



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

“Júlio de Mesquita Filho”

FACULDADE DE ENGENHARIA

CAMPUS DE ILHA SOLTEIRA

WANDERLEY DOS SANTOS

**INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM PROGÊNIES DE *Cordia trichotoma*  
(Vell.) Arráb. ex Steud. E *Dalbergia nigra* (Vell.) Allemão ex Benth EM SISTEMA DE  
PLANTIO MISTO**

Ilha Solteira

2018



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

“Júlio de Mesquita Filho”

FACULDADE DE ENGENHARIA

CAMPUS DE ILHA SOLTEIRA

**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

**WANDERLEY DOS SANTOS**

Biotecnólogo / Mestre Agronomia

**INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM PROGÊNIES DE *Cordia trichotoma*  
(Vell.) Arráb. ex Steud. E *Dalbergia nigra* (Vell.) Allemão ex Benth EM SISTEMA DE  
PLANTIO MISTO**

Tese apresentada à Faculdade de Engenharia –  
UNESP – Campus de Ilha Solteira, para obtenção do  
título de Doutor em Agronomia. Especialidade:  
Sistemas de Produção

**Orientadora:** Profa. Dra. Ananda Virginia de Aguiar

**Co-orientadora:** Profa. Dra. Patrícia Ferreira Alves

Ilha Solteira

2018

FICHA CATALOGRÁFICA

Desenvolvido pelo Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação

S237i Santos, Wanderley dos.  
Interação genótipo x ambiente em progênies de *Cordia trichotoma* (Vell.)  
*Arráb.* Ex Steud. e *Dalbergia nigra* (Vell.) Allemão ex Benth em sistema de  
plantio misto / Wanderley dos Santos. -- Ilha Solteira: [s.n.], 2018  
109 f. : il.

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Engenharia  
de Ilha Solteira. Especialidade: Sistemas de Produção , 2018

Orientador: Ananda Virginia de Aguiar

Co-orientador: Patrícia Ferreira Alves

Inclui bibliografia

1. Genética quantitativa. 2. Jacarandá da Bahia. 3. Louro Pardo. 4.  
REML/BLUP.

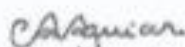
CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA TESE: Interação genótipo x ambiente em progênies de *Cordia trichotoma* (Vell.) Arráb. Ex Steud. e *Daibergia nigra* (Vell.) Alemão ex Benth em sistema de plantio misto

AUTOR: WANDERLEY DOS SANTOS

ORIENTADORA: ANANDA VIRGÍNIA DE AGUIAR

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Doutor em AGRONOMIA, especialidade: SISTEMAS DE PRODUÇÃO pela Comissão Examinadora:



Profa. Dra. ANANDA VIRGÍNIA DE AGUIAR  
Câmpus Samambaia / Embrapa Florestas



Prof. Dr. MARIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES  
Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio Economia / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira - SP



Dra. SIMONE APARECIDA DE OLIVEIRA  
Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio Economia / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira



Prof. Dr. EVANDRO VAGNER TAMBARUSSI  
Departamento de Engenharia Florestal / Universidade Estadual do Centro-Oeste



Prof. Dr. CÂMILA REGINA SILVA BALERONI RECCO  
Curso de Agronomia / Faculdades Integradas Stella Maris de Andradina

Ilha Solteira, 23 de fevereiro de 2018

**Dedico,**

Dedico este trabalho aos meus familiares, em especial à minha mãe Maria, uma verdadeira guerreira e uma excelente mãe de 4 filhos, que hoje pode prestigiar uma das muitas conquistas, e ao meu pai Antônio (*in memórian*), que infelizmente não pode estar aqui para presenciar este feito inédito em minha vida, sou o que sou devido seu exemplo de vida e sua forma de me educar e de mostrar o melhor caminho entre muitos que sempre pareciam fáceis.

À minha esposa Fabiana, que sempre esteve ao meu lado durante o curso, muitas vezes não desisti devido aos seus incentivos e sua insistência para continuar. Hoje tenho certeza que fiz a escolha certa em me casar contigo. Muito obrigado por ter cuidado de mim e me ajudado nessa etapa.

Ao meu filho Rafael Santos e a minha filhinha Ana Julia Santos.

Aos meus amigos que sempre estiveram ao meu lado, colegas de serviços, colegas de faculdade e amigos de longo tempo.

Obrigado a todos! E obrigado por tudo!

## AGRADECIMENTOS

Agradeço, primeiramente, a Deus por ter me dado força, proteção, livramentos, coragem e muita perseverança nesses anos, e além de tudo ter me dado muita saúde e disposição para ter vencido tantos obstáculos. À minha grande mãe e ao meu grande pai, aos meus familiares e em especial, à minha esposa Fabiana, aos meus amigos e novos colegas;

À professora Dra. Camila Regina Silva Baleroni Recco por ter me ajudado em todos os momentos em que precisei, e pela grande, belíssima e forte amizade;

À pesquisadora Dra. Ananda Virginia Aguiar pela orientação, dedicação ao trabalho, pela paciência e por confiar em mim;

À ao Prof. Dr. Mário Luiz Teixeira de Moraes, pelos ensinamentos, pela amizade, companheirismo e oportunidade;

À ao pesquisador Dr. Gustavo Pavan Mateus, pela amizade, parceria, ensinamentos e pela grande parceria;

À ao Prof. Dr. Octávio S. Paulo, pelos ensinamentos e oportunidade de realizar estágio no Departamento de Biologia Animal da Faculdade de Ciências da Universidade de Lisboa;

À Selma Maria Bozzite de Moraes pelos ensinamentos, pelo carinho e amizade;

À banca de defesa composta por Dr. Mário Luiz Teixeira de Moraes, Dra. Ananda Virginia Aguiar, Dra. Valderês Aparecida de Sousa, Dra. Simone Aparecida de Oliveira e Dr. Evandro Vagner Tambarussi;

Aos suplentes Dr. Marco Eustáquio de Sá e Dra. Daniela Silvia de Oliveira Canuto;

A todos os colegas e amigos que conheci durante os 5 anos de pós graduação pela amizade e preciosa ajuda na coleta de dados: Danila, Angélica, Cambuim, Darlin, Camila, Kelly, Alonso, Murilo, Daniela, André, Marília, Silvelise, Marcela, Cecília, Thaíse, Francine, Daniel, Alexandre, Maiara, Janaina;

Aos amigos de longa datas: Paulo Sérgio Vieira, Maurício Mangold, Miguel Freitas, Wilhian;

Ao técnico de pesquisa Wagner Farias Ferreira Braz pela grande ajuda na coleta de dados e manutenção dos testes de progênies;

Agradeço aos funcionários da instituição UNESP- Ilha Solteira, em especial, aos professores da pós-graduação, Prof. Dr. Alexandre Magno Sebbenn, Profa. Dra Ananda Virgínea de Aguiar, Prof. Dr. João da Costa Andrade, Prof. Dr. Mario Luiz Teixeira de Moraes, Prof. Dr. Miguel Luiz Menezes de Freitas, Prof. Dr. Alan Rodrigo Panosso, Prof. Dr. Marco Eustáquio de Sá, Profa. Dra. Valderês Aparecida de Sousa;

Agradeço à instituição UNESP-Ilha Solteira;

Agradeço a instituição Universidade de Lisboa, Departamento de Biologia Animal;

À instituição EMBRAPA Florestas, pela oportunidade de estágio no departamento de pesquisa e desenvolvimento em melhoramento genético em espécies florestais;

À instituição APTA Polo Regional Extremo Oeste de Andradina pela parceria e instalação de experimentos paralelos ao projeto de doutorado;

À Empresa Vale do Rio Doce, Incaper, aos coordenadores do projeto Biomas e a CNA e todos seus funcionários pelo apoio, manutenção e avaliação do teste de progênies e atividades de pesquisa;

À empresa de fomento CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) pela concessão da bolsa de estudos, e pela oportunidade do Doutorado-sanduíche no Exterior 2016 (PDSE) sobre número de processo 88881.133083/2016-01;

A todos que direta e indiretamente contribuíram para a realização deste trabalho, meu muito obrigado.

“Nunca é tarde demais para ser aquilo que sempre se desejou ser.”

George Eliot



## RESUMO

As espécies nativas podem ser utilizadas para diversos usos em sistemas de produção, bem como para recuperação ambiental. Porém, poucas dessas espécies são exploradas economicamente devida à falta de oferta de sementes com qualidade genética no mercado. De maneira geral, a caracterização genética de populações e a seleção de indivíduos mais produtivos a partir de testes de progênies é a primeira etapa do processo para obtenção de indivíduos mais produtivos para sistemas de produção. Assim, os objetivos desse trabalho foram estimar a variação e a divergência genética, as relações genéticas e fenotípicas entre os caracteres quantitativos, bem como a interação genótipo x ambiente de testes de progênies de polinização aberta de *Cordia trichotoma* e *Dalbergia nigra*. As avaliações foram realizadas durante os quatro primeiros anos após o plantio. Os caracteres avaliados foram: diâmetro do coleto a 30 cm do solo, diâmetro a altura do peito 1,30 m do solo, altura total das plantas, altura do primeiro verticilo e sobrevivência. Para a estimativa dos componentes de variância e das análises multivariadas utilizou-se o método REML/BLUP (Melhor predição linear não viciada/máxima verossimilhança restrita). As análises foram realizadas entre as progênies da mesma espécie. Dois testes de progênies de *C. trichotoma* e *D. nigra*, em sistema de consórcio, foram instalados em 2012 na empresa Vale Rio Doce, em Linhares-ESpirito Santo, em duas áreas, em duas textura de solos. O delineamento experimental adotado foi de blocos completos ao acaso, 40 e 34 repetições para área 1 e 2, respectivamente, com uma planta por parcela. Foram observadas diferenças significativas ( $p < 0,01$ ) entre as progênies das duas espécies e nas duas áreas para todos os caracteres quantitativos. Os testes de progênies de *C. trichotoma* e *D. nigra* apresentaram altos coeficientes de variação genética, herdabilidades em nível individual e de médias de progênies, bem como altos valores da acurácia. Isso indica alto controle genético para os caracteres. Correlações genéticas e fenotípicas positivas foram significativas entre os caracteres avaliados para as duas espécies. As estimativas de ganhos com a seleção para DAP-2016 aos 4 anos de idade em ambos os locais foram altas (5,77% a 15,45% para *C. trichotoma* e 12,77% a 23,85% para *D. nigra*). A redução do tamanho efetivo populacional e diversidade genética foi expressiva devido à alta pressão de seleção adotada. A interação genótipo x ambiente não foi significativa para *Cordia trichotoma* e *Dalbergia nigra*. A estabilidade e produtividade foram eficientes como critérios para a classificação das progênies nos dois locais. Os testes apresentaram variabilidade genética, divergência e correlações genéticas significativas para caracteres silviculturais que poderão ser explorados para várias finalidades em ciclos de melhoramento subsequentes e sistemas de produção, principalmente quando a finalidade da melhoramento for a produção de madeira para desdobro.

**Palavras-chave:** Genética quantitativa. Jacarandá da Bahia. Louro pardo. REML/BLUP.

## ABSTRACT

Native species can be used for various purposes in production systems, as well as for environmental recovery. However, few of these species are economically exploited due to the lack of genetic quality of seeds in the marketplace. In general, the genetic characterization of populations and the selection of more productive individuals from progeny tests are the first stage of the process to obtain more productive individuals for production systems. The objectives of this work were to estimate the variation and genetic divergence, identify the genetic and phenotypic relationships among the quantitative traits, as well as analyze the genotype x environment interaction of open pollinated progenies of *Cordia trichotoma* and *Dalbergia nigra*. The assessments were conducted during the first four years after planting. The evaluation traits were: collection diameter at 30 cm from the soil, diameter at 1.30 m from the soil, total height of the plants, height of first whorl and survival. To estimate the components of variance and multivariate analyzes, the REML/BLUP method (Restricted Maximum Likelihood/Best Linear Unbiased Prediction) was used. The analyses were carried out among the progenies of the same species. The two progenies of *Cordia trichotoma* and *Dalbergia nigra*, in a consortium system, were installed in 2012 at Vale Rio Doce, in the municipality of Linhares, Espírito Santo, in two areas, using two distinct soils. The experimental Randomized Complete Block design (RCB) were divided into 40 and 34 replicates for area 1 and 2, respectively, and one plant per plot. The spacing between plants of both species was 3.0 m x 3.0 m and between plants of the same species of 6.0 m x 6.0 m. Significant differences ( $p < 0.01$ ) were observed between the progenies of the two species and in each area for quantitative traits. Progeny tests of *C. trichotoma* and *D. nigra* showed high coefficients of genetic variation, individual and progeny heritability, as well as high values of accuracy. This indicated high genetic control for the characters. Positive genetic and phenotypic correlations were significant among the characters evaluated for both species. Estimates of selection gains for DBH-2016 at 4 years of age at both sites were high (5.77% to 15.45% for *C. trichotoma* and 12.77% to 2.85% for *D. nigra*). The decrease in effective population size and genetic diversity was significant due to the high selection pressure adopted. There was not genotype x environment interaction for *C. trichotoma* and *D. nigra*. Stability and productivity were effective criteria for classifying progenies at both sites. The tests presented genetic variability, divergence and significant genetic correlations for silvicultural traits. Furthermore, they can be exploited for various purposes in subsequent breeding cycles and production systems, especially where the purpose of breeding is for the production of wood for sawing.

Keywords: Genotype environment interaction; jacarandá da Bahia; louro pardo; Quantitative genetics; REML/BLUP

## LISTA DE FIGURAS

<b>Figura 1</b>	- Precipitação mensal acumulada para o município de Linhares-ES de janeiro de 2014 a dezembro de 2016.	34
<b>Figura 2</b>	- Localização área 1 e 2, Linhares-ES.	34
<b>Figura 3</b>	- Caracterização solo área 1 (arenoso), Linhares-ES.	35
<b>Figura 4</b>	- Caracterização solo área 2 (argiloso), Linhares-ES.	35
<b>Figura 5</b>	- Teste da razão de verossimilhança (LRT) e níveis de significância para os caracteres: diâmetro altura do peito (DAP-cm), diâmetro da altura do coleto a 30 cm do solo (DAC-cm), altura total de plantas (ALT-m), altura do primeiro verticilo (APV-m) e sobrevivência (SOB-%), em progênies de <i>Cordia trichotoma</i> , em Linhares-ES.	42
<b>Figura 6</b>	- Taxa de sobrevivência (SOB-%), em progênies de <i>Cordia trichotoma</i> para os dois locais de plantio, em Linhares-ES.	42
<b>Figura 7</b>	- Estimativas das correlações genéticas (acima da diagonal) e correlações fenotípicas (abaixo da diagonal) entre os caracteres: diâmetro à altura do peito (DAP-cm), altura de plantas (ALT-m), diâmetro do coleto a 30 cm do solo (DAC-cm), altura do primeiro verticilo (APV-cm), em progênies de <i>Cordia trichotoma</i> , em Linhares-ES.	50
<b>Figura 8</b>	- Precipitação mensal acumulada para o município de Linhares-ES a partir de janeiro de 2014 a dezembro de 2016.	71
<b>Figura 9</b>	- Localização área 1 e 2, Linhares-ES.	72
<b>Figura 10</b>	- Caracterização solo área 1 (arenoso), Linhares-ES.	72
<b>Figura 11</b>	- Caracterização solo área 2 (argiloso), Linhares-ES.	72
<b>Figura 12</b>	- Resultados da análise de deviance para os caracteres de crescimento: diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-cm), diâmetro da altura do coleto a 30 cm do solo (DAC-cm), altura total de plantas (ALT-m), altura do primeiro verticilo (APV-m) e sobrevivência (SOB-%) em testes de progênie de <i>D. nigra</i> em Linhares-ES.	79
<b>Figura 13</b>	- Taxa de sobrevivência (SOB-%) nas duas áreas de plantio, testes de progênie de <i>D. nigra</i> em Linhares-ES.	80
<b>Figura 14</b>	Estimativas das correlações genéticas ( $r_g$ , acima da diagonal) e fenotípicas ( $r_f$ , abaixo da diagonal) entre os caracteres: diâmetro à altura do peito (DAP-cm), altura total de plantas (ALT-m), diâmetro a altura do coleto a 30 cm do solo (DAC-cm), altura do primeiro verticilo (APV-cm) em testes de progênie de <i>Dalbergia nigra</i> em Linhares-ES.	84
<b>Figura 15</b>	Mapa com localização das matrizes coletadas.	107
<b>Figura 16</b>	- Croqui área 1 <i>Cordia trichotoma</i> e <i>Dalbergia nigra</i>	108
<b>Figura 17</b>	- Croqui área 1 <i>Cordia trichotoma</i> e <i>Dalbergia nigra</i>	109

## LISTA DE FIGURAS

<b>Tabela 1</b>	- Estimativa de parâmetros genéticos e média para os caracteres diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-cm), diâmetro do coleto a 30 cm do solo (DAC-cm), altura total de plantas (ALT-m), altura do primeiro verticilo (APV-m), em progênies de <i>Cordia trichotoma</i> , em Linhares-ES.	44
<b>Tabela 2</b>	- Estimativas de ganhos individuais na seleção ( $GS_i$ ) no caráter diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-cm) avaliado no ano de 2016 para progênies de <i>Cordia trichotoma</i> , em Linhares-ES.	47
<b>Tabela 3</b>	- Distâncias genótípicas de Mahalanobis ( $D^2$ ) na área 1 e 2 para os caracteres diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-cm), altura de planta (ALT-m), diâmetro do coleto a 30 cm do solo (DAC-cm) e altura do primeiro verticilo (APV-cm), em progênies de <i>Cordia trichotoma</i> , em Linhares-ES.	52
<b>Tabela 4</b>	- Contribuição relativa dos caracteres para a divergência nas áreas 1 e 2 para os caracteres: diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-cm), altura de planta (ALT-m), diâmetro do coleto a 30 cm do solo (DAC-cm) e altura do primeiro verticilo (APV-cm), estudados em progênies de <i>Cordia trichotoma</i> , em Linhares-ES.	53
<b>Tabela 5</b>	- Médias gerais ( $\hat{m}$ ), coeficiente de variação (CV%) intergrupos e agrupamento de Tocher a partir das Distancias Genéticas de Mahalanobis na área 1 para os caracteres: diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-cm), altura de planta (ALT-m), diâmetro do coleto a 30 cm do solo (DAC-cm) e altura do primeiro verticilo (APV-cm) estudados em progênies de <i>C. trichotoma</i> em Linhares-ES.	55
<b>Tabela 6</b>	- Estimativas de parâmetros genéticos e da interação genótipos x ambientes para os caracteres: diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-2016), altura de planta (ALT-2016) em progênies de <i>Cordia trichotoma</i> , em Linhares-ES.	57
<b>Tabela 7</b>	- Seleção das melhores progênies de <i>Cordia trichotoma</i> com base no diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-2016) para estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG) e simultaneamente para produtividade, estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG).	59
<b>Tabela 8</b>	- Estimativa de parâmetros genéticos e média para os caracteres: diâmetro do fuste a 1,30 m do solo (DAP-cm), diâmetro da altura do coleto a 30 cm do solo (DAC-cm), altura total de plantas (ALT-m), altura do primeiro verticilo (APV-m), em testes de progênie de <i>Dalbergia nigra</i> em Linhares-ES.	82
<b>Tabela 9</b>	- Estimativas de ganhos individuais na seleção ( $GS_i$ ) no caráter diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-cm), aos cinco anos após o plantio em testes de progênies de <i>Dalbergia nigra</i> em Linhares-ES.	86
<b>Tabela 10</b>	- Seleção dos melhores indivíduos e progênies considerando as análises conjunta da interação genótipo x ambiente para caráter DAP-2016, em testes de progênies de <i>D. nigra</i> em Linhares-ES.	88
<b>Tabela 11</b>	- Valores genéticos preditos para o caráter DAP-2016 da Seleção dos 30 melhores indivíduos com Sobreposição de Gerações, em testes de progênies de <i>Dalbergia nigra</i> em Linhares-ES.	90

<b>Tabela 12</b>	- Matriz de distâncias genótípicas Mahalanobis ( $D^2$ ) na área 1 e 2 para os caracteres: diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-cm), altura total de plantas (ALT-m), diâmetro a altura do coleto a 30 cm do solo (DAC-cm) e altura do primeiro verticilo (APV-cm), em testes de progênie de <i>Dalbergia nigra</i> em Linhares-ES.	92
<b>Tabela 13</b>	- Contribuição relativa dos caracteres para a divergência na área 1 e 2 para os caracteres: diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-cm), altura total de plantas (ALT-m), diâmetro a altura do coleto a 30 cm do solo (DAC-cm) e altura do primeiro verticilo (APV-cm) em testes de progênie de <i>Dalbergia nigra</i> em Linhares-ES.	93
<b>Tabela 14</b>	Médias gerais ( $\hat{m}$ ), coeficiente de variação (CV%) intergrupos e agrupamento de Tocher a partir das Distancias Genéticas de Mahalanobis na área 1 para os caracteres: diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-cm), altura de planta (ALT-m), diâmetro do coleto a 30 cm do solo (DAC-cm) e altura do primeiro verticilo (APV-cm), estudados em testes de progênie de <i>Dalbergia nigra</i> em Linhares-ES.	95
<b>Tabela 15</b>	Estimativas de parâmetros genéticos e da interação genótipos x ambientes para os caracteres: diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-2016), altura de planta (ALT-2016), em testes de progênie de <i>D. nigra</i> em Linhares-ES.	97
<b>Tabela 16</b>	Seleção das melhores progênies de <i>Dalbergia nigra</i> em Linhares-ES com base no diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-2016) para estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG) e simultaneamente para produtividade, estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG).	99
<b>Tabela 17</b>	- Lista e localização das matrizes marcadas e coletadas	106
<b>Tabela 18</b>	- Análise de variância em progênies de <i>Cordia trichotoma</i> , em Linhares-ES.	109
<b>Tabela 19</b>	- Análise de variância em progênies de <i>Dalbergia nigra</i> , em Linhares-ES.	109

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO</b>	14
<b>2</b>	<b>REVISÃO DE LITERATURA</b>	17
<b>2.1</b>	<i>Cordia trichotoma</i> (VELL.) Arráb. ex steud	17
<b>2.2</b>	<i>Dalbergia nigra</i> (Vell.) Allemão ex Benth	18
<b>2.3</b>	<b>Melhoramento genético florestal e Estimativas de parâmetros genéticos</b>	19
<b>2.4</b>	<b>Análises Multivariadas e as correlações</b>	21
<b>2.5</b>	<b>Interação genótipo x ambiente (GxA)</b>	22
	<b>REFERÊNCIAS</b>	24
<b>4</b>	<b>PRODUTIVIDADE, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE EM PROGÊNIES DE <i>CORDIA TRICHOTOMA</i> (VELL.) ARRÁB. EX STEUD. EM DUAS DIFERENTES CONDIÇÕES DE TEXTURA DE SOLO</b>	31
<b>4.1</b>	<b>Introdução</b>	31
<b>4.2</b>	<b>Material e Métodos</b>	33
<b>4.2.1</b>	<i>Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos</i>	36
<b>4.2.2</b>	<i>Análise individual e estimativa dos parâmetros genéticos</i>	36
<b>4.2.3</b>	<i>Estimativa das Correlações genéticas e fenotípicas</i>	38
<b>4.2.4</b>	<i>Estimativa de diversidade genética, tamanho efetivo populacional e ganho esperado com a seleção</i>	39
<b>4.2.5</b>	<i>Divergência Genética e agrupamento de Tocher</i>	40
<b>4.2.6</b>	<i>Análise conjunta para Interação Genótipo x Ambiente (GxA), Produtividade, Estabilidade e Adaptabilidade</i>	40
<b>4.3</b>	<b>Resultados e Discussão</b>	41
<b>4.3.1</b>	<i>Análise de deviance individual e estimativa de parâmetros genéticos</i>	41
<b>4.3.2</b>	<i>Estimativas de diversidade genética, tamanho efetivo populacional e ganho esperado com a seleção</i>	46
<b>4.3.3</b>	<i>Estimativas Correlações genética e fenotípica</i>	49
<b>4.3.4</b>	<i>Divergência Genética e agrupamento de Tocher</i>	51
<b>4.3.5</b>	<i>Análise conjunta Interação Genótipo x Ambiente</i>	56
<b>4.3.6</b>	<i>Produtividade, estabilidade e adaptabilidade</i>	59
<b>4.9</b>	<b>Conclusões</b>	60
	<b>REFERÊNCIAS</b>	62
<b>5</b>	<b>INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE DE PROGÊNIES DE <i>DALBERGIA NIGRA</i> (VELL.) ALLEMÃO EX BENTH</b>	69
<b>5.1</b>	<b>Introdução</b>	69
<b>5.2</b>	<b>Material e Métodos</b>	70
<b>5.2.1</b>	<i>Estimativas dos componentes da variância e parâmetros genéticos</i>	73
<b>5.2.2</b>	<i>Análise individual e estimativa dos parâmetros genéticos</i>	73
<b>5.2.3</b>	<i>Estimativas de correlações genéticas e fenotípicas</i>	76
<b>5.2.4</b>	<i>Estimativas de diversidade genética, tamanho efetivo populacional e ganho esperado com a seleção</i>	76
<b>5.2.5</b>	<i>Divergência Genética e agrupamento de Tocher</i>	77

5.2.6	<i>Análise conjunta para Interação Genótipo x Ambiente (G x A), Estabilidade, Produtividade e Adaptabilidade</i>	78
<b>5.3</b>	<b>Resultados e Discussão</b>	79
5.3.1	<i>Análises de deviance individual e estimativa de parâmetros genéticos</i>	79
5.3.2	<i>Estimativas de Correlações genéticas e fenotípicas</i>	83
5.3.3	<i>Estimativas de diversidade genética, tamanho efetivo populacional e ganho esperado com a seleção</i>	85
5.3.4	<i>Divergência Genética e agrupamento de Tocher</i>	90
5.3.5	<i>Análise conjunta Interação Genótipo x Ambiente</i>	96
5.3.6	<i>Produtividade, estabilidade e adaptabilidade</i>	98
<b>5.4</b>	<b>Conclusões</b>	100
	<b>REFERÊNCIAS</b>	101
	<b>APÊNDICE A –</b> Localização das matrizes de <i>Cordia trichotoma</i> e <i>Dalbergia nigra</i>	106

## 1 INTRODUÇÃO

O Brasil é um país com potencial florestal, que apresenta em torno de 7,84 milhões de hectares de florestas plantadas e 385 milhões de florestas nativas, o que corresponde a 0,09% do território nacional. O mercado brasileiro de árvores plantadas é responsável por 91% de toda a madeira produzida para fins industriais no país, os demais 9% vem de florestas nativas legalmente manejadas (IBA, 2015; IBA, 2017). As espécies nativas têm potencial econômico para serem exploradas em plantios comerciais, porém a oferta de sementes com qualidade genética dessas espécie é muito baixa ainda. *C. trichotoma*, popularmente conhecida como louro-pardo, é uma espécie nativa que vem sendo avaliada em plantios florestais tanto para compor sistemas silvipastoril ou agroflorestal quanto para plantios comerciais puros. O potencial econômico da espécie pode ser verificado pelo seu desempenho em crescimento, podendo atingir de 20 até 30 m de altura, diâmetro a 1,30 m do solo superior a 40 a 60 cm (BLACK; GRINGS, 2011). *D. nigra* (Vell.) Allemão ex Benth., conhecida popularmente como jacarandá-da-bahia, jacarandá-preto ou caviúna, é uma planta rústica utilizada para plantios mistos, pelo fato suportar sombreamento, plantios em terrenos degradados e apresentar boa adaptação à terrenos secos (CARVALHO, 1994; LORENZI, 1992a; LORENZI, 2008).

A utilização dessas espécies ainda é pequena, isto se deve à alguns fatores, como fornecimento de mudas, disponibilidade de semente e pouco conhecimento de manejo e condução. A obtenção de indivíduos mais produtivos depende principalmente da estrutura genética dos indivíduos candidatos a serem os fornecedores de sementes para instalação dos plantios.

A caracterização genética e fenotípica das populações torna-se importante no processo de entendimento e na tomada de decisão para seleção das matrizes fornecedoras de sementes para compor a próxima geração de plantas melhoradas (AGUIAR, 2004). Também, as estimativas dos componentes de variância e a predição de valores genéticos são procedimentos essenciais na identificação de indivíduos com maior potencial produtivo e para formação das populações de melhoramento e conservação.

Atualmente, o procedimento genético-estatístico REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Residual ou Restrita/Melhor Prevenção Linear Imparcial) tem sido adotado para estimativa de parâmetros genéticos e na otimização da seleção em várias espécies (FRITSCHÉ-NETO et al., 2010; RESENDE, 2016). Muitos autores utilizam essa metodologia para estimar os parâmetros genéticos e definir os métodos e intensidades de seleção a serem aplicados para formar as populações de melhoramento em programas de melhoramento genético de espécies perenes (DUNLOP et al., 2005; KUBOTA et al., 2015; RESENDE, 2016;



RODRIGUES et al., 2013; SANTOS et al., 2016). A partir da obtenção das estimativas dos BLUP's, variâncias e covariâncias são propostas análises para contemplar a caracterização genética da população. Uma outra análise complementar a esse procedimento é o estudo da divergência genética entre os indivíduos da população. Os resultados dessa análise associado aos métodos de agrupamentos podem auxiliar na identificação de pares de genitores com maior capacidade geral e específica de combinação. Em espécies florestais vários trabalhos observaram divergências consideráveis entre indivíduos a partir de dados quantitativos e marcadores moleculares (BERTI et al., 2017; KUBOTA et al., 2015; MORAES et al., 2016; SANTOS et al., 2016; TAMBARUSSI et al., 2017). Assim, a proposta dessa metodologia é unificar múltiplas informações de um conjunto de caracteres a fim de viabilizar a seleção de genitores divergentes (SAMPSON, et al. 2015; SINGH, SOFI, 2012; SUDRÉ et al., 2005).

Existem vários fatores que podem influenciar as estimativas fidedignas dos parâmetros genéticos e das análises multivariadas, e ainda pode reduzir a eficiência do processo seletivo e o ganho com a seleção. Um desses fatores é o efeito de interação genótipo x ambiente (GxA) que muitas vezes não é considerado nos modelos estatísticos. A interação genótipo ambiente é definida como a variação de genótipos em resposta a diferentes condições ambientais, que é manifestado na forma fenotípica dos caracteres quantitativos (MAIA et al., 2009). Para que esse procedimento seja alcançando, tem-se a necessidade de realizar as análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica. A partir das análises adaptabilidade e estabilidade, é possível a identificação de genótipos com comportamento previsível e que sejam suscetíveis às variações ambientais em condições particulares ou amplas (CRUZ; REGAZZI, 1994; MAIA et al., 2009). O efeito de interação genótipo x ambiente foi verificado em vários ensaios experimentais de espécies florestais. A indicação de genótipos, bem como cultivares, vem sendo pautada nos resultados desses trabalhos para diversas regiões do país (BARROSO et al., 2015; PINTO JUNIOR et al. 2006; VASCONCELOS et al., 2015; VERARDI, et al., 2009)

Assim, este trabalho teve como objetivos:

- i)** Caracterizar a variabilidade genética e fenotípica de dois testes progênes de *C. trichotoma* e *D. nigra* a partir de caracteres quantitativos;
- ii)** Aplicar diferentes níveis de intensidades de seleção, visando à seleção de genótipos mais produtivos para madeira;
- iii)** Estimar a relação genética e fenotípica entre os caracteres quantitativos;
- iv)** Estimar a diversidade genética e o tamanho efetivo populacional após a seleção;
- v)** Estimar a interação genótipo x ambiente considerando duas diferentes condições de textura de solo.

## 2 REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 *Cordia trichotoma* (VELL.) Arráb. ex steud

*C. trichotoma*, pertencente à família Boraginaceae, conhecida popularmente como louro-pardo, em formações de floresta pluvial Atlântica, semidecídua e no cerrado (LORENZI, 1992a). São mais de duas mil espécies, distribuídas em cerca de 100 gêneros, que abrangem principalmente plantas arbóreas, arbustivas e herbáceas. *Cordia* é um dos gêneros mais importantes das Boragineceas, com cerca de 250 espécies. Seu nome é homenagem a um dos primeiros botânicos alemães do século XVI, Valerius Cordus (CARVALHO, 1988).

A área de ocorrência da *C. trichotoma* no Brasil encontra-se, nos estados da Bahia, Ceará, Paraíba, Espírito Santo, Goiás, Minas Gerais, Mato Grosso do Sul, Mato Grosso, Pernambuco, Paraná, Rio de Janeiro, Rio Grande do Sul, Santa Catarina, Sergipe, São Paulo e no Distrito Federal (RIZZINI, 1971). Pelos aspectos ecológicos de grupo sucessional estudados por Carvalho (2003), trata-se de uma espécie secundária inicial, com tendência a pioneira. É exigente em relação ao tipo de solo, se adaptando melhor em solos com fertilidade média a alta, profundos, bem drenados e textura argilosa.

*C. trichotoma* é uma espécie que pode atingir até 35 m de altura e DAP superior a 100 cm; com fuste de até 15 m de altura, ramificação em intervalos regulares e inserção dos galhos em ângulo de 45°, sendo necessária a desrama para minimizar problemas de forma (CARVALHO, 2003). A espécie é alógama, polígama, com flores masculinas e hermafroditas, com até 2 cm de comprimento, reunidas em panículas terminais densamente ramificadas, com 10 a 25 cm de comprimento, sendo polinizadas por abelhas e outros insetos pequenos (LORENZI, 2008). A reprodução sexuada da espécie é dificultada pela rápida perda da viabilidade das sementes, quando mantidas em ambiente não controlado, por apresentarem comportamento recalcitrante ao armazenamento (MARCHETTI, 1984). A germinação é do tipo epígea, geralmente irregular e com percentuais que variam de 14% a 80% (CARVALHO, 2003). A madeira de *C. trichotoma* possui albúrnio pouco diferenciado do cerne, de coloração amarelo a parda, com anéis de crescimento pouco distintos e demarcados pelo parênquima marginal. A densidade da madeira varia de leve a moderadamente densa (0,60 a 0,80 g cm<sup>-3</sup>), de fácil trabalhabilidade, sendo indicada para a fabricação de móveis, lâminas faqueadas, chapas e valiosas peças de tornearia (CARVALHO, 2006). A árvore possui qualidades ornamentais e pode ser empregada no paisagismo, e também indicada para reflorestamentos heterogêneos na recuperação de áreas degradadas, sua madeira também é empregada em movelaria, embarcações, tonéis, caixilhos, etc (LORENZI, 2008).

As características silviculturais mais importantes da espécie são a facilidade de regeneração, especialmente em lugares em áreas degradadas pelo sistemas agrícolas, e a forma do fuste que não tem tendência de ramificar-se em sentido lateral (REITZ et al., 1983). Trabalhos realizados com *C. trichotoma* indicaram que em plantações bem manejadas pode-se atingir incremento volumétrico superior a  $20 \text{ m}^3\text{-ha ano}^{-1}$  (REITZ et al., 1988). Isso indica que o uso dessa espécie em reflorestamentos com fins comerciais é muito viável (SALVADORI et al., 2013).

## 2.2 *Dalbergia nigra* (Vell.) Allemão ex Benth

*D. nigra*, conhecida popularmente como jacarandá-da-bahia, jacarandá-preto ou caviúna, é uma leguminosa (Papilionoideae) de porte arbóreo com características de planta semi-heliófila, de ocorrência em Floresta Ombrófila Densa (Floresta Atlântica) (CARVALHO, 1994; LORENZI, 1992b). *D. nigra* é uma árvore perenifólia a semi-caducifólia, comumente encontrada com 15 a 25 m de altura e 15 a 45 cm de DAP (LORENZI, 1992b). Possui tronco tortuoso e irregular; fuste com até 10 m de comprimento; folhas compostas, alternadas, paripenadas, com 10 a 20 folíolos glabrescentes (CARVALHO, 1994; LORENZI, 1992b). Espécie com características de secundária tardia a clímax e exclusiva da Floresta Ombrófila Densa (Floresta Atlântica) tem sua ocorrência nos Estados da Bahia, Espírito Santo, Rio de Janeiro e São Paulo, tolerante ao sombreamento leve a moderado na fase juvenil (CARVALHO, 1997; LORENZI, 1992b; RIBEIRO et al., 2011; RÊGO; POSSAMAI, 2003). A densidade madeira dessa espécie varia de  $0,75$  a  $1,22 \text{ g dm}^{-3}$ , e é utilizada para construção de móveis de luxo, na construção de piano, na construção civil, revestimento de móveis, caixas de rádios, televisão, instrumentos musicais (LORENZI, 2000). As flores são pequenas, amarelas, com características comuns à subfamília Papilionoideae. Os frutos são leguminosos indeiscentes que produzem de uma a três sementes aladas, adaptadas à dispersão pelo vento, mil sementes pesam 44,89g e a maturação dos frutos ocorre entre agosto e setembro (BRAZ et al., 2009; CARVALHO, 1994). É uma planta hermafrodita e a polinização é feita por abelhas e pequenos insetos (CARVALHO, 2003). A germinação das plântulas ocorre após 15 dias depois de serem semeadas (BRAZ et al., 2009). *D. nigra* é uma árvore ornamental, por ter uma folhagem afetuosa e copa aberta, sendo utilizada no paisagismo. Esta espécie pode ser utilizada para plantios mistos, visto que suporta sombreamento, e em terrenos degradados por ser uma planta rústica e adaptada a terrenos secos (LORENZI, 2008).

### 2.3 Melhoramento genético florestal e Estimativas de parâmetros genéticos

O melhoramento de espécies florestais é focado em duas classes de caracteres: os quantitativos e os qualitativos. O melhoramento genético dos caracteres quantitativos visa o aumento da produtividade e, conseqüentemente está relacionado aos caracteres de produção. A obtenção de matéria prima de maior qualidade, a melhoria nas condições adaptativas das espécies, a tolerância a pragas e doenças, e ainda a manutenção da variabilidade genética também são objetivos do melhoramento genético (EGBÄCK et al., 2012; FURLAN et al., 2007; MORI, 1993).

Dentre as características silviculturais, a altura, o diâmetro e a densidade básica da madeira são as mais importantes, pois estão relacionadas com a produtividade das florestas, atendendo assim a demandas de vários nichos do setor florestal (ROSADO, 1983; OTSUBO et al., 2015). Condições básicas para o emprego de qualquer método de melhoramento genético é a existência da variação qualitativa ou quantitativa do caráter a ser melhorado (FONSECA, 1978). Variações genéticas podem ser encontradas em diversos níveis hierárquicos: entre procedências, progênies dentro de procedências, indivíduos dentro de progênies e entre genes dentro de indivíduos (AGUIAR et al., 2011). É fundamental conhecer a magnitude da variação genética e os coeficientes de herdabilidades, visto que a variação genética é a matéria prima do melhoramento e sem ela não se obtém ganhos com a seleção (BERTI et al., 2011; BITTENCOURT; SEBBENN, 2007). As estimativas de parâmetros genéticos, tais como as variâncias genéticas e ambientais são utilizadas para estimar a herdabilidade que mede o grau de controle genético de um caráter (FALCONER, 1996).

Nos programas de melhoramento florestal, os parâmetros genéticos que mais interessam ao melhorista são as variâncias genéticas e seus componentes aditivos e não aditivos, o coeficiente de herdabilidade, tanto no sentido amplo como restrito, as correlações genéticas entre caracteres e idades. Nas espécies florestais, estas estimativas podem ser obtidas a partir de dados coletados em testes de progênies, bem como, em alguns casos em testes combinados de procedências e progênies (KAGEYAMA; PATINO VALERA, 1985).

Para Falconer (1981), dentre as estimativas de parâmetros genéticos, a variância genética aditiva é o componente mais importante, pois é a principal causa da semelhança entre parentes; logo se torna o melhor indicador das propriedades genéticas observadas em uma população e sua resposta à seleção. Enquanto que as herdabilidades e as correlações genéticas são necessárias para uma eficiente seleção a ser realizada nas populações. Dentre os métodos usados para estimar parâmetros genéticos, destacam-se o dos quadrados mínimos e máxima verossimilhança (RESENDE; FERNANDES, 1999), esse último muito utilizado para

experimentos desbalanceados (RESENDE, 2016). Os estudos e as identificações dos parâmetros genéticos como coeficiente de variação genético, herdabilidade e associações entre caracteres quantitativos são de grande importância para os ganhos subsequentes na seleção direta ou indireta, conhecimento do caráter a ser estudado, variação genética da população e também a divergência entre os genitores (MANFIO et al., 2012; RESENDE, 2015). Parâmetros genéticos, como a acurácia ( $r_{aa}$ ) e o parâmetro estatístico coeficiente de variação experimental ( $CV_e$ ), contribuem para os estudos dos testes com espécies perenes (RESENDE, 2016). O coeficiente de variação experimental deve ser mantido nos níveis apropriados para cada espécie, idade e delineamento (GARCIA, 1989; RESENDE, 2002). O valor da variação experimental depende exclusivamente das variações residuais como proporção da média experimental (DUARTE, 2007; RESENDE, 2002; RESENDE). A  $r_{aa}$  refere-se à relação entre valor verdadeiro genotípico e o valor predito (RESENDE, DUARTE, 2007). Muitos autores aplicam essa metodologias em diferentes etapas do processo melhoramento genético de espécies perenes (DUNLOP et al., 2005; KUBOTA et al., 2015; RODRIGUES et al., 2013; RESENDE, 2016; SANTOS et al., 2016).

O avanço de ciclos de melhoramento genético é importante para a obtenção de ganhos com a seleção. Para obtenção de ganhos genéticos necessita de cuidado e monitoramento da base genética, com o objetivo de evitar perdas de variabilidade excessivamente quando utilizados um maior grau de pressão de seleção, o que poderá comprometer os objetivos do programa de melhoramento. Várias estratégias de seleção são adotadas, algumas são mencionadas na literatura: (i) melhoramento e seleção dentro de população (seleção recorrente intrapopulacional); (ii) melhoramento e seleção em populações sintéticas ou compostos; (iii) melhoramento do cruzamento ou híbrido entre indivíduos de diferentes populações (seleção recorrente recíproca). As estratégias de melhoramento correspondentes são respectivamente: (i) seleção recorrente intrapopulacional (SRI); (ii) seleção recorrente intrapopulacional em população sintética (SRIPS); (iii) seleção recorrente recíproca (SRR) (RESENDE, 2007; 2016). O melhoramento genético florestal dispõe de vários métodos de seleção para plantas alógamas, cabe ao melhorista decidir qual método utilizar (HALLAUER et al., 2010). Alguns métodos de seleção que podem ser mencionados são: seleção massal, seleção massal estratificada, seleção individual, seleção entre e dentre de progênies e índice de seleção combinada (FREITAS et al., 2009; ROSADO et al., 2009).

## 2.4 Análises Multivariadas e as correlações

As análises multivariadas têm sido empregadas frequentemente em ensaios florestais. O objetivo dessas análises é o de estudar vários caracteres simultaneamente, visando contemplar a influência de fatores na composição da produtividade e o agrupamento dos genótipos, com o propósito de classificação. O estudo de divergência genética é realizado a partir das análises multivariadas onde se consegue quantificar a divergência genética entre as progênes em estudo, coligando grupos similares ou dissimilares (CRUZ; REGAZZI, CARNEIRO, 2004). A informação da divergência genética auxilia na identificação de genitores divergentes geneticamente que podem ser usados em cruzamentos controlados visando obter maior efeito da heterose (aditiva e dominância). A divergência genética pode ser estudada de duas maneiras: análises estatísticas dos caracteres quantitativas ou com marcadores moleculares. Para caracteres fenotípicos as distâncias mais utilizadas para estimar a diversidade genética são a Euclidiana média e a Generalizada de Mahalanobis (1936), sendo a última mais aplicada, por estimar a matriz de covariância residual estimada a partir de ensaios experimentais com repetições (CRUZ, 2006).

Com a obtenção das distâncias genéticas é possível realizar análises de agrupamento. Essa análise é classificatória e separa os genótipos em grupos, colocando as progênes com maior homogeneidade dentro do grupo e as progênes mais heterogêneas entre grupos (CRUZ; REGAZZI, 2001; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004). Alguns métodos de agrupamento são utilizados no melhoramento genético florestal, os mais comuns são classificados em dois tipos: o primeiro método é o hierárquico, onde o objetivo é agrupar os genótipos por um processo que se repete em vários níveis até que se estabeleça um dendrograma; o segundo método é a otimização, onde os genótipos são incluídos no mesmo grupo com o objetivo de estabelecer máxima ou mínima participação que otimiza alguma medida pré definida (CRUZ; REGAZZI, 2001). Neste método de agrupamento de Tocher é muito usual no melhoramento genético florestal. Neste método, a partir de uma matriz de dissimilaridade, são identificados os indivíduos mais similares que formaram um grupo inicial. Após o processo é avaliada a necessidade de inclusão de novos indivíduos, mantendo-se o critério de que as distâncias dentro de cada grupo sejam sempre menores que os intergrupos (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

O método da distância de Mahalanobis junto ao método de aglomeração de Tocher, é uma das metodologias mais acuradas para aglomerar, por critério de classificação, os indivíduos, genitores ou progênes em grupos. A acurácia desse método deve-se ao fato de serem usados os valores genéticos preditos ao invés de fenotípicos a partir das matrizes de

variâncias e covariâncias (RESENDE, 2007). Os grupos são formados de tal forma que haja homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos (BERTAN et al., 2006; CRUZ et al., 2004). Os valores genéticos preditos são usados no lugar dos valores fenotípicos, dessa forma contribuem com a análise as matrizes de variâncias e covariâncias dos valores genéticos completam o componente de distância de Mahalanobis, permitindo alta acurácia na formação dos grupos pelo método de Tocher (RESENDE, 2007).

No melhoramento genético, as relações entre caracteres, locais ou medidas ao longo dos anos são muito aplicadas em várias fases do programa e auxiliam na definição na tomada de decisão em vários etapas, e essas podem ser de natureza genética, fenotípica ou ambiental e (citar autores). O grau de associação entre os caracteres é mensurado de -1 a 1 (RESENDE, 2002). A investigação proporciona conhecimento da natureza e a magnitude das relações existentes entre os caracteres. Os métodos de melhoramento genético visam, no geral, aperfeiçoar o genótipo não para caracteres isolados, mas para um conjunto de caracteres simultaneamente (VENCOVSKY; BARRIGA 1992). Correlações genéticas ou fenotípicas altas são favoráveis à essa proposta, visto que os caracteres em associação positiva, principalmente, são alterados no mesmo sentido. Na seleção quando o caráter desejado é de difícil mensuração, pode-se, mais com mais facilidade, considerar somente o caráter correlacionado para mensurar, aplicar a seleção e obter o progresso esperado com a seleção. Geralmente, esse caráter apresenta maior herdabilidade que o caráter de interesse direto (CRUZ; REGAZZI, 1997; FALCONER, 1981; PIRES et al., 2011).

## **2.5 Interação genótipo x ambiente (GxA)**

A interação genótipo ambiente ( $G \times A$ ) ocorre quando uma população difere geneticamente em resposta a uma série de condições ambientais distintas (COSTA; SILVA et al., 2006). Os padrões de resposta em ambientes envolvem produtividades, e, conseqüentemente, mudanças no “ranking” dos genótipos em diferentes ambientes (LYNCH; WALSH, 1998; MEYER, 2009). Essas interações genótipo x ambiente ( $G \times A$ ) representam variação qualitativa ou quantitativa na expressão fenotípica dos genótipos (FORDYCE et al., 2006; PIGLIUCCI, 2005). As interações que acontecem com os genótipos podem ser ambientais devido aos tipos de solos, clima, comprimento do dia, grau de isolamento, competitividade por água e luz, mudanças de temperatura, etc. (VENCOVSKY; BELL, 1992). Fatores fisiológicos e bioquímicos são as causas da interação no desenvolvimento individual e genotípico, podendo ser fatores influenciadores intra e extracelulares na expressão do genótipo (BREWBAKER, 1965; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004). Os tipos de

interação podem ser de duas formas distintas, segundo Robertson (1959): a primeira é a simples quando existe diferença de variabilidade entre genótipos em ambientes, e a segunda do tipo complexa quando se denota falta de correlação entre medições do mesmo genótipo em diferentes ambientes. Isso indica que existe inconsistência na superioridade dos genótipos com as variações ambientais causando maior viés ao trabalho dos melhoristas. O estudo das interações  $G \times A$  nos programas de melhoramento é de grande importância para quantificar a grandeza e a significância de seus efeitos sobre a expressão do fenótipo, e para definir e adotar estratégias que possam reduzi-la ou aproveitá-la (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004). As interações podem ser estimadas facilmente utilizando-se programas estatísticos e modelos matemáticos considerando os ambientes como covariável e, assim, compreender a importância relativa de suas causas. Esses procedimentos se constituem em análises de regressão linear, regressão não linear, variância, análise multivariada e estatística não paramétrica (BASTOS et al., 2007). Várias metodologias estão sendo utilizadas para estimar e avaliar a adaptabilidade e a estabilidade, uma delas é a estimativas dos BLUP's (Melhor Predição Linear não viesado). Os efeitos do genótipo são utilizados como aleatórios possibilitando a aquisição dos melhores BLUP's dos efeitos dos genótipos e  $G \times A$ , que geralmente é referido como repetibilidade, qual na prática se refere à herdabilidade do caráter, levando a estimativas de contração de tais efeitos e à predição de valores genéticos (RESENDE, 2007). Esta metodologia é utilizada junto com o método de máxima verossimilhança restrita (REML), como o procedimento para a estimativa de componentes de variância, maximizando a função de verossimilhança dos resíduos, em vez dos dados observados, dando uma matriz de incidência dos efeitos fixos (PIMENTA et al., 2016; RESENDE, 2007; SILVA et al., 2011). Uma possibilidade de amenizar a  $G \times A$  é a utilização de genótipos com ampla adaptabilidade, estabilidade, esses parâmetros podem ser avaliados com base na média harmônica dos valores genotípicas, em um método denominado MHPRVG (RESENDE, 2007). Essas análises fornecem informações mais detalhadas sobre o comportamento de cada genótipo em cada ambiente, em condições específicas ou amplas (CRUZ, REGAZZI, 1994). A adaptabilidade de um genótipo diz-se da capacidade de aproveitar-se vantajosamente as condições das variações ambientais. A estabilidade é a capacidade de apresentar-se um comportamento previsível frente as variações de cada ambiente (CRUZ, REGAZZI, 1994).



## REFERÊNCIAS

- AGUIAR, A. V.; MOURA, N. F.; MOURA, M. F.; ZUCCHI, M. I.; VENCOVSKY, R.; CHAVES, L. J. . Relação entre a variação genética de caracteres quantitativos e marcadores moleculares em subpopulações de cagaiteira (*Eugenia dysenterica* DC). **Revista Brasileira de Fruticultura**, Cruz das Almas, v. 33, p. 157-169, 2011.
- BASTOS, I. T.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A.; SILVEIRA, L. C. I.; DONDA, L. R.; FORTUNATO, A. A.; COSTA, P. M. A.; FIGUEIREDO, I. C. R. Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-deaçúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 4, p. 195-203, 2007.
- BARROSO, L. M. A.; NASCIMENTO, M.; NASCIMENTO, A. C. C.; SILVA, F. F.; CRUZ, C. D.; BHERING, L. L.; FERREIRA, R. P. Metodologia para análise de adaptabilidade e estabilidade por meio de regressão quantílica. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 50, p. 290-297, 2015.
- BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; VIEIRA, E. A.; HARTWIG, I.; SILVA, J. A.G.; SHIMIDT, D. A. M.; VALÉRIO, I. P.; BUSATO, C. C.; RIBEIRO, G. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**, Brasília, DF, v. 12, n. 03, p. 279-286, 2006.
- BERTI, C. L. F.; KAMADA, T.; MORAES, M. A.; ALVES, P. F.; SILVA, ALEXANDRE MARQUES ; MORAES, M. L. T.; BERTI, M. P. S. Diversidade genética de populações naturais de *dipteryx alata* localizadas nos municípios de brasilândia/ms, indiara/go e itarumã/go estimada por marcadores microssatélites. **Cultura Agrônômica**, Ilha Solteira, v. 26, p. 203-216, 2017.
- BERTI, C. L. F.; FREITAS, M. L. M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAIS, E.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Variação genética, herdabilidades e ganhos na seleção para caracteres de crescimento e forma em teste de progênies de polinização aberta de *Eucalyptus cloeziana*. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 23, n. 1, p. 1326, 2011.
- BITTENCOURT, J.M.; SEBBENN, A.M. Patterns of pollen and seed dispersal in a small fragmented population of a wind pollinated *Araucaria angustifolia* in southern Brazil. **Heredity**, London, v. 99, n. 580-591, 2007.
- BRAZ, M. S. S.; SOUZA, V. C.; ANDRADE, L. A.; BRUNO, R. L. A.; OLIVEIRA, L. S. B.; SILVA, J. M. Caracterização morfológica de frutos, sementes e plântulas de jacarandá-da-bahia (*Dalbergia nigra* (Vell.) Fr. All.ex. Benth) LeguminosaePapilonoideae. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Dois Irmãos, v. 4, n. 1, p. 67 -71, 2009.
- BLACK, P.; GRINGS, M. **Espécies nativas da flora brasileira de valor econômico atual ou potencial: plantas para o futuro - Região Sul**. Brasília, DF: MMA, 2011. 936 p.
- BRASIL. Ministério do Meio Ambiente - MMA. 2008. **Instrução normativa nº 6**. Brasília, DF, 2013. Disponível em: <<http://www.mma.gov.br/>> Acesso em: nov. 2013.
- BREWBAKER, J.L. **Agricultural genetics**. New Jersey: Prentics Hall, 1965. 156 p.

CARVALHO, P.E.R. Louro pardo. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 17, p. 63-66, 1988.

CARVALHO, P. E. R. **Espécies florestais brasileiras: recomendações silviculturais, potencialidades e uso da madeira**. Colombo: Embrapa-CNPQ; Brasília, DF: Embrapa-SPI, 1994. 638 p.

CARVALHO, P.E.R. **A synopsis of the genus *Dalbergia* (Fabaceae: Dalbergieae) in Brazil. *Brittonia***, Bronx, v. 49, p. 87–109, 1997.

CARVALHO, P.E.R. **Espécies arbóreas brasileiras**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 2003. 1 v. 1039 p.

CARVALHO, P.E.R. **Espécies arbóreas brasileiras**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, v.1, 2006, 628p.

COSTA E SILVA, J.; POTTS, B. M.; DUTKOWSKI, G.W. Genotype by environment interaction for growth of *Eucalyptus globulus* in Australia. **Tree Genetics & Genomes**, [S. l.], v. 2, n. 2, p. 61-75, 2006.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 1997. 390 p.

CRUZ C.D; REGAZZI A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. rev. Viçosa, MG: UFV, 2001. 390 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, MG: UFV, 2004. v.1.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: biometria**. Viçosa, MG: UFV, 2006. 382 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 2006. v. 2.

DUNLOP, R.W.; RESENDE, M.D.V.; BECK, S.L. Early assessment of first year height data from five *Acacia mearnsii* (black wattle) sub-populations in South Africa using REML/BLUP. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 54, p. 166-174, 2005

EGBÄCK, S.; LIZINIEWICZ, M.; HÖGGER, K.; EKÖ, P.; NILSSON, U. Influence of progeny and initial stand density on growth and quality traits of 21 year old half-sib Scots pine (*Pinus sylvestris* L.). **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 286, n. 1, p. 1-7, 2012.

GARCIA, C.H. **Tabelas para classificação do coeficiente de variação**. Piracicaba: IPEF, 1989. 12 p. (Circular técnica, 171).

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 3rd ed. New York: Spring, 2010. 500 p.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: Ed. da Universidade Federal de Viçosa, 1981. 279 p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th. ed. Longman: Harlow, 1996. 464 p.

FREITAS, R. G.; VASCONCELOS, E. S.; CRUZ, C. D.; ROSADO, A. M.; ROCHA, R. B.; TAKAMI, L. K. Predição de ganhos genéticos em progênies de polinização aberta de *Eucalyptus urograndis* cultivadas em diferentes 29 ambientes e submetidas a diferentes procedimentos de seleção. **Revista Árvores**, Viçosa, MG, v. 33, n. 2, p. 255-263, 2009

FRITSCHÉ-NETO, R.; GONÇALVES, M. C.; VENCOVSKY, R.; SOUZA JUNIOR, C. L. de. Prediction of genotypic values of maize hybrids in unbalanced experiments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [S. l.], v. 10, p. 32-39, 2010.

FONSECA, S. M.; KAGEYAMA, P.Y. Melhoramento genético face à produção de resina. **Circular Técnica IPEF**, Piracicaba, n. 36, p.1-16, 1978.

FORDYCE, J.A. The evolutionary consequences of ecological interactions mediated through phenotypic plasticity. **Journal of Experimental Biology**, Cambridge, v. 209, p. 2377–2383, 2006.

FURLAN, R. A.; MORI, E. S.; TAMBARUSSI, E. V.; MORAES, C. B.; JESUS, F. A.; ZIMBACK, L. Estrutura genética de populações de melhoramento de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* por meio de marcadores microssatélites. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 4, p. 553-563, 2007.

KAGEYAMA, P.Y.; PATIÑO-VALERA, Conservacion y manejo de recursos genéticos forestales: Factores que influyen en la estructura y diversidad de los ecosistemas forestales. In: CONGRESO MUNDIAL, 9., 1985, Ciudad del México. **Anales...** Ciudad del México: [s. n.], 1985.

KUBOTA, T. Y. K.; MORAES, M. A.; SILVA, E. C. B.; PUPIN, S.; AGUIAR, A. V.; FREITAS, M. L. M.; MORAES, M. L. T.; SATO, A. S.; MACHADO, J. A. R.; SEBBENN, A. M. Variabilidade genética para caracteres silviculturais em progênies de polinização aberta de *Balfourodendron riedelianum* (Engler). **Scientia Forestalis (IPEF)**, Piracicaba, v. 43, p. 11-20, 2015.

INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES - IBA. **Ibá**. São Paulo, 2015. 80 p. Disponível em: <[http://iba.org/images/shared/iba\\_2015.pdf](http://iba.org/images/shared/iba_2015.pdf)>. Acesso em: 12 maio 2017.

INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES - IBA. Disponível em: <[http://iba.org/images/shared/Biblioteca/IBA\\_RelatorioAnual2017.pdf](http://iba.org/images/shared/Biblioteca/IBA_RelatorioAnual2017.pdf)>. Acesso em: 15 jan. 2018.

LORENZI, H. **Árvores brasileiras**: manual de identificação de plantas arbóreas nativas do Brasil. São Paulo: Plantarum, 1992a. 368 p.

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

LORENZI, H. **Árvores brasileiras**. Nova Odessa: Plantarum, 2000. v. 1. 352 p.

LORENZI, H. **Árvores brasileiras**: manual de Identificação e cultivos de plantas arbóreas do Brasil. 2ª Ed. São Paulo: Nova Odessa. 2008.

LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits**. Sunderland: Sinauer Associates, 1998.

MANFIO, C. E.; MOTOIKE, S. Y.; RESENDE, M. D. V.; SANTOS, C. E. M.; SATO, A. Y. Avaliação de progênies de macaúba na fase juvenil e estimativas de parâmetros genéticos e diversidade genética. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 32, n. 69, p. 63-68, 2012.

MAHALANOBIS, P.C. On generalized distance in statistic. **Proceedings National Institute Sciences**, [S. l.], v. 2, p. 49-55, 1936.

MARCHETTI, E.R. Época de coleta, semeadura, tratamento pré-germinativo e métodos de semeadura de espécies florestais cultivadas no Rio Grande do Sul. In: CONGRESSO FLORESTAL ESTADUAL, 1984, Nova Parta. **Anais...** [S. l.: s. n.], 1984, p. 524-532.

MAIA, M. C. C. RESENDE, M. D. V.; PAIVA, J. R. de; CAVALCANTI, J. J. V.; BARROS, L. de M. Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 39, n. 1, p. 43-50, 2009.

MEYER, K. Factor-analytic models for genotype x environment type problems and structured covariance matrices. **Genet. Sel. Evol.**, Paris, v. 41, p. 21, 2009.

MORAES, M.A.; KUBOTA, T.Y.K.; SILVA, E.C.B.; SILVA, A.M.; CAMBUIM, J.; MORAES, M.L.T.; FURLANI JUNIOR, E.; SEBBENN, A.M. Short Communication Mendelian inheritance, linkage, and genotypic disequilibrium in microsatellite loci of *Hymenaea stigonocarpa* Mart. ex Hayne (Fabaceae-Caesalpinioideae). **Genetics and Molecular Research**, Warren, v. 15, p. 1-8, 2016.

MORI, E.S. **Variabilidade genética isoenzimática em uma população de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden submetida a diferentes intensidades de seleção**. 1993. 119 f. Tese (Doutorado em Genética) – Escola Superior de Agricultura “Luis de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba,, 1993.

OTSUBO, H. C. B.; MORAES, M. L. T.; MORAES, M. A.; JOSÉ NETO, M.; FREITAS, M. L. M.; COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; SEBBENN, A. M. Variação genética para caracteres silviculturais em três espécies arbóreas da região do bolsão sul-mato-grossense. **Cerne**, Lavras, v. 21, n. 4, p. 535-544, 2015.

PIGLIUCCI, M. Evolution of phenotypic plasticity: where are we going now? **Trends in Ecology and Evolution**, Amsterdam, v. 20, p. 481–486, 2005.

PIRES, I. E.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, R. L.; RESENDE JUNIOR, M. F. R. **Genética florestal**. Viçosa, MG: Arka, 2011. 318 p.

PINTO JUNIOR, J. E.; STORION, J. A.; RESENDE, M. D. V.; ROZELLI JUNIOR, P. Avaliação simultânea de produtividade, adaptabilidade e estabilidade genotípica de *Eucalyptus grandis* em distintos ambientes do Estado de São Paulo. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 53, p. 79-108, 2006.

PIMENTA, S.; MENEZES, D.; NEDER, D. G.; MELO, R. A.; ARAUJO, A. L. R.; MARANHÃO, E. A. A. Adaptability and stability of pepper hybrids under conventional and organic production systems. **Hortic. Bras.**, Brasília, DF, v. 34, p. 168-174, 2016.

SAMPSON, J. F.; HANKINSON, M.; MCARTHUR, S.; TAPPER, S.; LANGLEY, M.; GIBSON, N.; YATES, C.; BYRNE, M. Long-term ‘islands’ in the landscape: low gene flow, effective population size and genetic divergence in the shrub *Hakea oldfieldii* (Proteaceae). **Botanical Journal of the Linnean Society**, London, v. 179, n. 2, p. 319–334, 2015.

SANTOS, W.; SOUZA, D. C. L.; MORAES, M. L. T.; Aguiar, A.V. Genetic variation of wood and resin production in *Pinus caribaea* var. *hondurensis* Barret & Golfari. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 1, p. 1-7, 2016

SINGH, O.; SOFI, A. H. Variability in seed traits and genetic divergence in a clonal seed orchard of *Dalbergia sissoo* Roxb. **Journal of Forestry Research**, Colombo, v. 23, n. 1, p. 109–114, 2012.

SILVA, G. O; CARVALHO A. D. F.; VIEIRA, J. V.; BENIN, G. Verificação da adaptabilidade e estabilidade de populações de cenoura pelos métodos AMMI, GGE biplot e REML/BLUP. **Bragantia**, Campinas, v. 70, n. 3, p. 494-501, 2011

SUDRÉ, C. P.; RODRIGUES, R; RIVA, E.M.; KARASAWA, M; AMARAL JÚNIOR A.T. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira**, Brasília, DF, v. 23, n. 1, p. 22-27, 2005.

RÊGO, G. M.; POSSAMAI, E. **Jacarandá-da-Bahia (*Dalbergia nigra* Vellozo) leguminosae-papilionoidae**: produção de mudas. Comunicado Técnico. Colombo: Embrapa Florestas, 2003. p. 1-3.

REITZ, R. KELEIN, R.M.; REIZ, A. **Projeto madeira do Rio Grande do Sul**. Poto Alegre: Secretaria da Agricultura e Abastecimento, 1983. 524 p.

- REITZ, R. KELEIN, R.M.; REIZ, A. **Projeto madeira do Rio Grande do Sul**. Poto Alegre: Governo do Estado do RS, 1988. 525 p.
- RIZZINI, C. T. **Árvores e madeiras úteis do Brasil**: manual de dendrologia brasileira. São Paulo: Edgar Blucher., 1971. 244 p.
- RESENDE, M.D.V.; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária. Trop.**, Goiânia, v. 37: 182-194, 2007.
- RESENDE, M. D. V.; FERNANDES, J. S. C. Procedimento BLUP (Melhor Predição Linear Não Viciada) individual para delineamentos experimentais aplicados ao melhoramento florestal. **Revista Matemática e Estatística**, São Paulo, n. 17, p. 89-107, 1999.
- RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.
- RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimento e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 362 p.
- RESENDE, M. D. V. **Genética quantitativa e de populações**. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2015. 452 p.
- RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: A useful tool for plant breeding. **Crop Breed. Appl. Biotechnol.**, [S. l.], v. 16, n. 4, 2016.
- ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, Washington, v. 15, p. 469-485, 1959
- RODRIGUES, W. P.; VIEIRA, H. D.; BARBOSA, D. H.; SOUZA FILHO, G. R.; CANDIDO, L. S. Adaptability and genotypic stability of *Coffea arabica* genotypes based on REML/BLUP analysis in Rio de Janeiro State, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v.12, n. 3, p. 2391-2399, 2013.
- ROSADO, S.C.S.; BRUNE, A. Crescimento de árvores: estimativas de correlações entre idades e sua influência na densidade básica da madeira em *Eucalyptus* spp. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 7, n.1, p. 11-22, 1983.
- ROSADO, A. M.; ROSADO, T. B.; JÚNIOR, M. F. R. R.; BHERING, L. L.; CRUZ, C. D. Ganhos genéticos preditos por diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus urophylla*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 44, n. 12, p. 1653-1659, dez. 2009.
- RIBEIRO, R. A., LEMOS, J. P., RAMOS, A. C. S., LOVATO, M. B. Phylogeography of the endangered rosewood *Dalbergia nigra* (Fabaceae): insights into the evolutionary history and conservation of the Brazilian Atlantic Forest. **Heredity**, London, v. 106, n. 1, p. 46-57, 2011.

SALVADORI, S. L., DUARTE, C. U. N. B. D., SILVA, A. F. G. D., KLEIN, W. L. Análise De Sobrevivência E Crescimento De *Cordia trichotoma*, BORAGINACEAE, LAMIALES, No Sul DE Mato Grosso Do Sul – Brasil. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 23, n. 4, p. 735-742, 2013.

TAMBARUSSI, E. V.; SEBEN, A. M.; ALVES-PEREIRA, R.; VENCOVSKY, R.; CAMBUIM, J.; SILVA, A. M.; MORAES, M. A.; MORAES, M. L. T. *Dipteryx alata* vogel (Fabaceae), a neotropical tree with high levels of selfing: implications for conservation and breeding programs. **Annals of Forest Research**, Ilfov, v. 60, p. 1-19, 2017.

VASCONCELOS, E. S.; REIS, M. S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D. Produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja de ciclos precoce e médio. **Semina. Ciências Agrárias**, Londrina, v. 36, p. 1203-1214, 2015.

VERARDI, C.K.; RESENDE, M.D.V. de; COSTA, R.B. da; GONÇALVES, P. de S. Adaptabilidade e estabilidade da produção de borracha e seleção em progênes de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 44, p. 1277-1282, 2009.

VENCOVSKY, R.; BELLY, P. **Genetics biometrics in plant breeding**. Ribeirão Preto. Brazilian. Society. Of Genetics, 1992. 496 p.

## 4 PRODUTIVIDADE, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE EM PROGÊNIES DE *Cordia Trichotoma* (VELL.) ARRÁB. EX STEUD. EM DOIS SOLOS DE DIFERENTES TEXTURAS

### 4.1 Introdução

As espécies nativas são pouco utilizadas para fins madeireiros, quando comparadas às espécies exóticas. Mesmo com potencial econômico promissor, como é o caso de *Cordia trichotoma*, as espécies nativas apresentam baixa capacidade competitiva no mercado florestal atual, devido ao pouco investimento em programas de melhoramento genético, convencional ou participativo (participação de melhoristas e produtores no processo), bem como em técnicas de manejo. A escassez de tecnologias voltadas para o aumento da taxa de germinação de sementes, produção de mudas, propagação vegetativa, desempenho em crescimento e disponibilidade de material genético dessas espécies inviabiliza o processo.

O estabelecimento de ensaios experimentais, com controle ambiental adequado, é uma das primeiras etapas para avaliar o potencial produtivo e genético das espécies, buscando viabilizar a introdução de material mais competitivo aos sistemas de plantios. A seleção dos indivíduos baseia-se nos valores genéticos aditivos das plantas-mães que serão recombinadas e sobre os valores aditivos dos genótipos podendo ser propagados na forma de semente ou propágulos vegetativos (SPINELLI et al., 2015). *C. trichotoma*, popularmente conhecida como louro-pardo, é uma espécie nativa que vem sendo avaliada em plantios florestais tanto para compor sistemas silvipastoril, agroflorestal quanto para plantios comerciais puros.

O potencial econômico da espécie pode ser verificado no seu desempenho em crescimento, onde pode atingir de 20 à 30 m de altura, diâmetro a altura do peito a 1,30 m do solo superior a 40 e 60 cm e fuste de 10 à 15 m de altura (BLACK; GRINGS, 2011). Apresenta pequenos problemas em relação aos aspectos silviculturais, como ramificações e inserção dos galhos (em torno de 45°) que podem ser contornados com a desrama (CARVALHO, 2003). Não há relato de uso comercial de sua madeira, porém alguns trabalhos salientam que essa pode ser empregada em movelaria, embarcações, tonéis, caixilhos etc. Possui alburno pouco diferenciado do cerne, de coloração amarelo a parda, com anéis de crescimento pouco distintos e demarcados pelo parênquima marginal (CARVALHO, 2006; LORENZI, 2008). A árvore possui qualidade ornamental, podendo ser utilizada no paisagismo e indicada para reflorestamentos heterogêneos e na recuperação de áreas degradadas (LORENZI, 2008).

O procedimento mais indicado para iniciar um programa de melhoramento é a partir de testes de procedências e/ou progênies. Porém, para implantação de um teste de progênies tem-se requerido uma justificativa mais econômica ou social do que somente a conservação da



espécie. A conservação é uma atividade economicamente dispendiosa e onerosa ao longo do tempo, e apenas um ou dois testes não são suficientes para representar toda a variabilidade genética da espécie. Assim, a implantação de testes com espécies nativas florestais só se justifica se a espécie ou população natural estiver em áreas de riscos de extinção, como acontece nas regiões mais desenvolvidas do país, onde as florestas foram restritas a pequenos fragmentos florestais e que aos poucos serão substituídos por área agrícolas e/ou para compor programas de melhoramento e conservação genética *ex situ* para uso.

Dessa maneira, além da rede de ensaios a ser estabelecida, a caracterização genética acurada da diversidade genética da população de melhoramento é extremamente importante para adequada seleção dos indivíduos superiores. Quando utilizada adequadamente a diversidade de uma população, o progresso genético e a obtenção de genótipos produtivos são garantidos (CUI et al., 2001).

Em um programa de melhoramento genético, a população base deve apresentar variabilidade genética e valores médios dos caracteres produtivos de interesse econômico a serem melhorados (NEGREIROS et al., 2013). A manipulação do potencial genético, principalmente a partir de cruzamentos controlados, garantirá a exploração das combinações genéticas que poderão resultar em maior desempenho produtivo, a partir da heterose, ou inserção de caracteres de interesse e recuperação de genótipos superiores (FIGUEIRÊDO et al., 2007, MANFIO et al., 2012).

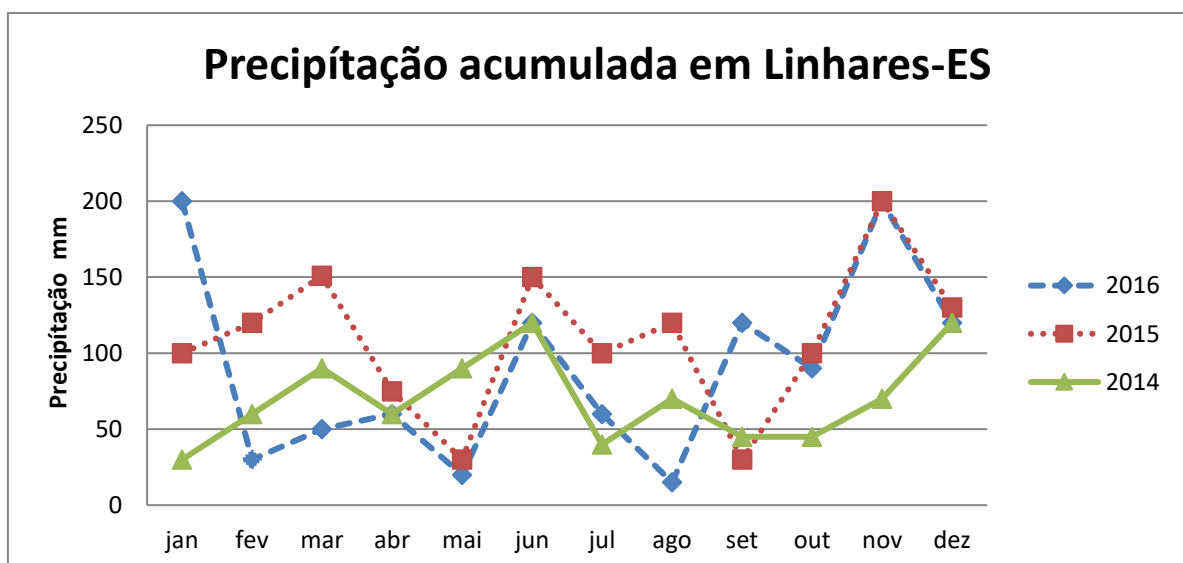
A identificação de genótipos superiores com base na divergência genética é a estratégia mais adequada para iniciar um programa de melhoramento (Rahman et al., 2002). É importante ressaltar que é mais efetivo realizar cruzamentos entre genótipos altamente divergentes, e que apresentem bom potencial produtivo (JUNIOR et al., 2014). Após a obtenção da divergência genética entre os pares de progênies, é importante utilizar métodos de aglomeração para separá-las em grupos. O método de otimização de Tocher constitui-se numa metodologia de agrupamento simultâneo e tem o critério de apresentar a distância média dentro dos grupos sempre menor que a distância média entre os grupos (CRUZ et al., 2004; CRUZ, CARNEIRO, 2006). O presente trabalho teve como objetivos: i) caracterizar a variabilidade genética de dois testes progênies de *C. trichotoma* a partir de caracteres quantitativos; ii) Aplicar diferentes intensidades de seleção visando à seleção de genótipos mais produtivos para madeira; e iii) Estimar as correlações genéticas e fenotípicas entre os caracteres quantitativos, em duas diferentes condições de textura de solo, iv) estimar a diversidade genética e o tamanho efetivo populacional após a seleção, v) estimar a interação genótipo x ambiente, bem como a produtividade, adaptabilidade e estabilidade em dois testes progênies estabelecidos em solos de diferentes texturas.

## 4.2 Material e Métodos

### Material

Os dois testes de progênes foram implantados em Linhares-ES, em duas condições pedológicas diferentes. Sementes de 30 árvores-mães de *C. trichotoma* de polinização aberta foram coletadas na reserva da Empresa Vale e em pequenos fragmentos florestais localizados entre os municípios de Sooretama-ES (19°11'22,91" S, 40° 5'50,48" W) e Linhares-ES (19°23'40,71" S, 40° 3'51,40" W) (Tabela 17 e Figura 15). O município de Linhares-ES, onde foram estabelecidos os testes, encontra-se na zona natural de terras quentes, planas e secas. O clima do município, segundo a classificação de Koppen- Geeiger e Af, é um clima tipo tropical quente úmido com chuvas no verão e inverno seco. O índice pluviométrico é de 1.193 mm/ano e temperatura média de 23,4 °C, sendo a máxima de 32 °C e a mínima de 19,6 °C (INCAPER, 2013). A sede do município está localizada a 58 metros do nível do mar. A maior parte do relevo do município é plano (85,8%), e uma pequena parte acidentado (14,2%). A precipitação acumulada mensal para os anos de 2014 a 2016 apresentam médias mensais anuais de 70 mm e 75mm, respectivamente, 109 mm e 75 mm e acumulada em 840, 1.035 mm e 1.085 mm para 2014, 2015 e 2016 , respectivamente (Figura 8) (INCAPER, 2017).

**Figura 1:** Precipitação mensal acumulada para o município de Linhares-ES de janeiro de 2014 a dezembro de 2016.



Fonte: Próprio autor.

Os testes de progênies foram instalados em junho de 2012 (Figura 2), na base física da empresa Vale Rio Doce, em Linhares-ES, consorciados com 30 progênies de *Dalbergia nigra* procedentes do mesmo local. A disposição das plantas das espécies foi linear e alternadas. O delineamento experimental adotado para ambos os testes foram de blocos completos ao acaso, com 40 e 34 repaetições nas áreas 1 e 2, respectivamente, com uma planta por parcela. O espaçamento utilizado foi de 3,0 x 3,0 metros entre as plantas de espécies diferentes e 6,0 x 6,0 metros entre as da mesma espécie (Figura 16 e 17). Os solos das áreas (testes) 1 e 2 foram classificados como arenoso e argiloso teste 2 (área 2) (Figura 17). O solo da região foi classificado como latossolo vermelho escuro eutrófico argiloso (PANOSO, 2002).

**Figura 2:** Localização área 1 e 2, Linhares-ES.



Fonte: Google Maps (2017).

**Figura 3:** Caracterização solo área 1 (arenoso), Linhares-ES.



Fonte: Aguiar (2018).

**Figura 4:** Caracterização solo área 2 (argiloso), Linhares-ES.



Fonte: Aguiar (2018).

#### Coleta de dados para análise estatística dos caracteres quantitativos

As árvores das áreas foram avaliadas com relação aos seguintes caracteres: diâmetro a altura do peito a 1,30 m do solo (DAP-cm), diâmetro do coleto a 30 cm do solo (DAC-cm), altura total de plantas (ALT-m), altura do primeiro verticilo (APV-m) e sobrevivência (SOB-%). As avaliações foram realizadas durante os quatro primeiros anos após o plantio (2013= ALT, SOB; 2014= DAC, ALT, APV, SOB; 2015= DAP, ALT, APV, SOB; 2016= DAP, ALT, APV, SOB).

O DAP e DAC foram mensurados com fita métrica graduada em 0,1 cm. Já a ALT foi obtida com o auxílio de um hipsômetro e a APV com régua graduada.

## Métodos

### 4.2.1 Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos

As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas por meio do método REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada), a partir de dados desbalanceados, empregando-se o *software* genético-estatístico SELEGEN-REML/BLUP, desenvolvido por Resende (2007) e Resende (2016). Três diferentes modelos foram utilizados para realizar as análises estatísticas e estimar os parâmetros genéticos, conforme descrição a seguir.

### 4.2.2 Análise individual e estimativa dos parâmetros genéticos

As estimativas de valores genéticos foram obtidas com uso do programa SELEGEN-REML/BLUP, considerando o modelo 95 (RESENDE, 2007; RESENDE 2016). As análises foram realizadas individualmente para cada local. O teste de progênie de polinização aberta (meias-irmãs) foi avaliado considerando o delineamento de blocos completos ao acaso, uma planta por parcela, um só local e uma única população:

Modelo matemático:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xr} + \mathbf{Za} + e$$

onde:  $\mathbf{y}$  é o vetor de dados,  $\mathbf{r}$  é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral,  $\mathbf{a}$  é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios),  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

As equações de modelo misto são:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}(\sigma_e^2/\sigma_a^2) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'Y \\ Z'Y \end{bmatrix}$$

Estimador ML

Segundo o modelo apresentado e o algoritmo EM, os estimadores para obtenção de  $\sigma_a^2$  e  $\sigma_e^2$  (SCHAEFFER, 1976 citado por RESENDE 2002).

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{b}' X'y - \hat{a}' Z'y]/N$$

$$\hat{\sigma}_a^2 = \left[ \hat{a}' A^{-1} \hat{a} + \sigma_e^2 \text{tr} \left[ Z'Z + A^{-1} \left( \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} \right)^{-1} \right] \right] / N_a$$

$N_a$  = número de elementos aleatórios (indivíduos)

tr = operador traço matricial.

$N$  = número total de dados;

A: Matriz de parentesco genético aditivo

Assim, a partir de um valor de  $\sigma_e^2/\sigma_a^2$ , estima-se  $\hat{b}$  e  $\hat{a}$  pelas equações de modelo mistos, os quais são usados para obtenção de novas estimativas de  $\sigma_a^2$  e  $\sigma_e^2$ . Repete-se este procedimento até a convergência para valores estáveis. A velocidade de convergência é tanto maior quanto mais acertada (próxima da verdadeira) for a informação inicial utilizada (RESENDE 2002).

Estimador REML

Para o mesmo modelo, o algoritmo EM conduz aos seguintes estimadores de  $\sigma_a^2$  e  $\sigma_e^2$  (HARVILLE, 1977; MEYER, 1989; citados por RESENDE 2002).

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{b}' X'y - \hat{a}' Z'y] / [N - r(X)]$$

$$\hat{\sigma}_a^2 = [\hat{a}' A^{-1} \hat{a} + \sigma_e^2 \text{tr } C^{22}] / N_a$$

em que:

$r(X)$ : posto ou número de colunas linearmente independentes de X.

$$C^{22} \text{ é de forma } \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} \\ C^{21} & C^{22} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1} \left( \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} \right) \end{bmatrix}^{-1}$$

Os componentes de variância iteram nas equações de modelo misto até a convergência, conforme descrito para o método ML.

Os parâmetros genéticos estimados foram (RESENDE, 2002):

I. Herdabilidade no sentido restrito

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}$$

II. Herdabilidade média das progênies

$$h_m^2 = \frac{[1 + (n - 1)\rho_a]h_a^2}{1 + (n - 1)(\rho_a h_a^2)}$$

$\rho_a$ : é a correlação genética aditiva intraclasse entre indivíduos,  $n$  é o número de plantas por parcela,  $h_a^2$  herdabilidade no sentido restrito

## III. Acuracia

$$r_{\hat{a}a} = \sqrt{\frac{n}{n + \left(\frac{4-h_a^2}{h_a^2}\right)}}$$

em que  $n$  é o número de plantas por parcela

## IV. Variação fenotípica individual

$$\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2$$

## V. Coeficiente de variação genética individual

$$CV_{gi} = \frac{100 \cdot \sqrt{\hat{\sigma}_a^2}}{\mu}$$

$\mu$  média geral.

## VI. Coeficiente de variação genética entre progênies

$$CV_{gp} = 100 \cdot \frac{\sqrt{0,25\hat{\sigma}_a^2}}{\mu}$$

$\mu$  média geral.

## VII. Coeficiente de variação do erro experimental

$$CV_e = 100 \cdot \frac{\sqrt{(0,75\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2)/n}}{\mu}$$

em que  $n$  é o número de plantas por parcela; e  $\mu$  média geral.

## 4.2.3 Estimativa das Correlações genéticas e fenotípicas

Com objetivo estimar a relação entre os caracteres fenotípicos em diferentes idades para propor a seleção precoce em gerações subsequentes de melhoramento visando aumentar o ganho por unidade de tempo para essa espécie, foram estimadas as correlações genéticas e fenotípicas entre os caracteres. Essas estimativas foram obtidas com o auxílio do software genético-estatístico SELEGEN-REML/BLUP, desenvolvido por Resende (2007a).

A correlação genética  $r_g$  entre foi estimado por:

$$\hat{r}_g = \frac{C\hat{O}V_{a(x,y)}}{\sqrt{\hat{S}_{a(x)} \cdot \hat{S}_{a(y)}}}$$

Onde  $C\hat{O}V_{a(x,y)}$  é a covariância genética aditiva entre  $x$  e  $y$  onde,  $\hat{\sigma}_{a(x)}$  é componente de variância genética para o  $x$ , e  $\hat{\sigma}_{a(y)}$  é a variância genética aditiva para o  $y$ .

A correlação fenotípica  $r_f$  entre dois caracteres foi estimada por:

$$\hat{r}_f = \frac{C\hat{O}V_{f(x,y)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{f(x)}^2 \cdot \hat{\sigma}_{f(y)}^2}}$$

onde:  $C\hat{O}V_{f(x,y)}$  é a covariância fenotípica entre o  $x$  e  $y$ ,  $\hat{\sigma}_{f(x)}$  é o componente de variância fenotípica para o  $x$ , e  $\hat{\sigma}_{f(y)}$  é o componente de variância fenotípica para o  $y$ .

Os erros padrão e a significância para as correlações genéticas e fenotípicas foram estimados a partir de GENES<sup>®</sup> (CRUZ, 2006). O gráfico dos resultados das associações entre variáveis foram realizadas utilizando o “software” R (R\_Team, 2013), utilizando os pacotes "corrplot" e "ggplo2".

#### 4.2.4 Estimativa de diversidade genética, tamanho efetivo populacional e ganho esperado com a seleção

Com a finalidade de selecionar indivíduos e progênies superiores para as gerações subsequentes de melhoramento, pomares de sementes por mudas e clonais e plantios comerciais, foram simuladas, a partir do ranqueamento obtido com os valores genéticos aditivos, oito intensidades de seleção: 2,5%, 5%, 7,5, 10%, 12,5%, 15%, 17,5% e 20% , correspondendo: 21, 42, 63, 84, 105, 125 145 e 167 indivíduos na área 1 e 20, 40, 59, 79, 98, 118, 137 e 155 na área 2, respectivamente. O caráter considerado na seleção foi o DAP avaliado no ano de 2016.

O ganho genético foi estimado em porcentagem pela expressão:

$$Gs (\%) = \frac{\sum a}{\mu} \times 100$$

Em que:  $a$  corresponde ao valor genético aditivo do indivíduo selecionado e  $\mu$  corresponde à média geral do experimento para o caráter DAP-2016.

O tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) foi obtido com base em Resende (2002):



$N_e = (4.N_f.\bar{k}_f) / [\bar{k}_f + 3 + (\sigma_{k_f}^2 / \bar{k}_f)]$ , onde:  $N_f$ : número de progênes selecionadas;  $\bar{k}_f$ : número médio de indivíduos selecionados por progênie;  $\sigma_{k_f}^2$ : estimativa da variância do número de indivíduos selecionados por progênie.

A diversidade genética (D), após a seleção, foi quantificada conforme Wei e Lindgren (1996), citados por Resende (2002):  $D = N_{ef}/N_{fo}$ , onde:  $0 < D \leq 1$ ;  $N_{fo}$ : número original de progênes,  $N_{ef}$ : número efetivo de progênes selecionadas, dado por:  $N_{ef} = (\sum k_f)^2 / \sum k_f^2$ .

#### 4.2.5 Divergência Genética e agrupamento de Tocher

A divergência genética entre as progênes foi estimada por meio da Distância Generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ). A Distância Generalizada de Mahalanobis ( $D^2 = D_{ii}^2$ ) é descrita pela expressão (CRUZ, CARNEIRO, 2003):

$$D_{ii}^2 = \delta' \psi^{-1} \delta$$

em que:

$D_{ii}^2$  = distância de Mahalanobis entre os genótipos i e i';

$\delta' = [d_1, d_2, \dots, d_v]$ , sendo  $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$ ;

$\psi$  = matriz de variâncias e covariâncias residuais;

$Y_{ij}$  = média do i-ésimo genótipo em relação à j-ésima variável.

Após a obtenção da matriz de distância ( $D^2$ ), foi realizada a análise de agrupamento pelo Método de Otimização de Tocher, descrito por Cruz e Regazzi (2001), no qual se adota o critério de que a média dos valores de  $D^2$  (intracluster) deve ser menor que os valores de  $D^2$  (inter-cluster). A divergência genética foi obtida pelo método REML/BLUP, empregando-se o *software* genético-estatístico SELEGEN<sup>®</sup>-REML/BLUP (RESENDE, 2007). A contribuição dos caracteres para a formação dos grupos foi obtida com o uso do programa computacional GENES<sup>®</sup> (CRUZ, 2006).

#### 4.2.6 Interação Genótipo x Ambiente (GxA) e análise de Produtividade, Estabilidade e Adaptabilidade

Para estimar a interação genótipo x ambiente foi realizada a análise conjunta considerando os dois testes utilizando o procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada), empregando-se o “*software*” genético-estatístico

SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2007). A seleção simultânea por produtividade, estabilidade e adaptabilidade pode ser realizada pela Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos (MHPRVG) a partir dos modelos mistos REML/BLUP (RESENDE, 2007). Pelo método, a estabilidade satisfaz a Média Harmônica dos Valores Genotípicos nos locais (MHVG), a adaptabilidade refere-se à Performance Relativa dos Valores Genotípicos em relação à média de cada local (PRVG) e a estabilidade, adaptabilidade e produtividade simultaneamente (Altura e DAP), corresponde a Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos (MHPRVG).

Para isto foi usado o “modelo 54”:

$$y = Xr + Zg + Wi + e$$

Em que  $y$  é o vetor de dados, “ $r$ ” é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral,  $g$  é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), “ $i$ ” é o vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatório) e sendo o vetor de erro ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. O vetor  $r$  contempla as medições nas repetições dos vários locais e ajusta simultaneamente para todos esses efeitos e suas interações (RESENDE, 2007).

A herdabilidade individual no sentido restrito ( $\hat{h}_a^2$ ), herdabilidade média de progênes ( $\hat{h}_m^2$ ), acurácia ( $\hat{r}_{aa}$ ), coeficiente de variação genética aditiva individual ( $CV_{gi}$ ) e coeficiente de variação residual ( $CV_e$ ) foram estimados:

- a) Coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente

$$\hat{C}_{int}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{int}^2}{\hat{\sigma}_a^2}$$

$\sigma_{int}^2$  é a variância da interação entre genótipos e ambiente.

- b) Correlação genotípica entre progênes nos vários ambientes

$$\hat{r}_{gloc} = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_{int}^2}$$

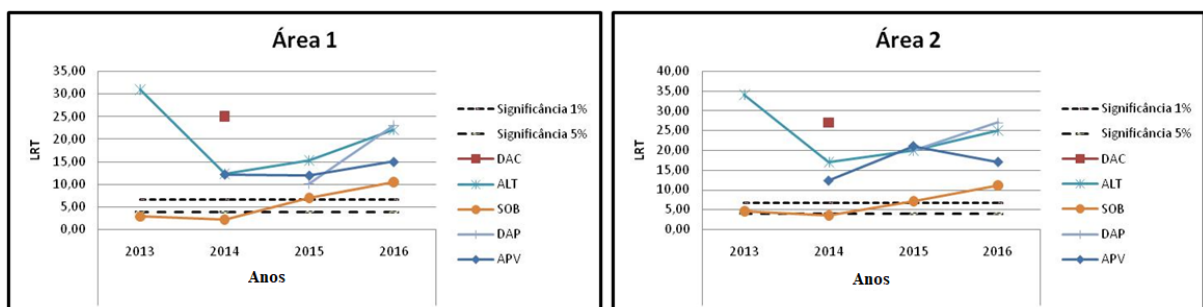
$\sigma_{int}^2$  é a variância da interação entre genótipos e ambiente.

### 4.3 Resultados e Discussão

#### 4.3.1 Análise de deviance individual e estimativa de parâmetros genéticos

Foram observadas diferenças significativas ( $p < 0,01$ ) entre as progênies para todos os caracteres quantitativos avaliados nas duas áreas (Figura 5), inferindo que as progênies podem ser exploradas em programas de melhoramento genético, por meio da seleção direta ou indireta KARASAWA et al., 2005; PIMENTEL et al., 2014. O caráter sobrevivência de plantas não foi significativo ( $p < 0,01$ ) durante os anos de 2013, 2014 e 2015 nas áreas 1 e 2.

Figura 5: Teste da razão de verossimilhança (LRT) e níveis de significância para os caracteres: diâmetro altura do peito (DAP-cm), diâmetro da altura do coleto a 30 cm do solo (DAC-cm), altura total de plantas (ALT-m), altura do primeiro verticilo (APV-m) e sobrevivência (SOB-%), em progênies de *Cordia trichotoma*, em Linhares-ES.

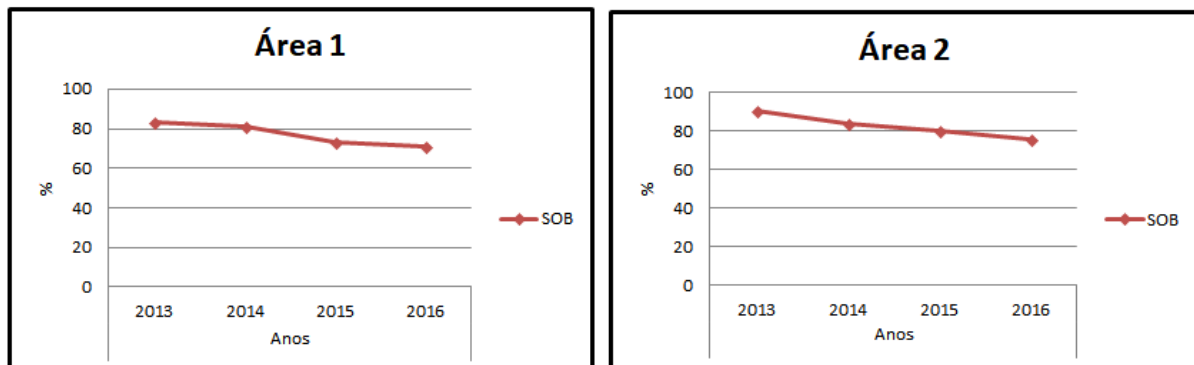


Nota:  $\chi^2$  qui-quadrado da deviance; LRT significativo acima da linha tracejada  $p < 0,05$  (3,84); acima da linha pontilhada =  $p < 0,01$  (6,63), e abaixo linha tracejada = não significativo.

Fonte: Próprio autor.

O valor observado para sobrevivência na área 2 (91%) foi superior ao observado na área 1 (83%) (Figura 6), isso ocorreu durante todos os anos de avaliação. Fatores abióticos, como a textura de solo, e genéticos podem ter sido as principais causas desses resultados. No presente trabalho verificou-se que condições de solo da área 2 proporcionaram maior taxa de sobrevivência.

Figura 6: Taxa de sobrevivência (SOB-%), em progênies de *C. trichotoma* para os dois locais de plantio em Linhares-ES.



Fonte: Próprio autor.

O crescimento médio em altura, nos dois testes, foi muito similar no primeiro ano de plantio (Tabela 1). Para o caráter DAC, em 2014, diferença de 0,61 cm quando foi observado comparado os valores das duas áreas. Em 2015, os valores obtidos para os caracteres DAP e ALT, para as progênies da área 1, foram superiores aos das progênies da segunda área, com diferença de crescimento de 1,21 cm para DAP, e 0,49 cm para ALT.

Trabalhos realizados com *C. trichotoma* indicaram que em plantações bem manejadas a espécie pode atingir incremento volumétrico superior a  $20 \text{ m}^3\text{ha}^{-1}\text{ano}^{-1}$  (REITZ et al., 1988). Carvalho (1994) relatou que *C. trichotoma* apresenta crescimento lento a moderado no Brasil, sendo que incrementos de volumétricos em plantios atingem  $9,65 \text{ m}^3\text{ha}^{-1}\text{ano}^{-1}$  aos dez anos de idade. No ano safra 2014, a produtividade média dos plantios brasileiros de eucalipto atingiu  $39 \text{ m}^3\text{ha}^{-1}\text{ano}^{-1}$  e a produtividade dos plantios de pinus foi de  $31 \text{ m}^3\text{ha}^{-1}\text{ano}^{-1}$  (IBA, 2015). Sebbenn et al. (2007a), estudando progênies de *Cordia alliodora* aos 23 anos, relataram desempenho para os caracteres DAP de 11,7 cm e altura de 8,8 m. Freitas et al. (2006) relataram incremento médio anual (IMA) para *Cordia trichotoma* aos 19 anos de 0,83 cm para DAP e 0,73 cm para altura. Estudos de Rocha et al. (2007), com progênies de *Eucalyptus urophylla* e *Eucalyptus grandis* aos 58 meses de idade para os caracteres DAP e ALT relataram incremento médio de 2,47 cm, 2,48 cm, 3,53 m e 3,75 m, respectivamente. Tambarussi et al. (2010) observaram IMA de 1,66 m de altura e 1,88 cm de DAP em progênies de *P. caribaea* var. *hondurensis*, em Selviria-MS. O IMA em altura para o teste de progênies de *C. trichotoma* no ano de 2015 foi de 1,03 m (Área 1) e 0,84 cm (área 2), para DAP foi de 1,56 cm (Área 1) e 1,17 cm (área 2). Apesar do IMA para os caracteres de crescimento ser baixo se comparado com materiais melhorados de pinus e eucaliptos, a variabilidade detectada nesses testes de progênies confirma que a obtenção de uma população de melhoramento com valores de IMA superior será possível.

A presença de variabilidade genética entre progênes ( $CV_{gp}$ ) foi detectada para todos os caracteres nas duas áreas (Tabela 1). Essa variação genética entre as progênes foi confirmada pelo fato das estimativas de coeficiente de variação genética individual ( $CV_{gi}$ ) serem superiores a 7% (SEBBENN et al., 1998). De acordo com Resende (2002), para obtenção das estimativas de parâmetros genéticos em plantas perenes deve ser considerado o crescimento das plantas ao longo do tempo. Spinelli et al. (2015), estudando progênes de *Jatropha curcas*, relataram  $CV_{gp}$  de 6,45% e 5,31% para o caráter altura de planta aos 2 e 3 anos de idade. Alguns ensaios com espécies nativas também demonstraram valores inferiores ( $CV_{gi}$ ) para os mesmos caracteres avaliados no presente trabalho, como 3,98%, 1,02% e 9,04% para DAP, altura e volume, respectivamente (SEBBENN et al., 2007b) e 2,33% e 14,51% para altura e volume, respectivamente (FREITAS et al., 2006).

Tabela 1. Estimativa de parâmetros genéticos e média para os caracteres diâmetro a 1,30 m do solo (DAP), diâmetro do coleto a 30 cm do solo (DAC), altura total de plantas (ALT), altura do primeiro verticilo (APV), em progênies de *C. trichotoma* em Linhares-ES.

Área 1										
	ALT 2013 (m)	DAC 2014 (cm)	ALT 2014 (m)	APV 2014 (m)	DAP 2015 (cm)	ALT 2015 (m)	APV 2015 (m)	DAP 2016 (cm)	ALT 2016 (m)	APV 2016 (m)
$\hat{h}_a^2$	0,29 (±0,09)	0,48 (± 0,13)	0,44 (±0,12)	0,16 (± 0,07)	0,33 (±0,11)	0,35 (±0,11)	0,02 (±0,02)	0,31 (±0,04)	0,37 (±0,10)	0,01 (±0,02)
$\hat{h}_m^2$	0,70	0,82	0,79	0,57	0,73	0,74	0,13	0,48	0,41	0,02
$r_{aa}$	0,84	0,90	0,89	0,75	0,86	0,86	0,37	0,69	0,63	0,37
$CV_{gi}$	33,7	38,16	31,28	29,96	33,6	27,8	10,31	16,16	9,92	9,45
$CV_{gp}$	16,85	19,08	15,64	14,98	16,8	13,9	5,16	8,08	4,96	4,72
$CV_e$	59,97	51,3	44,2	71,65	35,65	44,55	71,97	53,02	38,19	74,73
$CV_r$	0,28	0,37	0,35	0,21	0,40	0,31	0,07	0,15	0,12	0,06
$\hat{m}$	0,76	4,25	1,86	0,29	4,70	3,01	0,43	5,22	3,50	0,71

Área 2										
	ALT 2013 (m)	DAC 2014 (cm)	ALT 2014 (m)	APV 2014 (m)	DAP 2015 (cm)	ALT 2015 (m)	APV 2015 (m)	DAP 2016 (cm)	ALT 2016 (m)	APV 2016 (m)
$\hat{h}_a^2$	0,32 (±0,10)	0,37 (± 0,11)	0,36 (±0,11)	0,23 (± 0,09)	0,47 (±0,13)	0,51 (±0,14)	0,13 (±0,07)	0,29 (±0,07)	0,32 (±0,11)	0,29 (±0,10)
$\hat{h}_m^2$	0,72	0,75	0,74	0,65	0,8	0,81	0,5	0,63	0,52	0,72
$r_{aa}$	0,85	0,87	0,86	0,80	0,89	0,91	0,71	0,79	0,72	0,85
$CV_{gi}$	34,28	34,99	28,6	31,79	46,36	38,2	23,9	27,82	21,96	35,26
$CV_{gp}$	17,14	17,49	14,3	15,89	23,18	19,1	11,95	13,91	10,98	17,63
$CV_e$	57,35	54,00	45,32	63,34	62,96	49,78	63,86	61,42	61,38	62,9
$CV_r$	0,30	0,32	0,32	0,25	0,37	0,38	0,19	0,22	0,17	0,28
$\hat{m}$	0,77	3,64	1,87	0,32	3,51	2,52	0,53	3,86	3,02	0,56

$\hat{h}_a^2$  herdabilidade individual dos efeitos aditivos;  $\hat{h}_m^2$  herdabilidade em nível da médio de progênies;  $r_{aa}$  acurácia;  $CV_{gi}$  % coeficiente de variação genética aditiva individual;  $CV_{gp}$  % coeficiente de variação genética entre progênies;  $CV_e$  % coeficiente de variação experimental;  $CV_r$  % coeficiente de variação relativa;

$\hat{m}$  média geral. Resultados das análises de variância na tabela 18. Fonte: Próprio autor.

O coeficiente de variação experimental foi considerado alto para o caráter APV-2015 (71,97%) área 1, e o caráter que deteve menor valor para esse coeficiente foi o ALT-2014 (45,32%, área 1) (RESENDE, 2002). O valor de  $CV_e$  pode sofrer aumento devido ao efeito do desbalanceamento dos dados e características do solo e do caráter. Em delineamento experimental com uma planta por parcela, o desbalanceamento pode ocorrer por diferentes causas. Como a variação residual média depende do número de repetições, a perda de repetição pode elevar esse valor. A homogeneidade do sítio também influencia essa estimativa, porém o delineamento em bloco ameniza a heterogeneidade do ambiente.

Valores de  $CV_e$  para espécies florestais são mais expressivos de que para espécies anuais. Assim, gera-se a necessidade de estabelecer uma classificação específica para essas espécies, bem como os caracteres quantitativos dentro da experimentação florestal (GARCIA, 1989). Além disso, depende muito do caráter e da idade do ensaio. Plantas mais jovens sofrem mais o efeito ambiental. Freitas et al. (2006) observaram valores mais baixos para os caracteres de crescimento para mesma espécie aos 19 anos após o plantio (10,1%, 20,8% e 37,6% para altura, DAP e volume). Valores superiores também foram estimados para *Eugenia dysenterica* aos 4 anos de idade, diâmetro de colo de 31,9% e 45,7% e altura de 32,3 a 37,0% (AGUIAR et al., 2009). Costa et al. (2005), estudando teste de progênies erva mate aos nove meses de idade, obtiveram valores altos de  $CV_e$  de 15,52% e 35,53% para altura total e diâmetro do coleto. Os  $CV_e$  estimados no presente estudo estão acima do padrão ressaltados em outros trabalhos semelhantes. Acredita-se que o efeito ambiental nesse experimento está sendo mais expressivo em idade juvenil. Portanto, recomenda-se avaliação desse ensaio em idades adulta. Snedecor e Cochran (1967) definiram que, para inferir sobre a precisão seletiva nos ensaios, é necessário levar em consideração o  $CV_e$ , como o  $CV_{gi}$  e o número de repetições. Portanto a precisão neste estudo mostra níveis adequados.

Os caracteres DAP-2015 e APV-2015 apresentaram médios e baixos valores de  $CV_r$  para ambas as áreas (0,40-área 1 e 0,07-área 2). O coeficiente de variação relativa mede a relação entre o coeficiente de variação genética e ambiental. De acordo com Vencovsky (1987), o maior valor desta estimativa está associado às maiores possibilidades de atingir ganhos de seleção, pois o caráter estará sob maior controle genético e ambiental. Esse parâmetro pode sugerir inferências com alta acurácia e precisão (RESENDE; DUARTE, 2007).

Os testes de progênies nas duas áreas apresentaram baixas e altas estimativas de acurácias (APV-2015=0,37% área 1 e ALT-2015=0,91% área 2). Os valores foram consideráveis em conformidade com o estabelecido por Resende (2002) para todos os caracteres em todos os anos. Isso apresenta o grau de confiabilidade das análises e na forma de coleta de

dados. Resende e Duarte (2007) relatam que as estimativas de acurácia é uma das mais importantes para a orientação ao melhorista sobre a precisão dos valores genéticos preditos, devido a acurácia não depender apenas da magnitude da variação residual e do número de repetições, mas também da proporção entre as variações de natureza genética e residual que estão associadas ao caráter em avaliação. Spinelli et al. (2015), estudando famílias de *Jatropha curcas*, relataram valores de acurácia de 0,50 e 0,44 para o caráter altura de planta aos 2 e 3 anos de idade. Valores inferiores aos obtidos nas duas áreas.

As herdabilidades individuais no sentido restrito e média de progênes foram altas para todos os caracteres. Assim, a seleção com base nas herdabilidades da média de progênes significaria maiores ganhos genéticos (ROYCHOWDHURY; TAH, 2011). Li, Howe, Wu, (1998) relataram herdabilidade no sentido restrito de 0,15 e 0,30 e 0,20 e 0,15 para os caracteres altura do caule e diâmetro do coleto aos primeiro e segundo ano após o plantio *P. tremuloides*. Spinelli et al. (2015) observaram herdabilidade no sentido restrito de 0,39 e 0,31 para o caráter altura de planta aos 2 e 3 anos de idade para progênes *Jatropha curcas*. Freitas et al. (2006) encontraram valores de herdabilidade em nível médio de progênes variando de baixo a alto 0,12, 0,65 e 0,77 para ALT, SOB e DAP, respectivamente para espécie louro-pardo. O estudo de Cornelius (1994) confirmou valores médios de 0,16 e 0,21 para DAP e altura com base em vários estudos florestais publicados. Esses valores são muito superiores aos que foram relatados com espécies nativas como *Esquizolo biumparayba* e *Myracrodruon urundeuva* (CHINELATO et al., 2014; PUPIN et al., 2017), e ainda, maiores do que de outras espécies tropicais mais amplamente disseminadas como *Tectona grandis* (CALLISTER, 2013). No presente trabalho observou-se herdabilidades em nível individual e em média de progênes acima dos demais trabalhos citados acima.

#### 4.3.2 Estimativas de diversidade genética, tamanho efetivo populacional e ganho esperado com a seleção

As estimativas de ganhos com a seleção para DAP, aos quatro anos de idade, em ambos os locais, resultou em ganhos altos de 5,72% a 15,45% (Tabela 2). A área 2 demonstrou maiores ganhos na seleção em todos os níveis de intensidades. Esse resultado era esperado, devido à área 2 ter apresentado maiores coeficientes de variação genéticos ( $CV_{gp}$  e  $CV_{gi}$ ) acima da média geral. Para o estabelecimento de um pomar de sementes por mudas deve haver continuidade na averiguação dos parâmetros  $CV_{gp}$ ,  $CV_{gi}$  e  $\hat{h}_a^2$  por estarem em constantes mudanças com fatores climáticos, idade e sobrevivência de indivíduos. O método de seleção



individual é recomendado, principalmente, quando o objetivo da seleção for ganho imediato, mas quando se tem a necessidade de avançar nos ciclos subsequentes é recomendável a seleção dentro de progênies, pois consegue-se associar uma boa eficiência dos progressos esperados na seleção, mantendo a divergência genética em níveis compatíveis com a seleção da população original. Os ganhos genéticos dessa população mostram semelhança com outras espécies tropicais competitivas. Os valores estimados para a área 2 foram superiores aos estimados por Da Costa et al. (2015) para *T. grandis* (6,5% em altura), *Esquizolobium amazonicum* (20% em volume) (Rocha et al., 2009).

Tabela 2. Estimativas de ganhos individuais na seleção ( $GS_I$ ) no caráter diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-cm) avaliado no ano de 2016 para progênies de *C. trichotoma* em Linhares-ES.

Área 1								
Parâmetros	$GS_I$ (2,5%)	$GS_I$ (5%)	$GS_I$ (7,5%)	$GS_I$ (10%)	$GS_I$ (12,5%)	$GS_I$ (15%)	$GS_I$ (17,5%)	$GS_I$ (20%)
$N_{fo}$	30	30	30	30	30	30	30	30
$N_{fs}$	6	10	11	12	13	16	18	18
$N$	21	42	63	84	105	125	145	167
$k_f$	3,5	4,86	5,72	7,00	8,077	7,81	8,05	9,27
$\sigma_{kf}^2$	18,3	36,8	30	41,1	51,12	61,36	64,88	71,7
$\hat{GS} (\%)$	7,73	7,04	6,38	6,21	6,17	6,06	5,78	5,72
$N_e$	7,15	12,57	18,01	21,2	24,13	26,78	30,35	33,37
$\hat{D}$	0,09	0,14	0,2	0,22	0,25	0,27	0,3	0,34

Área 2								
Parâmetros	$GS_I$ (2,5%)	$GS_I$ (5%)	$GS_I$ (7,5%)	$GS_I$ (10%)	$GS_I$ (12,5%)	$GS_I$ (15%)	$GS_I$ (17,5%)	$GS_I$ (20%)
$N_{fo}$	30	30	30	30	30	30	30	30
$N_{fs}$	6	7	12	13	14	16	18	19
$N$	20	40	59	79	98	118	137	155
$k_f$	3,33	5,71	4,92	6,08	7,00	7,37	7,61	8,16
$\sigma_{kf}^2$	19,47	32,50	36,08	45,11	53,07	61,58	62,60	67,03
$\hat{GS} (\%)$	15,45	15,37	14,05	14,05	13,37	13,03	12,16	11,40
$N_e$	6,57	11,10	15,47	19,16	22,17	25,20	29,09	32,10
$\hat{D}$	0,08	0,12	0,17	0,20	0,23	0,26	0,30	0,33

$N_{fo}$  : nº de progênies do teste;  $N_{fs}$  : nº de progênies selecionadas;  $N$  : nº de indivíduos selecionadas;  $k_f$  : nº médio de indivíduos selecionados por progênie;  $\sigma_{kf}^2$  variância médio de indivíduos selecionados por progênie;  $N_e$  : tamanho efetivo populacional;  $\hat{GS}(\%)$ : ganho na seleção;  $\hat{D}$  : diversidade genética.  
Fonte: Próprio autor.

Na seleção com maior intensidade de seleção (2,5%) houve redução significativa do  $N_e$  (7,15) e diversidade genética (0,09) na área 1. Esses parâmetros apresentaram valores inferiores para mesma intensidade de seleção na área 2 ( $N_e = 6,57$  e  $\hat{D} = 0,08$ ). Isso ocorre devido à área 1 ter contribuído com maior número de indivíduos por progênie, o que proporciona maior número médio de indivíduos selecionados por progênie ( $\bar{k}_f$ ) e maior estimativa da variância do número de indivíduos selecionados por progênie ( $\sigma_{kf}^2$ ), contribuído para a redução do  $N_e$ . Os valores de  $N_e$  e  $\hat{D}$  são evidentemente menores, quando comparados à intensidade de seleção mais branda (20%). A perda de variabilidade genética em um programa de melhoramento afetaria a manutenção da aptidão genética em uma população (SOULÉ et al. 1986), uma vez que reduz o potencial evolutivo (FRANKHAM et al., 2004). No entanto, quando o objetivo é plantio comercial isso não é levado em consideração, pois o objetivo é ganho imediato.

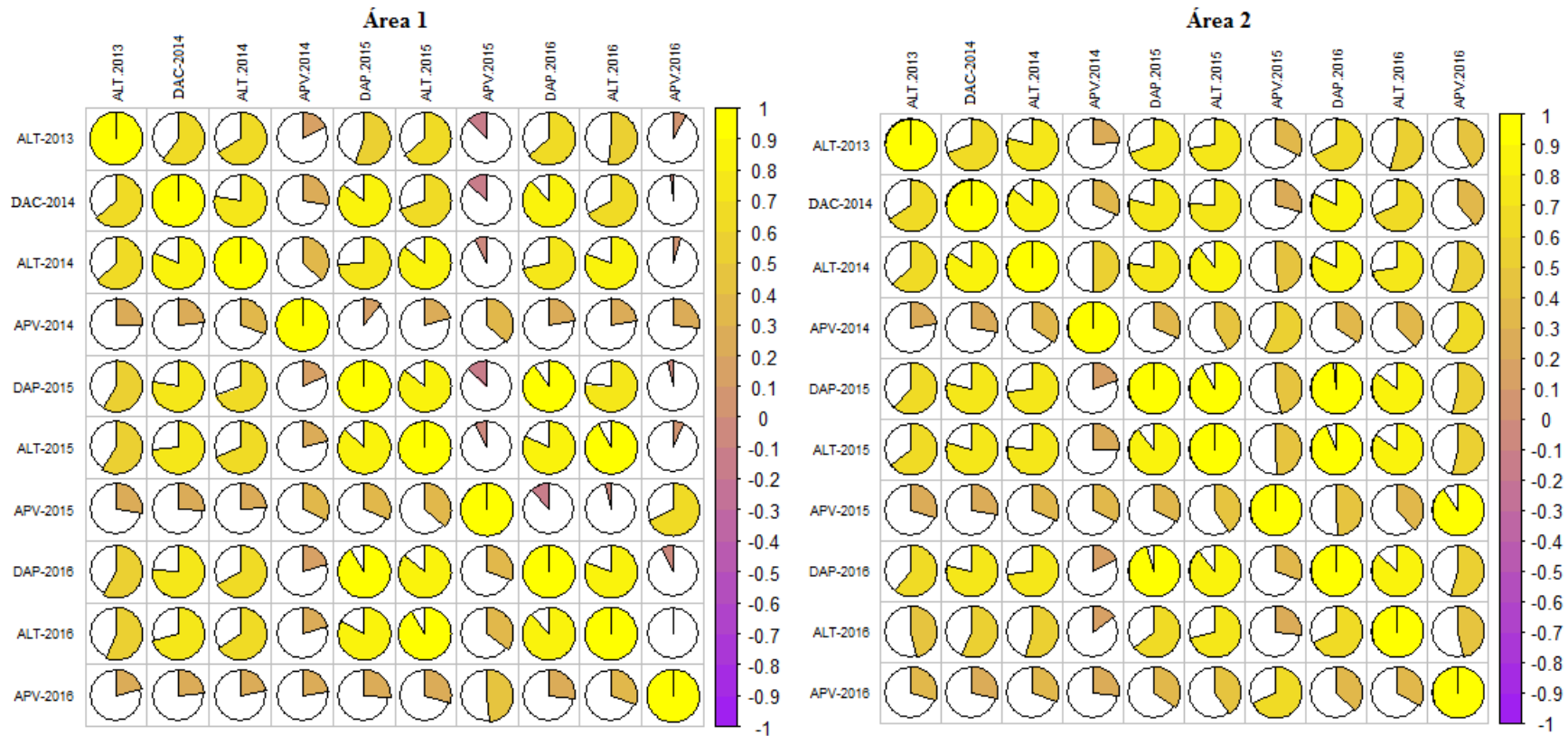
Para seleção de indivíduos visando a próxima geração de melhoramento uma intensidade de seleção menor deverá ser adotada para evitar a perda excessiva de variabilidade genética, principalmente, na primeira geração. Sementes de um maior número de matrizes devem ser priorizadas nas coletas futuras. O tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) indicado como teto seletivo está entre 30 a 60 (LEONARDECZ-NETO et al., 2003). Resende e Bertolucci (1995) e Resende (1999) relataram que para manter a variabilidade genética em cada ciclo de seleção é importante manter um tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) em torno de 50, evitando assim perdas de variabilidade e aumentando a probabilidade de manutenção de alelos favoráveis ao longo dos ciclos de seleção e, conseqüentemente, para que os progressos genéticos em ciclos contínuos não fiquem comprometidos. Visando obter ganhos e manter um número efetivo populacional dentro dos números indicado por esses autores, aconselha-se selecionar indivíduos de diferentes progênies, conseqüentemente, mantém-se também o número de alelos favoráveis. Além disso, é necessário trabalhar com um número maior de indivíduos, com o intuito de garantir uma quantidade mínima eficaz para permitir a manutenção da variabilidade nas fases seguintes da seleção (RESENDE, 2002). A definição da intensidade de seleção a ser aplicada em cada ciclo de melhoramento deve evitar a perda de alelos favoráveis, pela deriva genética ou cruzamentos correlacionados, ao longo dos ciclos de seleção. Para isso, recomenda-se ao melhorista basear-se na fórmula  $N_e \cdot h$  para calcular um número efetivo populacional eficiente, onde  $h$  é a raiz quadrada do coeficiente de herdabilidade do caráter sob seleção (PEREIRA; VENCOSKY, 1988). A fórmula pode ser aplicada na intensidade de seleção de 2,5% na área 2 onde o valor do  $N_e$  foi menor. Resende (2002) relatou o  $N_e \cdot h$  para população com baixo grau

de melhoramento genético ( $p=0.33$ ;  $N_e \cdot h=22$ ), com intensidade de seleção de 2% e uma herdabilidade de 0,30 o  $N_e$  indicado para ser mantido deve ser de 40. Supondo o mesmo grau de melhoramento para a população do presente trabalho ( $p=0.33$ ;  $N_e \cdot h=22$ ),  $h^2$  de 0,29 para a DAP-2016 de plantas, o computo do  $N_e$  é 41, bem abaixo do valor estimado com a intensidade de seleção de 2,5% ( $N_e = 6,57$ ). A dificuldade de não se ter um número mínimo e único de  $N_e$ , para servir como teto indicativo para amostragem de indivíduos para início de programas de melhoramento genético, utilizando a seleção recorrente, é o fato da fixação de alelos favoráveis ao longo dos ciclos seletivos não ser só função de  $N_e$  suficientemente grande, mas da frequência alélica inicial e do coeficiente de seleção em cada loco (AGUIAR, 2004). Vencovsky (1987) ressalta que se a estratégia do melhorista é um programa de seleção recorrente, em longo prazo o tamanho efetivo deve ser elevado, para evitar a perda de alelos favoráveis, ao longo dos ciclos seletivos. Por isso o critério de usar  $N_e \cdot h$  é melhor do que somente o parâmetro (AGUIAR, 2004). Nesse estudo utilizou-se 30 árvores matrizes nos dois testes de progênies. Esse número poderia ter sido maior, visto que o uso de pequenas amostragens, como fonte de subsídio para implantação de testes de progênies para ciclos subsequentes de seleção pode propiciar a aceleração de perda da diversidade. Isso ocorre devido à perda da diversidade, por meio de seleção rigorosa, aumento da endogamia e deriva genética como causa do parentesco entre os indivíduos selecionados para compor os próximos ciclos de melhoramento. Portanto para os próximos ciclos de melhoramento genético, recomenda-se a introdução de novos materiais procedentes de povoamentos comerciais ou populações naturais.

#### *4.3.3 Estimativas Correlações genética e fenotípica*

As estimativas das correlações genéticas evidenciaram associações positivas e significativas entre todos os caracteres, com exceção entre APV-2014 e DAP-2015 na área 2. As correlações fenotípicas foram menores, portanto, isso determina baixa influência do ambiente na expressão dos fenótipos (Figura 7). A seleção indireta pode ser mais eficiente nesse caso. As associações positivas entre os caracteres indicam que a seleção em um caráter pode trazer ganhos indiretos em outro. Correlações genéticas altas e significativas foram observadas entre o caráter DAP-m (2015) e ALT-cm (2015) na área 1 e 2. Esses resultados indicam que a seleção dos melhores indivíduos com base na DAP terá influência positiva no caráter ALT.

**Figura 7:** Estimativas das correlações genéticas (acima da diagonal) e correlações fenotípicas (abaixo da diagonal) entre os caracteres: diâmetro à altura do peito (DAP-cm), altura de plantas (ALT-m), diâmetro do coleto a 30 cm do solo (DAC-cm), altura do primeiro verticilo (APV-cm), em progênies de *C. trichotoma* em Linhares-ES.



Fonte: Próprio autor.

Vencovsky (1978) afirmou que as correlações genéticas e fenotípicas entre os caracteres altura da planta e diâmetro à altura do peito em espécies florestais são positivas e de elevada magnitude. Portanto, a seleção pode ser realizada em apenas uma delas, sem grande prejuízo para o outro caráter. Outros autores corroboram com as perspectivas e utilidades do uso das correlações genéticas em espécies florestais (LI, WU, 2005; WU et al., 2007; LIN et al., 2013). Nesse trabalho o progresso genético com a seleção foi calculado com base no caráter DAP com o intuito de ganhos indiretos em volume de madeira.

#### *4.3.4 Divergência Genética e agrupamento de Tocher*

Como essa espécie se propaga vegetativamente (KIELSE, et. al., 2013), será possível selecionar indivíduos e realizar a clonagem para diversas finalidades, principalmente, para os indivíduos que forem obtidos a partir de cruzamentos controlados. E a seleção de indivíduos mais produtivos e divergentes para clonagem e/ou cruzamentos controlados aumentará, consideravelmente, os valores médios para DAP e ALT. A informação sobre a divergência de um indivíduo ou progênie contribuiu para o planejamento futuro e a utilização eficiente dos recursos genéticos para potencializar e maximizar o crescimento e rendimento na seleção a partir de cruzamentos controlados e seleção (Tabela 3). A partir das estimativas das distâncias de Mahalanobis entre as progênies, é possível observa-se que as progênies mais divergentes foram as 17 e 15 ( $D^2 = 47,74$ ) e as 9 e 15 ( $D^2 = 48,28$ ) nas áreas 1 e 2, respectivamente. E as menos divergentes apresentaram distância entre si de 2,13 ( progênies 25 e 27) e 3,64 (progênies 12 e 7) na área 1 e 2, respectivamente (Tabela 3). Os indivíduos das progênies que apresentarem mais divergência entre si e com maior desempenho produtivo e/ou maior valor genotípico poderão ser selecionados para realização dos cruzamentos controlados.

Tabela 3. Distâncias genótípicas de Mahalanobis ( $D^2$ ) na área 1 e 2 para os caracteres diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-cm), altura de planta (ALT-m), diâmetro do coleto a 30 cm do solo (DAC-cm) e altura do primeiro verticilo (APV-cm), em progênies de *Cordia trichotoma* em Linhares-ES.

D2 de Mahalanobis									
Distâncias Área 1					Distâncias Área 2				
Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.	Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.
23	34,71	15	9,89	21	8	35,33	25	5,73	5
19	39,35	15	9,01	2	19	41,45	16	11,38	10
7	31,50	17	5,12	2	7	38,24	9	3,64	12
24	35,81	17	4,42	14	27	38,24	26	6,66	23
21	29,56	17	6,65	27	21	37,77	9	8,70	28
4	23,27	8	4,05	16	4	33,04	15	4,53	14
27	29,59	15	2,13	25	11	43,39	9	7,73	3
11	39,83	17	9,17	14	12	32,42	25	3,64	7
18	36,02	9	10,87	7	23	32,25	25	5,61	10
12	24,57	17	4,76	4	15	48,28	9	25,45	22
28	46,66	20	16,65	12	25	39,45	15	16,38	18
22	34,95	15	4,80	24	17	40,46	29	13,93	20
8	32,74	1	6,49	5	13	39,92	15	5,89	5
25	27,38	15	2,13	27	3	35,18	25	6,12	14
17	47,74	15	13,50	16	2	34,64	25	5,07	7
13	26,03	18	5,86	16	26	38,24	27	12,08	2
3	36,02	9	8,46	12	10	28,36	25	5,61	23
20	38,77	17	13,23	27	14	28,76	15	4,53	4
2	26,10	15	5,12	7	6	34,21	15	4,86	7
26	33,89	20	7,25	13	9	48,28	15	19,98	14
10	39,66	15	8,01	22	5	32,55	9	5,73	8
14	26,16	3	4,42	24	16	41,45	19	9,43	22
6	33,94	15	6,64	24	1	39,20	25	5,76	10
9	38,35	11	10,68	21	29	40,46	17	9,04	6
5	31,66	6	6,49	8	30	39,71	15	10,07	28
16	24,37	19	4,05	4	20	40,84	15	8,01	10
1	34,35	20	9,08	7	18	33,73	15	7,25	5
29	29,76	17	7,66	14	28	31,93	25	8,49	2
30	35,29	20	5,61	12	22	28,08	25	6,75	5
Máximo:	47,74	Progênies: 17 e 15			Máximo:	48,28	Progênies: 9 e 15		
Mínimo:	2,13	Progênies: 25 e 27			Mínimo:	3,64	Progênies: 12 e 7		

Fonte: Próprio autor.

Outra informação importante é que, além do estudo da diversidade genética, a Distância de Mahalanobis também possibilita quantificar a contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética (Tabela 4). Isso permite conhecer progênies que poderão ser utilizadas como uma matriz de cruzamento, e o caráter a ser priorizado também pode auxiliar na seleção de progênies mais promissoras em produtividade.

Tabela 4. Contribuição relativa dos caracteres para a divergência nas áreas 1 e 2 para os caracteres: diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-cm), altura de planta (ALT-m), diâmetro do coleto a 30 cm do solo (DAC-cm) e altura do primeiro verticilo (APV-cm), estudados em progênies de *Cordia trichotoma*, em Linhares-ES.

Área 1		Área 2	
Variável	Valor em %	Variável	Valor em %
ALT- 2013	10,35	ALT- 2013	11,55
DAC-2014	7,65	DAC-2014	10,64
ALT-2014	10,05	ALT-2014	14,32
APV-2014	9,77	APV-2014	9,36
DAP-2015	7,62	DAP-2015	6,35
ALT-2015	11,35	ALT-2015	8,2
APV-2015	9,69	APV-2015	10,47
DAP- 2016	14,65	DAP-2016	9,76
ALT-2016	7,36	ALT-2016	11,36
APV-2016	11,51	APV-2016	7,99

Fonte: Próprio autor.

Os caracteres DAP- 2016 (14,65%) e ALT-2014 (14,32%) foram os que mais contribuíram para a divergência genética, respectivamente para as áreas 1 e 2. E o que menos colaboraram foram ALT-2016 (7,36%) e DAP-2015 (6,35%), respectivamente para área 1 e 2. Os demais caracteres também contribuíram para divergência entre as progênies, porém em menor proporção. Singh (1981), baseado em  $D^2$  de Mahalanobis, considera de menor importância os caracteres que expressam menor variabilidade. Neste caso, sugere-se que seja descartado os caracteres apresentaram menor contribuição para a divergência, como a ALT-2016 e o DAP-2015 (Tabela 4). Conforme Alves et al. (2003) e Correa e Gonçalves (2012), o grande interesse na avaliação da importância relativa dos caracteres reside na possibilidade de descartarem caracteres que cooperem pouco para a discriminação do material avaliado, diminuindo, mão-de-obra, tempo e custo despendidos na experimentação. Isso garantirá a escolha do caráter mais adequado com a finalidade do melhoramento.

Informações sobre as médias e *CV%* dos grupos são base para formação dos grupos, e também auxilia o melhorista a detectar a divergência entre grupos (Tabela 5). O emprego do método de otimização de Tocher, baseado nas distâncias de Mahalanobis ( $D^2$ ), possibilitou a formação de 4 a 10 grupos na área 1 e 2, com concentração de aproximadamente 60% e 90% das progênes em um único grupo (grupo 1) na área 1 e 2, respectivamente (Tabela 5).

Os demais grupos foram formados por, no máximo, duas progênes para área 1. Existem diferenças em relação à formação de grupos nas duas áreas, o que decorre da divergência entre as progênes devido aos efeitos do sistema de plantio consorciado com *Dalbergia nigra* e a textura do solo. Essa diversidade, também, se deve a segregação genética ocorrida durante a polinização aberta, o fluxo gênico entre os indivíduos e outros fatores, que proporcionam uma grande variação genética entre os indivíduos dentro da população (ASHLEY, 2010). Apesar dos indivíduos pertencerem às mesmas progênes a contribuição efetiva da variância aditiva, dominância, epistática e epigenética são diferentes, para cada evento reprodutivo, e leva à variações dentro de cada progênie.

A distância de Mahalanobis, juntamente com método de aglomeração de Tocher, é uma das metodologias mais acuradas para aglomerar, por critério de classificação, os indivíduos, genitores ou progênes em grupos. A acurácia desse método deve-se ao fato de serem usados os valores genéticos preditos, ao invés de fenotípicos a partir das matrizes de variâncias e covariâncias (RESENDE, 2007). Os grupos são formados de tal forma que, haja homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos (CRUZ, et al., 2004; BERTAN et al., 2006). Os valores genéticos preditos são usados no lugar dos valores fenotípicos, contribuindo com a análise das matrizes de variâncias e covariâncias dos valores genéticos, os quais completam o componente de distancia de Mahalanobis e permitem alta acurácia na formação dos grupos pelo método de Tocher (RESENDE, 2007).



Tabela 5. Médias gerais ( $\hat{m}$ ), coeficiente de variação (CV%) intergrupos e agrupamento de Tocher a partir das Distancias Genéticas de Mahalanobis na área 1 para os caracteres: diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-cm), altura de planta (ALT-m), diâmetro do coleto a 30 cm do solo (DAC-cm) e altura do primeiro verticilo (APV-cm) estudados em progênies de *C. trichotoma* em Linhares-ES.

Área 1			Médias para cada grupo									
Grupos	Progênies	Total	ALT 2013	DAC 2014	ALT 2014	APV 2014	DAP 2015	ALT 2015	APV 2015	DAP 2016	ALT 2016	APV 2016
1	7 24 21 4 27 18 12 22 8 25 13 2 26 14 5 16 29 30	18	0,74	41,36	1,83	0,28	4,65	2,99	0,42	5,07	3,46	0,56
2	9 1	2	0,70	46,44	1,79	0,32	4,55	2,61	0,49	4,95	3,04	0,60
3	3 10	2	0,87	41,01	1,74	0,24	4,78	2,96	0,36	5,44	3,33	0,46
4	23 28	2	0,76	40,57	1,95	0,34	4,19	3,06	0,43	5,27	3,49	0,61
5	11	1	0,66	44,93	2,11	0,26	4,86	3,16	0,34	5,41	3,95	0,48
6	19	1	0,81	46,06	2,07	0,31	4,41	2,96	0,52	5,15	3,65	0,68
7	20	1	0,91	46,08	2,42	0,31	5,58	3,71	0,44	5,69	4,02	0,54
8	6	1	0,71	44,91	1,85	0,24	5,61	3,32	0,53	5,91	3,81	0,71
9	17	1	0,89	47,05	2,02	0,29	5,12	3,16	0,42	5,15	3,36	0,79
10	15	1	0,79	54,38	2,03	0,34	5,79	3,51	0,41	6,47	4,01	0,49
$\hat{m}$			0,76	42,81	1,88	0,28	4,74	3,03	0,43	5,22	3,51	0,57
CV(%)			62,08	55,11	47,1	72,7	58,3	46,61	72,01	55,35	40,36	75,66
Total		30										

Área 2			Médias para cada grupo									
Grupos	Progênies	Total	ALT 2013	DCA 2014	ALT 2014	APV 2014	DAP 2015	ALT 2015	APV 2015	DAP 2016	ALT 2016	APV 2016
1	8 19 7 27 21 4 11 12 23 17 13 3 2 26 10 14 6 5 16 1 29 30 20 18 28 22	27	0,77	36,33	1,87	0,31	3,53	2,54	0,52	3,92	2,99	0,55
2	25	1	0,58	38,14	1,96	0,35	3,83	2,87	0,76	4,52	4,33	0,71
3	9	1	0,96	42,76	2,35	0,46	3,91	2,85	0,89	4,21	3,29	0,95
4	15	1	0,82	38,82	1,78	0,31	3,71	2,33	0,32	3,86	3,87	0,42
$\hat{m}$			0,77	36,68	1,89	0,32	3,55	2,55	0,53	3,94	3,06	0,56
CV(%)			60,99	57,02	48	64,99	67,4	53,81	66,78	64,71	62,78	66,01
Total		30										

Fonte: Próprio autor.

Com a finalidade de se obter ganho genético nos ciclos subsequentes de melhoramento, é recomendável a seleção de progênies em grupos de maior divergência, e que apresentem maior desempenho produtivo. De maneira geral, cruzamentos entre indivíduos/progênies de grupos divergentes são indicados. Para as progênies da área 1, devem ser conduzidos cruzamentos entre os indivíduos do grupo 1 com a progênie do grupo 10, assim sucessivamente. Na área 2, recomenda-se o cruzamento das progênies do grupo 1 com a progênie do grupo 4 (Tabelas 5). Esses cruzamentos e combinações são indicados para a exploração de indivíduos híbridos intraespecíficos, em ciclos de melhoramento, visando o estudo detalhado dos efeitos da heterose sobre os caracteres estudados. Nikles e Griffin (1992) relataram que a supremacia híbrida pode acontecer a partir da heterose “per se”, epistasia ou complementaridade de caracteres (efeito aditivo). Todos esses efeitos poderão ocorrer entre indivíduos de grupos divergentes (SANTOS et al., 2016). Quando o objetivo for a recuperação de genes dos genitores (materno e paterno), o retrocruzamento deve ser preferencialmente realizado com genitores mais similares geneticamente, com os indivíduos das progênies que apresentarem menor distância entre si (do mesmo grupo). O emprego de genitores similares, diferenciados basicamente pelo gene a ser transferido, permite recuperar o genitor recorrente mais rapidamente (DIAS; RESENDE, 2001).

Um novo ciclo de melhoramento genético dessa espécie, para qualquer caráter de interesse econômico, poderá ser realizado a partir de cruzamentos de grupos divergentes. Esses novos indivíduos que irão compor o próximo ciclo, poderão ser superiores à média dos parentais, seja a partir do efeito de heterose *per se*, complementaridade ou heterose funcional (LI, HOWE; WU, 1998; LAMKEY, 1999). Tanto a heterose quanto a capacidade específica de combinação (CEC) entre dois pares genitores divergentes dependem da existência da dominância no controle do caráter e da presença de divergência (FALCONER; MACKAY, 1996). Para os grupos de genótipos mais divergentes há a possibilidade da avaliação da capacidade geral e específica de combinação dessas matrizes, bem como explorar a heterose com base nos efeitos aditivos e dominância, com enorme possibilidade de obter progênies mais produtivas que seus parentais (TUSKAN, 1997; SANTOS et al., 2016).

#### 4.3.5 Análise conjunta Interação Genótipo x Ambiente

O teste da razão de verossimilhança (LRT) para os efeitos progênie e progênie x local não foi significativo para os caracteres diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-2016) e altura de planta (ALT-2016) (Tabela 6). Isso indica que não existem diferenças significativas das progênie dentro de cada ambiente para os caracteres avaliados em 2016 (DAP e ALT). A média foi de 3,46 m para ALT-2016 e 5,57 cm para DAP-2016.

A estimativa de herdabilidade individual ( $h_a^2$ ) mostrou valores de baixa magnitude para todos os caracteres DAP-2016 (0,02) e ALT-2016 (0,01) (Tabela 6), apresentando valores menores que na análise individual, devido aos efeitos de interação envolvendo as progênie. A estimativa de herdabilidade ao nível de médias de progênie ( $h_m^2$ ) foram altas (0,58- ALT-2016 e 0,61- DAP-2016) demonstrando que a maior parte da variação total é de origem genética o que conduziu a elevadas estimativas de acurácia ( $r_{aa}$ ) na análise conjunta (0,76- ALT-2016 e 0,78- DAP-2016). Esses valores comprovaram o alto controle genético e eficiência de uma seleção geral envolvendo os dois experimentos, caso adote-se a análise conjunta como base.

Tabela 6. Estimativas de parâmetros genéticos e da interação genótipos x ambientes para os caracteres: diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-2016), altura de planta (ALT-2016) em progênie de *C. trichotoma* em Linhares-ES.

Parâmetros	Altura (m)	DAP (cm)
$h_a^2$	0,02 ( $\pm 0,01$ )	0,02 ( $\pm 0,01$ )
$h_m^2$	0,58	0,61
$r_{aa}$	0,76	0,78
$C_{int}^2$	0,01	0,01
$r_{gloc}$	0,82	0,72
$CV_{gi}$ (%)	6,49	6,90
$CV_e$ (%)	43,91	39,48
$\mu$	3,46	5,57
LRT Progênie	1,83 <sup>ns</sup>	1,80 <sup>ns</sup>
Progênie x Local	1,98 <sup>ns</sup>	2,93 <sup>ns</sup>

Herdabilidade individual no sentido restrito ( $h_a^2$ ); herdabilidade da média de progênie ( $h_m^2$ ); acurácia ( $r_{aa}$ ); coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente ( $C_{int}^2$ ); correlação genotípica entre progênie nos vários ambientes ( $r_{gloc}$ ); coeficiente de variação genética aditiva individual ( $CV_{gi}$ ); coeficiente de variação residual ( $CV_e$ ); média geral ( $\mu$ ); teste da razão de verossimilhança (LRT); <sup>ns</sup> não significativo pelo teste de qui-quadrado (em nível de 5% e com 1 grau de liberdade);.

Fonte: Próprio autor.

O coeficiente da variação genética ( $CV_{gi}$ ) foi baixo apenas para os dois caracteres (6,49%- ALT-2016 e 6,90%- DAP-2016). O coeficiente de variação residual  $CV_e$ (%) foi alto para os dois caracteres (43,91- ALT-2016 e 39,48- DAP-2016). Resende (2007) relatou que para se inferir de uma forma mais precisa sobre a qualidade experimental, deve-se observar os valores de acurácias em conjunto com o  $CV_e$ (%). Os coeficientes de determinação da interação genótipos x ambientes (G x A) ( $C_{int}^2$ ), que quantifica a parcela da variação total (fenotípica), representada pela variação da interação GxA, apresentou valores baixos para todos os caracteres (0,01).

As estimativas da correlação genotípica entre o desempenho das progênies e os ambientes ( $r_{gloc}$ ), foram de altas magnitude (0,82- ALT-2016 e 0,72- DAP-2016), confirmando que não existe interação genótipo x ambiente para esses caracteres. Resende (2005) relatou que a estratificação dos locais de plantio, no sentido de limitação das zonas de melhoramento, permite que a interação GxA não seja problema para a seleção, visto que esta será descartada. Verardi et al., (2009) estudando progênies de seringueira para seleção de melhores genótipos para produção de borracha, observaram interação genótipo x ambiente de alta magnitude (0,39), classificando como do tipo complexa (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Li et al. (2017) fizeram uma revisão da influência da GxA em espécies florestais, observando em geral um impacto significativo da interação sobre os caracteres de crescimento. Estudos com outras espécies como *Populus davidiana* (KOO et al., 2007), *Betula* spp. (ZHAO et al., 2014), bem como com *T. grandis* (GOH et al., 2013) corroboram essa hipótese. Barker (1990) explicou que o efeito GxA só pode ser detectado quando há um nível considerável de estresse capaz de produzir um nível intenso de respostas de genótipos. Muitos estudos mostraram variáveis climáticas como o principal fator para o GxA (MC DONALD; APIOLAZA, 2009; BERLIN et al., 2014; GAPARE al., 2015; MOHAMMADI et al., 2015; TEMESGEN et al., 2015). Assim, sugere-se que o material de louro pardo do presente trabalho deve ser testado em outras zonas de plantio antes de realização de plantios comerciais com a espécie, e avaliações em meia idade de corte também deve ser considerado, visto que o efeito do ambiente temporário pode ser mais expressivo que o permanente.

As áreas deste estudo estão expostas às mesmas condições climáticas. Provavelmente, a diferença na textura do solo não foi suficientemente para levar uma resposta de diferenciadas das progênies nos dois testes. Segundo Carvalho (2003), *C. trichotoma* é uma espécie exigente em relação ao tipo de solo, se adaptando melhor em solos com fertilidade média a alta, profundos, bem drenados e textura argilosa. Após testar o efeito da interação interação genótipo

x ambiente recomenda-se verificar o nível de resposta ao estímulo ambiental e a manutenção da produtividade frente à variação ambiental das progênies (MAIA et al., 2009).

#### 4.3.6 Produtividade, estabilidade e adaptabilidade

À partir das análises de produtividade, estabilidade e adaptabilidade conjuntamente verificou que as nove primeiras progênies (2, 30, 2, 15, 4, 28, 25, 19 e 17) coincide 100% nos diferentes ranqueamentos considerando somente a estabilidade (MHVG), a adaptabilidade (PRVG) e os três fatores conjuntamente (MHPRVG) (Tabela 7). Isto confirma a não significância dos efeitos da interação genótipo x ambiente. No ranqueamento das progênies para produtividade, estabilidade e adaptabilidade, principalmente, entre as 15 primeiras ocorreram pequenas alterações. Tais resultados mostram que as progênies com maior produção também apresentaram comportamento mais estável e melhor adaptabilidade, principalmente, se for selecionadas somente as nove primeiras do ranqueamento (Tabela 7). Essa estabilidade é oriunda da correlação de alta magnitude do comportamento genético das progênies, entre os ambientes ( $r_{gloc}$ ), para os caracteres avaliados (0,82- ALT-2016 e 0,72- DAP-2016, tabela 6). Isso sugere que os métodos MHVG, PRVG e MHPRVG oferecem anuência no ordenamento dos genótipos. A utilização desses resultados ou critérios de seleção aferirá um aprimoramento na seleção com base nos dois locais, e também estabelecerá inferência de predições mais seguras sobre os valores genéticos, e simultaneamente, para produtividade, estabilidade e adaptabilidade (PINTO JÚNIOR et al., 2006; RESENDE, 2007).

Tabela 7: Seleção das melhores progênies de *C. trichotoma* com base no diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-2016) para estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG) e, simultaneamente, para produtividade, estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG).

Ordem	Progênie	MHVG	Progênie	PRVG	PRVG*MG	Progênie	MHPRVG	MHPRVG*MG
1	21	51,140	21	11,468	52,634	21	11,410	52,366
2	30	50,755	30	11,414	52,384	30	11,408	52,360
3	2	49,571	2	11,164	51,238	2	11,163	51,234
4	15	47,539	15	10,803	49,584	15	10,785	49,500
5	4	47,387	4	10,652	48,886	4	10,650	48,881
6	28	47,305	28	10,629	48,784	28	10,594	48,622
7	25	46,723	25	10,494	48,164	25	10,481	48,105
8	19	46,290	19	10,397	47,718	19	10,384	47,661
9	17	46,152	17	10,368	47,586	17	10,357	47,537
10	24	45,997	7	10,292	47,234	7	10,292	47,234

11	7	45,628	20	10,242	47,009	20	10,238	46,988
12	20	45,259	3	10,165	46,654	12	10,133	46,507
13	12	44,701	12	10,146	46,566	3	10,128	46,484
14	3	44,514	18	10,050	46,124	18	10,047	46,114
15	18	44,460	23	10,026	46,016	23	10,017	45,974
16	27	44,336	6	0,9978	45,796	27	0,9975	45,780
17	23	44,224	27	0,9977	45,790	6	0,9949	45,661
18	8	43,837	1	0,9892	45,398	1	0,9889	45,386
19	6	43,765	8	0,9863	45,267	8	0,986	45,254
20	1	43,749	9	0,9797	44,963	9	0,9785	44,909
21	9	43,617	14	0,9592	44,026	14	0,9585	43,994
22	14	42,680	26	0,9499	43,598	26	0,9498	43,594
23	26	42,184	16	0,9396	43,125	16	0,9379	43,046
24	16	41,330	5	0,9216	42,297	5	0,9216	42,296
25	5	40,843	10	0,9183	42,145	10	0,9183	42,145
26	10	40,713	29	0,9172	42,094	29	0,9172	42,094
27	29	40,682	11	0,9152	42,004	13	0,9113	41,827
28	13	40,399	13	0,9114	41,828	11	0,9106	41,792
29	11	39,958	24	0,883	40,526	24	0,883	40,526
30	22	38,772	22	0,8791	40,349	22	0,8783	40,311

Fonte: Próprio autor.

As progênies mais produtivas, adaptáveis e estáveis foram: 2, 30, 2, 15, 4, 28, 25, 19 e 17. Se for considerado o ranqueamento das 30 progênies, pode-se afirmar que o ordenamento das mais MHVG e PRVG coincidem em apenas 40%. E as progênies 21, 30, 2, 15, 4, 28, 25, 19, 17, 24, 7, 20, 12, 3, 18 e 27 coincidem 95% com as progênies selecionadas pelo critério MHPRVG. Tais métodos têm sido regularmente utilizados para mensurar e estudar a estabilidade e adaptabilidade de diferentes espécies a locais com características ambientais distintas (SILVA, 2008; BORGES et al., 2009; VERARDI et al., 2009; MAIA et al., 2009; ROSADO, et al., 2012).

#### 4.4 Conclusões

A variabilidade genética se faz presente entre progênies nos testes de *C. trichotoma* para todos os caracteres quantitativos nas duas áreas experimentais. Variação genética considerável, principalmente para o caráter altura e diâmetro a 1,30 m do solo, foi constatada nos dois locais de implantação, indicando a possibilidade de ganho de seleção para estes caracteres. Os

coeficientes de variação genética e herdabilidade, principalmente em nível de média de progênies, evidenciaram alto controle genético.

Os testes de progênies apresentam altos ganhos com a seleção (7,73 a 15,45%), portanto indivíduos selecionados com alto desempenho em volume produtividade poderão compor pomares de semente e clonal, bem como sistemas de produção. Para próxima geração, recomenda-se a introdução de novos materiais procedentes de povoamento comercial ou populações naturais para minimizar a perda da diversidade genética e manter o número efetivo populacional.

Existem correlações genéticas e fenotípicas positivas significativas para a maioria dos todos os caracteres avaliados, principalmente, entre altura e DAP.

As interações genótipo x ambiente nas duas áreas distintas de plantio para altura e DAP não são significativas, e as correlações entre as progênies nos dois ambientes foram altas.

Pelo método de agrupamento de Tocher, as progênies foram separadas em 4 a 10 grupos na área 2 e 1, respectivamente. Para programas de melhoramento, recomenda-se o cruzamento entre progênies de grupos mais divergentes para priorizar o ganho na seleção com a exploração de cruzamentos de indivíduos com maior potencial produtivo.

## REFERÊNCIAS

- AGUIAR, A. V. **Emprego de parâmetros moleculares e quantitativos na conservação e melhoramento de *Eugenia dysenterica* DC.** 2004. 186 f. Tese (Doutorado) – Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2004.
- AGUIAR, A. V.; VENCOVSKY, R.; CHAVES, L. J.; MOURA, M. F.; MORAIS, L. K. Genetics e expected selection gain for growth traits in *Eugenia dysenterica* DC. populations. **Bragantia**, Campinas, v. 68, n. 3, p.629-637, 2009.
- ALVES, R. M.; GARCIA, A. A. F.; CRUZ, E. D.; FIGEUIRA, A. Seleção de descritores botânico-agronômicos para caracterização de germoplasma de cupuaçuzeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 38, n. 07, p. 807-818, 2003.
- ASHLEY, M. V. Plant parentage, pollination, and dispersal: How DNA microsatellites have altered the landscape. **Critical Reviews in Plant Sciences**, [S. l.], v. 29, p. 148–161, 2010.
- BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; VIEIRA, E. A.; HARTWIG, I.; SILVA, J. A.G.; SHIMIDT, D. A. M.; VALÉRIO, I. P.; BUSATO, C. C.; RIBEIRO, G. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 12, n. 3, p. 279-286, 2006.
- BERLIN, M.; JANSSON G.; HÖGBERG KARL-ANDERS. Genotype by environment interaction in the southern Swedish breeding population of *Picea abies* using new climatic indices. **Scandinavian Journal of Forest Research**, Stockholm, v. 30, n. 2, p. 112-121, 2015
- BLACK, P.; GRINGS, M. **Espécies nativas da flora brasileira de valor econômico atual ou potencial: plantas para o futuro**: Região Sul. Brasília, DF: MMA, 2011. 936 p.
- BAKER, R. J. Tests for crossover genotype-environmental interactions. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 68, n. 2, p. 405-410. 1988
- CARVALHO, P.E.R. *Mimosa scabrella* Bentham varo *aspericarpa* (Hoehne) Burkart. In: CARVALHO, P.E.R. **Espécies florestais brasileiras: recomendações silviculturais, potencialidades e uso da madeira**. Colombo: EMBRAPA-CNPQ / Brasília: EMBRAPA SPI, 1994. p. 344-347.
- CARVALHO, P. E. R. **Espécies arbóreas brasileiras**. Colombo: Embrapa Florestas; Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2003, v. 1.
- CARVALHO, P.E.R. **Espécies arbóreas brasileiras**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2006. v.1, 628 p.
- COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; CONTINI, A. Z.; REGO, L. H.; ROA, R. A. R.; MARTINS, W. J. Avaliação genética de indivíduos de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.) na região de Caarapó, MS, pelo procedimento REML/BLUP. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 15, n. 4, p. 371-376, 2005.
- CORNELIUS, J. Heritabilities and additive genetic coefficients of variation in forest trees. **Canadian Journal of Forest Research**, Ottawa, v. 24, n. 2, p. 372-379, 1994.



- CHINELATO, F. C. S.; DE MORAES, C. B.; CARIGNATO, A.; TAMBARUSSI, E. V.; ZIMBACK, L.; PALOMINO, E. C.; MORI, E. S. Genetic variability in guapuruvu *Schizolobium parahyba* progenies. **Scientia Agropecuaria**, Rio de Janeiro, v. 5, n.2, p. 71-76, 2014.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. Ed. Viçosa, MG: UFV, 2001. 390 p.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2003, v. 2. 585 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicadas ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2004.
- CRUZ, C. D. **Programa genes: análise multivariada e simulação**. Viçosa, MG: Ed. UFV. 2006, 175 p.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2006. 585 p.
- CORREA, A. M.; GONÇALVES, M. C. Divergência genética em genótipos de feijão comum cultivados em Mato Grosso do Sul. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 59, n. 2, p. 206-212, 2012.
- CUI, Z.; THOMAS, E.; CARTER, J. R.; JOSEPH, W. B.; RANDY, W. Phenotypic diversity of modern Chinese and North American soybean cultivars. **Crop Science**, Madison, n. 41, n. 6, p. 1954-1967, 2001.
- DA COSTA, R. B.; MARTINEZ, D. T.; CHICHORRO, J. F.; BAUER, M. D. O.; CEZANA, D. P.; DE SOUZA, T. R. Progeny performance at pre-breeding stage of *Tectona grandis* Lf in Espírito Santo State. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 43, n. 105, p. 211-216, 2015.
- DIAS, L. A. S.; RESENDE, M. D. V. Estratégias e métodos de seleção. In: DIAS, L. A. S. (Ed.). **Melhoramento genético do cacauero**. Viçosa, MG: FUNAPE, 2001. p. 217-287.
- FALCONER, D. S., MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Harlow: Longmans Green, 1996.
- FIGUEIREDO, E.V.; ARAGÃO, W.M.; LEAL, M. de L. da S. Divergência genética entre cultivares de coqueiro anão por meio de marcadores morfológicos. **Revista Brasileira de Biociências**, Porto Alegre, v. 5, supl. 1, p. 804-806, jul. 2007.
- FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A.M.; MORAIS, E.; ZANATTO, A.C.S.; VERARDI, C.K.; PINHEIRO, A.N. Parâmetros genéticos em progênies de polinização aberta de *Cordia trichotoma* (Vell.) ex Steud. **Revista Instituto Florestal**, Piracicaba, v. 18, p. 95-102, 2006.
- GAPARE, W. J.; IVKOVIĆ, M.; LIEPE, K. J.; HAMANN, A.; LOW, C. B. Drivers of genotype by environment interaction in radiata pine as indicated by multivariate regression trees. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 353, p. 21-29, 2015.

GARCIA, C. H. **Tabelas para classificação de coeficientes de variação**. Piracicaba: Instituto de Pesquisa e Estudos Florestais, 1989. 12 p. (Circular Técnica, 171)

GOH, D. K.; BACILIERI, R.; CHAIX, G.; MONTEUUIS, O. Growth variations and heritabilities of teak CSO-derived families and provenances planted in two humid tropical sites. **Tree genetics & genomes**, v.9, n. 5,p. 1329-1341, 2013.

INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES - IBÁ. **Anuário estatístico, 2014 ano base 2013**. São Paulo, 2014. Disponível em: <[http://www.iba.org/shared/iba\\_2014\\_pt.pdf](http://www.iba.org/shared/iba_2014_pt.pdf)>. Acesso em: 30 jul. 2016.

KARASAWA, M.; RODRIGUES, R.; SUDRÉ, C.P.; SILVA, M.P. da; RIVA, E.M.; AMARAL JÚNIOR, A.T. do. Aplicação de métodos de agrupamento na quantificação da divergência genética entre acessos de tomateiro. **Horticultura Brasileira**, Brasília, DF, v. 23, p. 1000-1005, 2005.

KIELSE, P.; BISOGNIN, D. A.; HEBERLE, M.; FLEIG, F. D.; XAVIER, A.; RAUBER, MARCELO, A. (2013). Propagação vegetativa de *Cordia trichotoma* (Vell.) Arrab. ex Steudel por estaquia radicular. *Revista Árvore*, 37(1), 59-66.

KOO, Y. B.; YEO, J. K.; WOO, K. S.; KIM, T. S. Selection of superior clones by stability analysis of growth performance in *Populus davidiana* Dode at age 12. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 56, n. 1-6, p. 93-101, 2007

INSTITUTO CAPIXABA DE PESQUISA, ASSISTÊNCIA TÉCNICA E EXTENSÃO RURAL - INCAPER. **Programa de assistência técnica e extensão rural proater 2011 – 2013**. Vitória, 2013. Disponível em: <<http://www.incaper.es.gov.br/proater/municipios/Nordeste/Sooretama.pdf>>. Acesso em: 22 jul. 2016.

INSTITUTO CAPIXABA DE PESQUISA, ASSISTÊNCIA TÉCNICA E EXTENSÃO RURAL - INCAPER. **Mapas de chuva**. Vitória, 2017. Disponível em: <<http://hidrometeorologia.incaper.es.gov.br/?pagina=mensal2016>>. Acesso em: 22 jul.2017.

JUNIOR, J. I. F; LIMA, E. N.; ARAÚJO, M. E.B.; LIMA, I. B.; LIMA, J. S. Divergência genética entre progênies de meios-irmãos de cajueiro anão precoce utilizando caracteres morfológicos. *agrarian academy*. **Centro Científico Conhecer**, Goiânia, v. 1, n. 2, p. 47-59, 2014.

LAMKEY, K. R. Quantitative genetics of heterosis. In: COORS, J. G. PANDEY, S. (Ed.). **Genetics and exploitation of heterosis in crops**. Madison: American Society of Agronomy; Crop Science Society of America; Soils Science Society of America, 1999. p. 31-43.

LEONARDECZ-NETO, E.; VENCOSKY, R.; SEBBENN, A. M. Ajuste para a competição entre plantas em teste de progênies e procedências de essências florestais. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 63, p. 136-149, 2003.

LORENZI, H. **Árvores brasileiras: manual de Identificação e cultivos de plantas arbóreas do Brasil**. 2. eEd. São Paulo: Nova Odessa, 2008.

LI, B.; HOWE, G.T. & WU, R. Developmental factors responsible for heterosis in aspen hybrids (*Populus tremuloides* × *P. tremula*). **Tree Physiology**, Oxford, v. 18, p. 37–43, 1998.

LI, L., WU, H. X. Efficiency of early selection for rotation-aged growth and wood density traits in *Pinus radiata*. **Canadian Journal of Forest Research**, Ottawa, v. 35, n. 8, p. 2019–2029, 2005.

LIN, Y.; YANG, H.; IVKOVIC, M.; GAPARE, W. J.; MATHESON, A. C.; WU, H. X. Effect of genotype by spacing interaction on radiata pine genetic parameters for height and diameter growth. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 304, p. 204–211, 2013.

MANFIO, C. E.; MOTOIKE, S. Y.; RESENDE, M. D. V.; SANTOS, C. E. M.; SATO, A. Y. Avaliação de progênies de macaúba na fase juvenil e estimativas de parâmetros genéticos e diversidade genética. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 32, n. 69, p. 63-68, 2012.

MAIA, M.C.C.; RESENDE, M.D.V.; PAIVA, J.R. de; CAVALCANTI, J.J.V.; BARROS, L. de M.B. Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 39, p. 43-50, 2009.

MOHAMMADI, R.; FARSHADFAR, E.; AMRI, A. Interpreting genotype × environment interactions for grain yield of rainfed durum wheat in Iran. **The Crop Journal**, [S. l.], v. 3, n. 6, p. 526-535, 2015.

MCDONALD, T. M.; APIOLAZA, L. A. Genotype by environment interaction of *Pinus radiata* in New Zealand. In: the Second Australasian Forest Genetics Conference, Perth, Australia, 20–22 Abril, 2009

NEGREIROS, J. R. S.; BERGO, C. L.; MIGUELONI, D. P.; PEREIRA, A. M. Divergência genética entre progênies de pupunheira quanto a caracteres de palmito. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, DF, v. 48, n. 5, p. 496-503, maio 2013.

NIKLES, D. G.; GRIFFIN, A. R. **Breeding hybrids of forest trees: definitions, theory, some practical examples, and guidelines on strategy with tropical acacias**. Canberra: ACIAR, 1992. p. 101-109.

PANOSO, L. A. Levantamento de reconhecimento dos solos do Estado do Espírito Santo. 2002. Disponível: <http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/335800>. Acessado 07-05-2018

PEREIRA, M. B.; VENCOVSKY, R. Limites da seleção recorrente: 1- fatores que afetam o acréscimo das frequências alélicas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 23, n. 7, p. 769-780, 1988.

PIMENTAL, A. J. B.; GUIMARÃES, J. F. R.; SOUZA, M. A.; RESENDE, M. D.; MOURA, L. M.M.; ROCHA, J. R. A. S. C.; RIBEIRO, G. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, DF, v. 49, n. 11, p. 882-890, 2014.

PINTO JÚNIOR, J. E.; STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V.; RONZELLI JÚNIOR, P. Avaliação simultânea de produtividade, adaptabilidade e estabilidade genotípica de *Eucalyptus grandis* em distintos ambientes do estado de São Paulo. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 53, p. 79-108, 2006.

RAHMAN, M.; HUSSAIN, D.; ZAFAR, Y. Estimation of Genetic Divergence among Elite Cotton Cultivars–Genotypes by DNA Fingerprinting Technology. **Crop Science**, Madison, v. 42. p. 2137–2144, 2002.

REED, D.H., FRANKHAM, R. Population fitness is correlated with genetic diversity. **Conservation Biology**, Boston, v. 17, p. 230–237, 2003.

RESENDE, M.D.V. **Predição de valores genéticos, componentes de variância, delineamentos de cruzamento e estrutura de populações no melhoramento florestal**. 1999. 434 f. Tese (Doutorado) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 1999.

RESENDE, M.D.V.; BERTOLUCCI, F.L.G. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: IUFRO CONFERENCE ON EUCALYPTUS PLANTATIONS: IMPROVING FIBRE YIELD AND QUALITY, 1995, Hobart, Australia. **Proceedings papers...** Sandy Bay: CRCTHF, 1995. p.167-170.

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

RESENDE, M. D. V. **Melhoramento de essências florestais**. In: BOREM, A. Melhoramento de espécies cultivadas. Viçosa, MG: Editora UFV, 2005. p. 717-780.

RESENDE, M. D. V. **Selegen-Reml/Blup: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 359 p.

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

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

REITZ, R.; KLEIN, R. M.; REIS, A. **Projeto madeira do Rio Grande do Sul**. Porto Alegre: HBR/SUDESUL/SAA-DRNR, 1988. 525 p.

ROCHA, M. G. B. et al. Seleção de genitores de *Eucalyptus grandis* e de *Eucalyptus urophylla* para produção de híbridos interespecíficos utilizando REML/BLUP e informação de divergência genética. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 31, n. 6, p. 977-987, 2007.

ROCHA, R. B.; VIEIRA, A. H.; GAMA, M. D.; ROSSI, L. M. B. Genetic evaluation of bandararra (*Schizolobium amazonicum*) provenances by the REML/BLUP methodology. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 37, n. 84, p. 351-358, 2009.

ROYCHOWDHURY, R.; TAH, J. Evaluation of genetic parameters for agro-metrical characters in carnation genotypes. **African Crop Science Journal**, Vol. 19, No. 3, pp. 183-188, 2011

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R**: a language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2013.

TEMESGEN, T.; KENENI, G.; SEFERA, T.; JARSO, M. Yield stability and relationships among stability parameters in faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes. **The Crop Journal**, [S. l.], v. 3, n. 3, p. 258-268, 2015.

SANTOS, W.; ARAÚJO, E. G.; SOUZA, D. C. L.; SILVA, J. R.; RECCO, C. R. W. B.; Mário Luiz Teixeira de MORAES, M. L. T.; AGUIAR, A. V.; Divergência genética entre progênies de polinização aberta de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* a partir de caracteres quantitativos. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 36, n. 86, p. 127-133, abr./jun. 2016.

SEBBENN, A. M.; BOSCHER, D. H.; FREITAS, M. L. M.; ZANATTO, A. C. S.; SATO, A. S.; ETTORI, L. C.; MORAES, E. Results of an international provenance trial of *Cordia alliodora* in São Paulo, Brazil at five and 23 years of age. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 56, n. 3-4, p. 110-117, 2007a.

SEBBENN, A.M.; FREITAS, M.L.M.; ZANATTO, A.C.S.; MORAES, E.; MORAES, M.A. Conservação ex situ e pomar de sementes em banco de germoplasma de *Balfourodendron riedelianum*, **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v.19, n. 2, p.101-112, 2007b.

SIMEÃO, R. M.; STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V. Avaliação Genética em erva-mate pelo procedimento BLUP individual multivariado sob interação genótipo x ambiente. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 37, n. 11, p.1589-1596, 2002.

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

SPINELLI, V.M.; DIAS, L.A.S; ROCHA, R.B.; RESENDE, M.D.V. Estimates of genetic parameters with selection within and between half-sib families of *Jatropha curcas* L. **Industrial Crops and Products**. [S. l.], v. 69, 355–361, 2015.

TUSKAN, G. A. Clonal forestry, heterosis and advanced-generation breeding. In: BIENNIAL SOUTHERN FOREST, 24., Florida. **Proceedings...** Flórida: University of Florida, 1997. p. 390-392.

TAMBARUSSI, E.V. SEBBENN, A. M.; MORAES, M. L. T.; ZIMBACK, L.; PALOMIRO, E. C.; MORI, E. S. Estimative of genetic parameters in progeny test of *Pinus caribaea* Morelet var. *hondurensis* Barret & Golfari by quantitative traits and microsatellite markers. **Bragantia**, Campinas, v. 69, p. 39-47, 2010.

VERARDI, C.K.; RESENDE, M.D.V. de; COSTA, R.B. da; GONÇALVES, P. de S. Adaptabilidade e estabilidade da produção de borracha e seleção em progênies de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 44, p. 1277-1282, 2009.

VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In: PATERNIANI, E. (Coord.) **Melhoramento do milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1978. p.122-201.

VENCOVSKY, R. **Tamanho efetivo populacional na coleta e preservação de germoplasmas de espécies alógamas.** Piracicaba: IPEF, 1987. n.35, p.79-84.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fito melhoramento.** Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.

WEI, R. P.; LINDGREN, D. Effective family number following selection with restrictions. **Biometrics**, Arlington, v. 52, p. 198- 208, 1996.

WU, H.X., POWELL, M.B., YANG, J.L., IVKOVIC, M., MCRAE, T.A. Efficiency of early selection for rotation-aged wood quality traits in radiata pine. **Annals of Forest Science**, Paris, v. 64, p. 1–9, 2007.

ZHAO, X. Y.; BIAN, X. Y.; LI, Z. X.; WANG, X. W.; YANG, C. J.; LIU, G. F.; YANG, C. P. Genetic stability analysis of introduced *Betula pendula*, *Betula kirghisorum*, and *Betula pubescens* families in saline-alkali soil of northeastern China. **Scandinavian journal of forest research**, Stockholm, v. 29, n. 7, p. 639-649, 2014.

## 5 INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE DE PROGÊNIES DE *Dalbergia Nigra* (VELL.) ALLEMÃO EX BENTH

### 5.1 Introdução

O Brasil possui uma das maiores áreas com florestas nativas naturais e plantadas com espécies exóticas (MMA, 2007). O uso múltiplo, principalmente carvão, papel e celulose, das espécies madeireiras fizeram as taxas de produtividade do setor florestal brasileiro atingirem altos níveis. O melhoramento genético florestal tem contribuído positivamente para gerar florestas de alta produtividade e com qualidade para satisfazer a demanda industrial, principalmente de celulose e carvão. Mesmo com potencial econômico promissor das espécies nativas, como é o caso de *D. nigra*, a mesma apresenta baixa capacidade competitiva no mercado florestal atual, devido ao pouco investimento em programas de melhoramento genético, bem como em técnicas de manejo e silvicultura.

*Dalbergia nigra* (Vell.) Allemao ex Benth., conhecida popularmente como jacarandá-da-bahia, jacarandá-preto ou caviúna, é comumente encontrada com 15 a 25 m de altura e 15 a 45 cm de DAP, possui tronco tortuoso e irregular e fuste com até 10 m de comprimento, madeira que pode ser utilizado para serraria ou outras finalidades (LORENZI, 1992; CARVALHO, 1994). Esta espécie possui características secundária tardia a clímax e exclusiva da Floresta Ombrófila Densa (Floresta Atlântica) tem sua ocorrência nos Estados da Bahia, Espírito Santo, Rio de Janeiro e São Paulo, tolerante ao sombreamento leve a moderado na fase juvenil (LORENZI, 1992; CARVALHO, 1997; RÊGO, POSSAMAI, 2003; RIBEIRO et al., 2011). *D. nigra* é considerada uma árvore ornamental devido à sua folhagem densa e copa aberta, sendo utilizada em paisagismo (LORENZI, 1992; LORENZI, 2008). A espécie é utilizada em plantio consorciado, por suportar sombreamento, e em terrenos degradados, por ser uma planta rústica e se adaptar bem à terrenos secos (LORENZI, 2008).

O desenvolvimento de pesquisas, capazes de inferir sobre os parâmetros genéticos, as associações entre os caracteres, e para as estimativas da diversidade genética e o efeito interação genótipo x ambiente, podem contribuir para a economia de tempo e de investimento financeiro em projetos de silvicultura, principalmente melhoramento genético, definição de clones ou variedades para plantio em sistema de produção. A seleção dos indivíduos superiores à média produtiva se baseia nos valores genéticos aditivos das plantas-mães, que serão recombinadas, e também no valores aditivos dos genótipos que podem ser multiplicados a partir de mudas seminais ou propágulos vegetativos (SPINELLI et al., 2015). Em um programa de

melhoramento genético, a população base deve apresentar variabilidade genética suficiente e valores médios quanto aos caracteres produtivos de interesse econômico a serem melhorados (NEGREIROS et al., 2013). Em espécies nativas, como a *D. nigra*, a variabilidade genética é muito expressiva nas primeiras gerações de melhoramento. Assim, as estimativas das variações genéticas em diversos níveis de hierárquicos (procedências, progênes e indivíduos) dentro das populações de melhoramento, em delineamento experimentais controlados, é uma das primeiras etapas a serem realizadas para obtenção de indivíduos mais produtivos. Após o conhecimento da magnitude e níveis de variação genética existente para os diversos caracteres, bem como o os parâmetros genéticos, pode-se definir estratégias de melhoramento e conservação da variabilidade genética para a população. Portanto, a variação genética é a matéria prima do melhoramento, e sem esta o ganho genético com a seleção não será obtido (BITTENCOURT, SEBBENN, 2007; BERTI et al. 2011).

Como o efeito do ambiente é expressivo para a maioria das espécies florestais, principalmente, as com ampla área de ocorrência, não se deve desconsiderá-los em programa de melhoramento genético. O efeito da interação genótipo x ambiente (G x A) é estimado com base em vários ensaios experimentais da mesma população. A G x A existe quando os genótipos (progênes) respondem de maneira diferenciada geneticamente em condições ambientais distintas (COSTA e SILVA, et. al., 2006). Os genótipos influenciados pela interação genótipo x ambiente tem como consequência desempenhos diferentes nos ambientes considerados, e que representam variações qualitativas ou quantitativas na expressão do fenótipo (LYNCH, WALSH, 1998; MEYER, 2009, PIGLIUCCI, 2005; FORDYCE et al., 2006). Existem várias metodologias aplicadas para estimar este efeito, como: regressão, regressão bissegmetanda, AMMI, etc.

Diante do contexto, o presente trabalho teve como objetivos: i) estimar a variabilidade genética e a interação genótipo x ambiente de dois testes progênes de *D. nigra* a partir de caracteres quantitativos; ii) Propor diferentes intensidades de seleção visando à seleção de genótipos mais produtivos para madeira; e iii) Estimar as correlações genéticas e fenotípicas entre os caracteres quantitativos, iv) estimar a diversidade genética e o tamanho efetivo populacional após a seleção, v) Ordenar as progênes com base na produtividade, estabilidade e adaptabilidade considerando duas áreas de plantio.

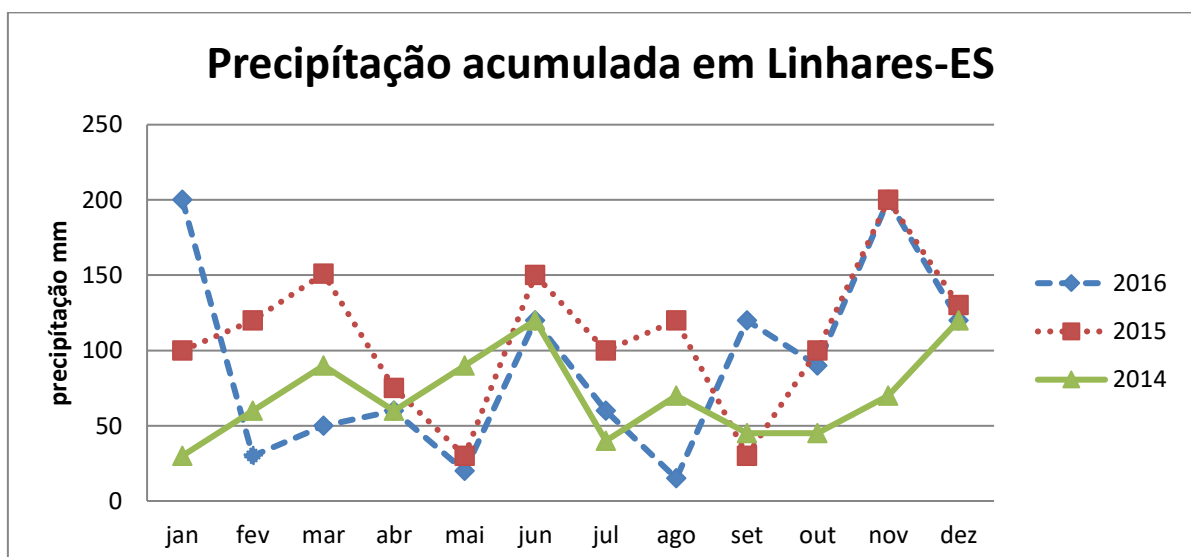


## 5.2 Material e Métodos

### Material

Dois testes foram implantados em Linhares-ES em duas condições edáficas diferentes. Sementes de 30 árvores-mães de *D. nigra* foram coletadas na reserva da Empresa Vale e em pequenos fragmentos florestais, localizados entre os municípios de Soretama, ES, a 19°11'22,91" S, 40° 5'50,48" W, e Linhares-ES, a 19°23'40,71" S, 40° 3'51,40" W (Apêndice 1A e 2A). A caracterização edafoclimática do município de Linhares-ES encontra-se na zona natural de terras quentes, planas e secas. O clima do município, segundo a classificação de Koppen- Geieger é Af, sendo clima tipo tropical quente úmido com chuvas no verão e inverno seco. O índice pluviométrico é de 1.193 mm/ano e temperatura média de 23,4 °C, sendo a máxima de 32 °C e a mínima de 19,6 °C (INCAPER, 2013). Quanto ao relevo, 85,8% do município é plano e 14,2% acidentado. A sede do município está situada a 58 m de altitude (INCAPER, 2013). A precipitação acumulada mensal para os anos de 2014 a 2016 apresentam médias mensais anuais de 70 mm, 73mm e 75 mm e acumulada em 840, 850 e 1.085 mm para 2014, 2015 e 2016 , respectivamente (Figura 8) (INCAPER, 2017).

**Figura 8:** Precipitação mensal acumulada para o município de Linhares-ES a partir de janeiro de 2014 a dezembro de 2016.



Fonte: Próprio autor.

Os testes de progênies foram instalados em junho de 2012, na base física da empresa Vale Rio Doce em Linhares-ES (Figura 9), consorciados com 30 progênies de *C. trichotoma*

procedentes do mesmo local. A disposição das plantas das espécies foi linear e alternadas. O delineamento experimental adotado para ambos os testes foram em blocos completos ao acaso, com uma planta por parcela. Foram utilizadas 40 e 34 repetições nas áreas 1 e 2, respectivamente (Apêndice 4A). Os espaçamentos adotados entre plantas de espécies diferentes e entre as mesma espécie foram de 3,0 x 3,0 metros e 6,0 x 6,0 metros respectivamente. O solo é caracterizado como arenoso (Figura 10) e argiloso (Figura 11) nas áreas 1 e 2, respectivamente. A classificação do solo para a região é: latosolo vermelho escuro eutrófico argiloso (PANOSO, 2002).

**Figura 9:** Localização área 1 e 2, Linhares-ES.



Fonte: Google Maps (2017).

**Figura 10:** Caracterização solo área 1 (arenoso), Linhares-ES.



Fonte: Aguiar (2018)

**Figura 11:** Caracterização solo área 2 (argiloso), Linhares-ES.



Foto: Aguiar (2018)

#### Coleta de dados para análise estatística dos caracteres quantitativos

Todas as árvores das áreas 1 e 2 foram avaliadas para os seguintes caracteres: diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-cm), diâmetro da altura do coleto a 30 cm do solo (DAC-cm), altura total de plantas (ALT-m), altura do primeiro verticilo (APV-m) e sobrevivência (SOB-%). As avaliações foram realizadas durante os três primeiros anos após o plantio (2013 = ALT, SOB; 2014 = DAC, ALT, APV, SOB; 2015 = DAP, ALT, APV, SOB; 2016 = DAP, ALT, APV, SOB).

O DAP e DAC foram mensurados com fita métrica graduada em 0,1 cm. A ALT foi obtida com o auxílio de um hipsômetro e a APV com régua graduada.

#### 5.2.1 Análise individual e estimativa de componentes de variância e parâmetros genéticos

Para estimar do componentes de variância, parâmetros genéticos e realizar análise de deviance, bem como para predizer os valores genéticos aditivos e genotípicos foi adotado o método genético-estatístico REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita / melhor predição linear não viciada). Este método é aplicado, principalmente, em conjuntos de dados desbalanceados. Todas as análises foram efetuadas no software genético-estatístico SELEGEN-REML/BLUP, desenvolvido por Resende (2007a). O modelo estatístico 95 foi aplicado nas análises individuais para cada área, o qual contempla os seguintes efeitos: progênie de meias-irmãs, blocos completos ao acaso, uma planta por parcela, um só local e uma única população (RESENDE, 2007a). Onde o modelo matemático é descrito, como:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xr} + \mathbf{Za} + e,$$

onde:  $\mathbf{y}$  é o vetor de dados,  $\mathbf{r}$  é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral,  $\mathbf{a}$  é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como

aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

**As equações de modelo misto são:**

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}(\sigma_e^2/\sigma_a^2) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'Y \\ Z'Y \end{bmatrix}$$

Estimador ML

Segundo o modelo apresentado e o algoritmo EM, os estimadores para obtenção de  $\sigma_a^2$  e  $\sigma_e^2$  (SCHAEFFER, 1976 citado por RESENDE 2002)

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{b}' X'y - \hat{a}' Z'y] / N$$

$$\hat{\sigma}_a^2 = \left[ \hat{a}' A^{-1} \hat{a} + \sigma_e^2 \operatorname{tr} \left[ Z'Z + A^{-1} \left( \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} \right)^{-1} \right] \right]$$

$N_a$  = número de elementos aleatórios (indivíduos)

$\operatorname{tr}$  = operador traço matricial.

$N$  = número total de dados;

$A$ : Matriz de parentesco genético aditivo

Assim, a partir de um valor de  $\sigma_e^2/\sigma_a^2$  estima-se  $\hat{b}$  e  $\hat{a}$  pelas equações de modelo mistos, os quais são usados para obtenção de novas estimativas de  $\sigma_a^2$  e  $\sigma_e^2$ . Repete-se este procedimento até a convergência para valores estáveis. A velocidade de convergência é tanto maior quanto mais acertada (próxima da verdadeira) for a informação inicial utilizada.

Estimador REML

Para o mesmo modelo, o algoritmo EM conduz aos seguintes estimadores de  $\sigma_a^2$  e  $\sigma_e^2$  (HARVILLE, 1977; MEYER, 1989; citados por RESENDE 2002).

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{b}' X'y - \hat{a}' Z'y] / [N - r(X)]$$

$$\hat{\sigma}_a^2 = [\hat{a}' A^{-1} \hat{a} + \sigma_e^2 \operatorname{tr} C^{22}] / N_a$$

em que:

$r(X)$ : posto ou número de colunas linearmente independentes de  $X$ .

$$C^{22} \text{ é de forma } \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} \\ C^{21} & C^{22} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1} \left( \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} \right) \end{bmatrix}^{-1}$$

Os componentes de variância interagem nas equações de modelo misto até a convergência, conforme descrito para o método ML.

Os parâmetros genéticos estimados foram (RESENDE, 2002):

I. Herdabilidade no sentido restrito

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}$$

II. Herdabilidade média das progênes

$$h_m^2 = \frac{[1 + (n - 1)\rho_a]h_a^2}{1 + (n - 1)(\rho_a h_a^2)}$$

$\rho_a$ : é a correlação genética aditiva intraclasse entre indivíduos,  $n$  é o número de plantas por parcela,  $h_a^2$  herdabilidade no sentido restrito

III. Acuracia

$$r_{aa} = \sqrt{\frac{n}{n + \left(\frac{4-h_a^2}{h_a^2}\right)}}$$

em que  $n$  é o número de plantas por parcela

IV. Variação fenotípica individual

$$\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2$$

V. Coeficiente de variação genética individual

$$CV_{gi} = \frac{100 \cdot \sqrt{\hat{\sigma}_a^2}}{\mu}$$

$\mu$  média geral.

VI. Coeficiente de variação genética entre progênes

$$CV_{gp} = 100 \cdot \frac{\sqrt{0,25\hat{\sigma}_a^2}}{\mu}$$

$\mu$  média geral.

VII. Coeficiente de variação experimental

$$CV_e = 100 \cdot \frac{\sqrt{(0,75\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2)/n}}{\mu}$$

em que  $n$  é o número de plantas por parcela; e  $\mu$  média geral.

### 5.2.3 Estimativas de correlações genéticas e fenotípicas

As associações genéticas e fenotípicas entre os caracteres avaliados em todos os anos, foram estimados. Essas correlações genéticas e fenotípicas foram obtidas pelo método REML/BLUP (RESENDE, 2002).

A correlação genética  $r_g$  entre os caracteres foi estimado por:

$$\hat{r}_g = \frac{C\hat{O}V_{a(x,y)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{a(x)} \cdot \hat{\sigma}_{a(y)}}}$$

Onde:  $C\hat{O}V_{a(x,y)}$  covariância genética aditiva entre  $x$  e  $y$ ,  $\hat{\sigma}_{a(x)}$  componente de variância genética para o  $x$ ,  $\hat{\sigma}_{a(y)}$  variância genética aditiva para o  $y$ .

A correlação fenotípica  $r_f$  entre dois caracteres foi estimada por:

$$\hat{r}_f = \frac{C\hat{O}V_{f(x,y)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{f(x)}^2 \cdot \hat{\sigma}_{f(y)}^2}}$$

onde:  $C\hat{O}V_{f(x,y)}$  covariância fenotípica aditiva entre o  $x$  e  $y$ ,  $\hat{\sigma}_{f(x)}$  componente de variância genética aditiva para o  $x$ ,  $\hat{\sigma}_{f(y)}$  componente de variância genética aditiva para o  $y$ .

Os erros padrões e a significância para as correlações genéticas e fenotípicas foram estimados à partir do software GENES<sup>®</sup> (CRUZ, 2006). O gráfico dos resultados das associações entre variáveis foram realizadas utilizando o script do R (R\_Team, 2013), utilizando os pacotes "corrplot" e "ggplo2".

### 5.2.4 Estimativas de diversidade genética, tamanho efetivo populacional e ganho esperado com a seleção

Com a finalidade de selecionar os genótipos e progênies superiores para as gerações subsequentes de melhoramento, em plantios comerciais e pomares clonais, foram simuladas oito intensidades de seleção: 2,5%, 5%, 7,5, 10%, 12,5%, 15%, 17,5% e 20%, correspondendo: 25, 50, 75, 100, 125, 150, 175, e 200 indivíduos na área 1; e 22, 44, 66, 88, 110, 132, 155, e 177 na área 2, respectivamente. As seleções foram baseadas nos ordenamentos dos valores

genéticos individuais (BLUP). Foram considerados três estratégias de seleção: na primeira, a seleção foi realizada considerando ranqueamento individual dos valores genéticos aditivos predito de cada local separadamente; na segunda considerou-se o ranqueamento individual (BLUP) das duas áreas de plantio conjuntamente; na terceira foi considerado o ranqueamento das progênies obtido a partir das análises conjuntas e de produtividade, estabilidade e adaptabilidade. A seleção aplicada foi entre e dentro de progênies. Entre progênies foi aplicada somente uma intensidade de seleção (16 progênies) e dentro foram aplicadas várias intensidades de seleção (1, 2, 4, 6, 8, 10, 15 e 18 indivíduos de cada progênie).

Foi realizada análise de ganhos na seleção com sobreposição de geração para o caráter DAP-2016 com a seleção das 30 progênies.

O caráter considerado na seleção foi o DAP avaliado no ano de 2016. O ganho genético foi estimado, em porcentagem, pela expressão:

$$GS (\%) = \frac{\sum a}{\mu} \times 100$$

Em que:  $a$  corresponde ao valor genético aditivo do indivíduo selecionado e  $\mu$  corresponde à média geral do experimento para o caráter DAP-2016.

O tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) foi obtido com base em Resende (2002):  $N_e = (4.N_f.\bar{k}_f) / [\bar{k}_f + 3 + (\sigma_{k_f}^2 / \bar{k}_f)]$ , em que:  $N_f$ : número de progênies selecionadas;  $\bar{k}_f$ : número médio de indivíduos selecionados por progênie;  $\sigma_{k_f}^2$ : estimativa da variância do número de indivíduos selecionados por progênie.

A diversidade genética (D), após a seleção, foi quantificada conforme Wei e Lindgren (1996), citados por Resende (2002):  $D = N_{ef}/N_{fo}$ , em que:  $0 < D \leq 1$ ;  $N_{fo}$ : número original de progênies,  $N_{ef}$ : número efetivo de progênies selecionadas, dado por:  $N_{ef} = (\sum k_f)^2 / \sum k_f^2$ .

### 5.2.5 Divergência Genética e agrupamento de Tocher

A divergência genética entre as progênies foi estimada por meio da Distância Generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ). Para dados quantitativos, essa análise é a mais indicada, pois considera as matrizes de variâncias e covariâncias residuais existentes entre os caracteres mensurados. A Distância Generalizada de Mahalanobis ( $D^2 = D_{ii}^2$ ) é descrita pela expressão (CRUZ, CARNEIRO, 2003):

$$D_{ii}^2 = \delta' \Psi^{-1} \delta$$

em que:

$D_{ii}^2$  = distância de Mahalanobis entre os genótipos  $i$  e  $i'$ ;

$\delta' = [d_1, d_2, \dots, d_v]$ , sendo  $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$ ;

$\psi$  = matriz de variâncias e covariâncias residuais;

$Y_{ij}$  = média do  $i$ -ésimo genótipo em relação à  $i$ -ésima variável,

Após a obtenção da matriz de distância ( $D^2$ ), foi realizada a análise de agrupamento pelo Método de Otimização de Tocher, descrito por Cruz e Regazzi (2001), no qual se adota o critério de que a média dos valores de  $D^2$  (intracluster) deve ser menor que os valores de  $D^2$  (inter-cluster). A divergência genética foi obtida pelo método REML/BLUP, empregando-se o software genético-estatístico SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2007). A contribuição dos caracteres para a formação dos grupos foi obtida com o uso do programa computacional GENES (CRUZ, 2006).

#### *5.2.6 Interação Genótipo x Ambiente (G x A) e análise de estabilidade, produtividade e adaptabilidade*

Para estimar a interação genótipo x ambiente foi realizada a análise conjunta considerando os dois locais utilizando o procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada), empregando-se o software genético-estatístico SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2007). Pelo método, a estabilidade satisfaz a Média Harmônica dos Valores Genotípicos nos locais (MHVG), a adaptabilidade refere-se à Performance Relativa dos Valores Genotípicos em relação à média de cada local (PRVG) e a estabilidade, adaptabilidade e produtividade simultaneamente (Altura e DAP), corresponde à Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos (MHPRVG).

Para isto foi usado o modelo 54:

$$y = \mathbf{Xr} + \mathbf{Zg} + \mathbf{Wi} + e$$

Em que  $y$  vetor de dados, “ $r$ ” vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral,  $g$  vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), “ $i$ ” vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios) e  $e$  vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. O vetor  $r$  contempla as medições em todas as repetições nos vários locais e ajusta simultaneamente para todos esses efeitos e suas interações (RESENDE, 2007).



A herdabilidade individual no sentido restrito ( $\hat{h}_a^2$ ), herdabilidade média de progênies ( $\hat{h}_m^2$ ), acurácia ( $\hat{r}_{aa}$ ), coeficiente de variação genética aditiva individual ( $CV_{gi}$ ) e coeficiente de variação residual ( $CV_e$ ) foram estimados:

- a) Coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente

$$\hat{C}_{int}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{int}^2}{\hat{\sigma}_a^2}$$

$\sigma_{int}^2$  é a variância da interação entre genótipos e ambiente.

- b) Correlação genotípica entre progênies nos vários ambientes

$$\hat{r}_{gloc} = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_{int}^2}$$

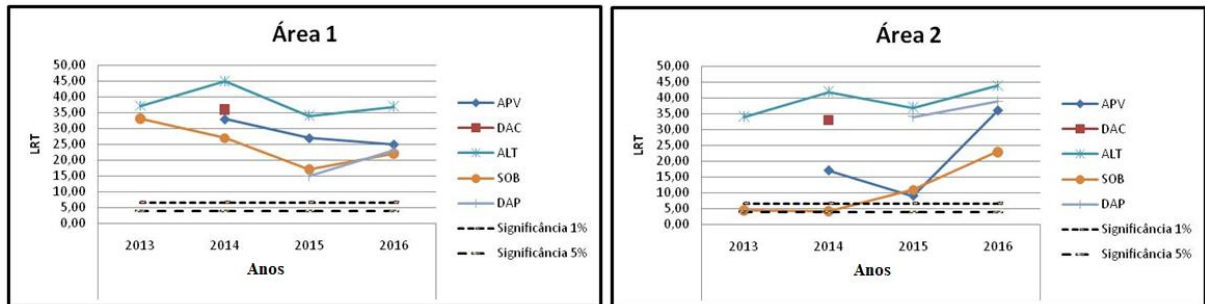
$\sigma_{int}^2$  é a variância da interação entre genótipos e ambiente.

### 5.3 Resultados e Discussão

#### 5.3.1 Análises de deviance individual e estimativa de parâmetros genéticos

Nas análises de deviance foram observadas diferenças significativas ( $p < 0,01$ ) entre as progênies para todos os caracteres quantitativos avaliados nas duas áreas, exceto para o caráter sobrevivência (SOB-2013 e SOB-2014) na área 2 (Figura 12). Se uma proporção considerável dessa variação for devido ao efeito genético e não ambiental, esses testes contribuirão significativamente para os programas de melhoramento e conservação genética dessa espécie, bem como para formação de áreas de produção de sementes para atender diversas finalidades.

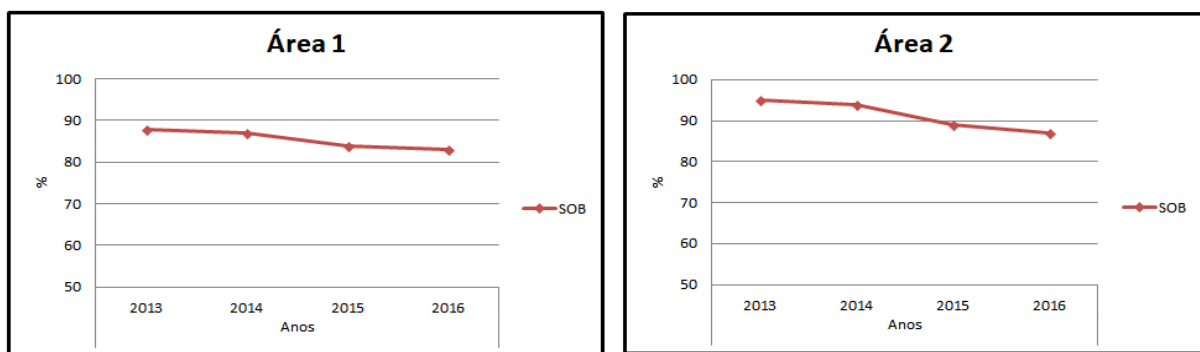
**Figura 12:** Resultados da análise de deviance para os caracteres de crescimento: diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-cm), diâmetro da altura do coleto a 30 cm do solo (DAC-cm), altura total de plantas (ALT-m), altura do primeiro verticilo (APV-m) e sobrevivência (SOB-%) em testes de progênie de *D. nigra* em Linhares-ES.



Nota: LRT: Teste da razão de verossimilhança;  $\chi^2$  qui-quadrado da deviance. LRT significativo acima da linha pontilhada  $p < 0,05$  (3,84); acima da linha pontilhada =  $p < 0,01$  (6,63), e abaixo linha tracejada = não significativo. Fonte: Próprio autor.

A taxa de sobrevivência nas duas áreas foi alta (Figura 13), e algumas árvores já iniciaram a produção de sementes, o que sugere uma boa adaptação das progênes nas condições locais do experimento. Geralmente, as espécies nativas apresentam uma taxa de mortalidade acima de 50 % em sistemas de produção. A coleta de sementes realizadas de maneira inadequada, apenas poucas árvores são amostradas, pode ser o principal razão desses resultados (informação pessoal). Porém, em ensaios experimentais, com pouco investimento em manejo, esses resultados têm sido próximos aos obtidos no presente trabalho para essa espécie. Moraes et al. (2013) relataram alta taxa de sobrevivência para *Jacaranda cuspidifolia*, variando de 94,1% a 95,9% (24 e 12 meses de idade respectivamente).

**Figura 13:** Taxa de sobrevivência (SOB-%) nas duas áreas de plantio, testes de progênie de *D. nigra* em Linhares-ES.



Fonte: Próprio autor.

A área 2 apresentou as maiores médias para o caráter ALT (2013 = 1,14 m, 2014 = 2,68 m, 2015 = 3,79 m e 2016 = 4,32m). A área 1 obteve as maiores médias para os caracteres DAC e DAP (2014 = 3,93 cm, 2015 = 4,41 cm), respectivamente (Tabela 8). Porém, a forma do fuste nessa área não estava dentro do padrão normal de desenvolvimento da espécie. Em vários indivíduos observou-se que a parte apical do tronco, assim como os galhos, encontravam-se retorcidos. Acredita-se que as condições edáficas do local de plantio pode ter contribuído efetivamente para esses resultados.

Pode-se afirmar que o teste da área 2 está em plena competição com plantas de *Cordia trichotoma*. Barbosa et al. (2002) relataram valores maiores em espécies nativas como a *Jacaranda copaia*, que aos 14 meses de idade as plantas apresentavam altura de 2,57 m e diâmetro médio de 7,66 cm. A espécie *Jacaranda cuspidifolia* em consórcio com *Astronium fraxinifolium* apresentou um crescimento bom em altura e DAP (1,70 m e 7,31 cm respectivamente) aos 12 meses de idade (AGUIAR, 2001). O crescimento em altura das espécies nativas é muito lento no geral, porém os resultados obtidos no presente trabalho estão dentro do esperado para espécies sem nenhum grau de melhoramento, em torno de 0,50 a 1,00 metro de altura nos primeiros anos.

As estimativas de acurácias foram altas para todos os caracteres nos dois testes (ALT-2013= 0,95, área 1 e 2), mesmo com os altos valores do  $CV_e$  (APV-2016= 67, área 1 e 95APV-2015= 49,22, área 2). O modelo experimental adotado, de uma planta por parcela, contribuiu para aumentar a acurácia e as estimativas dos parâmetros genéticos (Tabela 8), além de facilitar a disposição espacial das plantas no desbaste seletivo. Isso leva à confiabilidade maior nas estimativas dos parâmetros genéticos. Por outro lado, esse modelo tende a gerar elevados coeficientes de variação experimental em relação aos modelos de várias plantas por parcela Resende (2002). Resende e Duarte (2007) recomendam não considerar esse parâmetro apenas para inferir sobre a precisão do modelo experimental adotado. O coeficiente de variação experimental ( $CV_e$  %) foi considerado alto para o caráter APV-2015 (67,95%) na área 1, e o caráter que deteve menor valor para esse coeficiente foi o ALT-2014 (28,22%, área 1). Tais resultados, confirmam que o controle experimental não deve ser baseado somente no  $CV_e$ , a acurácia alta também infere precisão nas estimativas dos parâmetros genéticos (RESENDE; DUARTE, 2007). O caráter ALT-2013 apresentou alto valor de  $CV_r$  % para ambas as áreas (0,50 e 0,48 na área 1 e 2). O coeficiente de variação relativa mede a relação entre o coeficiente de variação genética e o coeficiente de variação ambiental. De acordo com Vencovsky (1987) quanto maior valor desse parâmetro maior possibilidade de atingir ganhos de seleção, visto que o caráter estará em maior controle genético.

A existência de variabilidade genotípica entre progênies ( $CV_{gp}$  %) foi detectada para todos os caracteres nas duas áreas de avaliações variando de 29,47% para APV-2014 (Área 1); e a menor variação genotípica entre progênies foi de 6,87% para ALT-2016 (Área 1). Essa variação foi validada pelo fato das estimativas de coeficiente de variação genética individual ( $CV_{gi}$  %) serem superiores a 7% (RESENDE, 2002). Os coeficientes de variações genéticas e genotípicas são responsáveis por indicarem a existência de variabilidade genética e

possibilidade de se alterar determinada caráter por meio da seleção, e são estimados levando-se em consideração a média obtida para o caráter avaliado (RESENDE, 1999).

As herdabilidades individuais no sentido restrito e a média de progênes foram altas para todos os caracteres. As herdabilidades em nível de média de progênes foram superiores às herdabilidades individuais no sentido restrito e dentro de progênes. Isso normalmente ocorre, porque os efeitos ambientais da herdabilidade em nível de média de progênes, diferente da individual, são minimizados pelo número de repetições e de plantas por parcela (VENCOVSKY; BARRIGA, 1994). Assim, a seleção com base nas herdabilidades da média de progênes significaria maiores ganhos genéticos (ROYCHOWDHURY, TAH, 2011; MACEDO et al., 2015).

Tabela 8. Estimativa de parâmetros genéticos e média para os caracteres: diâmetro do fuste a 1,30 m do solo (DAP), diâmetro da altura do coleto a 30 cm do solo (DAC), altura total de plantas (ALT), altura do primeiro verticilo (APV), em testes de progênie de *Dalbergia nigra* em Linhares-ES.

Área 1										
	ALT 2013 (m)	DAC 2014 (cm)	ALT 2014 (m)	APV 2014 (m)	DAP 2015 (cm)	ALT 2015 (m)	APV 2015 (m)	DAP 2016 (cm)	ALT 2016 (m)	APV 2016 (m)
$\hat{h}_a^2$	0,74 (±0,15)	0,31 (±0,09)	0,29 (±0,09)	0,59 (±0,13)	0,24 (±0,08)	0,25 (±0,08)	0,36 (±0,10)	0,27 (±0,09)	0,22 (±0,07)	0,22 (±0,08)
$\hat{h}_m^2$	0,91	0,77	0,76	0,88	0,72	0,73	0,81	0,74	0,77	0,72
$r_{aa}$	0,95	0,88	0,87	0,94	0,85	0,85	0,89	0,86	0,83	0,83
$CV_{gi}$	38,15	27,34	21,75	58,93	21,9	18,07	44,92	22,45	13,74	32,93
$CV_{gp}$	19,08	13,67	10,88	29,47	10,95	9,04	22,46	11,28	6,87	16,46
$CV_e$	39,72	46,59	38,65	42,05	43,16	34,91	35,07	41,74	28,22	67,95
$CV_r$	0,48	0,29	0,28	0,42	0,25	0,26	0,31	0,26	0,24	0,24
$\hat{m}$	0,98	3,93	2,43	0,36	4,41	3,59	0,56	5,54	4,24	0,74

Área 2										
	ALT 2013 (m)	DAC 2014 (cm)	ALT 2014 (m)	APV 2014 (m)	DAP 2015 (cm)	ALT 2015 (m)	APV 2015 (m)	DAP 2016 (cm)	ALT 2016 (m)	APV 2016 (m)
$\hat{h}_a^2$	0,80 (±0,16)	0,43 (±0,12)	0,34 (±0,10)	0,52 (±0,13)	0,42 (±0,12)	0,35 (±0,11)	0,43 (±0,12)	0,45 (±0,12)	0,37 (±0,11)	0,38 (±0,11)
$\hat{h}_m^2$	0,91	0,81	0,76	0,83	0,8	0,77	0,81	0,81	0,77	0,78

$r_{\hat{a}a}$	0,95	0,94	0,87	0,91	0,92	0,88	0,93	0,91	0,88	0,88
$CV_{gi}$	37,01	31,22	23,11	51,62	29,88	21,47	34,49	30,04	20,15	32,54
$CV_{gp}$	18,5	15,61	11,56	25,81	14,94	10,74	17,24	15,02	10,07	16,27
$CV_e$	36,89	44,7	37,63	47,45	43,18	34,6	49,22	42,18	31,43	49,58
$CV_r$	0,51	0,35	0,31	0,38	0,35	0,31	0,35	0,35	0,32	0,32
$\hat{m}$	1,14	3,74	2,68	0,43	3,94	3,79	0,73	4,58	4,32	0,88

$\hat{h}_a^2$  herdabilidade individual dos efeitos aditivos;  $\hat{h}_m^2$  herdabilidade da média de progênies;  $r_{\hat{a}a}$  acurácia;  $CV_{gi}$  % coeficiente de variação genética aditiva individual;  $CV_{gp}$  % coeficiente de variação genotípica entre progênies;  $CV_e$  % coeficiente de variação experimental;  $CV_r$  coeficiente de variação relativa;  $\hat{m}$  média geral. Resultados das análises de variância na tabela 19.

Fonte: Próprio autor.

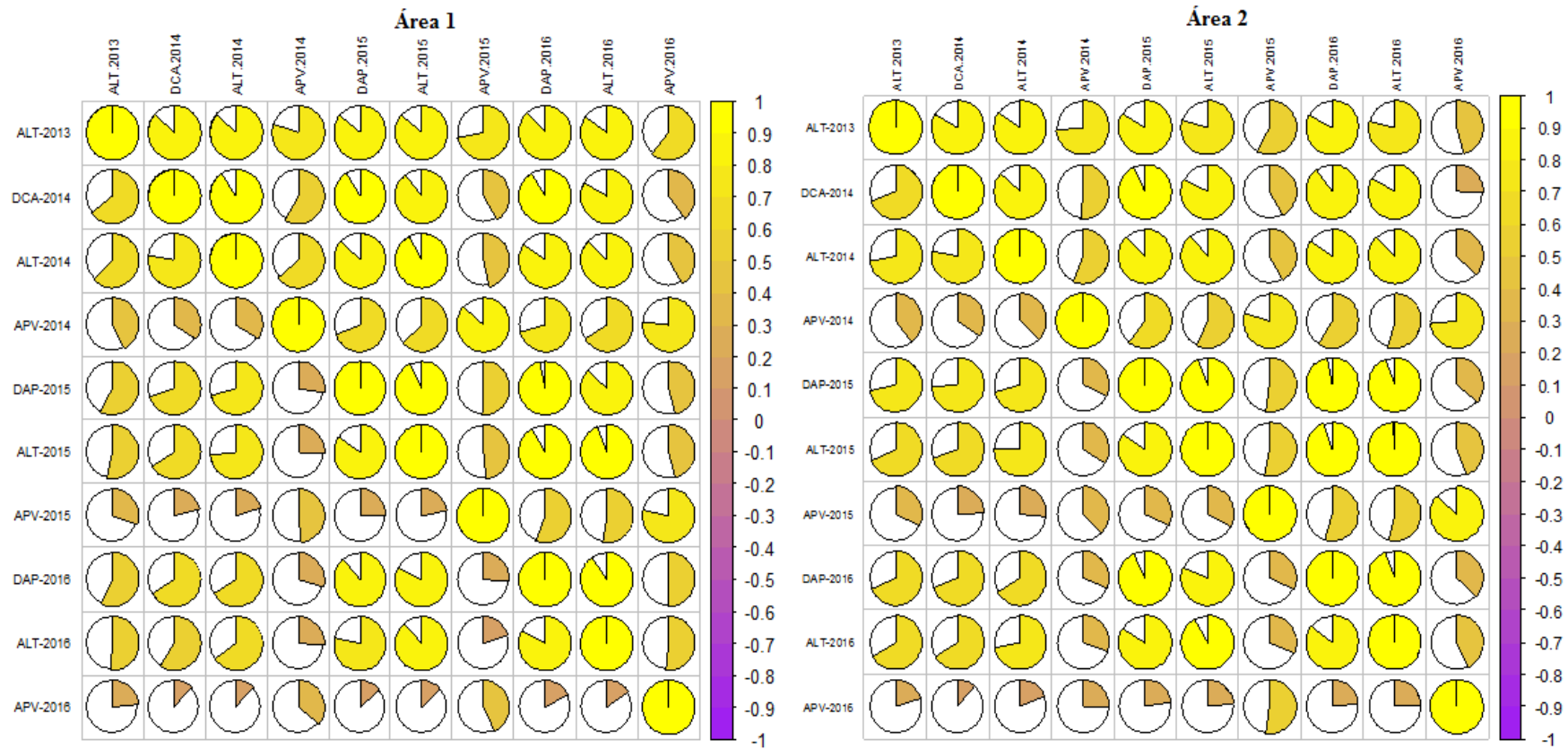
### 5.3.2 Estimativas de Correlações genéticas e fenotípicas

No geral, as correlações genéticas e fenotípicas entre os caracteres de crescimento ao longo dos anos foram positivas e significativas. As correlações entre o caráter APV e os demais caracteres foram baixas, porém significativas. Esse caráter APV deve ser considerado quando o objetivo da seleção for volume de madeira sólida para serraria. Esses resultados inferem que a seleção indireta contribuirá positivamente para os caracteres selecionados, e que a resposta sobre o ganho será proporcional ao nível de associação expresso na relação genotípica e fenotípica. O caráter sobre seleção DAP-2016 está fortemente (0,90-Área 1 e 0,94-Área 2) correlacionado com o ALT-2016 (Figura 14). Ganhos indiretos em DAP, altura total, e também na produção de volume de madeira poderão ser obtidos. O caráter DAP-2016 foi considerado na seleção por expressar maiores estimativas dos parâmetros genéticos e alta correlação com outros caracteres.

A seleção precoce poderá ser adotada para essa espécie, principalmente, para a produção de madeira, pois existem correlações significativas entre tais caracteres em diferentes idades, viabilizando a eficiência deste tipo de seleção. Além disso, a grande variação genética encontrada para estes caracteres é um fator que contribui para o sucesso deste método. Porém, deve-se ressaltar que para produção de madeira para serraria, outros caracteres devem ser priorizados, como a densidade da madeira, a forma do fuste, etc. Esses serão melhor mensurados na idade adulta, especificamente, quando iniciar a produção de lenho tardio. Portanto, a avaliação desses caracteres, bem como a correlação com os caracteres de crescimento deve ser priorizados em idades mais avançadas. As estimativas de correlações entre esses caracteres, como realizadas no presente trabalho, serão imprescindíveis para a predição

do desempenho, caracterização das árvores na fase adulta e na definição da idade para se aplicar a seleção precoce, o que poderá levar a redução do tempo de cada ciclo de seleção (BELTRAME et al., 2012). Assim, para essa espécie que se tem poucas informações à respeito desses parâmetros, sugere-se realizar novas mensurações para caracteres silviculturais até a idade de corte.

**Figura 14:** Estimativas das correlações genéticas ( $r_g$ , acima da diagonal) e fenotípicas ( $r_f$ , abaixo da diagonal) entre os caracteres: diâmetro à altura do peito (DAP-cm), altura total de plantas (ALT-m), diâmetro a altura do coleto a 30 cm do solo (DCA-cm), altura do primeiro verticilo (APV-cm) em testes de progênie de *D. nigra* em Linhares-ES.



Fonte: Próprio autor.

### *5.3.3 Estimativas de diversidade genética, tamanho efetivo populacional e ganho esperado com a seleção*

As estimativas de ganhos com a seleção para DAP aos quatro anos de idade em ambos os locais resultaram em valores elevados de 12,77% (área 1) a 23,85% (área 2) com aplicação das intensidades de 2,5% e 20% (Tabela 9). Os ganhos genéticos com seleção estão em função da pressão de seleção aplicada, do grau de herdabilidade e variação genética. Verificou-se que as pressões mais altas levaram a maiores porcentagens de ganhos. Fatores específicos da espécie podem alterar esses resultados com a idade da planta e o ambiente, e portando, esses parâmetros devem ser estimados na idade que for realizar a seleção. A área 2 demonstrou maiores ganhos na seleção em todos os níveis de intensidades, juntamente, tendo os maiores valores para os parâmetros que corroboraram com os ganhos, como a herdabilidade e os coeficientes de variações genética (individual e entre progênies).

As intensidades de seleção aplicadas na população levaram expressiva perda de tamanho efetivo populacional e diversidade genética, principalmente, as mais intensivas (2,5%) em ambas as áreas. Quando a seleção de indivíduos tem por objetivo ciclos subsequentes de melhoramento, a menor intensidade de seleção (20%) deverão ser adotados para evitar perda excessiva de variabilidade genética, principalmente na primeira geração. O tamanho efetivo populacional indicado como teto seletivo está entre 30 a 60 (LEONARDECZ-NETO et al., 2003). A redução da variabilidade genética em um ciclo de melhoramento genético afetaria a manutenção da aptidão genética em uma população (SOULÉ et al. 1986).

Resende e Bertolucci (1995) e Resende (1999) relataram, que para manter a variabilidade genética em cada ciclo de seleção é importante manter um tamanho efetivo populacional em torno de 50, evitando assim perdas de variabilidade e aumentando a probabilidade de manutenção de alelos favoráveis ao longo dos ciclos de seleção e, consequentemente, para que os progressos genéticos em ciclos contínuos não fiquem comprometidos. Para obter ganhos e manter um número efetivo populacional dentro dos números indicado por esses autores, aconselha-se selecionar indivíduos de todas as progênies do teste para manter o número de alelos favoráveis.



Tabela 9. Estimativas de ganhos individuais na seleção ( $GS_I$ ) no caráter diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-cm), aos cinco anos após o plantio em testes de progênes de *Dalbergia nigra* em Linhares-ES.

Área 1								
Parâmetros	$GS_I$ (2,5%)	$GS_I$ (5%)	$GS_I$ (7,5%)	$GS_I$ (10%)	$GS_I$ (12,5%)	$GS_I$ (15%)	$GS_I$ (17,5%)	$GS_I$ (20%)
$N_{fo}$	30	30	30	30	30	30	30	30
$N_{fs}$	7	10	15	15	16	18	18	19
$N$	25	50	75	100	125	150	175	200
$k_f$	3,57	5,01	5,01	6,66	7,81	8,33	9,72	10,52
$\sigma_{kf}^2$	5,01	23,31	28,61	41,42	58,69	77,17	86,33	102,15
$\hat{GS} (\%)$	16,48	15,3	14,72	14,64	14,35	13,72	13,55	12,77
$N_e$	12,55	15,77	21,87	25,21	23,87	29,13	32,41	34,35
$\hat{D}$	0,15	0,18	0,24	0,26	0,28	0,29	0,32	0,34

Área 2								
Parâmetros	$GS_I$ (2,5%)	$GS_I$ (5%)	$GS_I$ (7,5%)	$GS_I$ (10%)	$GS_I$ (12,5%)	$GS_I$ (15%)	$GS_I$ (17,5%)	$GS_I$ (20%)
$N_{fo}$	30	30	30	30	30	30	30	30
$N_{fs}$	10	13	14	15	15	18	20	21
$N$	22	44	66	88	110	132	155	177
$k_f$	2,21	3,38	4,71	5,86	7,33	7,33	8,01	8,42
$\sigma_{kf}^2$	5,11	9,25	20,71	27,11	41,01	45,31	53,11	60,15
$\hat{GS} (\%)$	23,85	22,53	21,82	21,35	21,09	18,87	18,56	17,63
$N_e$	11,72	19,29	21,81	26,09	27,64	31,98	36,27	38,13
$\hat{D}$	0,17	0,24	0,25	0,28	0,29	0,34	0,37	0,38

$N_{fo}$  : nº de progênes do teste;  $N_{fs}$  : nº de progênes selecionados;  $n$ : nº de indivíduos selecionadas;  $k_f$  : nº médio de indivíduos selecionados por progênie;  $\sigma_{kf}^2$  variância médio de indivíduos selecionados por progênie;  $N_e$  : tamanho efetivo populacional;  $\hat{GS}(\%)$ : ganho na seleção;  $D$ : diversidade genética.

Fonte: Próprio autor.

A definição da intensidade de seleção a ser aplicada em cada ciclo de melhoramento deve ser contra a perda de alelos favoráveis, pela deriva genética ou cruzamentos correlacionados, ao longo dos ciclos de seleção. Para isso recomenda-se ao melhorista se basear na formula  $N_e h$  para calcular um número efetivo populacional eficiente, onde  $h$  é a raiz

quadrada do coeficiente de herdabilidade do caráter sob seleção (PEREIRA; VENCOVSKY, 1988). A fórmula pode ser aplicada na intensidade de seleção de 20% na área 1. Verifica-se que para todas as intensidades realizadas considerando esse mesmo caráter, principalmente para 20% com um  $N_e$  de 34,35, o computo da fórmula  $N_e \cdot h$  será de 23,04, bem menor que o indicado para seleção recorrente (cada geração), mínimo de  $N_e$  50. Porém, vale ressaltar que não tem um número mínimo e único de  $N_e$  para recomendação da seleção recorrente, pelo fato de que a fixação de alelos favoráveis ao longo do ciclo não está em função somente do  $N_e$ , mas da frequência alélica inicial e do coeficiente de seleção em nível de cada loco (AGUIAR, 2004). Resende (2002) relatou o  $N_e \cdot h$  para população com pouco grau de melhoramento genético, com intensidade de seleção de 2% e uma herdabilidade de 0,40 o  $N_e$  indicado para ser mantido deve ser de 35 ficando inferior ao obtido nesse estudo. Vencovsky (1987) ressaltou que se a estratégia do melhorista é um programa de seleção recorrente, em longo prazo, o tamanho efetivo deve ser elevado para evitar a perda aleatória de alelos favoráveis, ao longo dos ciclos seletivos. Por isso o critério de usar  $N_e \cdot h$  é melhor do que somente o parâmetro  $N_e$ .

A seleção conjunta levando em consideração o ranqueamento dos indivíduos de cada local não proporcionaram ganhos maiores em relação às seleções realizadas em cada local. A grande diferença entre os dois métodos de seleção apresentado foi o aumento da diversidade genética e número efetivo populacional (Tabela 10). Fortes pressões de seleção conduzem a ganhos elevados, todavia pouco duradouros. No entanto, a seleção branda tende a manter por mais tempo a variabilidade genética porém com menor progresso (PINTO, 1995). Moraes et al. (2010) ao aplicarem a seleção em *Corymbia citriodora*, considerando as informações da análise conjunta, observaram ganhos em torno de 9% e 20% para altura e DAP, respectivamente. A seleção com base no comportamento médio das progênies também pode ser realizadas considerando os dois locais, visto que não observou-se interação genótipo x ambiente para este caráter. Assim, a seleção das 16 melhores progênies na análise conjunta, proporcionaram ganhos efetivos e mantiveram um número satisfatório do tamanho efetivo e de diversidade genética (Tabela 10). A seleção dos seis melhores indivíduos de cada progênie em cada área foi a que proporcionou os maiores ganhos genéticos.

Tabela 10: Seleção dos indivíduos e progênies considerando as análises conjunta da interação genótipo x ambiente para caráter DAP-2016, em progênies de *D. nigra* em Linhares-ES.

Seleção com base no ranqueamento individual das duas áreas de plantio								
Parâmetros	GS <sub>I</sub> (2,5%)	GS <sub>I</sub> (5%)	GS <sub>I</sub> (7,5%)	GS <sub>I</sub> (10%)	GS <sub>I</sub> (12,5%)	GS <sub>I</sub> (15%)	GS <sub>I</sub> (17,5%)	GS <sub>I</sub> (20%)
$N_{fo}$	30	30	30	30	30	30	30	30
$N_{fs}$	11	14	15	16	16	16	16	16
$N$	25	50	75	100	125	150	175	200
$k_f$	2,27	3,57	5,01	6,25	7,81	9,37	10,93	25,73
$\sigma_{kf}^2$	1,4	5,64	9,02	12,2	20,01	31,71	30,86	45,56
$\hat{GS} (\%)$	14,98	15,11	14,32	14,01	14,53	13,51	13,95	12,91
$N_e$	16,98	15,36	14,32	13,03	37,18	38,07	41,76	45,56
$\hat{D}$	0,31	0,33	0,37	0,41	0,43	0,45	0,53	0,55

Seleção com base no ranqueamento das progênies na análise conjunta								
Parâmetros	GS <sub>I</sub> (1 ind)	GS <sub>I</sub> (2 ind)	GS <sub>I</sub> (4 ind)	GS <sub>I</sub> (6 ind)	GS <sub>I</sub> (8 ind)	GS <sub>I</sub> (10 ind)	GS <sub>I</sub> (15 ind)	GS <sub>I</sub> (18 ind)
$N_{fo}$	30	30	30	30	30	30	30	30
$N_{fs}$	16	16	16	16	16	16	16	16
$N$	32	64	128	192	256	320	480	576
$k_f$	2	4	8	12	16	20	30	36
$\sigma_{kf}^2$	0	0	0	0	0	0	0	0
$\hat{GS} (\%)$	16,26	14,81	19,51	21,36	16,11	21,82	16,35	11,56
$N_e$	15,86	36,11	46,54	51,22	53,89	55,65	58,18	59,77
$\hat{D}$	0,54	0,54	0,54	0,54	0,54	0,54	0,54	0,54

$N_{fo}$  : n° de progênies do teste;  $N_{fs}$  : n° de progênies selecionadas;  $n$ : n° de indivíduos selecionadas;  $k_f$  : n° médio de indivíduos selecionados por progênie;  $\sigma_{kf}^2$  variância médio de indivíduos selecionados por progênie;  $N_e$  : tamanho efetivo populacional;  $\hat{GS}(\%)$ : ganho na seleção;  $D$ : diversidade genética, ind: indivíduos  
 Fonte: Próprio autor.

O ganho genético para o caráter DAP-2016, envolvendo a sobreposição de gerações, também foi considerado visando identificar indivíduos da geração anterior com valor genético

e genotípicos superiores aos das progênies (Tabela 11). Nesses casos, são realizadas uma classificação por valores genéticos preditos, e os materiais superiores são incluídos no pomar de sementes sem levar em consideração se pertencem à geração atual ou anterior (RESENDE, 2002). Os 30 melhores indivíduos das duas gerações foram selecionados com base no DAP2016. Os genitores 56, 52 e 55 (área 1) e 56 e 53 (área 2), identificados por zero na coluna de blocos, apresentaram os melhores valores genéticos. Por outro lado, verificou-se que indivíduos da geração atual tendem a ser melhores que aqueles da geração anterior, como esperado, apesar dos genitores 56, 52 e 55 serem superiores a muitos indivíduos da geração atual. Esses indivíduos poderiam ser mantidos na população de melhoramento a partir da propagação vegetativa. As próximas gerações poderiam ser compostas de uma mistura de indivíduos selecionados no experimento com algum parental superior (RESENDE, 2002). Para esse situação, o ganho com essa seleção foi de 21,36%, mantendo o tamanho efetivo populacional de 51,22 e uma diversidade genética de 0,54. Roa et al. (2010) realizaram seleção de indivíduos de erva-mate com base na sobreposição de geração relatou superioridade de três genitores com a seleção de 20 indivíduos. Neto et al. (2013), estudando pupunha, realizaram seleção de 25 indivíduos com base na sobreposição de geração e determinaram superioridade de genitores em relação aos indivíduos.

Tabela 11: Valores genéticos preditos para o caráter DAP-2016 com a seleção dos 30 melhores indivíduos com sobreposição de gerações em testes de progênies de *Dalbergia nigra* em Linhares-ES.

Ordem	Área 1					Área 2				
	Rep	Prog	A	Ganho	Nova Média	Rep	Prog	A	Ganho	Nova Média
1	35	52	2,67	2,672	8,17	31	37	3,83	3,83	8,33
2	18	56	2,37	2,522	8,02	32	52	3,65	3,74	8,24
3	0	56	2,24	2,428	7,93	30	56	2,88	3,45	7,95
4	25	56	2,22	2,377	7,88	0	56	2,59	3,24	7,73
5	38	52	2,15	2,333	7,83	34	52	2,54	3,10	7,59
6	20	52	2,00	2,277	7,78	3	56	2,42	2,98	7,48
7	9	46	1,98	2,234	7,73	27	52	2,40	2,90	7,40
8	34	56	1,92	2,194	7,69	34	56	2,38	2,84	7,33
9	20	56	1,76	2,146	7,64	31	49	2,28	2,77	7,27
10	0	52	1,73	2,105	7,60	28	56	2,25	2,72	7,22
11	33	56	1,73	2,07	7,57	20	44	2,16	2,67	7,17
12	26	52	1,68	2,038	7,54	32	56	2,15	2,63	7,12
13	40	56	1,66	2,009	7,51	26	56	2,14	2,59	7,09
14	9	54	1,65	1,983	7,48	5	55	2,09	2,55	7,05
15	21	55	1,65	1,961	7,46	31	46	2,09	2,52	7,02
16	28	56	1,65	1,941	7,44	4	56	2,09	2,50	6,99
17	8	55	1,61	1,922	7,42	18	56	2,02	2,47	6,96

18	8	52	1,60	1,904	7,40	23	58	1,96	2,44	6,94
19	2	52	1,59	1,887	7,39	27	53	1,90	2,41	6,91
20	13	52	1,53	1,869	7,37	25	42	1,89	2,39	6,88
21	24	44	1,52	1,853	7,35	10	49	1,89	2,36	6,86
22	28	44	1,52	1,838	7,34	0	52	1,89	2,34	6,84
23	2	50	1,50	1,823	7,32	17	53	1,86	2,32	6,82
24	13	46	1,50	1,81	7,31	8	52	1,86	2,30	6,80
25	11	56	1,50	1,797	7,30	13	46	1,86	2,28	6,78
26	6	55	1,50	1,785	7,28	24	56	1,85	2,27	6,76
27	0	55	1,48	1,774	7,27	29	46	1,84	2,25	6,75
28	33	46	1,48	1,763	7,26	20	56	1,83	2,24	6,73
29	12	54	1,46	1,753	7,25	24	52	1,83	2,22	6,72
30	17	52	1,44	1,743	7,24	4	55	1,81	2,21	6,70

Nota: Rep: Repetição; a: Valor genético aditivo predito; Prog: Progênie.

Fonte: Próprio autor.

### 5.3.4 Divergência Genética e agrupamento de Tocher

As divergências genéticas entre os pares de progênies de cada área foram estimadas com base em todos os caracteres avaliados. As distâncias máximas foram observadas entre as progênies 39 e 55 ( $D^2 = 47,07$ ) e as 9 e 15 ( $D^2 = 48,28$ ) nas áreas 1 e 2, respectivamente (Tabela 12). Com base nesses resultados, poderão ser selecionados os indivíduos das progênies mais divergentes, e com maior desempenho produtivo e/ou maior valor genotípico para realização dos cruzamentos controlados. A identificação dos pares de progênies com maior divergência genética contribuirá para obtenção de indivíduos mais produtivos. Esses devem ser priorizados para a geração de híbridos intraespecíficos mais heteróticos. Manfio et al. (2012) relataram que quanto mais divergentes geneticamente forem os genitores maiores serão as possibilidades de aumentarem a variabilidade para a próxima geração e de reorganização dos alelos com novas combinações favoráveis. Portanto, os cruzamentos entre indivíduos mais distantes poderão contribuir para diversas finalidades dentro de um programa de melhoramento. Por outro lado, a aplicação de retrocruzamentos entre indivíduos dos grupos mais homogêneos, menores distâncias entre si, permite realizar a recuperação dos alelos perdidos durante o cruzamento (DIAS, 1994; NASCIMENTO et al., 2014). Neste caso, as distâncias mínimas foram observadas entre as progênies 31 e 36 ( $D^2 = 3,15$ ) e as 12 e 7 ( $D^2 = 3,64$ ) das áreas 1 e 2, respectivamente (Tabela 12).

Tabela 12. Matriz de distâncias genotípicas Mahalanobis ( $D^2$ ) na área 1 e 2 para os caracteres: diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-cm), altura total de plantas (ALT-m), diâmetro a altura do coleto a 30 cm do solo (DAC-cm) e altura do primeiro verticilo (APV-cm), em testes de progênie de *D. nigra* em Linhares-ES.

$D^2$ de Mahalanobis									
Distâncias Área 1					Distâncias Área 2				
Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.	Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.
34	37,71	55	8,19	43	34	28,05	32	6,41	36
55	47,07	39	16,75	47	55	26,92	35	4,14	44
35	28,91	52	7,80	36	35	36,92	47	14,76	48
43	30,11	52	6,62	47	43	37,94	49	7,19	57
42	36,90	38	8,48	31	42	43,03	39	14,50	34
54	29,97	55	8,47	56	54	28,60	35	4,68	36
40	37,61	45	8,65	51	40	35,05	56	7,48	51
36	23,69	55	3,15	31	36	30,82	35	4,68	54
45	37,61	40	7,60	43	45	35,90	56	9,57	58
49	37,53	57	11,38	47	49	42,84	38	17,59	52
44	34,17	32	7,86	56	44	28,13	38	4,14	55
56	26,79	49	7,86	44	56	42,15	49	13,15	52
51	26,35	45	7,35	36	51	33,78	56	6,54	44
50	36,36	38	7,83	35	50	36,30	49	6,55	44
33	27,51	55	5,25	31	33	25,79	42	7,54	31
46	31,54	48	9,88	35	46	35,93	60	9,16	55
57	37,53	49	10,05	48	57	34,16	49	5,59	36
32	34,17	44	9,85	33	32	32,31	47	11,86	50
59	33,18	38	5,65	31	59	29,19	39	7,76	38
39	47,07	55	16,04	54	39	43,03	42	10,06	33
60	33,82	55	7,29	31	60	36,87	38	10,08	36
58	37,99	38	12,63	53	58	32,16	35	9,57	45
48	31,54	46	10,05	57	48	34,20	39	6,97	50
47	25,78	39	5,51	41	47	36,92	35	7,95	55
31	22,08	55	3,15	36	37	29,66	35	10,81	45
52	37,45	58	11,67	54	31	31,92	42	7,54	33
41	26,97	52	5,51	47	52	30,22	32	10,51	55
38	37,99	58	12,82	36	41	35,18	49	9,28	51
53	29,41	55	9,25	34	38	42,84	49	7,76	59
37	35,28	55	10,92	56	53	28,45	42	3,49	55
Máximo: 47,07		Progênie: 39 e 55			Máximo: 48,28		Progênie: 9 e 15		
Mínimo: 3,15		Progênie: 31 e 36			Mínimo: 3,64		Progênie: 12 e 7		

Fonte: Próprio autor.

A quantificação da contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética também foi estimada após obtenção da distância genética (Tabela 13). Isso permite identificar quais as progênies que poderão ser utilizadas nos cruzamentos controlados, bem como o caráter a ser priorizado na seleção. Isto poderá auxiliar na seleção de progênies mais promissoras para a finalidade definida.

Tabela 13. Contribuição relativa dos caracteres para a divergência na área 1 e 2 para os caracteres: diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-cm), altura total de plantas (ALT-m), diâmetro a altura do coleto a 30 cm do solo (DAC-cm) e altura do primeiro verticilo (APV-cm) em testes de progênie de *Dalbergia nigra* em Linhares-ES.

Área 1		Área 2	
Variável	Valor em %	Variável	Valor em %
ALT- 2013	10,35	ALT- 2013	11,54
DAC-2014	7,61	DAC-2014	10,64
ALT-2014	10,04	ALT-2014	14,30
APV-2014	9,73	APV-2014	9,36
DAP-2015	7,67	DAP-2015	6,34
ALT-2015	11,35	ALT-2015	8,21
APV-2015	9,71	APV-2015	10,47
DAP-2016	11,52	DAP-2016	9,76
ALT-2016	7,36	ALT-2016	11,37
APV-2016	14,65	APV-2016	7,99

Fonte: Próprio autor.

Os caracteres APV-2016 e ALT-2014 foram o que mais contribuíram para a divergência genética na área 1 e 2 (14,65% e 14,30%), respectivamente. Os demais caracteres tiveram participação funcional na divergência das progênies. Singh (1981), baseado em  $D^2$  de Mahalanobis, considera de menor importância caracteres que expressam menor variabilidade. Nesse caso, poderão ser descartados os caracteres o DAC-2014 (área 1) e DAP-2015 (área 2) que apresentaram menor contribuição para a divergência. Conforme Alves et al. (2003) e Correa e Gonçalves (2012), o grande interesse na avaliação da importância relativa dos caracteres reside na possibilidade de descartarem os que contribuam pouco para a discriminação do material avaliado, reduzindo a mão-de-obra, tempo e custo despendidos na experimentação. Isso garantirá a escolha do caráter mais adequado para o melhoramento.

Informações sobre as médias e CV% dos grupos são base para formação dos mesmos, e podem também auxiliar o melhorista a detectar a divergência entre eles (Tabela 14). O emprego

do método de otimização de Tocher, baseado pelas distâncias de Mahalanobis ( $D^2$ ), possibilitou a formação de três e 11, com concentração de aproximadamente 90% e 56,65% das progênes em um único grupo (grupo 1) na área 1 e área 2, respectivamente (Tabela 14).

Com a finalidade de se obter ganhos genéticos nos ciclos subsequentes de melhoramento é recomendável o cruzamentos entre as progênes que se encontrem nos grupos de maior divergência e que tenham maior desempenho produtivo. Para as progênes da área 1, devem ser conduzidos cruzamentos entre os indivíduos do grupo 1 com a progênie do grupo 3, assim sucessivamente. Na área 2, recomenda-se que faça o cruzamento das progênes do grupo 1 com a progênie do grupo 11 (Tabela 14). Os cruzamentos entre indivíduos dos dois testes também podem ser priorizados, principalmente, entre os de maiores desempenhos.

Esses cruzamentos e combinações são indicados para exploração dos indivíduos híbridos intraespecíficos, em ciclos de melhoramento, visando o estudo detalhado dos efeitos da heterose sobre os caracteres estudados. Dois termos são usados na discussão de modelos de heterose; um deles é o chamado modelo de "dominância", no qual os alelos recessivos em locus diferentes são complementares no híbrido, e o segundo é o chamado modelo de "superdominância", que postula que as interações entre diferentes alelos ocorrem no híbrido, levando ao aumento do vigor (BIRCHLER, et al., 2010). O efeito de heterose é mais usual pela utilização da exploração dos efeitos de dominância (CHARLESWORTH; WILLIS, 2009). A superioridade híbrida pode advir da heterose "per se", epistasia ou complementaridade de caracteres (efeito aditivo), todos esses efeitos poderão ocorrer entre os indivíduos de grupos divergentes (NIKLES; GRIFFIN, 1992; SANTOS et al., 2016).



Tabela 14. Médias gerais ( $\hat{m}$ ), coeficiente de variação (CV%) intergrupos e agrupamento de Tocher a partir das Distancias Genéticas de Mahalanobis na área 1 para os caracteres: diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-cm), altura de planta (ALT-m), diâmetro do coleto a 30 cm do solo (DAC-cm) e altura do primeiro verticilo (APV-cm), estudados em testes de progênie de *D. nigra* em Linhares-ES.

Área 1			Médias para cada grupo									
Grupos	Progênies	Total	ALT 2013	DAC 2014	ALT 2014	APV 2014	DAP 2015	ALT 2015	APV 2015	DAP 2016	ALT 2016	APV 2016
1	34 55 43 42 54	27	0,99	39,56	2,43	0,36	4,43	3,60	0,56	5,58	4,25	0,74
	40 45 49 44 56											
	51 50 33 46 57											
	32 59 39 60 58											
	48 47 52 41 38											
53 37												
2	31 36	2	0,82	34,52	2,29	0,32	3,83	3,22	0,45	4,75	3,93	0,75
3	35	1	1,01	39,92	2,65	0,49	4,61	3,75	0,66	5,59	4,52	0,95
$\hat{m}$			0,98	39,32	2,43	0,36	4,41	3,59	0,56	5,54	4,24	0,74
CV (%)			43,36	49,50	41,01	74,56	44,58	35,96	73,79	43,01	28,98	69,89
Total		30										

Área 2			Médias para cada grupo									
Grupos	Progênies	Total	ALT 2013	DAC 2014	ALT 2014	APV 2014	DAP 2015	ALT 2015	APV 2015	DAP 2016	ALT 2016	APV 2016
1	34 55 43 54 36	17	1,15	36,84	2,68	0,45	3,91	3,76	0,76	4,51	4,32	0,92
	44 51 50 33 46											
	57 59 48 47 31											
	52 53											
2	45 58 37	3	1,01	41,04	2,67	0,37	4,27	3,94	0,65	5,07	4,48	0,74
3	40 41	2	1,13	39,17	2,61	0,30	3,98	3,84	0,59	4,51	4,39	0,70
4	39	1	0,84	24,50	1,98	0,40	3,26	3,49	0,68	3,69	3,84	0,84
5	42	1	1,17	41,15	3,17	0,26	4,11	4,06	0,47	4,77	4,51	0,59
6	35	1	1,06	35,49	2,56	0,50	3,55	3,32	0,71	3,95	3,69	0,87
7	38	1	0,98	47,33	2,43	0,09	4,35	3,65	1,20	5,05	4,40	1,05
8	60	1	0,79	24,96	2,04	0,32	2,55	2,80	0,52	3,30	3,34	0,67
9	32	1	1,06	35,49	2,56	0,50	3,55	3,32	0,71	3,95	3,69	0,87
10	56	1	1,55	49,42	3,24	0,56	5,17	4,44	0,76	6,13	4,94	0,94
11	49	1	0,84	24,50	1,98	0,40	3,26	3,49	0,68	3,69	3,84	0,84
$\hat{m}$			1,14	37,48	2,68	0,43	3,94	3,79	0,73	4,58	4,32	0,88
CV (%)			40,55	47,84	40,83	70,41	46,12	37,70	51,76	45,11	34,18	52,50
Total		30										

Fonte: Próprio autor.

Para a recuperação de alelos dos genitores (materno e paterno), o retrocruzamento deve ser realizado com progenitores mais similares geneticamente. O emprego de genitores similares, diferenciados basicamente pelo alelo a ser transferido, permite recuperar o genitor recorrente mais rapidamente (DIAS; RESENDE, 2001). Quando o objetivo for o ciclo de melhoramento genético da espécie em estudo, para quaisquer caracteres, poderá ser realizado cruzamentos de grupos divergentes (distintos). Esses novos indivíduos, que irão compor o próximo ciclo, poderão ser superiores à média dos parentais, que seja à partir do efeito de heterose per se, complementaridade ou heterose funcional (LI; HOWE; WU, 1998, LAMKEY, 1999). Tanto a heterose quanto a capacidade específica de combinação (CEC) entre dois pares de genitores divergentes dependem da dominância no controle do caráter e presença de divergência (FALCONER; MACKAY, 1996). Para os grupos de genótipos mais divergentes há a possibilidade de se avaliar a capacidade geral e específica de combinação dessas matrizes, bem como explorar a heterose com base nos efeitos aditivos e dominância, com enorme possibilidade da origem de progênies mais produtivas que seus parentais (TUSKAN, 1997).

### 5.3.5 Análise conjunta Interação Genótipo x Ambiente

O teste da razão de verossimilhança (LRT) foi significativo em nível de progênies para todos os caracteres. Porém, para o efeito interação genótipo x ambiente (progênie x local) não foi observada diferença para os caracteres diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-2016) e altura de planta (ALT-2016) em nível de (Tabela 15). Os valores médios para ALT-2016 e DAP-2016 considerando os dois testes foram 4,25m e 5,01cm, respectivamente.

A estimativa de herdabilidade individual ( $\hat{h}_a^2$ ) mostrou valores de baixa magnitude para todos os caracteres ALT-2016 (0,06) e DAP-2016 (0,08) (Tabela 15). A estimativa de herdabilidade do nível de médias de progênies ( $\hat{h}_m^2$ ) foram altas (0,79-ALT-2016 e 0,85-DAP-2016), demonstrando que a maior parte da variação total é de origem genética. Assim como na análise individual, a acurácia ( $\hat{r}_{aa}$ ) na análise conjunta foi alta (0,89- ALT-2016 e 0,92- DAP-2016). Esses valores comprovaram o alto controle genético existente. Como a interação genótipo x ambiente não foi significativa, os indivíduos selecionados nos dois testes poderão ser indicados para as duas áreas experimentais.

Tabela 15. Estimativas de parâmetros genéticos e da interação genótipos x ambientes para os caracteres: diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-2016), altura de planta (ALT-2016), em testes de progênie de *D. nigra* em Linhares-ES.

Parâmetros	ALT-2016 (m)	DAP-2016 (cm)
$h_a^2$	0,06 ( $\pm 0,01$ )	0,08 ( $\pm 0,01$ )
$h_m^2$	0,79	0,85
$r_{\hat{a}a}$	0,89	0,92
$C_{int}^2$	0,01	0,01
$r_{gloc}$	0,89	0,96
$CV_{gi}(\%)$	8,04	12,87
$CV_e(\%)$	29,78	42,28
$\mu$	4,25	5,01
LRT: Progênie	16,14**	23,42**
LRT: Progênie x Local	1,02 <sup>ns</sup>	0,18 <sup>ns</sup>

Nota: herdabilidade individual no sentido restrito ( $h_a^2$ ); herdabilidade da média de progênies ( $h_m^2$ ); acurácia ( $r_{\hat{a}a}$ ); coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente ( $C_{int}^2$ ); correlação genotípica entre progênies nos vários ambientes ( $r_{gloc}$ ); coeficiente de variação genética aditiva individual ( $CV_{gi}\%$ ); coeficiente de variação residual ( $CV_e\%$ ); média geral ( $\mu$ ); Teste da razão de verossimilhança (LRT); valores tabelados de qui-quadrado (1% ; 6,63) (\*\* valores significativos a 1% com 1 grau de liberdade pelo teste de qui-quadrado (1%: 6,63); <sup>ns</sup> não significativo).

Fonte: Próprio autor.

O coeficiente de variação genética ( $CV_{gi}$ ) foi médio para os dois caracteres (8,04%-ALT-2016 e 12,87%- DAP-2016). Essa variação genética indica que há possibilidade de seleção entre genótipos. O coeficiente de variação residual  $CV_e(\%)$  foi alto para os dois caracteres (29,78-ALT-2016 e 42,28-DAP-2016). Resende (2007) relatou que para a inferência de uma forma mais precisa sobre a qualidade experimental, deve-se observar os valores de acurácias em conjunto com o  $CV_e(\%)$ .

Os coeficientes de determinação da interação genótipo x ambiente ( $C_{int}^2$ ) apresentou valores baixos para todos os caracteres (0,01). As estimativas da correlação genotípica, entre o desempenho das progênies e os ambientes ( $\hat{r}_{gloc}$ ) foram de grande magnitude, o que confirmar a não significância da interação genótipo x ambiente. Assim, o ranqueamento dos genótipos nos dois ambientes foi o mesmo, ou com poucas diferenças de posição das progênies. Portanto, há maior adaptabilidade e estabilidade genética dos indivíduos em diferentes regiões (GAPARE et al., 2010). Neste caso, tanto para a implantação de experimentos no melhoramento genético quanto para plantios comerciais não será necessário a estratificação dos locais de plantio, no sentido de limitação das zonas de melhoramento, visto que a interação GxA pode ser

desconsiderada RESENDE, 2005).. Nesses casos, como não houve interação  $G \times A$  uma única seleção poderá ser satisfatória, nos dois locais, pois a alta correlação genética entre os dois locais desponta que o genótipo de melhor desempenho em um ambiente, tem a tendência a ser melhor em outro (RESENDE, 2005).

### 5.3.6 Produtividade, estabilidade e adaptabilidade

Como a interação genótipo x ambiente não foi significativa, a correlação genotípica entre o desempenho das progênies e os ambientes nos dois ambientes foi alta. Portanto, espera-se um comportamento similar das progênies nas duas áreas. Assim, nas análises do MHPRVG verificou-se que as 30 progênies com os maiores valores genéticos para DAP-2016 foram coincidentes para todos as análises de produtividade, estabilidade e adaptabilidade (Tabela 16). Tais resultados inferem que as progênies com maior produção são também as que apresentaram comportamento mais estável e melhor adaptabilidade. As progênies de modo geral não apresentaram alterações no ranqueamento (Tabela 16). Essa estabilidade é oriunda da correlação de alta magnitude do comportamento genético das progênies entre os ambientes ( $\hat{r}_{gloc} = 0,96$ - DAP-2016) (Tabela 15). Isso sugere que os métodos MHVG, PRVG e MHPRVG oferecem anuência no ordenamento dos genótipos. A utilização desses resultados ou critérios de seleção afere um aprimoramento na seleção quando utilizado dois locais ou mais; e também, estabelecem inferência de predições mais seguras sobre os valores genéticos, e simultaneamente, para produtividade, estabilidade e adaptabilidade (PINTO JÚNIOR et al., 2006; RESENDE, 2007).

Para a estabilidade (MHVG), considerando o ranking das progênies, a coincidência com o ordenamento verificado na análise conjunta foi de 100%. As progênies mais produtivas e estáveis foram: 56, 52, 55, 46, 53, 44, 37, 49, 42, 58, 54, 47, 50, 35, 51 e 40. Esse resultado também foi similar para o critério adaptabilidade (PRVG). Tais métodos têm sido regularmente utilizados para mensurar e estudar a estabilidade e adaptabilidade de diferentes espécies a locais com características ambientais distintas (BORGES et al., 2009; MAIA et al., 2009; ROSADO, et al., 2012; SILVA, 2008; VERARDI et al., 2009).

Tabela 16: Seleção das melhores progênies de *Dalbergia nigra* em Linhares-ES com base no diâmetro a 1,30 m do solo (DAP-2016) para estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG) e simultaneamente para produtividade, estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG).

Ordem	Progênie	MHVG	Progênie	PRVG	PRVG*MG	Progênie	MHPRVG	MHPRVG*MG
1	56	6,3249	56	1,279	6,4003	56	1,2791	6,3968
2	52	5,9821	52	1,210	6,0553	52	1,2104	6,0533
3	55	5,7866	55	1,171	5,859	55	1,1713	5,8578
4	46	5,7641	46	1,166	5,8353	46	1,1665	5,8338
5	53	5,6337	53	1,140	5,7036	53	1,1402	5,7022
6	44	5,4273	44	1,100	5,5012	44	1,1001	5,5012
7	37	5,3741	37	1,088	5,4412	37	1,0878	5,44
8	49	5,2281	49	1,058	5,2945	49	1,0586	5,2938
9	42	5,1463	42	1,042	5,2139	42	1,0425	5,2136
10	58	5,1307	58	1,039	5,1964	58	1,039	5,1959
11	54	5,1151	54	1,036	5,1849	54	1,0368	5,1849
12	47	5,1109	47	1,035	5,179	47	1,0356	5,1789
13	50	5,0616	50	1,027	5,1394	50	1,0275	5,1385
14	35	5,0232	35	1,018	5,092	35	1,0182	5,092
15	51	4,9823	51	1,010	5,0529	51	1,0104	5,0528
16	40	4,9478	40	1,002	5,0153	40	1,0029	5,0153
17	41	4,8443	41	0,982	4,9109	41	0,982	4,9109
18	38	4,7236	38	0,958	4,791	38	0,958	4,7909
19	57	4,6927	57	0,952	4,7643	57	0,9525	4,7635
20	48	4,6567	48	0,944	4,7237	48	0,9445	4,7236
21	32	4,6371	32	0,941	4,709	32	0,9414	4,708
22	34	4,6286	34	0,938	4,6908	34	0,938	4,6907
23	36	4,5045	36	0,914	4,5713	36	0,914	4,571
24	59	4,4423	59	0,900	4,5035	59	0,9005	4,5035
25	45	4,4285	45	0,898	4,4952	45	0,8988	4,4946
26	33	4,2403	33	0,861	4,3091	33	0,8613	4,3075
27	39	4,2345	39	0,859	4,3002	39	0,8597	4,2993
28	31	4,0656	31	0,827	4,1369	31	0,8266	4,1336
29	43	4,0171	43	0,816	4,0851	43	0,8164	4,0827
30	60	3,8078	60	0,774	3,875	60	0,7742	3,8718

Fonte: Próprio autor.

## 5.4 Conclusões

Há variabilidade genética entre progênes *Dalbergia nigra* para todos os caracteres quantitativos avaliados nas duas áreas experimentais.

Os testes de progênes tem altos ganhos com a seleção (12,77% a 23,85%). As progênes tiveram alta produtividade, e podem participar de programas de melhoramento genético com ganhos promissores para formação de pomares de sementes e plantios comerciais.

Há perda significativa de diversidade genética com aplicação de intensidade de seleção entre 2,5% a 20%.

As correlações genéticas são positivas e significativas entre todos os caracteres e nos anos de avaliações.

A interação genótipo x ambiente não foi significativa, e a correlação genotípica entre o desempenho das progênes e os ambientes foi alta.

As melhores progênes para o critério produtividade, também apresentaram maior estabilidade e adaptabilidade.

Pelo método de agrupamento de Tocher as progênes foram separadas em três e 11 grupos na área 1 e 2. Para programas de melhoramento, recomenda-se o cruzamento entre progênes de grupos mais divergentes para priorizar o ganho na seleção com a exploração de cruzamentos de indivíduos com maior potencial produtivo.

## REFERÊNCIAS

- AGUIAR, A. V.; MOURA, N. F.; MOURA, M. F.; ZUCCHI, M. I.; VENCOVSKY, R.; CHAVES, L. J. . Relação entre a variação genética de caracteres quantitativos e marcadores moleculares em subpopulações de cagaiteira (*Eugenia dysenterica* DC). **Revista Brasileira de Fruticultura**, Cruz das Almas, v. 33, p. 157-169, 2011.
- AGUIAR, A.V. **Variação genética de progênies de *Astronium fraxinifolium* Schott e *Jacaranda cuspidilifolia* Mart em consórcio**. 2001. 126 f. Dissertação ( Mestrado em Agronomia) - Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Universidade Estadual Paulista. “Júlio de Mesquita Filho”, Ilha Solteira, 2001.
- ALVES, R. M.; GARCIA, A. A. F.; CRUZ, E. D.; FIGEUIRA, A. Seleção de descritores botânico-agronômicos para caracterização de germoplasma de cupuaçuzeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 38, n. 7, p. 807-818, 2003.
- BARBOSA, A. P.; CAMPOS, M. A. A.; SAMPAIO, P.T.B.; NAKAMURA, S.; GONÇALVES, C.Q.B. O crescimento de duas espécies florestais pioneiras, pau-de-balsa (*Ochroma lagopus* Sw.) e caroba (*Jacaranda copaia* D. Don), usadas para recuperação de áreas degradadas pela agricultura na Amazônia Central, Brasil. **Acta Amazônica**, Manaus, v. 33, n. 3, p. 477-482, 2002.
- BELTRAME, R.; BISOGNIN, D. A.; MATTOS, B. D.; CARGNELUTTI FILHO, A.; HASELEIN, C. R.; GATTO, D. A.; SANTOS, G. A. Desempenho silvicultural e seleção precoce de clones de híbridos de eucalipto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 47, n. 6, p. 791-796, 2012
- BERTI, C. L. F.; FREITAS, M. L. M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAIS, E.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Variação genética, herdabilidades e ganhos na seleção para caracteres de crescimento e forma em teste de progênies de polinização aberta de *Eucalyptus cloeziana*. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 23, n. 1, p. 1326, 2011.
- BRASIL. Ministério do Meio Ambiente - MMA. **Mapas de cobertura vegetal dos biomas brasileiros**. Brasília, DF, 2007. Disponível em: <<http://www.mma.gov.br/biodiversidade/biodiversidade-brasileira>>. Acesso em: 10 set. 2016.
- BITTENCOURT, J.M.; SEBBENN, A.M. 2007. Patterns of pollen and seed dispersal in a small fragmented population of a wind pollinated *Araucaria angustifolia* in southern Brazil. **Heredity**, London, v. 99, p. 580-591, 2007.
- BIRCHLER, J.A.; YAO, H.; CHUDALAYANDI, S.; VAIMAN, D.; VEITIA, R.A. Heterosis. **Plant Cell**, Rockville, v. 22, p. 2105–2112, 2010.
- CARVALHO, P.E.R. **Espécies florestais brasileiras: recomendações silviculturais, potencialidades e uso da madeira**. Colombo: Embrapa-CNPQ; Brasília: Embrapa-SPI, 1994. 638 p.
- CARVALHO, P. E. R. A synopsis of the genus *Dalbergia* (Fabaceae: Dalbergieae) in Brazil. **Brittonia**, Bronx, v. 49, p. 87–109, 1997.

CHARLESWORTH, D.; WILLIS, J.H. The genetics of inbreeding depression. **Nature Reviews Genetics**, London, v. 10, p. 783–796, 2009.

COSTA E SILVA, J.; POTTS, B.M.; DUTKOWSKI, G.W. **Genotype by environment interaction for growth of *Eucalyptus globulus* in Australia**. [S. l.]: Tree Genetics & Genomes, 2006.

CORREA, A. M.; GONÇALVES, M. C. Divergência genética em genótipos de feijão comum cultivados em Mato Grosso do Sul. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 59, n. 2, p. 206-212, 2012.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. Ed. Viçosa, MG: Ed. da UFV, 2001. 390 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Ed. UFV, 2003, V. 2. 585 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicadas ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa, MG: Ed. da UFV, 2004. v.1. 480 p.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: análise multivariada e simulação**. Viçosa, MG: Ed. da UFV, 2006. 175 p.

DIAS, L. A. **Divergência genética e fenética multivariada na predição de híbridos e preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.)**. 1994. 94 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luis de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1994.

FONSECA, S. M.; RESENDE, M. D. V.; ALFENAS, A. C.; GUIMARÃES, L. M. S.; ASSIS, T. F.; GRATTAPAGLIA, D.; **Manual prático de melhoramento genético do eucalipto**. Viçosa, DF: Ed. da UFV, 2010. 200 p.

FORDYCE, J.A. The evolutionary consequences of ecological interactions mediated through phenotypic plasticity. **Journal of Experimental Biology**, Edinburgh, v. 209, p. 2377–2383, 2006.

GAPARE, W. J.; IVKOVIĆ, M.; BALTUNIS, B. S.; MATHESON, C. A.; WU, H. X. Genetic stability of wood density and diameter in *Pinus radiata* D. Don plantation estate across Australia. **Tree Genetics & Genomes**, [S. l.], v. 6, n. 1, p. 113-125, 2010

FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAES, E.; HAYASHI, P. H.; MORAES, M. L. T Variação e parâmetros genéticos em dois bancos de germoplasma de *Tabebuia heptaphylla* (Velloso) Toledo. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 20, n. 1, p. 13-22, 2008.

INSTITUTO CAPIXABA DE PESQUISA, ASSISTÊNCIA TÉCNICA E EXTENSÃO RURAL – INCAPER. **Programa de Assistência Técnica e Extensão Rural Proater 2011 – 2013**. Vitória, 2013. Disponível em: <<http://www.incaper.es.gov.br/proater/municipios/Nordeste/Sooretama.pdf>>. Acesso em: 22 jul. 2016.



INSTITUTO CAPIXABA DE PESQUISA, ASSISTÊNCIA TÉCNICA E EXTENSÃO RURAL – INCAPER. **Mapas de chuva**. Vitória, 2017. Disponível em: <<http://hidrometeorologia.incaper.es.gov.br/?pagina=mensal2016>>. Acesso em: 22 jul. 2017.

LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits**. Sunderland: Sinauer Associates, 1998.

LORENZI, H. **Árvores brasileiras: manual de identificação de plantas arbóreas nativas do Brasil**. São Paulo: Plantarum, 1992. 368 p.

LORENZI, H. **Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivos de plantas arbóreas do Brasil**. 2. ed. São Paulo: Nova Odessa, 2008.

MANFIO, C. E.; MOTOIKE, S. Y.; RESENDE, M. D.V.; SANTOS, C. E. M.; SATO, A. Y. Avaliação de progênies de macaúba na fase juvenil e estimativas de parâmetros genéticos e diversidade genética. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 32, n. 69, p. 63-68, 2012.

MACEDO, H.R.; FREITAS, M.L.M.; BOAS, O.V.; SEBBENN, A.M. Variabilidade Genética em Progênies de *Pinus caribea* var. *hondurensis* aos 21 Anos de Idade. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 27, n. 1, p. 31-39, 2015.

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

MORAES, M.A.; MORAES, S.M.B.; SILVA, E.C.B.; KUBOTA, T.Y.K.; SILVA, A.M.; RESENDE, M.D.V.R.; MORAES, M.L.T. Variação genética em progênies de *Jacaranda cuspidifolia* Mart. utilizando o delineamento sistemático tipo “leque”. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 41, n. 98, p. 175-183, 2013.

MORAIS, E.; ZANATTO, A. C. S.; FREITAS, M. L. F.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A .M. Variação genética, interação genótipo solo e ganhos na seleção em teste de progênies de *Corymbia citriodora* Hook em Luiz Antonio, São Paulo. **Sci. For.**, Piracicaba, v. 38, n. 85, p. 11-18, mar. 2010.

MEYER, K. Factor-analytic models for genotype x environment type problems and structured covariance matrices. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 41, n. 21, 2009.

NASCIMENTO, W. M. O.; GURGEL, F. L.; BHERING, L. L.; RIBEIRO, O. D. Pré-melhoramento do camucamuzeiro: estudo de parâmetros genéticos e dissimilaridade. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 61, n. 4, p. 538-543, 2014.

NEGREIROS, J. R. S.; BERGO, C. L.; MIGUELONI, D. P.; PEREIRA, A. M. Divergência genética entre progênies de pupunheira quanto a caracteres de palmito. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 48, n. 5, p. 496-503, 2013.

PIGLIUCCI, M. Evolution of phenotypic plasticity: where are we going now? **Trends in Ecology and Evolution**, Amsterdam, v. 20, p. 481–486, 2005.

PINTO JÚNIOR, J. E.; STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V.; RONZELLI JÚNIOR, P. Avaliação simultânea de produtividade, adaptabilidade e estabilidade genotípica de *Eucalyptus grandis* em distintos ambientes do estado de São Paulo. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 53, p. 79-108, 2006.

RESENDE, M.D.V. **Predição de valores genéticos, componentes de variância, delineamentos de cruzamento e estrutura de populações no melhoramento florestal**. 1999. 434 f. Tese (Doutorado) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 1999.

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

RESENDE, M. D. V. **Melhoramento de essências florestais**. In: BOREM, A. Melhoramento de espécies cultivadas. Viçosa, MG: Ed. da UFV, 2005. p. 717-780.

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

RESENDE, M. D. V. **Seleção-Reml/Blup**: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 359 p.

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

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R**: a language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2013.

RÊGO, G. M.; POSSAMAI, E. Jacarandá-da-Bahia (*Dalbergia nigra* Vellozo) leguminosaeapilionoidae: produção de mudas. Colombo: Embrapa Florestas, 2003. p. 1-3.

RIBEIRO, R. A.; LEMOS, J. P.; RAMOS, A. C. S.; LOVATO, M. B. Phylogeography of the endangered rosewood *Dalbergia nigra* (Fabaceae): insights into the evolutionary history and conservation of the Brazilian Atlantic Forest. **Heredity**, London, v. 106, p. 46-57, 2011.

ROYCHOWDHURY, R.; TAH, J. EVALUATION OF GENETIC PARAMETERS FOR AGRO-METRICAL CHARACTERS IN CARNATION GENOTYPES. **African Crop Science Journal**, [S. l.], v. 19, n. 3, p. 183-188, 2011.

ROA, R. A. R.; COSTA, R. B.; CHICHORRO, J. F.; MARTINS, W. J.; FREITAS, C. A. B. Sobreposição de geração e seleção sexuada e assexuada em progênies de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.) nativas em área Kaiowá e Guarani. **Multitemas**, Campo Grande, MS, n. 38, p.109-119, jul. 2010.

SPINELLI, V.M.; DIAS, L.A.S; ROCHA, R.B.; RESENDE, M.D.V. Estimates of genetic parameters with selection within and between half-sib families of *Jatropha curcas* L. **Industrial Crops and Products**, [S. l.], v. 69, p. 355-361, 2015.

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

VENCOVSKY, R. **Tamanho efetivo populacional na coleta e preservação de germoplasmas de espécies alógamas.** Piracicaba: IPEF, 1987.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento.** São Paulo: Sociedade Brasileira de Genética, 1994. 496 p.

WEI, R. P.; LINDGREN, D. Effective family number following selection with restrictions. **Biometrics**, Arlington, v. 52, p. 198- 208, 1996.

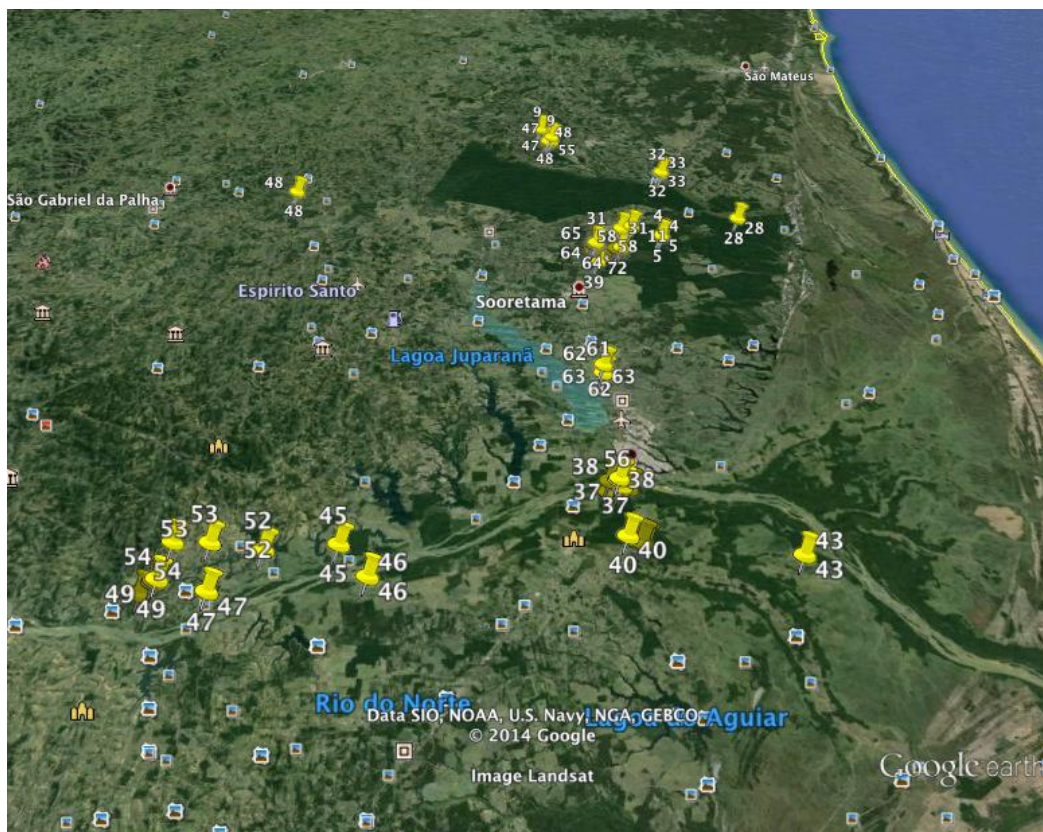
**APÊNDICE A** – Localização das matrizes de *C. trichotoma* e *D. nigra*

Tabela 17: Lista e localização das matrizes marcadas e coletadas

<i>Cordia trichotoma</i>				<i>Dalbergia nigra</i>			
Nº mat.	Lat.	long.	alt.	Nº mat.	Lat.	long.	alt.
61	388065	7883441	49	31	388902	7887194	32
16	388038	7882614	51	32	394251	7898934	32
5	393076	7885843	52	33	394314	7899075	31
11	393046	7885747	53	40	386904	7845945	29
62	388079	7883121	68	41	387872	7845396	30
63	387854	7882734	56	42	388038	7845300	28
59	385700	7882866	62	43	399822	7844310	28
64	386110	7884440	52	44	385629	7850265	31
65	386143	7884308	62	45	365317	7844969	36
66	386088	7884116	64	46	357846	7842110	56
67	386042	7883994	63	47	356566	7840769	62
68	386242	7884143	61	48	352845	7894144	81
69	386179	7884095	57	66	352604	7841626	96
60	381018	7905480	77	49	352690	7841794	78
70	380992	7905264	65	50	352492	7841487	89
71	381053	7906115	68	51	351866	7840518	89
72	388698	7883605	46	52	359801	7844444	96
73	385983	7884347	54	53	355687	7845058	96
74	385896	7884275	53	54	352918	7845099	95
75	385751	7884149	45	61	385879	7864078	30
76	385666	7884074	54	34	386701	7850630	32
77	385942	7883813	46	35	387196	7850617	32
9	380240	7909312	78	36	386752	7850854	31
47	381626	7907315	77	37	386628	7851658	31
48	381178	7906286	73	38	386504	7851498	33
54	381573	7906023	83	39	386118	7881088	32
55	381615	7906261	84	62	386045	7865100	34
58	390049	7887612	85	63	385971	7865185	31
4	393154	7885787	68	64	385808	7851369	29
28	401710	7889294	46	65	387464	7846952	35

Fonte: Elaboração do autor.

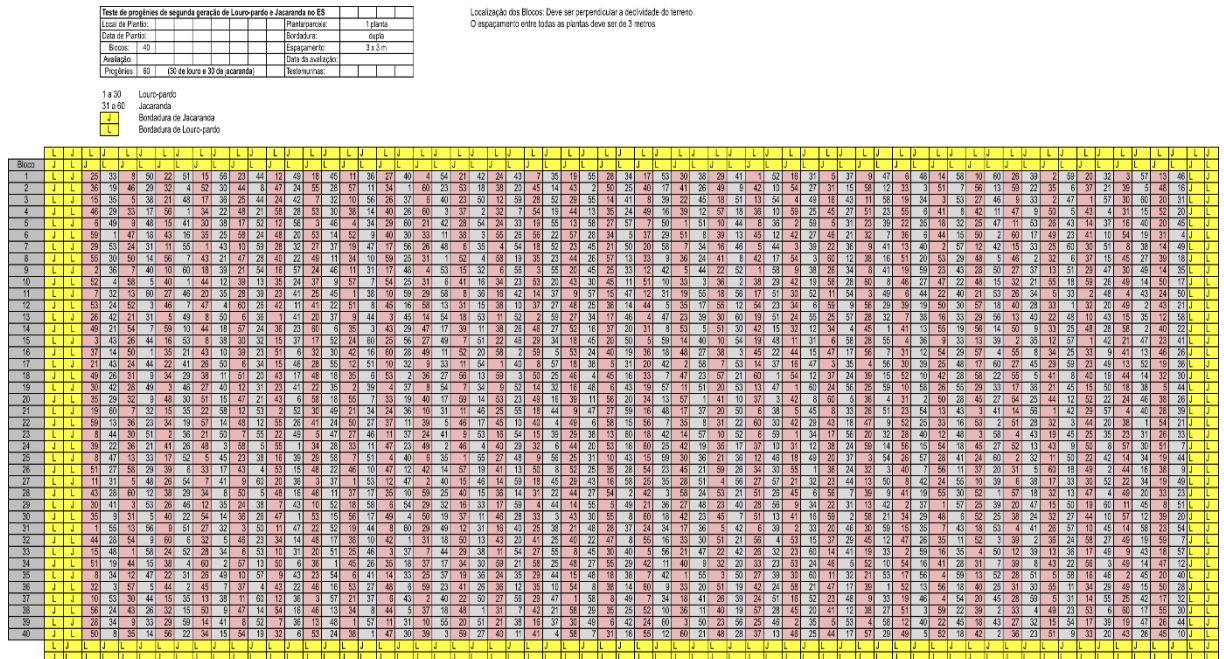
**Figura 15:** Mapa com localização das matrizes coletadas *C. trichotoma* e *D. Nigra*.



Fonte: Elaboração do autor.

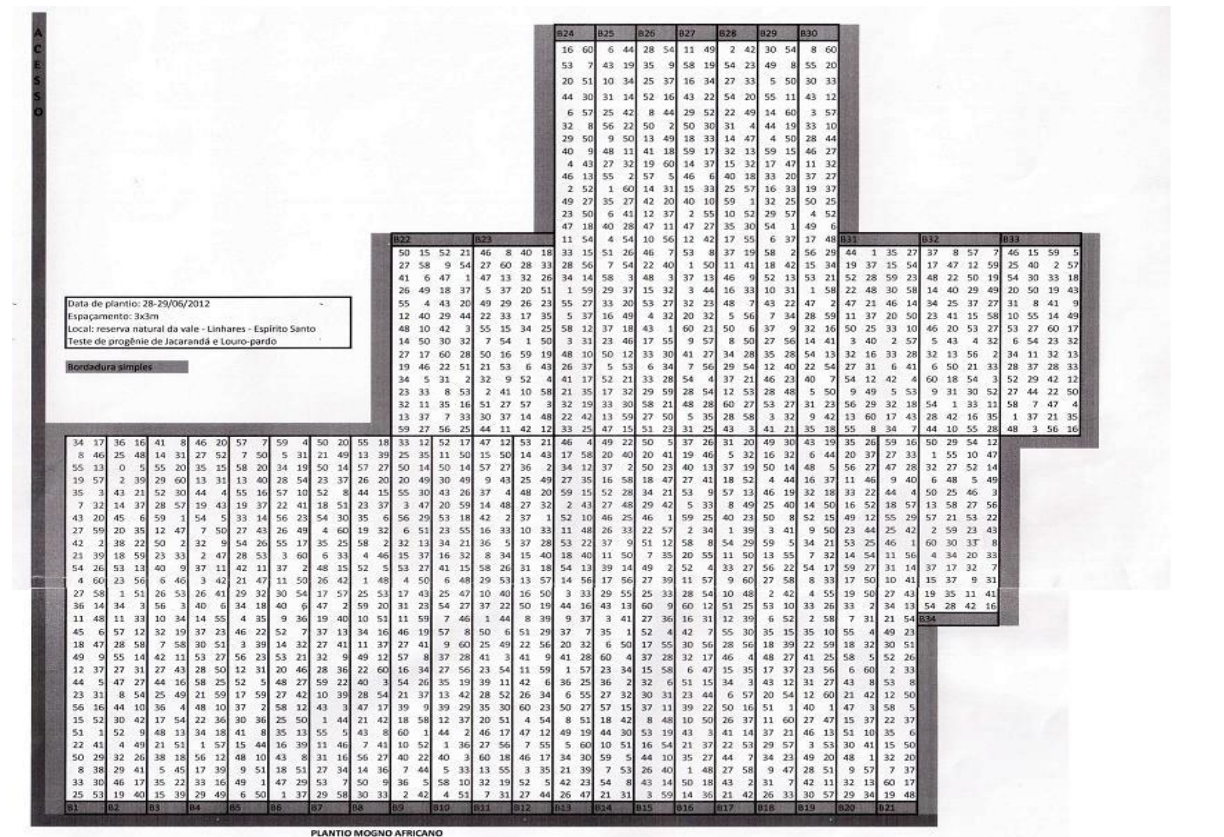


Figura 16: Croqui área 1 Cordia trichotoma e Dalbergia nigra



Fonte: Elaboração do autor.

Figura 17: Croqui área 2 Cordia trichotoma e Dalbergia nigra



Fonte: Elaboração do autor.

Tabela 18: Análise de variância em progênes de *C. trichotoma* em Linhares-ES.

Área 1										
	ALT 2013	DAC 2014	ALT 2014	APV 2014	DAP 2015	ALT 2015	APV 2015	DAP 2016	ALT 2016	APV 2016
Va	0,0082	69,8588	0,1006	0,0001	0,8037	0,1528	0,0004	0,7104	0,1199	0,0030
Ve	0,2011	424,3721	0,6051	0,0422	6,2457	1,6818	0,0957	7,1120	1,6854	0,1822
Vf	0,2094	494,2309	0,7057	0,0424	7,0494	1,8346	0,0962	7,8224	1,8053	0,1852

Área 2										
	ALT 2013	DAC 2014	ALT 2014	APV 2014	DAP 2015	ALT 2015	APV 2015	DAP 2016	ALT 2016	APV 2016
Va	0,0502	49,2189	0,1197	0,0013	0,9704	0,3737	0,0290	1,1573	0,4411	0,0389
Ve	0,1556	349,6014	0,6301	0,0396	4,1431	1,2973	0,0939	4,7725	3,1131	0,0947
Vf	0,2058	398,8202	0,7498	0,0409	5,1135	1,6710	0,1229	5,9298	3,5542	0,1336

Va: variância genética aditiva; Ve: variância residual; Vf: variância fenotípica individual  
 Fonte: Elaboração do autor.

Tabela 19: Análise de variância em progênes de *Dalbergia nigra*, em Linhares-ES.

Área 1										
	ALT 2013	DAC 2014	ALT 2014	APV 2014	DAP 2015	ALT 2015	APV 2015	DAP 2016	ALT 2016	APV 2016
Va	0,1357	115,4785	0,2742	0,0430	0,9201	0,4173	0,0607	1,5291	0,3384	0,0596
Ve	0,0454	246,6222	0,6599	0,0287	2,8833	1,2432	0,1074	4,1241	1,1739	0,2092
Vf	0,1811	362,1007	0,9341	0,0717	3,8034	1,6605	0,1681	5,6532	1,5123	0,2688

Área 2										
	ALT 2013	DAC 2014	ALT 2014	APV 2014	DAP 2015	ALT 2015	APV 2015	DAP 2016	ALT 2016	APV 2016
Va	0,1689	132,0412	0,3722	0,0467	1,3374	0,6466	0,0628	1,8249	0,7387	0,0824
Ve	0,0411	171,4597	0,7076	0,0454	1,7904	1,1943	0,0808	2,2298	1,2432	0,1294
Vf	0,2101	303,5009	1,0799	0,0922	3,1278	1,8409	0,1435	4,0547	1,9819	0,2118

Nota: Va: variância genética aditiva; Ve: variância residual; Vf: variância fenotípica individual.  
 Fonte: Elaboração do autor.