

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE ENGENHARIA
CAMPUS DE ILHA SOLTEIRA**

LARA COMAR RIVA

**CRESCIMENTO, ADAPTAÇÃO E QUALIDADE DA MADEIRA EM PROGÊNIES
DE DUAS POPULAÇÕES DE *Myracrodruon urundeuva* PROCEDENTES DE
ÁREAS ANTROPIZADAS**

Ilha Solteira
2020

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

LARA COMAR RIVA

**CRESCIMENTO, ADAPTAÇÃO E QUALIDADE DA MADEIRA EM PROGÊNIES
DE DUAS POPULAÇÕES DE *Myracrodruon urundeuva* PROCEDENTES DE
ÁREAS ANTROPIZADAS**

Dissertação apresentada à Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira – UNESP como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Agronomia. Especialidade: Sistema de Produção.

Prof Dr. Mário Luiz Teixeira de Moraes
Orientador

Prof Dr^a. Marcela Aparecida de Moraes
Co-orientadora

FICHA CATALOGRÁFICA

Desenvolvido pelo Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação

R616c Riva, Lara Comar.
Crescimento, adaptação e qualidade da madeira em progênies de duas populações de *Myracrodruon urundeuva* procedentes de áreas antropizadas / Lara Comar Riva. -- Ilha Solteira: [s.n.], 2020
89 f. : il.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. Área de conhecimento: Sistemas de Produção, 2020

Orientador: Mário Luiz Teixeira de Moraes
Coorientador: Marcela Aparecida de Moraes
Inclui bibliografia

1. Cerrado. 2. Conservação ambiental. 3. Pomar de sementes. 4. Variação genética. 5. Tamanho efetivo.


Raiane da Silva Santos

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: CRESCIMENTO, ADAPTAÇÃO E QUALIDADE DA MADEIRA EM
PROGÊNIES DE DUAS POPULAÇÕES DE *Myracrodruon urundeuva*
PROCEDENTES DE ÁREAS ANTROPIZADAS

AUTORA: LARA COMAR RIVA

ORIENTADOR: MARIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Mestra em AGRONOMIA, área:
Sistemas de Produção pela Comissão Examinadora:

Prof. Dr. MARIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES

Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio Economia / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira - UNESP 

Dr. ALEXANDRE MARQUES DA SILVA

Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira - UNESP 

Prof. Dr. CELSO LUIS MARINO 

Departamento de Genética / Instituto de Biociências de Botucatu - UNESP

Ilha Solteira, 18 de fevereiro de 2020

DEDICATÓRIA

Aos professores doutores Mário e Marcela Moraes.

AGRADECIMENTOS

Amigo incondicional, pai todo-poderoso, agradeço a oportunidade de, mais uma vez, estar caminhando na vida terrena.

Aos que me deram a vida e me ensinaram a amar, meus pais Léia Comar Riva e Francisco Silvestre Riva, minha irmã Luisa Comar Riva e nossa cachorrinha Laila.

Aos meus avós Lheodônio Comar *in memoriam* e Hermes Riva *in memoriam*, através dos quais agradeço a todos os meus familiares que contribuíram para o meu desenvolvimento.

Ao meu noivo Euclides Dalben de Freitas pelo sentimento de amor em mim despertado.

Aos dirigentes Divaldo Mattos de Oliveira, Luis Antônio Ferraz e Isabel, do Centro Espírita “Maria de Nazaré” de Votuporanga, pelo desenvolvimento espiritual.

À aqueles responsáveis pelo meu desenvolvimento acadêmico, professores Mário Luiz Teixeira de Moraes, Marcela Aparecida de Moraes, Erivaldo José Scaloppi Júnior, Paulo de Souza Gonçalves, Marcos Guimarães de Andrade Landell, Vinícius Bof Buffon e Helder Barbosa Paulino, bem como suas instituições.

Ao professor Alan Rodrigo Panosso pela contribuição para esta dissertação com a realização das Análises de Regressão no Programa R.

Ao Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio - Economia; a Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão; a Seção de Pós-Graduação; a Biblioteca; ao grupo de Silvicultura da UNESP/Ilha Solteira.

Ao Serviço Nacional de Aprendizagem Comercial de Votuporanga e a Etec Frei Arnaldo Maria de Itaporanga, por confiarem no meu trabalho.

Ao Conselho Regional de Engenharia e Agronomia do Estado de São Paulo, bem como a Associação de Engenheiro e de Arquitetos da Região de Votuporanga.

À querida Selma Maria B. Moraes e aos amigos Tatiane Carla da Silva e Abimael Gomes da Silva.

À todos que contribuíram direta ou indiretamente para esse trabalho.

[...] não só o homem pode receber fluidos e emiti-los. As forças naturais fazem o mesmo, nos reinos diversos em que se subdividem. (Francisco Candido Xavier pelo Espírito André Luiz: Nosso lar)

RESUMO

As ações antrópicas no bioma Cerrado levaram a perturbações do seu ecossistema e a fragmentação das florestas, colocando em risco de extinção a espécie *Myracrodruon urundeuva*. O objetivo do estudo foi avaliar os caracteres silviculturais para estimar os parâmetros genéticos nos bancos de germoplasma provenientes de populações naturais em Bauru-SP e Selvíria-MS, a fim de adquirir informações que possibilitem a formação de pomares de sementes melhoradas visando a qualidade da madeira. Aos 31 anos de idade, analisou-se os caracteres altura total (ALT), diâmetro médio da copa (DMC), diâmetro na altura do peito (DAP), forma do fuste (FOR), densidade básica da madeira (DBM), relação cerne/alburno (RC/Ab) e sobrevivência (SOB). Utilizou-se o procedimento REML/BLUP via metodologia dos modelos lineares mistos para estimar os componentes de variância, os parâmetros genéticos e as estimativas de correlações genéticas entre os caracteres. Para as análises de divergência genética foi utilizado o programa Genes. Os testes de progênies de ambas as populações apresentaram variação genética. Os caracteres referentes a qualidade de madeira (DBM e RC/Ab) foram os que apresentaram maiores herdabilidades, com cerca de 0,80 e coeficiente de variação genética (16,57% a 70,10%). As correlações genéticas mostraram diferentes resultados em ambas as populações, com Selvíria sendo a população com maiores correlações positivas significativas, permitindo o uso de seleção direta e indireta tanto para os caracteres de crescimento quanto para os de qualidade de madeira. Nas análises de dissimilaridade a população de Selvíria foi a que apresentou mais agrupamentos (12), sugerindo maior diferenciação genética entre suas progênies. A predição de ganho, com intensidade de seleção de 30% das progênies, propiciou ganhos com cerca de 11% para a DBM em ambas as populações e ganhos de 53% para a RC/Ab para população de Bauru e 32,10% para a população de Selvíria. A razão sexual foi próxima ao esperado na natureza (1♂:1♀) e o tamanho efetivo apresentou cerca de 50% dos indivíduos dos testes de progênies de ambas as populações contribuíram nesse evento reprodutivo. Dessa forma, é possível transformar os dois testes de progênies em futuro pomar de sementes visando qualidade da madeira e conservação *ex situ* a longo prazo.

Palavras-chave: Pomar de sementes. Variação genética. Tamanho efetivo.

ABSTRACT

Anthropic actions in the Cerrado biome led to disturbances of its ecosystem and the fragmentation of forests, putting the species *Myracrodruon urundeuva* at risk of extinction. The objective of the study was to evaluate the silvicultural traits to estimate the genetic parameters in the germplasm banks from natural populations in Bauru-SP and Selvíria-MS, in order to acquire information that allows the formation of improved seed orchards aiming at the quality of the wood. At 31 years of age, the characters total height (ALT), average crown diameter (DMC), diameter at chest height (DAP), stem shape (FOR), basic wood density (DBM), ratio heartwood / sapwood (RC / Ab) and survival (SOB). The REML / BLUP procedure was used via mixed linear models methodology to estimate the components of variance, genetic parameters and estimates of genetic correlations between the characters. For the genetic divergence analyzes, the Genes program was used. The progeny tests of both populations showed genetic variation. The characters referring to wood quality (DBM and RC / Ab) were those with the highest heritability, with about 0,80 and coefficient of genetic variation (16,57% to 70,10%). The genetic correlations showed different results in both populations, with Selvíria being the population with the highest significant positive correlations, allowing the use of direct and indirect selection for both growth and wood quality characters. In the dissimilarity analyzes, the Selvíria population was the one with the most clusters (12), suggesting greater genetic differentiation between their progenies. The prediction of gain, with selection intensity of 30% of the progenies, provided gains of about 11% for the DBM in both populations and gains of 53% for the RC / Ab for the population of Bauru and 32,10% for the population. Selvíria population. The sex ratio was close to what was expected in nature (1♂: 1♀) and the effective size presented about 50% of the individuals in the progeny tests of both populations contributed to this reproductive event. In this way, it is possible to transform the two progeny tests into a future seed orchard, aiming at wood quality and long term ex situ conservation.

Keywords: Seed orchard. Genetic variation. Effective size.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1	- Escala de notas para bifurcação.....	24
Figura 2	- Escala de notas para retidão.....	25
Figura 3	- Medidas realizadas no disco antes de ser colocado na água.....	26
Figura 4	- Discos identificados; amostras submersas; determinação do peso úmido; secagem dos discos.....	27
Figura 5	- Dendograma para a população de Bauru-SP.....	44
Figura 6	- Dendograma para a população de Selvíria-MS.....	44

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	- Estimativa de parâmetros estatísticos e genéticos para a população de Bauru-SP.....	33
Tabela 2	- Estimativa de parâmetros estatísticos e genéticos para a população de Selvíria-MS.....	34
Tabela 3	- Estimativa de parâmetros estatísticos e genéticos para as populações de Bauru-SP e Selvíria-MS.....	35
Tabela 4	- Estimativas das correlações genéticas para as populações de Bauru-SP e Selvíria-MS.....	40
Tabela 5	- Agrupamento de 28 progênies de <i>Myracrodruon urundeuva</i> pelo método de Otimização de Tocher, em função da Distância Generalizada de Mahalanobis.....	44
Tabela 6	- Contribuição relativa das características para a diversidade e, 28 progênies de <i>Myracrodruon urundeuva</i> por Distância Generalizada de Mahalanobis para a população de Bauru-SP.....	42
Tabela 7	- Contribuição relativa das características para a diversidade e, 28 progênies de <i>Myracrodruon urundeuva</i> por Distância Generalizada de Mahalanobis para a população de Selvíria-MS...	42
Tabela 8	- Predição de ganho genético para o caractere da Relação Cerne/Alburno da base para as populações de Bauru-SP e Selvíria-MS.....	45
Tabela 9	- Predição de ganho genético para o caractere da Densidade Básica da Madeira para as populações de Bauru-SP e Selvíria-MS.....	46
Tabela 10	- Número total de plantas masculinas (Nm), Número total de plantas femininas (Nf), Número total de plantas masculinas, que floresceram, naquele evento reprodutivo (M), Número total de plantas femininas, que floresceram, naquele evento reprodutivo (F), Número de parentais masculinos (v) e femininos (u), que participam efetivamente do evento reprodutivo; Número total de parentais masculinos e femininos da população (t), razão sexual (r); tamanho efetivo (Ne); porcentagem do tamanho efetivo em relação ao número total de parentais masculinos e femininos da população t* (Ne%), em duas populações de <i>Myracrodruon urundeuva</i> (TP-Bauru e TP-Sel).....	48

LISTA DE SIGLAS E ABREVIATURAS

ABNT	Associação Brasileira de Normas Técnicas
STBD	Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação
Unesp	Universidade Estadual Paulista
LRT	Teste da razão de verossimilhança

LISTA DE SÍMBOLOS

$\hat{\sigma}_a^2$	Variância genética aditiva
$\hat{\sigma}_c^2$	Variância ambiental entre parcelas
$\hat{\sigma}_p^2$	Variância genética entre populações
$\hat{\sigma}_e^2$	Variância residual (ambiental+não aditiva)
$\hat{\sigma}_f^2$	Variância fenotípica ambiental
\hat{h}_a^2	Herdabilidade individual dos efeitos aditivos
\hat{h}_{aj}^2	Herdabilidade individual ajustada para os efeitos de parcela
\hat{h}_m^2	Herdabilidade média de progênes
\hat{h}_{ad}^2	Herdabilidade aditiva dentro da parcela
$r_{\hat{a}a}$	Acurácia
\hat{C}_p^2	Coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas
CV_{gi}	Coeficiente de variação genética aditiva individual
CV_{gp}	Coeficiente de variação genotípica entre progênes
CV_r	Coeficiente de variação relativa
CV_e	Coeficiente de variação experimental
\hat{m}	Média geral

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	13
2	OBJETIVOS	14
3	REVISÃO DE LITERATURA	14
3.1	A HISTÓRIA DA <i>MYRACRODRUON URUNDEUVA</i> Fr. All. NO BRASIL.....	15
3.1.1	Myracrodruon urundeuva fr. All. - características	17
3.1.2	Conservação ex situ e parâmetros genéticos	20
3.1.3	Caracteres silviculturais	22
4	MATERIAL E MÉTODOS	23
4.1	AMOSTRAGEM E DESCRIÇÃO DO EXPERIMENTO.....	23
4.2	AVALIAÇÃO DE CARACTERES SILVICULTURAIS.....	24
4.3	CARACTERIZAÇÃO DA QUALIDADE DA MADEIRA.....	25
4.4	ESTIMATIVA DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS.....	27
4.5	ANÁLISES DE REGRESSÃO.....	29
4.6	SEXAGEM E TAMANHO EFETIVO.....	29
5	RESULTADO E DISCUSSÃO	31
5.1	CARACTERES DE CRESCIMENTO.....	31
5.2	QUALIDADE DA MADEIRA.....	36
5.3	PARÂMETROS GENÉTICOS.....	37
5.4	CORRELAÇÃO GENÉTICA.....	39
5.5	DIVERGÊNCIA GENÉTICA.....	41
5.6	PREDIÇÃO DE GANHOS POR SELEÇÃO.....	45
5.7	TAMANHO EFETIVO.....	46
6	CONCLUSÃO	49
	REFERÊNCIAS	50
	ANEXO A - INFORMATIVO DE CORTE DE REFLORESTAMENTO	58
	ANEXO B - ANÁLISE DE REGRESSÃO DO TESTE DE PROGÊNIES DE MYRACRODRUON URUNDEUVA DA POPULAÇÃO DE BAURU E SELVÍRIA	59
	APÊNDICE A - TABELAS	85

1 INTRODUÇÃO

O Brasil é o país com a maior diversidade de espécies arbóreas no mundo, com cerca de 8.715 espécies, correspondendo a 14,5% de um total de 60.065 espécies registradas. Porém, quase 50% (4.333) dessas espécies são endêmicas no país (BEECH *et al.*, 2017). Uma destas espécies é a *M. urundeuva*, sendo restrita às florestas da América do Sul.

Ressalta-se também que o estado de conservação dessa espécie e da maioria das espécies é desconhecido, uma vez que os intensos desmatamentos provocam a fragmentação das florestas e isso gera dúvidas quanto à resistência e/ou resiliência de tais fragmentos frente a distúrbios, além da manutenção da biodiversidade local e regional, e a capacidade de manutenção do estoque de carbono existente na vegetação e nos solos.

Nesse sentido, a manutenção dos poucos fragmentos e a recuperação de áreas degradadas, representa um grande desafio ambiental. Um dos principais problemas é a insuficiente produção de mudas com alta qualidade genética o que pode acarretar insucesso de projetos de reflorestamento com espécies nativas (RIBAS; KAGEYAMA, 2006). Em vista dessa situação, na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira/UNESP, por exemplo, possui vários testes de progênies visando a conservação e formação de pomares de sementes. Estes plantios começaram em 1986 e foram realizados estudos com várias espécies, diversos tipos de delineamentos experimentais, e hoje os indivíduos já estão estabelecidos e os desbastes já estão sendo feitos, conforme a liberação de autorização destes cortes com instituições governamentais, para tornarem Pomares de Sementes (MORAES *et al.*, 2006).

Assim, é possível estabelecer estudos sobre seu crescimento, adaptação e produção, através das análises genéticas com o passar dos anos. Quando o teste já está estabilizado na área, faz a seleção dos melhores genótipos, e em seguida, o desbaste dos piores indivíduos, evitando a contaminação genética nas sementes produzidas (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

2 OBJETIVOS

O objetivo geral do projeto de pesquisa foi estudar o crescimento, a adaptação e a qualidade da madeira em duas populações de *Myracrodruon urundeuva*, originadas de áreas de transição entre os biomas Mata Atlântica e Cerrado e com grande perturbação antrópica.

Para tanto, tiveram os seguintes objetivos específicos:

- a) avaliar a variação genética para os caracteres relacionados ao crescimento (altura, o diâmetro médio de copas e o diâmetro a altura do peito) adaptativos (forma do fuste, sobrevivência e sexagem) e qualidade da madeira (densidade básica da madeira e relação cerne/alburno);
- b) verificar, com base nos caracteres quantitativos a distância genética entre as populações de *M. urundeuva* em estudo;
- c) transformar o teste de progênies em um pomar de sementes por mudas para a disponibilização de sementes melhoradas geneticamente para programas de reflorestamento e melhoramento genético visando a qualidade de madeira.

3 REVISÃO DE LITERATURA

3.1 A HISTÓRIA DA *MYRACRODRUON URUNDEUVA* Fr. All. NO BRASIL

A História do Brasil está diretamente relacionando a ocupação e as atividades econômicas desenvolvidas ao longo do tempo em seu território. Tal relação pode ser verificada na escolha do nome pátrio originado da árvore *Caesalpinia Echinata Lam* (LORENZI, 1992), conhecida popularmente como “Pau-Brasil” e cuja a atividade extrativista foi o primeiro ciclo econômico no país.

Desde então, o país passou por novos ciclos produtivos, tais como: cana-de-açúcar, café, borracha, ouro e pecuária (BACHA, 2012; MIZUMOTO, 2009), contudo, o extrativismo de espécies arbóreas, principalmente com a finalidade da madeira, sempre acompanhou as demais atividades, sendo utilizado o trabalho escravo, em um primeiro momento com os indígenas que aqui estavam, e, posteriormente, a mão-de-obra de negros trazidos da África. (PRADO JÚNIOR, 2008).

A crescente expansão agrícola dos ciclos produtivos brasileiros e a ocupação de terras sem planejamento também intensificaram o desmatamento e a fragmentação da vegetação (AUKAR, 2006; GAINO, 2009). De acordo com Santos (2008) e Viegas (2009), a fragmentação é resultante da ação antrópica que gera a redução do habitat natural.

Atualmente, observa-se nos biomas, principalmente uma rede de vegetação fragmentada descontínua, circundada por pastagem e outras culturas (FERES, 2009). Segundo Moraes et. al (2012), no estado de São Paulo as espécies nativas são escassas, sendo encontradas apenas em pequenas reservas legais e em áreas do governo estadual.

De acordo com Moraes et. al (2005), a distribuição da espécie neste estado é em forma de manchas, portanto, do tipo agrupado, sendo sua população inferior a 100 indivíduos. Segundo os autores, essas manchas provavelmente são resultados da dispersão de sementes próximas as árvores matrizes, gerando uma estruturação genética espacial intrapopulacional.

A redução do tamanho populacional e da variabilidade genética entre e dentro das espécies de populações é caracterizado, segundo Aukar et. al, 2006, pela expansão populacional e a utilização de forma irregular de recursos naturais e do extrativismo vegetal.

Com a integração, ao longo dos séculos, dos hábitos e costumes do indígena que aqui estava, do europeu que aqui chegou e do africano que para cá foi trazido, tem-se o nascimento da cultura brasileira como a conhecemos e que serve de base também para a construção do nosso cotidiano. (HOLANDA, 1995). Heller (1970) conceitua o cotidiano como sendo a vida do próprio homem. Desta forma, o cotidiano do povo brasileiro é oriundo da época, da geração e da história.

De acordo com Rodrigues (2013), a degradação dos recursos naturais, como a água, o solo e as espécies vegetais, é cultural, sendo tão antiga quanto a existência humana, e a tem aumentado a medida que o homem desenvolve-se. Segundo Santos (2008) a relação entre a natureza e o homem é permitido pelo conjunto de meios instrumentais e sociais com os quais o homem vive.

A cultura do extrativismo, acarretou na ameaça de extinção de espécies da flora brasileira.

Art. 3º Entende-se por espécies: - ameaçadas de extinção: aquelas com alto risco de desaparecimento da natureza em futuro próximo, assim reconhecida pelo Ministério do Meio Ambiente, com base em documentação científica disponível [...] (BRASIL, 2008, p. 1)

Dentre as espécies ameaçadas, está a “*Myracrodruon urundeuva*” conhecida popularmente como aroeira. De acordo com Melo (1991), a espécie é, principalmente explorada, pela qualidade de madeira, com alta característica de durabilidade e resistências.

Segundo Ribeiro (1989), citado por Melo (1991) e pela Embrapa Cerrados, no município de Planaltina, Distrito Federal, no posto fiscal da BR – 020, passavam em média 45 caminhões por dia transportando lascas de aroeira dos estados de Piauí, Bahia, Goiás e Tocantins. O autor, ao estimar a quantidade de madeira transportada, verificou que seria necessária um total de 6.000 árvores cortadas por dia para abastecer tal rota.

A exploração da madeira da “*Myracrodruon urundeuva*”, interfere no ecossistema florestal, acarretando no desequilíbrio do sistema ao reduzir o número de indivíduos daquela população, ameaçando assim a sua sustentabilidade e alterando sua carga génica.

As práticas de conservação e de manejo de reposição desta espécie, pode reverter o quadro de diminuição no tamanho da população e seus danos nos recursos genéticos vegetais (AUKAR *et al.*, 2006).

3.1.1 *Myracrodruon urundeuva* fr. All. - características

De acordo com o sistema de classificação de Cronquist (1981) a taxonomia da *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. Fr. All. pertence à hierarquia: Divisão: *Magnoliophyta*, angiosperma; Classe: *Magnoliopsida*, dicotiledônea; Ordem: Sapindales; Família: Anacardiaceae; Espécie: *Myracrodruon urundeuva* Fr. All.

A espécie *M. Urundeuva* é conhecida popularmente como aroeira, aroeira do sertão, aroeira preta, aroeira da serra, urundeúva, dentre outros (LORENZI, 2002). O gênero *Myracrodruon*, foi descrito, inicialmente, em 1862, pelo Freire Allemão, levando suas iniciais até os dias atuais (SANTIN, 1989).

A família Anacardiaceae, caracterizada também por possuir madeira de boa qualidade, assim como a espécie *Astronium fraxinifolium*, vulgarmente conhecida como Gonçalo Alves e, cujas características de madeira são similares ao gênero *Myracrodruon* (SOUZA; LORENZI, 2005).

Outras espécies arbóreas são conhecidas vulgarmente por aroeira, como por exemplo a “aroeira branca” *Lithraea molleoides* cuja principal utilidade também e a madeira, a “aroeira vermelha” *Schinus terebinthifolius* e a “aroeira salsa” *Schinus molle*, utilizadas como plantas ornamentais (SOUZA, LORENZI, 2005).

A aroeira, *M. Urundeuva*, é restrita à América do Sul, é encontrada na Argentina, Bolívia, Brasil e Paraguai. No Brasil, possui ampla distribuição, sendo encontrada principalmente nas regiões nordeste, sudeste, centro oeste e do rio grade do sul, pertencendo assim aos estados do Maranhão, Piauí, Ceará, Rio Grande do

Norte, Paraíba, Pernambuco, Sergipe, Bahia, Minas Gerais, Espírito Santo, Rio de Janeiro e São Paulo (LORENZI, 2002; MELO, 1991; SANTIN, 1989).

A espécie ocorre em ambiente secos, pedregoso e rochosos (LORENZI, 2002; SANTIN, 1989), ocupando os biomas da caatinga, cerrado, amazônia, pantanal e mata atlântica e englobando diferentes formações florestais, como floresta decidual semidecidual, floresta estacional decidual, cerrado, cerradão, caatinga chaco, pantanal mato-grossense (CARVALHO, 1994).

De acordo com Lorenzi (2002) e Gaino (2009), a *M. Urundeuva*, é uma planta decídua, heliófita e xerófila. Sua fenologia é bem explicada, com seu florescimento e sua frutificação ocorrendo nos meses mais frios do ano, e sua brotação nos meses mais quentes.

A espécie possui características morfológicas bem definidas, sendo uma espécie arbórea com variação de altura entre 6 a 25 metros, com diâmetro a altura do peito (DAP) variando entre 30 e 60 centímetros, dependendo da região e das condições ambientais (LORENZI, 2002; SANT'ANA, 2017).

É uma espécie considerada dioica, ou seja, possui os dois sexos na mesma planta (SANTIN, LEITÃO FILHO, 1991; SANT'ANA, 2017), porém podem ser encontradas apenas com um sexo por planta, monoica e também podem conter flores dioicas juntamente com flores hermafrodita (CARVALHO, 1994).

As espécies arbóreas que apresentam dioecismo, permite a associação e a ocorrência com outras espécies, acarretando em área mais heterogêneas, verifica-se na espécie da *Myracrodruon urundeuva* (TUNG *et al.*, 2011), na *Araucaria angustifolia* (SEBBEN *et al.*, 2001) e no *Genipa americana* L. (MANOEL *et al.*, 2014).

Segundo Lorenzi (2002) e Sant'ana (2017), as inflorescências são do tipo paniculada terminais, com flores de coloração amarela, sendo a floração variada em cada estado: no estado de Pernambuco em janeiro, no do Ceará entre março e abril, no de Minas Gerais entre maio e julho e no de São Paulo entre julho e agosto (CANUTO, 2009). A polinização é cruzada, realizada por insetos pequenos, principalmente, pelas abelhas (SANT'ANA, 2017).

Os frutos são aquênios com as sépalas persistentes, sendo a sua dispersão realizada por pássaros (LORENZI, 2002). De acordo com Gaino (2009), as sementes são globosas e únicas, com tegumento membranáceo e com a presença de epicarpo castanho escuro, do mesocarpo castanho e ausência de endosperma. As sementes apresentam dormência embrionária e um comportamento ortodoxo (MEDEIROS, 1996) e as folhas são compostas e alternadas (SANTINI, 1989).

A madeira de *M. urundeuva* é conhecida pela durabilidade e resistência, decorrentes de características mecânicas e químicas (presença de álcoois, fenóis, etc). As árvores desta espécie possuem reconhecido valor econômico e dentre as diversas aplicações, pode-se citar a utilização da madeira para confecção de esteios, postes moirões, dormentes, mas como também suas flores na apicultura, as folhas maduras na alimentação do gado, do cerne é extraído tanino utilizado em curtume e a casca tem propriedades balsâmicas (CARVALHO, 1994).

A árvore também é utilizada como ornamental e para reflorestamentos ambientais (RIZZINI, 1971; SANTINI, LEITÃO FILHO, 1991; LORENZI, 1992; CARVALHO, 1994). A madeira da *M. urundeuva* é registrada no Instituto de Pesquisa Tecnológicas (IPT) de São Paulo, como “durável”, ou seja, apresenta durabilidade secular. Sua excelente qualidade faz da *Myracrodruon urundeuva* uma raridade em madeira, o que torna cada vez mais rápida sua devastação em todo país (RIBEIRO, 1989). Pôr a espécie possuir grande valor econômico, é oportuno realizar estudos sobre a contribuição ambiental e genética na qualidade de madeira.

Além da madeira, outra questão econômica importante é demanda por sementes de espécies nativas crescente para várias finalidades como recuperação de áreas degradadas, recomposição de reserva legal e área de preservação permanente e sistemas produtivos como sistema convencional (homogêneo), silvipastoril ou agroflorestal (FREITAS *et al.*, 2005). Para esses sistemas também faltam ainda informações de manejo (diâmetro mínimo de corte), intensidade de corte e ciclo de corte (SEBBENN *et al.*, 2008; LACERDA *et al.*, 2013), silvicultura (adubação, espaçamento) e de material genético melhorado, que proporcionam maiores ganhos na produção, tendo vista a produção integrada com ação de preservação da estrutura natural da população.

Nesse sentido, o presente estudo visou contribuir, tanto para os conhecimentos científicos de caráter genético para a conservação e manutenção de populações dos testes de progênies da Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE), da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira (FEIS/UNESP) quanto no desenvolvimento de pesquisas de espécies que apresentam grandes potenciais econômicos e que fazem parte da lista de espécies ameaçadas de extinção (CNCFlora, 2017).

3.1.2 Conservação *ex situ* e parâmetros genéticos

A implantação de programas genéticos tem como objetivo subsidiar os programas de melhoramento genético ou os de conservação genética, a fim de garantir melhores condições de recursos genéticos para a geração presente e futura (NASS, 2001).

A expansão agrícola, juntamente com a ocupação inadequada do uso do solo, acarretou na extinção de espécies florestais e na fragmentação de áreas naturais. Por isso, faz-se necessário o estudo de genética de populações dessas espécies com o objetivo de traçar estratégias de conservação e melhoramento genético (CANUTO, 2009).

As espécies arbóreas são a base para as áreas naturais e contem a diversidade genética necessária para garantir material genético para adaptação, evolução e sobrevivência das espécies por um longo período, principalmente em condições ambientais atípicas (CANUTO, 2009).

Entende-se como conservação *ex situ* de germoplasma vegetal a conservação da espécie fora do seu ambiente original e da comunidade a que pertence (SANT'ANA, 2017; CANUTO, 2009; NASS, 2001). Essa manutenção é devida, principalmente, pela ação antrópica.

A conservação *ex – situ* da variabilidade genética das espécies florestais, é uma forma de garantir a sobrevivência das espécies que sofreram com a interferência antrópica, ou seja, com a fragmentação florestal. Assim, é possível conservar amostras representativas de populações para que sejam estudadas e posteriormente possam fomentar os programas de conservação e melhoramento genético.

A técnica pode ser empregada de diversas formas, como em áreas exclusivas de determinadas espécies ou em áreas consorciadas (AUKAR, 2006; CANUTO, 2009). Contudo, como verificou Cambuim (2013), faz-se necessário entender como as espécies florestais interagem entre si, não acarretando a redução da variabilidade genética.

De acordo com Canuto (2009) e Guerra (2008), o Instituto florestal de São Paulo juntamente com a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, criou o Programa de Conservação dos Recursos Genéticos De Essências Vegetais, em 1979, com a finalidade de realizar a conservação genética dos germoplasmas remanescentes.

Outros programas e pesquisas foram realizadas nesse sentido, dentre eles o estudo da conservação genética da *Myracrodruon urundeuva*, em 1987, em que coletou-se semente desta espécie em seis locais diferentes, pertencentes as regiões centro-oeste, sudeste e nordeste do Brasil e, posteriormente, instalaram-se nove testes de progênie de *M. urundeuva* na fazenda de ensino, pesquisa e extensão da FEIS/UNESP, representando as populações remanescentes da espécie.

As populações matrizes das espécies arbóreas permitem a criação da população base, que por sua vez, permite a realização dos testes de progênie das áreas de coleta de semente e de produção de semente. As áreas destinadas ao teste de progênie são utilizadas tanto para estimar parâmetros genéticos, quanto para selecionar indivíduos, ao avaliar a natureza da variância genética existente, quantificando os ganhos e observando os melhores genótipos (AUKAR, 2006; MORAES *et al.*, 2010; CANUTO, 2009).

Os testes de progênie permite o estudo da interação genótipo x ambiente e permite analisar como os diferentes materiais genéticos interagem em diferentes ambientes, fomentando os programas de conservação das espécies (MORAES *et al.*, 2012). Para isso, podem ser analisados os parâmetros genéticos e os caracteres silviculturais das espécies.

Assim, é possível estabelecer estudos sobre sua adaptação e produção, através das análises genéticas com o passar dos anos. Quando o teste já está estabilizado na área, faz a seleção dos melhores genótipos, e em seguida, o desbaste

dos piores indivíduos, evitando a contaminação genética nas sementes produzidas (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

3.1.3 Caracteres silviculturais

A qualidade da madeira está relacionada à sua genética, sendo analisadas como parâmetro a correlação genotípica e fenotípica (MORAES, 1987).

As correlações genotípicas e fenotípicas em uma população, é determinada pela estimativa da variância e da covariância genética e ambiental (MORAES, 1987). Assim, utilizasse caracteres silviculturais (DAP, altura total e diâmetro da copa) e zoneamento ambiental.

Nesse sentido, a qualidade da madeira está relacionada com a interação do genótipo x ambiente. Segundo Moraes et. al (2012), essa interação permite estudar como diferentes materiais genéticos se comportam em diferentes lugares. De acordo com Moraes (1987), quando comparadas, as características genéticas que possuem alta herdabilidade são menos influenciadas que as características de baixo herdabilidade dentro de uma determinada população.

Essa técnica influencia na condução da área plantada, uma vez que, através do seu incremento, pode definir idade de corte, sendo influenciada pela espécie, procedência, pelo ambiente e pela sua idade (RIBEIRO; FILHO, 1993). Para o cálculo da densidade básica, utilizasse um disco retirado do fuste, separando as a casca, o alburno e a cerne.

O Instituto de Pesquisas Tecnológicas - IPT (1985), as madeiras podem ser classificadas de acordo com sua densidade básica como: baixa (valores menores ou iguais a $0,50 \text{ g/cm}^3$), média (valores $0,51$ e $0,72 \text{ g/cm}^3$) e alta (valores acima de $0,73 \text{ g/cm}^3$).

De acordo com Tung et al. (2011), a média da densidade básica encontrada em um teste de progênie de *M. urundeuva* foi $0,78 \text{ g/cm}^3$. Os mesmos valores foram constatados por Oliveira (2015), em condições de monodominância da espécie. Lima (2007) verificou valores de $0,69 \text{ g/cm}^3$ em populações naturais dessa espécie. Florsheim (1992) conferiu valores de $0,73 \text{ g/cm}^3$ em populações com 18 anos.

4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 AMOSTRAGEM E DESCRIÇÃO DO EXPERIMENTO

Em fragmentos florestais, de duas áreas de transição entre a Mata Atlântica (Floresta Estacional Semidecidual) e o Cerrado, com forte degradação antrópica, nos municípios de Bauru-SP (22°18'54" S e 49°03'39"W – altitude de 526 m) e Selvíria-MS (20°22'02" S e 51°25'08" W – altitude 357 m), foram coletadas sementes em 28 árvores de polinização livre em 1986, de duas populações naturais de *Myracrodruon urundeuva*, que passaram a ser denominadas de: POP-BAU e POP-SEL (Moraes et al., 1992). A primeira sofreu perturbação antrópica devido ao desmatamento, já a segunda devido à pecuária da região. A classificação climática de Koeppen para a região da POP-BAU é Aw (clima tropical com chuvas no verão), com precipitação anual de 1.331 mm e temperatura média anual de 22,6 °C (Centro de Pesquisa Meteorológica e Climáticas Aplicadas a Agricultura – Cepagri, 2018). Nessa região predominam dois tipos de solos: Argissolos Vermelho-Amarelo e Latossolos Vermelho-Amarelo (Rossi, 2017). Para a região da POP-SEL o tipo climático é Aw e uma precipitação média anual de 1.309,4 mm e 24,8 °C de temperatura média anual (Canal clima da Unesp Ilha Solteira – UNESP, 2018). O solo da região é um Latossolo Vermelho-Distrófico típico (Santos et al., 2013).

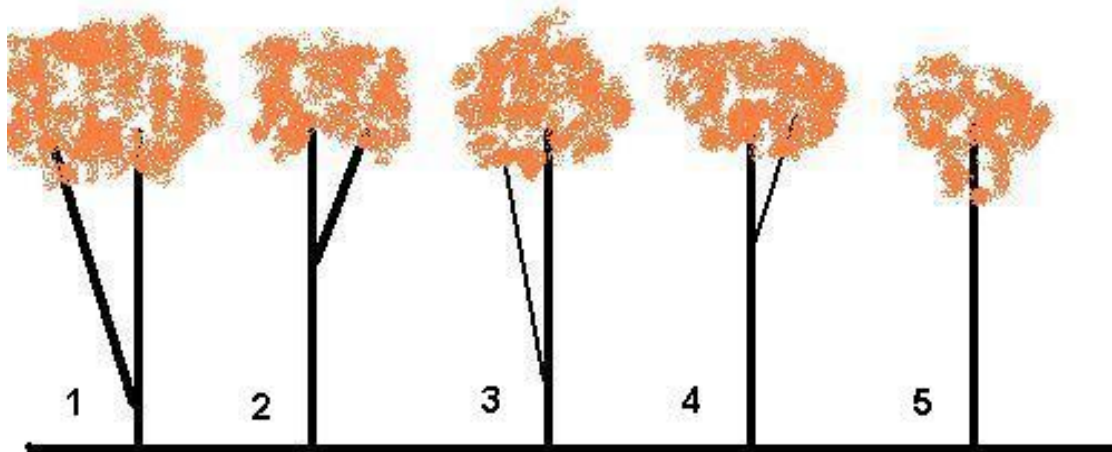
Dois testes de progênies de *M. urundeuva* foram instalados em dezembro de 1987, na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE), da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira (FEIS/UNESP), localizada em Selvíria-MS a partir das sementes colhidas em 1986 nas populações: POP-BAU e POP-SEL. Em ambos os testes utilizou-se o delineamento de blocos casualizados e o número de tratamentos (progênies) foi de 28, com três repetições e dez plantas por parcela na forma linear, no espaçamento de 3,0 x 3,0 metros. O plantio foi realizado de forma homogênea, ou seja, sem a presença de outras espécies arbóreas nos testes.

Aos trinta e um anos e dois meses após a instalação dos testes de progênies, os indivíduos foram avaliados. Verificou-se 20% de falhas no estande. As falhas deram-se em razão de fatores naturais. Assim, com base na seleção realizada com o índice multi-efeitos, foram desbastados 20% dos indivíduos, totalizando a redução de 40% dos indivíduos iniciais. Nesse sentido, as parcelas antes constituídas por 10 plantas passaram a ter no máximo 6 plantas (Anexo A).

4.2 AVALIAÇÃO DE CARACTERES SILVICULTURAIS

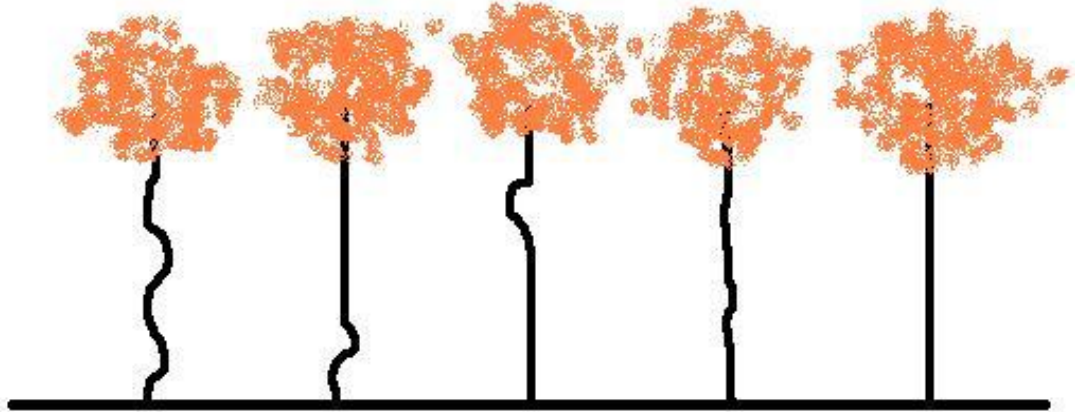
A fim de determinar as melhores progênies e procedências foram avaliados caracteres relacionados ao crescimento: *i*) Altura (ALT, m), *ii*) Diâmetro a altura do peito (DAP, cm) e *iii*) Diâmetro médio da copa (DMC, m), em que: $DMC = (L_1 + L_2)/2$, sendo L_1 : leitura na linha e L_2 : leitura na entrelinha; e de adaptação: *i*) Sobrevivência (SOB, %): será atribuído 1 para a presença da planta e 0 para a sua ausência, *ii*) Forma do fuste (FOR): com base em uma escala de notas (Figuras 1 e 2). Essa escala varia de 1 a 5, tanto para bifurcação (B) como para retidão (R), sendo que a nota final foi dada, com base na expressão: $FT = (B + R)/2$.

Figura 1 - Escala de notas para Bifurcação, considerando um fuste de 3,90 m: 1: Bifurcação abaixo de 1,30 m, com diâmetro igual ao fuste principal; 2: Bifurcação acima de 1,30 m, com diâmetro igual ao fuste principal; 3: Bifurcação abaixo de 1,30 m, com diâmetro inferior ao fuste principal; 4: Bifurcação acima de 1,30 m, com diâmetro inferior ao fuste principal; 5: Sem bifurcação.



Fonte: Próprio autor.

Figura 2 - Escala de notas para Retidão, considerando um fuste de 3,90 m: 1: Tortuosidade acentuada em toda extensão; 2: Tortuosidade acentuada abaixo de 1,30 m; 3: Tortuosidade acentuada acima de 1,30 m; 4: Leve tortuosidade em toda extensão; 5: Sem tortuosidade.



Fonte: Próprio autor.

4.3 CARACTERIZAÇÃO DA QUALIDADE DA MADEIRA

Após a seleção realizada com o índice multi-efeitos, foram desbastados 20% dos indivíduos. Posteriormente, foram realizadas a quantificação da densidade básica da madeira (DBM) e da relação cerne/alburno (RC/Ab). Das árvores abatidas, foram retirados discos do tronco das árvores nas posições da base, do DAP (1,30m) e da altura comercial (topo) e medidos com o auxílio da régua os diâmetros com casca, sem casca e cerne (Figura 3). Com estes resultados foram possíveis aplicar as seguintes equações:

$$D_{sc} = \frac{D_{ih} - D_{iv}}{2}$$

$$D_{cc} = \frac{D_{eh} - D_{ev}}{2}$$

$$C = \frac{C1 - C2}{2}$$

Figura 3 - Dsc: diâmetro sem casca (cor amarelo); Dih: diâmetro interno horizontal; Div: diâmetro interno vertical. Dcc: diâmetro com casca (cor vermelha); Deh: diâmetro externo horizontal; Dev: diâmetro externo vertical. C: cerne total (cor azul); C1: diâmetro horizontal; C2: diâmetro vertical.



Fonte: Próprio autor.

Os procedimentos utilizados para determinação da relação cerne/ alburno da base (RC/Ab) estão de acordo com a metodologia descrita por Evangelista (2007). Inicialmente identificou-se, em cada disco, a região limite entre cerne e alburno, observando-se a alteração na cor. De uma extremidade à outra de cada disco, traçaram-se duas retas perpendiculares, passando pelo centro da medula (Figura 3). Foram feitas as medições do diâmetro total e do diâmetro do cerne com uma régua. A relação cerne/ alburno da base (RC/Ab) foi calculada pela fórmula:

$$RC / Ab = \frac{D_c^2}{(D^2 - D_c^2)}$$

em que: Dc é o diâmetro do cerne (cm) e D é o diâmetro do disco sem casca (cm).

Como a *Myracrodruon urundeuva* é uma espécie de crescimento lento, sucessão tardia, muitas progênies apresentaram pouco alburno nos discos da região do DAP e da altura comercial (topo), desse modo a relação cerne/alburno foi praticamente nula. Desse modo, optou-se por realizar as análises estatísticas e de parâmetros genéticos apenas com os discos da região da base.

Para a determinação da densidade básica da madeira foi utilizado o método adaptado de Foelkel *et al.* (1971). Os discos foram identificados (figura 4a) e após medições em laboratório foram colocados em tanques com água para saturação até ficarem totalmente submersos para determinação do peso imerso (Pi) de cada disco em balança hidrostática (figura 4b); após retirar o excesso de água do disco, foi

determinado o peso úmido (P_u) (figura 4c); os discos foram colocados em estufa à temperatura $103^{\circ}\text{C} \pm 2^{\circ}\text{C}$, por 30 dias, até secarem totalmente para determinar o peso seco (P_s) (figura 4d). Assim, determinou-se a densidade básica da madeira (DBM), em $\text{g}\cdot\text{cm}^{-3}$, conforme a expressão:

$$DBM = \frac{P_s}{P_i}$$

Figura 4 - a) Discos identificados; b) Amostras Submersas; c) Determinação do peso úmido; d) Secagem dos discos.



Fonte: Próprio autor.

4.4 ESTIMATIVA DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS

O procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada), via metodologia dos modelos lineares mistos, foi utilizado nas análises individuais para as estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos de cada um dos caracteres avaliados nos testes de progênies. Para obtenção dessas estimativas foi empregado o programa de computador SELEGEN: conforme o modelo estatístico modelo 93, modelo 110 e 112 ($s = 0,2$) (Resende 2016; Resende, 2007“a” e “b”).

$$y = Xr + Za + Wp + e$$

em que y , r , a , p e e são os vetores de dados, repetição, genéticos, parcelas e de erros. As matrizes de incidência dos referidos efeitos são as letras: X , Z e W (Resende, 2007b).

Para a análise conjunta foi utilizado o modelo 5 (Resende 2016; Resende, 2007“a” e “b”).

$$y = Xr + Za + Wp + Ts + e,$$

em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), s é vetor dos efeitos de população ou procedência (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

A partir desse modelo foram estimados os seguintes parâmetros genéticos e estatísticos: variâncias: genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$), ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_c^2$), genética entre populações ($\hat{\sigma}_p^2$), residual (ambiental+não aditiva) ($\hat{\sigma}_e^2$) e fenotípica individual ($\hat{\sigma}_f^2$); herdabilidades: individual dos efeitos aditivos (\hat{h}_a^2), individual ajustada para os efeitos de parcela (\hat{h}_{aj}^2), média de progênies (\hat{h}_m^2) e aditiva dentro de parcela (\hat{h}_{ad}^2); r_{aa} acurácia; coeficientes de determinação: dos efeitos de parcelas (\hat{C}_p^2); coeficientes de variação: genética aditiva individual (CV_{gi}), genotípica entre progênies (CV_{gp}), relativa (CV_r) e experimental (CV_e); \hat{m} média geral; LRT (teste da razão de verossimilhança).

Adicionalmente obteve-se as estimativas de correlações e genéticas (r_g) entre os caracteres a partir do “modelo 102” (Resende, 2007b). Para estimar a significância de r_g usou-se o teste-t conforme a seguinte expressão:

$$t = r_g x \sqrt{\frac{n-2}{1-r_g^2}}$$

Em que: r_g é correlação genética e $n-1$ é o grau de liberdade do resíduo da análise conjunta entre as variáveis.

Para os caracteres ALT, DAP, DBM, DMC, FOR e RC/Ab foram feitas análise de divergência genética utilizando a metodologia da distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade, a partir da qual se realizou o agrupamento dos diferentes genótipos por meio do método hierárquico UPGMA e de otimização proposto por Tocher. A partir do método UPGMA fez-se a validação dos agrupamentos, determinada pelo coeficiente de correlação cofenético, de acordo com Sokal e Rohlf (1962). A significância deste coeficiente foi calculado pelo teste de Mantel com 10.000 permutações (MANTEL, 1967) e o ponto de corte foi definido pelo método de Mojena (1977). A contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética foi determinada utilizando o critério proposto por Singh (1981). Essas análises genético-estatísticas foram realizadas com o auxílio do software GENES (CRUZ, 2008).

4.5 ANÁLISES DE REGRESSÃO

Conforme mencionado anteriormente, 20% dos indivíduos foram cortados de ambos os testes de progênies de *Myracrodruon urundeuva*. Para realizar as análises estatísticas dos parâmetros genéticos, foram estimados os caracteres das árvores abatidas a partir de análises de regressão, usando o Programa R (R CORE DEVELOPMENT TEAM, 2013), descrito no anexo.

3.6 SEXAGEM E TAMANHO EFETIVO

A sexagem das árvores foi feita a partir da identificação visual das flores masculinas e femininas, com auxílio de um binóculo para visualizar as flores, e o sexo de cada árvore foi identificado no croqui. A partir destas informações foi possível estimar a razão sexual (r) definida conforme a equação:

$$r = \frac{N_f}{(N_f + N_m)}$$

Em que: N_f e N_m correspondem ao número total de plantas com florescimento feminino e masculino da população, respectivamente.

A significância da razão sexual entre as árvores de *M. urundeuva* com florescimento masculino e feminino foi obtida com base no teste-G, utilizando-se o Programa R (R CORE DEVELOPMENT TEAM, 2013), descrito em SANT'ANA (2017).

Assim, para examinar se a razão sexual foi significativamente diferente de 0,5, a mesma foi classificada como igual quando não difere significativamente de 0,5; tendenciosa-masculina quando for significativamente $>0,5$, e tendenciosa-feminina quando for significativamente.

Para estimar o tamanho efetivo populacional (N_e) para espécies dioicas foi utilizado o método descrito por Vencovsky et al. (2012), conforme a equação abaixo, quando não há controle de gametas (RS):

$$N_e = \frac{4t}{D_s}$$

em que: $t = N_f + N_m$, sendo N_f e N_m o número total de plantas com florescimento feminino e masculino da população, respectivamente, e

$$D_s = \frac{1}{r(1-r)} + \frac{(1-u)t-1}{F} + \frac{(1+v)t-1}{M}$$

$$\text{em que: } 1-r = \frac{N_m}{(N_f + N_m)}; u = \frac{F}{N_f} \quad (0 < u \leq 1); v = \frac{M}{N_m} \quad (0 < v \leq 1); F \text{ e } M$$

correspondem ao número de plantas com florescimento feminino (F) e florescimento masculino (M), que efetivamente participam do evento reprodutivo.

5 RESULTADO E DISCUSSÃO

5.1 CARACTERES DE CRESCIMENTO

A taxa de sobrevivência aos 31 anos de idade foi de 80% para a população de Bauru-SP e 76% para a população de Selvíria-MS. Martins et al. (2018) avaliaram populações de *M. urundeuva* de 5 procedências distintas no Instituto Florestal de São Paulo (IFSP), na Estação Experimental de Pederneiras, São Paulo, verificando uma média de sobrevivência também aos 31 anos de idade de 71%. Dessa forma, os testes de progênies apresentaram boa adaptação no local de estudo.

O teste de razão de verossimilhança (LTR) das progênies das duas populações só apresentaram diferenças significativas para os caracteres densidade básica da madeira e relação cerne/alburno (Tabelas 1 e 2), sugerindo que as progênies de ambas as população apresentam variabilidade genética apenas para a qualidade da madeira. Na literatura, Martins et al. (2018) observaram que para a espécie *Myracrodruon urundeuva* aos 31 anos de idade, apresentou diferença significativa para altura e DAP.

Para a população de Bauru-SP, a média da altura foi de 11,13 m, sendo a maior altura de 19,60 m e a menor de 2,70 m. A média do DAP foi de 14,33 cm, sendo o maior diâmetro de 40,58 cm e o menor diâmetro de 3,66 cm. A média do DMC foi de 4,44 m, sendo o maior diâmetro de 9,7 m e o menor de 0,7 m. A população de Selvíria-MS apresentou desenvolvimento semelhante, com média na altura de 11,00 m, sendo a maior altura de 16,4 m e a menor de 2,40 m. A média do DAP foi de 14,19 cm, sendo o maior diâmetro de 31,26 cm e o menor diâmetro de 2,80 cm. A média do DMC foi de 4,18 m, sendo o maior diâmetro de 8,5 m e o menor de 0,6 m. Aos 31 anos de idade, Martins et al (2018), constataram uma média de altura de 11,93 m e de DAP de 14,50 cm para a mesma espécie. Aguiar et al. (2019) também observaram resultados semelhantes com a espécie *Balfourodendron riedelianum*, aos 32 anos de idade, com médias de 15,99 m, 16,01 cm e 3,13 para altura, DAP e forma, respectivamente. Portanto, os dados analisados estão de acordo com a literatura, mostrando o crescimento lento destas espécies nativas.

A forma do fuste é a média das notas atribuídas para as características de retidão e de bifurcação. Quanto maior a média, maior a resistência da madeira e maior facilidade de utilização do fuste. A média da forma do fuste para a população de Bauru-SP foi de aproximadamente 2,36, já para a população de Selvíria-MS, a média foi de 2,20, o que corresponde a bifurcação acima de 1,30 m, com diâmetro igual ao fuste principal e Tortuosidade acentuada abaixo de 1,30 m (Tabelas 1 e 2). Para as duas populações a maior nota foi de 4,5.

A Tabela 3 apresenta a análise conjunta entre as duas populações no teste de progênies de *M. urundeuva*. É possível observar que não houve diferenças pelo teste da razão de verossimilhança (LRT) entre as progênies de ambas as populações para todos os caracteres avaliados, com exceção da forma do fuste. Estas informações podem ser confirmadas pela semelhança entre os valores das médias de cada caráter para a população de Bauru (\widehat{m}_B), Selvíria (\widehat{m}_S) e a média (\widehat{m}_g) considerando ambas as populações. Consequentemente, o coeficiente de determinação dos efeitos de populações foram baixo.

Tabela 1 - Estimativas de parâmetros estatísticos e genéticos para os caracteres: altura total das plantas (ALT), diâmetro a altura do peito (DAP), densidade básica da madeira (DBM), diâmetro médio de copa (DMC), forma do fuste (FOR) e relação cerne/alburno na base (RC/Ab) em um teste de progênies e procedências de *Myracrodruon urundeuva*, instalado em Selvíria-MS, aos 31 anos, para a população de Bauru-SP.

Estimativas	ALT (m)	DAP (cm)	DBM (g cm ⁻³)	DMC (m)	FOR	RC/Ab
\hat{h}_a^2	0,11±0,06	0,01±0,02	0,70±0,15	0,05±0,04	0,00±0,01	0,65±0,15
\hat{C}_p^2	0,1555	0,1443	0,1160	0,1898	0,0973	0,0956
\hat{h}_m^2	0,33	0,04	0,81	0,18	0,02	0,81
$r_{\hat{a}a}$	0,5748	0,1941	0,8992	0,4244	0,1509	0,9008
\hat{h}_{ad}^2	0,09	0,01	0,71	0,04	0,00	0,62
CV_{gi} (%)	8,89	2,10	16,57	8,77	1,67	70,10
CV_{gp} (%)	4,45	1,46	8,29	4,39	0,84	35,05
CV_e (%)	10,99	17,58	6,99	16,37	13,41	29,27
CV_r	0,40	0,08	1,89	0,27	0,06	1,20
\hat{m}	11,13	14,33	0,667	4,44	2,36	0,72
LRT(χ^2)	1,29 ^{ns}	0,01 ^{ns}	24,49 ^{**}	0,30 ^{ns}	0 ^{ns}	23,44 ^{**}

Nota: *significativo a 5%, com 1 grau de liberdade; ^{ns} não significativo; \hat{h}_a^2 herdabilidade individual dos efeitos aditivos; \hat{C}_p^2 coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas; \hat{h}_m^2 herdabilidade da média de progênies; $r_{\hat{a}a}$ acurácia; \hat{h}_{ad}^2 herdabilidade aditiva dentro de parcela; 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; LRT: Teste da razão de verossimilhança; χ^2 qui-quadrado da *deviance*.

Fonte: Próprio autor.

Tabela 2 - Estimativas de parâmetros estatísticos e genéticos para os caracteres: altura total das plantas (ALT), diâmetro a altura do peito (DAP), densidade básica da madeira (DBM), diâmetro médio de copa (DMC), forma do fuste (FOR) e relação cerne/alburno na base (RC/Ab) em um teste de progênies e procedências de *Myracrodruonurundeuva*, instalado em Selvíria-MS, aos 31 anos, para a população de Selvíria-MS.

Estimativas	ALT (m)	DAP (cm)	DBM (g cm ⁻³)	DMC (m)	FOR	RC/Ab
\hat{h}_a^2	0,11±0,07	0,01±0,02	0,80±0,15	0,12±0,07	0,03±0,04	0,58±0,15
\hat{C}_p^2	0,2071	0,1550	0,0824	0,1257	0,0941	0,1791
\hat{h}_m^2	0,22	0,04	0,88	0,29	0,11	0,68
$r_{\hat{a}a}$	0,4743	0,1981	0,9372	0,5395	0,3365	0,8259
\hat{h}_{ad}^2	0,11	0,01	0,80	0,10	0,03	0,62
CV_{gi} (%)	7,89	3,12	17,74	9,98	4,91	53,67
CV_{gp} (%)	3,94	1,56	8,87	4,99	2,46	26,83
CV_e (%)	12,73	18,30	5,71	13,54	12,72	31,74
CV_r	0,31	0,09	1,55	0,37	0,19	0,85
\hat{m}	11,00	14,19	0,693	4,18	2,20	0,76
LRT(χ^2)	0,53 ^{ns}	0,01 ^{ns}	39,41 ^{**}	0,93 ^{ns}	0,09 ^{ns}	11,29 ^{**}

Nota: *significativo a 5%, com 1 grau de liberdade; ^{ns} não significativo; \hat{h}_a^2 herdabilidade individual dos efeitos aditivos; \hat{C}_p^2 coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas; \hat{h}_m^2 herdabilidade da média de progênies; $r_{\hat{a}a}$ acurácia; \hat{h}_{ad}^2 herdabilidade aditiva dentro de parcela; 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; LRT: Teste da razão de verossimilhança; χ^2 qui-quadrado da deviance.
Fonte: Próprio autor.

Tabela 3 - Estimativas de parâmetros estatísticos e genéticos para os caracteres: altura total das plantas (ALT), diâmetro a altura do peito (DAP), densidade básica da madeira (DBM), diâmetro médio de copa (DMC), forma do fuste (FOR) e relação cerne/alburno na base (RC/Ab) em um teste de progênies e procedências de *Myracrodruon urundeuva*, em Selvíria-MS, aos 31 anos, envolvendo as população de Bauru-SP e Selvíria-MS.

Estimativas	ALT (m)	DAP (cm)	DBM (g cm ⁻³)	DMC (m)	FOR	RC/Ab
\hat{h}_a^2	0,13±0,04	0,06±0,03	0,44±0,08	0,10±0,04	0,03±0,02	0,34±0,08
\hat{C}_p^2	0,0462	0,0199	0,1571	0,0353	0,0111	0,1243
\hat{C}_r^2	0,0024	0,0002	0,0161	0,0109	0,0261	0,0005
CV_{gi} (%)	7,33	9,25	5,39	9,32	6,08	23,38
CV_{gp} (%)	3,66	4,63	2,70	4,66	3,04	11,69
CV_e (%)	9,22	12,74	9,43	11,69	10,06	37,06
CV_r	0,80	0,73	0,57	0,80	0,60	0,63
\hat{m}_B	11,13	14,33	0,667	4,44	2,36	0,72
\hat{m}_S	11,00	14,19	0,693	4,18	2,20	0,76
\hat{m}_g	11,08	14,26	0,680	4,30	2,28	0,74
LRT (χ^2)	0 ^{ns}	0 ^{ns}	0,46 ^{ns}	1,42 ^{ns}	8,22 ^{**}	0 ^{ns}

Nota: **significativo a 1%, com 1 grau de liberdade; ^{ns} não significativo; \hat{h}_a^2 herdabilidade individual total, no sentido restrito; \hat{C}_p^2 coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas; \hat{C}_r^2 coeficiente de determinação dos efeitos de populações; 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}_B : média geral da população de Bauru; \hat{m}_S : média geral da população de Selvíria; \hat{m}_g média geral; LRT: Teste da razão de verossimilhança; χ^2 qui-quadrado da deviance, para o efeito de populações.

Fonte: Próprio autor.

5.2 QUALIDADE DA MADEIRA

A densidade básica da madeira é influenciada por diversos fatores anatômicos, o que a torna uma característica complexa, porém importante para as propriedades físicas e mecânicas, podendo variar entre espécies distintas, na mesma espécie ou em diferentes regiões da mesma árvore (FOELKEL *et al.*, 1971). Esta afirmação corrobora com o teste LTR que apresentou diferenças significativas entre as progênies em ambos os testes de progênies.

Ambos os testes de progênies apresentaram médias aproximadas, com 0,667 g.cm⁻³ e 0,693 g.cm⁻³ para POP Bauru e POP Selvíria, respectivamente (Tabelas 1 e 2). Silva *et al.* (2017) encontraram maior DMB com 0,741 g.cm⁻³ para a mesma espécie. Tung *et al.* (2011) também observou valor maior com 0,750 g.cm⁻³ para a mesma espécie. Conforme a classificação do IPT (1956) as madeiras são consideradas de baixa densidade quando apresentam valor menor ou igual a 0,500 g.cm⁻³; de densidade média, de 0,500 g.cm⁻³ a 0,720 g.cm⁻³; e madeiras densas acima de 0,720 g.cm⁻³. De acordo com essa classificação a presente espécie *Myracrodruon urundeuva*, possui madeira de densidade básica considerada de média a alta.

A relação cerne/alburno também foram semelhantes para ambas as populações, com 0,72 para POP Bauru e 0,76 para POP Selvíria. Conforme a expressão utilizada para estimar esta relação, a proporção ideal seria 0,33 (um terço). No entanto, o presente trabalho obteve resultado maior que dois terços, ou seja, muito mais inferior que o ideal. Como a *M. urundeuva* apresenta crescimento lento, isto pode interferir nesta relação, apresentando maior produção de cerne do que o esperado. Conforme Pereira *et al.* (2013), essa relação cerne/alburno é muito importante para a definição do seu uso nos produtos finais, por exemplo, para a produção de carvão vegetal, papel e celulose, desdobro, painéis e outros.

Com estas informações é possível dizer que aos 31 anos a *M. urundeuva* ainda não atingiu a qualidade de madeira esperada, talvez o espaçamento adotado ou o plantio homogêneo (só esta espécie) tenha interferido no crescimento e desenvolvimento da madeira. É oportuno lembrar que não houve tratamentos culturais intensos, como adubações frequentes, irrigação, controle de mato competição ou pragas ao longo do experimento e sim apenas nos primeiros anos que foram feitos o plantio.

5.3 PARÂMETROS GENÉTICOS

Foram analisados os parâmetros genéticos para as duas populações. De acordo com Kageyama (1980), o coeficiente de variação genética é de suma importância para avaliar as estimativas de ganho genético. A presença de variabilidade genética pode ser confirmada e quantificada pelo coeficiente de variação genética, que expressa a magnitude da variação genética em relação à natureza do ambiente (Resende et al., 1991). No presente estudo, o coeficiente de variação genética aditiva individual (CV_{gi}) foi expressivo com 8,89%, 2,10%, 16,57%, 8,77%, 1,67% e 70,10% para ALT, DAP, DBM, DMC, FOR e RC/Ab, respectivamente, na população de Bauru e 7,89%, 3,12%, 17,74%, 9,98%, 4,91% e 53,67% para ALT, DAP, DBM, DMC, FOR e RC/Ab, respectivamente, na população de Selvíria (Tabelas 1 e 2).

Verificou-se, na literatura para espécies nativas, que o coeficiente de variação genética aditiva individual (CV_{gi}) para a *Cariniana legalis* aos 26 anos de idade valores de 3,15% para a altura, 5,35% para o DAP (Sebben et al., 2009). Para a espécie *Gallesia integrifolia*, constatou-se aos 23 anos de idade valores de altura de 4,0% e de DAP de 8,0% (Sebben et al., 2009). Outros valores para altura como 8,04%, para DAP como 15,24% e forma do fuste como 9,88% foram constatados para a espécie *Myracrodruon urundeuva* aos 15 anos de idade por Guerra et al. (2016) e *Tabebuia heptaphylla* aos 22 anos de idade 3,35% (FREITAS et al., 2008).

De acordo com Pimentel Gomes e Garcia (2002), os coeficientes de variação experimental que variam entre 10 à 20% são considerados de baixos a moderados e os acima de 20% são considerados altos. Assim, para ambas as população, os coeficientes de determinação dos efeitos ambientais entre parcelas foram considerados de média magnitude, com exceção da RC/Ab que foi maior que 20%, o que já era esperado por ser um caráter estimado por uma expressão matemática e que pode acarretar em alguns erros experimentais.

Entre as herdabilidades, a herdabilidade média entre as progênes foi maior, este valor indica que a seleção dentro de progênes pode ser uma estratégia de seleção mais eficaz, ou seja, com maiores ganhos. Esta ordem de magnitude entre as herdabilidade já era esperado, por que segundo Resende (2002) é comum encontrar, para caracteres quantitativos, valores de baixa magnitude para herdabilidade

individual e que, em geral, conduzem a estimativa de magnitude de moderada a alta, para a herdabilidade em nível de média de progênes.

Os coeficientes de herdabilidade apresentam variações conforme as idades das plantas. Até que haja um completo estabelecimento e equilíbrio no campo, pode haver influência do ambiente, tanto maior quanto menor na manifestação das características de crescimento (ETTORI *et al.*, 2006). Estas informações podem ser confirmadas por Canuto *et al.* (2017) que estudaram seis populações naturais de *M. urundeuva* em forma de nove testes de progênes, com idades diferentes (3, 10, 15 e 20 anos), e observaram grandes as variações dos coeficientes de herdabilidades para os caracteres de crescimento. Desta forma, os valores de \hat{h}_m^2 para os caracteres DAP e FOR nas populações de Bauru e Selvíria, que apresentaram valores de 0,02 a 0,11 poderá ser maior em uma avaliação futura.

Entretanto, a herdabilidade média entre as progênes (\hat{h}_m^2) foi maior que as demais herdabilidades, para todas as características avaliadas, em ambas as populações, sugerindo maior controle genético ao nível da progênie (Tabelas 1 e 2). O mais interessante nos resultados deste parâmetro foram as altas magnitudes dos caracteres DBM e RC/Ab com valores acima de 80%. Isso sugere que a seleção a partir de ambos os caracteres apresentará maiores ganhos que os demais. Essa informação é confirmada pelos valores do coeficiente de variação relativa (CV_r) que foram maiores para DBM (1,89) e RC/Ab (1,20) na população de Bauru (Tabela 1) e para DBM (1,55) e RC/Ab (0,85) para a população de Selvíria (Tabela 2). Segundo Vencovsky e Barriga (1992), quanto maior o valor do CV_r , maior o controle genético dos caracteres e pouco influenciado por fatores ambientais. Sendo portando, caracteres comumente escolhidos com melhores perspectivas para obtenção de ganhos expressivos na seleção. Assim, os caracteres citados anteriormente são mais promissores para reter maiores ganhos na seleção.

A acurácia possibilita medir o grau de confiança das estimativas obtidas por meio do experimento (Rezende, 2002). Para o autor, valores de 0 à 25 são considerados baixos, valores de 25 à 75% são considerados bons e valores acima de 75% são considerados ótimos. Nesse sentido, para a população de Bauru-SP a acurácia de todos os caracteres bons (> 42%), com exceção do DAP e FOR (< 15%). Já para a população de Selvíria-MS verificou-se que apenas o DAP apresentou baixa acurácia (<20%).

O coeficiente de determinação dos efeitos ambientais entre parcelas (\hat{C}_p^2) apresentaram, para as populações de Bauru e Selvíria, de forma geral, altos valores para os caracteres de crescimento. Segundo Sturion e Resende (2010), valores superiores a 10% indicam que houve heterogeneidade ambiental dentro das parcelas. Neste caso, é recomendado a diminuição do número de plantas por parcela e o aumento do número de blocos. Assim, modificar o arranjo do delineamento experimental poderia minimizar os erros, consequentemente reduzindo o valor do \hat{C}_p^2 .

5.4 CORRELAÇÃO GENÉTICA

Observou-se correlações significativas a 5% de probabilidade pelo teste t para a população de Bauru com ALT vs DAP (0,72), ALT vs DMC (0,45), DAP vs DMC (0,67), DAP vs RC/Ab (0,29), (Tabela 3).

Para a população de Selvíria com ALT vs DAP (0,76), ALT vs DMC (0,36), ALT vs RC/Ab (0,34), DAP vs DBM (0,41), DAP vs DMC (0,40), DAP vs FOR (0,30), DBM vs RC/Ab (0,48) e DMC vs RC/Ab (0,26).

De acordo com Sampaio *et al.* (2000), quando a correlação genética é significativa e positiva, há possibilidade de selecionar um caráter e obter ganhos indiretos em outro caractere.

Para Aguiar *et al.* (2019) valores de coeficiente de correlação genética acima de 0,50 podem ser considerados altos, portanto os resultados indicam uma forte correlação entre os caracteres ALT vs DAP e DAP vs DMC para a população de Bauru e ALT vs DAP para a população de Selvíria. Dessa forma é possível fazer uma seleção indireta para o caráter DMC se escolher árvores com maiores DAP para a população de Bauru, por exemplo. Esta estratégia de seleção direta e indireta dos caracteres permite ganhos de seleção mais efetivos e otimização de tempo no melhoramento da espécie. Segundo Vencovsky e Barriga (1992) a alta correlação entre altura e DAP pode ser explicada levando-se em consideração o crescimento das árvores, o que também aumenta a altura, sugerindo que essas características de crescimento são amplamente influenciadas pelos mesmos genes pleiotrópicos.

É interessante observar que nas duas populações ocorreram correlações diferentes, sendo a população de Selvíria tendo mais possibilidades de se realizar

seleções diretas e indiretas. Para fins de qualidade de madeira, é possível observar que nesta população existe forte correlação entre os caracteres DBM e RC/Ab. Como é muito trabalhoso estimar o DBM, seria interessante fazer uma seleção direta a partir da relação cerne / alburno. Pereira *et al.* (2013) menciona que de modo geral, a madeira do cerne possui maior densidade e que esta relação entre densidade da madeira e porcentagem de cerne geralmente é verificada em árvores que possuem elevado percentual de madeira adulta. Esta afirmação pode explicar esta correlação positiva entre os dois caracteres mencionados.

Esses resultados são semelhantes aos verificados por Martins *et al.* (2018) e por Pagliarini *et al.* (2016), que constataram alta correlação genética, positiva e significativa, entre altura e DAP para a mesma espécie. Sebbenn *et al.* (2007) e Tambarussi *et al.* (2010) também verificaram as correlações genéticas das espécies *Cordia alliodora* e *Pinus caribaea hondurensis*, respectivamente.

Tabela 4 - Estimativas das correlações genéticas para as populações de Bauru-SP (acima da diagonal) e Selvíria-MS (abaixo da diagonal) entre os caracteres de crescimento e adaptação.

	ALT (m)	DAP (cm)	DBM (g.cm ⁻³)	DMC (m)	FOR	RC/Ab
ALT (m)	-	0,72*	0,23	0,45*	0,21	0,25
DAP (cm)	0,76*	-	-0,02	0,67*	0,22	0,29*
DBM (g.cm ⁻³)	-0,07	-0,41*	-	0,00	0,00	-0,09
DMC	0,36*	0,40*	-0,22	-	0,08	0,05
FOR	0,22	0,30*	-0,19	0,25	-	-0,012
RC/Ab	0,34*	-0,01	0,48*	0,26*	-0,16	

Nota: *(p < 0,05) pelo teste t.

Fonte: Próprio autor.

5.5 DIVERGÊNCIA GENÉTICA

A análise de agrupamento pelo método Tocher baseado na distância generalizada de Mahalanobis reuniu as 28 progênes de *M. urundeuva* em apenas dois grupos para a população de Bauru e doze grupos para a população de Selvíria (Tabela 4), sugerindo que esta população possui maior diversidade genética entre suas progênes. As informações referentes ao agrupamento de Mahalanobis é muito utilizada no direcionamento da escolha de genótipos superiores para realizar cruzamentos e explorar a heterose. No presente estudo, como o objetivo é tornar o presente teste de progênes um futuro pomar de sementes, a fim de reter variabilidade genética, seria interessante escolher progênes, de tal forma que representassem todos os grupos propostos na Tabela 4.

Tabela 5 - Agrupamento de 28 progênes de *Myracrodruon urundeuva* pelo método de Otimização de Tocher, em função da Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2).

Grupos	Progênes POP Bauru	Progênes POP Selvíria
1	1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28	12, 17, 2, 7, 28, 10, 23, 5, 19, 16, 25
2	14	21, 27, 20, 3
3		1, 15
4		11, 18
5		8, 14
6		24
7		22
8		13
9		4
10		9
11		26
12		6

Fonte: Próprio autor.

A contribuição relativa dos caracteres avaliados em ambas as populações de *M. urundeuva* a partir da distância de Mahalanobis são apresentadas nas Tabelas 5 e 6. Para a população de Bauru, o DBM e FOR foram responsáveis por cerca de 65,85% de toda a divergência existente nas progênes avaliadas. Entretanto, o DMC e a RC/Ab foram os caracteres de menor contribuição. Em contrapartida, a População de Selvíria

apresentou comportamento diferente, com DMC e RC/Ab contribuindo com cerca de 75,09% de toda a divergência existente nas progênies avaliadas. Os caracteres com menores expressões foram a FOR e DBM. Segundo Yokomizo et al. (2017) caracteres com contribuições abaixo de 7,00% podem ser descartadas no momento de avaliação das plantas.

Tabela 6 - Contribuição relativa das características para a diversidade em 28 progênies de *Myracrodruon urundeuva* por D^2 de Mahalanobis para a população de Bauru-SP.

Caracteres	S.j	S.j (%)
ALT (m)	31,07	11,54
DAP (cm)	26,11	9,70
DBM (g.cm ⁻³)	113,34	42,09
DMC (m)	18,94	7,03
FOR	63,98	23,76
RC/Ab	15,87	5,89

Nota: S.j: medida da importância relativa da variável j para o estudo da diversidade genética; S.j%: medida da importância relativa da variável j para o estudo da diversidade genética em porcentagem.
Fonte: Próprio autor.

Tabela 7 - Contribuição relativa das características para a diversidade em 28 progênies de *Myracrodruon urundeuva* por D^2 de Mahalanobis para a população de Selvíria-MS.

Caracteres	S.j	S.j (%)
ALT (m)	31,07	11,82
DAP (cm)	17,91	6,81
DBM (g.cm ⁻³)	14,67	5,58
DMC (m)	52,71	20,06
FOR	1,81	0,69
RC/Ab	144,59	55,03

Nota: S.j: medida da importância relativa da variável j para o estudo da diversidade genética; S.j%: medida da importância relativa da variável j para o estudo da diversidade genética em porcentagem.
Fonte: Próprio autor.

As Figuras 5 e 6 utilizaram o método de UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean), cujo critério usado para a formação dos grupos é a média das distâncias entre todos os pares de itens que formam cada grupo. Neste tipo de exploração permite-se verificar a dissimilaridade existente entre os genótipos,

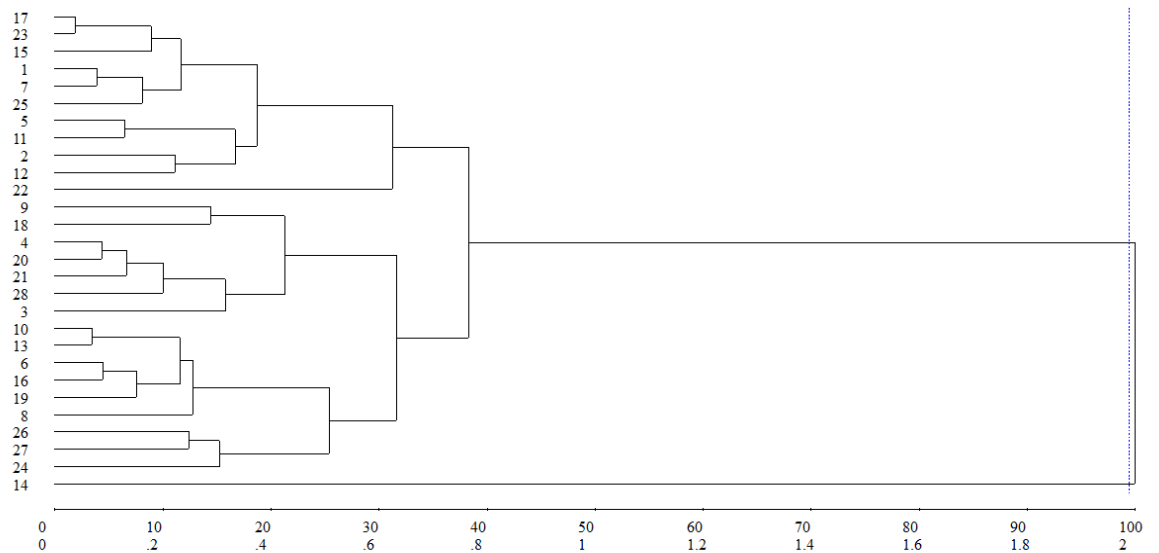
representando o conjunto destes materiais numa relação entre as subamostras, por fenogramas ou gráficos de dispersão, e assim, identificar as características com maior contribuição para divergência genética, dentre outras aplicações (SCHEFFER-BASSO *et al.*, 2012).

Para a população de Bauru o dendograma mostra a formação de dois grupos distintos, considerando a proximidade das progênies entre si, sendo 27 indivíduos atribuídos ao grupo 1 e um indivíduo ao grupo 2 (Figura 5). Para a população de Selvíria houve maior divisão de grupos, com a formação de quatro grupos distintos. O grupo 1 possuem 23 progênies, o grupo 2 com uma progênie, o grupo 3 com uma progênie e o grupo 4 com três progênies.

O Coeficiente de Correlação Cofenético (CCC) a partir do método UPGMA, baseado na distância generalizada de Mahalanobis para as progênies de *M. urundeuva* foi de 0,76 para a população de Bauru e 0,68 para a população de Selvíria. Estes valores estão dentro do desejado. É interessante mencionar que se deve avaliar a magnitude dos valores de CCC sabendo que quanto mais próximos os valores forem da unidade, maior será a consistência do padrão de agrupamento (BARROSO; ARTES, 2003; CRUZ; CARNEIRO, 2003).

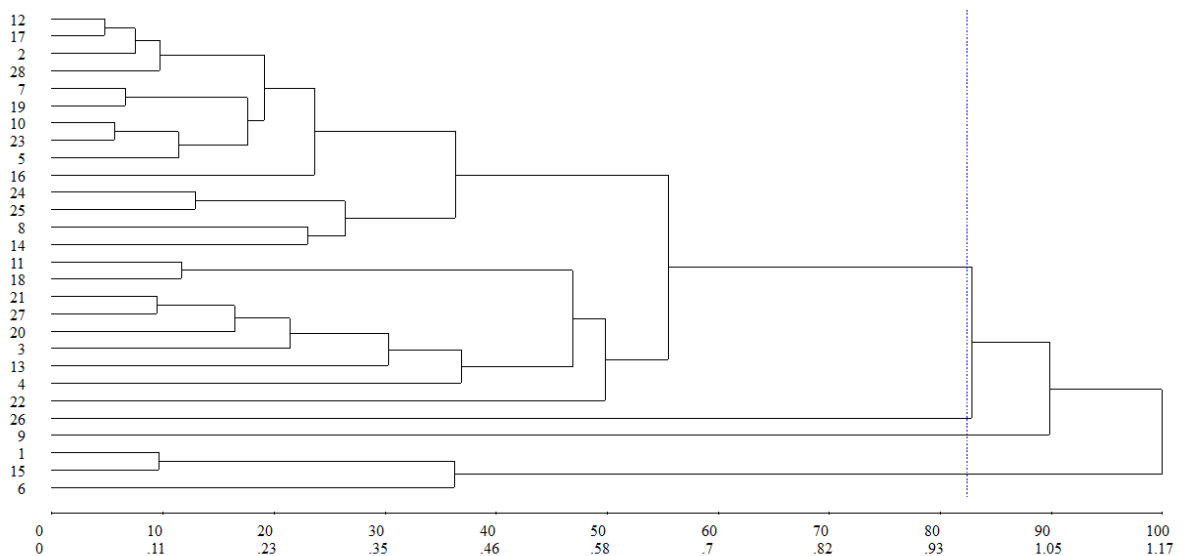
Dessa forma, os resultados de divergência genética demonstram a existência de variabilidade nos genótipos coletados com base em todas as características avaliadas em conjunto, em especial a população de Selvíria.

Figura 5 - Dendrograma obtido a partir de seis caracteres referentes ao crescimento e qualidade da madeira, avaliados em 28 progênies de *M. urundeuva*, com base nas medidas de dissimilaridade genética obtido pelo método UPGMA para a população de Bauru-SP.



Fonte: Próprio autor.

Figura 6 - Dendrograma obtido a partir de seis caracteres referentes ao crescimento e qualidade da madeira, avaliados em 28 progênies de *M. urundeuva*, com base nas medidas de dissimilaridade genética obtido pelo método UPGMA para a população de Selvíria-MS.



Fonte: Próprio autor.

5.6 PREDIÇÃO DE GANHOS POR SELEÇÃO

A necessidade de se obter maiores ganhos genéticos em menores espaços de tempo, acarretou no desenvolvimento de técnicas para predição de ganhos genéticos dos indivíduos.

Verificou-se que para o caráter RC/Ab, não houve grande diferença entre a média geral para as populações de Bauru-SP e Selvíria-MS, sendo de 0,720 e 0,762, respectivamente (Tabela 8). Contudo, observou-se alto ganho genético por seleção para ambas as populações. Quando se aplica uma intensidade de seleção de 30%, escolhendo 8 progênies de 28, a predição de ganho para a população de Bauru-SP foi de 53% e para a população de Selvíria-MS foi de 32,10%. Os altos ganhos de seleção era esperado pois em ambas as populações este caráter apresentou altos valores de \hat{h}_m^2 são CV_r .

Tabela 8 - Predição de ganho genético na seleção das 8 melhores progênies de *Myracrodruon urundeuva* para o caráter Relação Cerne/Alburno (RC/Ab) de Bauru-SP (à esquerda) e Selvíria-MS (à direita).

IND	Prog	Média	IND	Prog	Média
1	14	1,45	1	19	1,11
2	26	1,19	2	26	1,04
3	19	1,11	3	23	1,01
4	27	1,06	4	14	1,00
5	10	1,03	5	17	0,98
6	8	1,01	6	2	0,97
7	16	0,99	7	5	0,96
8	13	0,97	8	7	0,95
Média das progênies		1,10	Média das progênies		1,00
Média geral		0,72	Média geral		0,76
Ganho de seleção (%)		53,00	Ganho de seleção (%)		32,10

Fonte: Próprio autor.

A DBM apresentou menores ganhos quando comparados ao caráter RC/Ab, entretanto, também houve alto ganho genético por seleção (Tabela 9).

A média das famílias analisadas foi de 0,750g.cm⁻³ para a população de Bauru-SP e 0,760 g.cm⁻³ para a população de Selvíria-MS, enquanto que a média geral para a primeira foi de 0,667 g.cm⁻³ e para a segunda de 0,693 g.cm⁻³.

Observou-se que a população de Selvíria-MS, por estar adaptada, não houve tanta influência ambiental, levando a maior herdabilidade e controle genético. Já a população de Bauru-SP possui baixa variação genética, levando a uma frequência alélica parecida e com isso reduzindo o ganho genético.

Tabela 9 - Predição de ganho genético na seleção das 8 melhores progênies de *Myracrodruon urundeuva* para o caráter Densidade Básica da madeira (DBM) de Bauru-SP (à esquerda) e Selvíria-MS (à direita).

IND	Prog	Média (g.cm ⁻³)	IND	Prog	Média (g.cm ⁻³)
1	25	0,779	1	18	0,775
2	24	0,767	2	17	0,773
3	4	0,761	3	12	0,772
4	12	0,756	4	26	0,771
5	23	0,745	5	16	0,769
6	19	0,737		2	0,767
7	26	0,731		23	0,765
8	9	0,726		27	0,762
Média das progênies		0,750	Média das progênies		0,770
Média geral		0,667	Média geral		0,693
Ganho de seleção (%)		12,46	Ganho de seleção (%)		11,00

Fonte: Próprio autor.

5.7 TAMANHO EFETIVO

Na Tabela 10 apresenta os caracteres de sexagem nas populações de Bauru e Selvíria. Em ambas as populações era pressuposto que o número inicial de indivíduos machos e fêmeas fossem de 420, assim a razão sexual esperada era de 0,50, ou seja, 1♂: 1♀. Entretanto houve uma pequena variação quando fez-se a avaliação do florescimento. Em ambas as populações o número de indivíduos machos

era superior aos indivíduos do sexo feminino, com valor de r igual a 0,41, o que corresponde a uma proporção de 1♂: 0,7♀. O interessante é que a diferença dos locais de origem dessas progênies de *M. urundeuva* não afetou a proporção sexual dos indivíduos, sugerindo que ambas as populações adquiriram mecanismos de adaptação semelhante.

Sant'ana (2017) estudou seis testes de progênies de *Myracrodruon urundeuva*, instalados em Selvíria – MS. A autora observou predominância de indivíduos com flores masculinas, com uma proporção de 10♂:1♀ no teste de progênie de Selvíria; 6♂:1♀ no de Bauru, 3♂:1♀ no de Paulo de Faria, 2♂:1♀ no de Seridó, Petrolina e Itarumã, e no geral, a média de todos testes de progênies foi de 3♂:1♀. Estas informações mostram que não existe uma proporção padrão, e que a espécie pode apresentar diferentes proporções sexuais, mas com predominância de flores masculinas. No presente estudo ambas as populações aproximaram mais do esperado (1♂: 1♀) que de Sant'ana (2017).

Essas variações na proporção sexual em diferentes testes de progênies tem sido atribuído a diversos fatores. Dentre eles, pode-se citar o custo reprodutivo diferenciado, longevidade das espécies arbóreas com crescimento e idade reprodutivas desiguais entre os sexos, tipos de vetores de polinização e dispersão de sementes (biótico e abiótico) e a genética de determinação do sexo. Porém, se tem observado um maior número de casos de proporções sexual com predominância de indivíduos com florescimento masculino, sendo muitas vezes associadas as espécies que possuem polinização biótica (SINCLAIR *et al.*, 2012; FIELD *et al.*, 2013).

O tamanho efetivo populacional (N_e) refere-se ao tamanho genético de uma população reprodutiva e não ao número de indivíduos que a compõe, ou seja, diz respeito à representatividade genética da amostra (RESENDE *et al.*, 1997). No presente estudo ambas as populações apresentaram cerca de 50% do tamanho efetivo em relação ao número total de parentais masculinos e femininos da população (t). Vencovsky *et al.* (2012) apontaram que os principais fatores que alteram o tamanho efetivo populacional são o tamanho da população e as suas flutuações, proporção desigual entre os sexos, número de descendentes amostrado, a média e a variação do número de gametas que cada genitor contribuiu para próxima geração e desvios das proporções Hardy-Weinberg. Vale ressaltar que os indivíduos que floresceram em ambas as populações foram cerca de 70% do total, e que a proporção sexual foi próxima da esperada, portanto para o presente estudo o valor do tamanho efetivo

pode ser atribuído a amostragem e tamanho da população estudada. Estas informações são importantes para o planejamento na transformação dos testes de progênes em pomares de sementes por mudas, mantendo a proporção sexual adequada e um tamanho efetivo de referência em ordem de 150 (NUNNEY; CAMPBELL, 1993).

Tabela 10 - Número total de plantas masculinas (Nm), Número total de plantas femininas (Nf), Número total de plantas masculinas, que floresceram, naquele evento reprodutivo (M), Número total de plantas femininas, que floresceram, naquele evento reprodutivo (F), Número de parentais masculinos (v) e femininos (u), que participam efetivamente do evento reprodutivo; Número total de parentais masculinos e femininos da população (t), razão sexual (r); tamanho efetivo (N_e); porcentagem do tamanho efetivo em relação ao número total de parentais masculinos e femininos da população t^* ($N_e\%$), em duas populações de *Myracrodruon urundeuva* (TP-Bauru e TP-Sel).

EXP	Nm	Nf	M	F	v	u	t	r	D ₅	Ne	Ne(%)
TP-Bauru*	420	420	420	420	1,00	1,00	840	0,50	4,00	840	-
TP-Bauru**	420	420	350	247	0,83	0,59	597	0,41	5,40	443	52,74

EXP	Nm	Nf	M	F	v	u	t	r	D ₅	Ne	Ne(%)
TP-Sel*	420	420	420	420	1,00	1,00	840	0,50	4,00	840	-
TP-Sel**	420	420	339	239	0,81	0,57	578	0,41	5,49	421	50,12

Nota: *Na instalação do experimento (EXP), supondo 1♂:1♀ e **Avaliação no evento reprodutivo de 2018.

Fonte: Próprio autor.

A avaliação de testes de progênes de espécies nativas acima de 31 anos de idade, como do presente estudo, é praticamente inexistente na literatura. Dessa forma, os resultados foram importantes para: a) fornecer informações sobre as características de crescimento, adaptação e qualidade da madeira em *Myracrodruon urundeuva* em duas populações que se encontram em dois biomas distintos; b) sugerir medidas mais adequadas de manejo e arranjo experimental de plantio, para promover melhor arquitetura das plantas (aprimorar a forma do fuste); c) subsidiar avaliações da variabilidade genética e proporção sexual, a fim de se estabelecer no futuro a formação de um pomar de sementes melhoradas visando seleção para qualidade de madeira e conservação *ex situ* a longo prazo.

6 CONCLUSÃO

A formação dos testes de progênies de *Myracrodruon urundeuva* proveniente de populações naturais em Bauru-SP e Selvíria-MS permite conservar o material genético que ainda resta nestes biomas, com variabilidade genética suficiente para garantir a formação de novas populações.

As estimativas dos parâmetros genéticos apresenta base genética e as correlações genéticas positivas entre alguns caracteres sugerem ganhos indiretos, podendo ser otimizados a partir da seleção entre progênies em programas de melhoramento visando qualidade de madeira e futura formação de pomar de sementes, adaptadas às condições edafoclimáticas da região, para utilização em programas de restauração.

A presença de variabilidade genética possibilitou divisões de grupos entre as populações, em especial de Selvíria, sugerindo a permanência de algumas progênies, de modo que, tenha amostrado representantes de todos os grupos apresentados pelo método UPGMA.

Ambas as populações apresentaram proporções sexuais próximas ao esperado na natureza (1♂: 1♀) e tamanho efetivo suficiente para transformar os testes em pomares de sementes a longo prazo.

REFERÊNCIAS

- AGUIAR B. I.; FREITAS, M. L. M.; TAVARES, Y. R.; TAMBARUSSI, E. V.; ZANATTO B.; GANDARA, F. B.; PALUDETO, D. Y. B. O.; MORAES, M. L. T.; LONGUI, E. L.; ZANATA, M.; SEBBEN, A. M. Genetic control of silvicultural traits in *Balfourodendron riedelianum* (ENGL.) ENGL. **Sciendo**, Trujillo, v. 68, n. 1, p. 73-78, 2019.
- AUKAR, A. P. A.; LEMOS, E. G. M.; FREITAS, M. L. M.; SEBBEN, A. I. M.; MORAES, M. L. T. Variação genética em progênies de *Myracrodruon urundeuva* F.F. & M.F. Allemão em três sistemas de cultivo. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 30, n. 3, p. 319-329, 2006.
- BACHA, C. J. C. **Economia e política agrícola no Brasil**. 2. ed. São Paulo: Atlas, 2012. 226 p.
- BARROSO, L. P.; ARTES, R. **Análise multivariada**. Lavras: UFLA, 2003. 151 p.
- BRASIL. Ministério do Meio Ambiente. **Lei no 10.683, de 28 de maio de 2008**. Brasília, DF, 2008.
- BEECH, E.; RIVERS, M.; OLDFIELD, S.; SMITH, P. P. Global Tree Search: The first complete global database of tree species and country distributions. **Journal of Sustainable Forestry**, New York, v. 36, n. 5, p. 1-37, 2017. Doi: <http://dx.doi.org/10.1080/10549811.2017.1310049>.
- CAMBUIM, J. **Sistema silvipastoril com miracrodruon urundeuva f. all. como alternativa de sustentabilidade**. 2013. 92 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Ilha Solteira, 2013.
- CANUTO D. S. O.; SILVA, A. M.; FREITAS, M. L. M.; SEBBEN, A. M.; MORAES, M. L. T. Genetic Variability in *Myracrodruon urundeuva* (Allemão) Engl. Progeny Tests. **Open Journal of Forestry**, Irvine, v. 7, n. 1, p. 1-10, 2017.
- CANUTO, D. S. de O. **Diversidade Genética em populações de *Myracrodruon urundeuva* (F.F & M. F. Allemão) utilizando caracteres quantitativos**. 2009. 112 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Ilha Solteira, 2009. p. 112.
- CARVALHO, P. E. R. **Espécies florestais brasileiras: recomendações silviculturais, potencialidade e uso da madeira**. Colombo: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Centro Nacional de Pesquisas Florestais, 1994. 640 p.
- CENTRO NACIONAL DE CONSERVAÇÃO DA FLORA - CNCFlora. *Site*. Rio de Janeiro: CNCFlora, 2017. Disponível em: <http://cncflora.jbrj.gov.br/portal/>. Acesso em: 15 fev. 2017.
- CRONQUIST, A. **An integrated system of classification of flowering plants**. New York: Columbia University, 1981. p. 805-809.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: biometria**. [S. l.: s. n.], 2008. 585 p.

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 2005. 394 p.

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

ETTORI, L. C.; FIGLIOLIA, M. B.; SATO, A. S. Conservação ex situ dos recursos genéticos de espécies florestais nativas: situação atual no Instituto Florestal. *In*: HIGA, A. R.; SILVA, L. D. **Pomar de sementes de espécies florestais nativas**. Curitiba: FUPEF, 2006. p. 203-225.

EVANGELISTA, W.V. **Caracterização da madeira de clones de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. e *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake, oriunda de consórcio agrossilvipastoril**. 2007. 120 f. Dissertação (Mestrado em Ciência Florestal) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2007.

FERES, J. M. **Diversidade genética, sistema reprodutivo e fluxo de pólen em duas populações de *Tabebuia rósea-alba* (Ridl.) sand.**: implicações para conservação. 2009 142 f. Dissertação (Mestrado) – Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Ilha Solteira, 2009.

FIELD, D. L.; PICKUP, M.; BARRETT, S. C. H. Comparative analyses of sex-ratio variation in dioecious flowering. **Evolution**, Lancaster, v. 67, n. 3, p. 661–672, 2013.

FLORSHEIM, S. M. B. **Variações da estrutura anatômica e densidade básica da madeira de árvores de aroeira *Myracrodruon urundeuva* F.F. & M.F. Allemão (Anacardiaceae)**. 1992. 252 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1992.

FOELKEL, C. E. B.; BRASIL, M. A. M.; BARRICHELO, L. E. G. Métodos para determinação da densidade básica de cavacos para coníferas e folhosas. **IPEF**, Piracicaba, n. 2/3, p. 65-74, 1971.

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,

FREITAS, M. L. M.; AUKAR, A. P. A.; SEBBENN, A. M.; MORAES, M. L. T.; LEMOS, E. G. M. Variabilidade genética intrapopulacional em *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. por marcador AFLP. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 68, p. 21-28, 2005.

GAINO, A. P. S. C. **Diversidade genética, sistema de reprodução e fluxo de pólen e uma população fragmentada de *Myracrodruon Urundeuva* (F.F. & M. F. Allemão) para fins de conservação genética**. 2009. 134 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Ilha Solteira, 2009.

GUERRA, C. R. S. B. **Conservação genética Ex – Situ de populações naturais de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. em sistema silvipastoril.** 2008. 108 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Ilha Solteira, 2008.

INSTITUTO DE PESQUISAS TECNOLÓGICAS DO ESTADO DE SÃO PAULO – IPT. **Madeiras nacionais: tabelas de resultados de ensaios físicos e mecânicos.** São Paulo: IPT, 1956. (Boletim IPT, 31).

LACERDA, A. E.; NIMMO, E. R.; SEBBENN, A. M. Modelling the long-term impacts of logging on genetic diversity and demography of *Hymenaea courbaril*. **Forest Science**, Bethesda, v. 59, n. 1, p. 15-26, 2013.

LIMA, A. L. A. **Padrões fenológicos de espécies lenhosas e cactáceas em uma área do semi-árido do nordeste do Brasil.** 2007. 71 F. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2007.

LORENZI, H. **Árvores brasileiras:** manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil. Nova Odessa: Plantarum, 1992. 368 p.

LORENZI, H. **Ávores Brasileiras:** manual de Identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Braisl. 4. ed. Nova Odessa: Plantarum. São Paulo, 2002. 368 p.

MANOEL, R. O.; FREITAS, M. L. M.; BARRETO, M. A.; MORAES, M. L. T.; SOUZA, A. P.; SEBBEN, A. M. Development and characterization of 32 microsatellite loci in *Genipa americana* (Rubiaceae). **Plant Sciences**, St Louis, v. 2, n. 3, p. 3, 2014.

MANTEL, N. The detection of disease clusterin gand a generalize dregression approach. **Cancer Research**, Philadelphia, v. 27, n. 2, p. 209–220, 1967.

MARTINS, K.; SANTOS, W. S. D. dos; QUADROS, T. M. C.; AGUIAR, A. V.; MACHADO, J. A. R.; SEBBEN, A. M.; FREITAS, M. L. M. G. Genetic variation and effective population size of a *Myracrodruon urundeuva* (Engler) FR. Allem. provenance and progeny test. **Journal of Forest Research**, Abingdon, v. 23, n. 4, p. 228-236, 2018.

MEDEIROS, A. C. de S. **Comportamento fisiológico, conservação de germoplasma a longo prazo e previsão de longevidade de sementes de aroeira (*Astroniun urundeuva* (Fr. All.) Engl.)** 1996. 127 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 1996.

MELO, J. T. **Aroeira:** características e aspectos silviculturais. Planaltina: Embrapa, 1991. 10. p.

MINAYO, M. C. S. Ciência, técnica e arte: o desafio da pesquisa social. *In*: DESLANDES, S. F.; GOMES, R.; CRUZ NETO, O.; MINAYO, M. C. (org.) **Pesquisa social: teoria, método e criatividade.** Petrópolis: Vozes, 1994.

MIZUMOTO, C.N. **O cerrado e o seu brilho**. São Paulo: Caramuru, 2009. 429 p.

MOJENA, R. Hierárquical grouping method and stopping rules: na evaluation. **The Computer Journal**, Oxford, v. 20, p. 359-363, 1977.

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

MORAES, M. A.; GAINO, A. P. S.; MORAES, M. L. T.; FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M. Estimating coancestry within open-pollinated progenies of a dioecious species: the case study of *Myracrodruon urundeuva*. **Silvae Genetica**, Warsaw, v. 61, n. 6, p. 256-264, 2012.

MORAES, M.A; VALÉRIO FILHO, W.V.; RESENDE, M. D.V; SILVA, MARQUES, A.; MANOEL, R.O.; FREITAS, M.L.M.; MORAES, M.L.T.; SEBBEN, A.M. Produtividade, estabilidade e adaptabilidade em progênies de *Myracrodruon Urundeuva* F.F. & M.F. Allemão – Anacardiaceae. **Scientia Florestalis**, Piracicaba, n. 93, v. 40, p. 69-76, 2012.

MORAES, M. L. T. **Variabilidade genética por isoenzimas e caracteres quantitativos em duas populações naturais de aroeira *Myracrodruon urundeuva* F.F. & M.F. Allemão – Anacardiaceae (Syn: *Astronium urundeuva* (Fr. Allemão) Engler)**. 1992. 139 f. Dissertação (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura, “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1992.

MORAES, M. L. T.; KAGEYAMA, P. Y.; SEBBEN, A. M. Diversidade e estrutura genética espacial em duas populações de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. sob diferentes condições antrópicas. **Revista árvore**, Viçosa, MG, v. 29, n. 2, p. 281-289, 2005.

MORAES, M. L. T.; TUNG, E. S. C.; FREITAS, M. L. M.; FLORSHEIM, S. M. B.; LIMA, I. L.; LONGUI, E. L.; SEBBENN, A. M. Variações Genéticas para caracteres silviculturais e anatômicas da madeira em progênies de *Myracrodruon urundeuva* (Engler) Fr. Allem. **Scientia Florestalis**, Piracicaba, v. 38, n. 87, p. 499-508, 2010.

MORAES, M. A. de; VALÉRIO FILHO, W. V.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, A. M.; MANOEL, R. de O.; FREITAS, M. L. M.; MORAES, M. L. T. de; SEBBEN, A. M. Produtividade, estabilidade e adaptabilidade em progênies de *Myracrodruon Urundeuva* F.F. & M.F. Allemão – Anacardiaceae. **Scientia Florestalis**, Piracicaba, n. 93, v. 40, p. 69-76, 2012.

NASS, L. L. Utilização de recursos genéticos vegetais no melhoramento. *In*: **Recursos genéticos e melhoramento**: plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001.

NUNNEY, L.; CAMPBELL, K. A. Assessing minimum viable population size: Demography meets population genetics. **Trends in Ecology and Evolution**, Cambridge, v. 8, n. 7, p. 234-239, 1993.

PAGLIARINI, M. K.; KONRAD, E. C. G.; SILVA, F. C.; SILVA, M. S. C.; MOREIRA J. P.; SATO, A. S.; MACHADO, J. A. R.; FREITAS, M. L. M.; AGUIAR, A. V.; MORAES, M. L. T.; SEBBEN, A. M. Variação genética em caracteres de crescimento em progênies de *Dipterys alata* Vog. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 44, p. 925-935, 2016.

PEREIRA, B. L. C. et. al. Correlações entre a relação Cerne/Alburno da madeira de eucalipto, rendimento e propriedades do carvão vegetal. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, Piracicaba, v. 41, n. 98, p. 217-225, 2013.

PIMENTEL GOMES, F.; GARCIA, C. H. **Estatística aplicada a experimentos agrônômicos e florestais**. Esalq: FEALQ, 2002. 309 p.

PRADO JÚNIOR, C. **História econômica do Brasil**. 43 ed. São Paulo: Brasiliense, 2008. 365 p.

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

RESENDE, M.; SOUZA, S. M.; HIGA, A. R.; STEIN, P. P. **Study of genetic variation and selection methods in acacia mearnsii progeny test in Rio Grande do Sul**. [S. l.: s. n.], 1991. p. 45-59 (Boletim de Pesquisa Florestal, 22)

RESENDE, M. D. V.; SIMEÃO, R. M., STURION, J. A. Fundamentos de genética de populações para conservação de germoplasma da erva mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.). In: CONGRESSO SUL-AMERICANO DA ERVA-MATE; REUNIÃO TÉCNICA DO CONE SIL SOBRE A CULTURA DA ERVA-MATE, 2. 1997, Curitiba. **Anais [...]** Colombo: Embrapa-CNPQ, 1997. p. 173-207.

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. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 561 p.

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

RESENDE, M. D. V. Software Selegen – REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 16, p. 330-339, 2016.

RIBEIRO, F. A.; FILHO, J. Z. Variação da densidade básica da madeira em espécies/procedências de *Eucalyptus* spp. **IPEF**, Piracicaba, n. 46, p. 76-85, 1993.

RIBEIRO, J. H. Durável além de uma vida. **Globo Rural**, Rio de Janeiro, v. 5, n. 49, p. 85-90, 1989.

RIZZINI, C. T. **Árvores e madeiras úteis do Brasil: manual de dendrologia brasileira**. São Paulo: Edgard Bücher, 1971. 294 p.

RODRIGUES, E. **Ecologia da Restauração**. Londrina: Planta, 2013. 300 p.

ROSSI, M. **Mapa pedológico do Estado de São Paulo**: revisado e ampliado. São Paulo: Instituto Florestal, 2017. 118 p. (incluiMapas).

SANT'ANA, V. Z. **Proporção sexual em populações de *Myracrodruon urundeuva* para fins de formação de pomares de sementes por mudas**. 2017. 64 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Ilha Solteira, 2017.

SANT'ANA, V. Z. Proporção sexual em populações de *myracrodruon urundeuva* para fins de formação de pomares de sementes por mudas. 2017. 64 f. Dissertação (Mestrado Sistema de Produção) - Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2017.

SANTIN, D. A. **Revisão taxonômica do gênero *Astronium* Jacq e revalidação do gênero *Myracrodruon* Fr. Allem (*Anacardiaceae*)**. 1989. 196 f. Tese (Doutorado) – Instituto de Biologia – Universidade Estadual de Campinas, Campins, 1989.

SANTIN, D. A.; LEITÃO FILHO, H. de F. Restabelecimento e revisão taxonômica do gênero *Myracrodruon* Freire Allemão (*Anacardiaceae*). **Revista Brasileira Botânica**, São Paulo, v. 14, n. 2, p. 133-145, 1991.

SANTOS, H. G.; JACOMINE, P. K. T.; ANJOS, L. H. C.; OLIVEIRA, V. A.; OLIVEIRA, J. B.; COELHO, M. R.; LUMBRELAS, J. F.; CUNHA, T. J. F.; ALMEIDA, J. A. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. 3. Ed. Brasília: Embrapa, 2013. 353 p.

SANTOS, M. **O Brasil: território e sociedade no início do século XXI**. 10. ed. Rio de Janeiro: Record, 2008. 476 p.

SCHEFFER-BASSO, S. M.; ORSATO, J.; MORO, G. V.; ALBUQUERQUE, A. C. S. Divergência genética em germoplasma de aveias silvestres com base em caracteres multicategóricos e quantitativos. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 59, n. 5, p. 654-667, 2012.

SEBBEN, A. M.; ETTORI, L.C. Conservação genética *ex situ* de *Esenbeckia leiocarpa*, *myracrodruon urundeuva* e *Peltophorum dubium* em testes de progênes misto. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 13, n. 2, p. 201-211, 2001.

SEBBENN, A. M.; FREITAS, M. L. M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAES, E.; MORAES, M. A. Comportamento da variação genética entre e dentro de procedências e progênes de *Gallesia integrifolia* Vell. Moq. Para caracteres quantitativos. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 21, n. 2, p. 151-163, 2009.

SEBBENN, A. M.; DEGEN, B.; AZEVEDO, V. C. R.; SILVA, M. B; LACERDA, A. E.; CIAMPI, A. Y.; KANASHIRO, M.; CARNEIRO, F.; TOMPSON, I.; LOVELESS, L. D. Modelling the long-term impacts of selective logging on genetic diversity and demographic structure of four tropical tree species in the Amazon Forest. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 254, n. 2, p. 335-349, 2008.

SILVA, G. A. P.; GOUVÊA, L. R. L.; VERARDI, C. K.; RESENDE, M. D. V.; SCALOPPI JUNIOR, J. E.; GONÇALVES, O. P. Parâmetros genéticos e da correlação em ciclos de medição início em seringueiras. **Euphytica**, Dordrecht, v. 189, 2012, 625-634.

SILVA, L. L. H.; OLIVEIRA, E.; CALEGARI, L.; PIMENTA, M. C.; DANTAS, M. K. L. Características Dendrométricas, Físicas e Químicas da *Myracrodruon urundeuva* e da *Leucaena leucocephala*. **Floresta e Ambiente**, Rio de Janeiro, v. 24, p. 1-8, 2017.

SINCLAIR, J. P.; EMLLEN, J.; FREEMAN, D. C. Biased sex ratios in plants: theory and trends. **Botanical Review**, New York, v. 78, n. 1, p. 66-86, 2012.

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

SOKAL, R.R.; ROHLF, F.J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, Weinheim, v. 11, n. 1, p. 30-40, 1962.

SOUZA, V. C.; LORENZI, H. **Botânica Sistemática**: guia ilustrado para identificação das famílias de angiospermas da flora brasileira, baseado em APG II. Nova Odessa: Plantarum, 2005. 640 p.

STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V. **Avaliação do delineamento experimental utilizado em teste de progênie de erva-mate**. Rio de Janeiro: Embrapa Florestas, 2010. 4 p.

TUNG; E. S. C.; FREITAS; M. L. M.; FLORSHEIM, S. M. B.; LIMA, I. L.; LONGUI, E. L.; MORAES, M. L. T.; SANTOS, F. W.; SEBBENN, A. M. VARIAÇÃO, DIVERGÊNCIA E CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE CARACTERES SILVICULTURAIS E DENSIDADE BÁSICA DA MADEIRA EM PROGÊNIES DE *Myracrodruon urundeuva* (Engler) Fr. Allem. **Revista do Instituto Florestal**, Sao Paulo, v. 23, n. 1, p. 1-12, 2011.

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE CAMPINAS - UNICAMP. Centro de Pesquisa Meteorológica e Climáticas Aplicadas a Agricultura. *Site*. Campinas: UNICAMP, 2018. Disponível em: <https://www.cpa.unicamp.br/>. Acesso em: 19 ago. 2018.

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP. Faculdade de Engenharia. **Canal CLIMA da UNESP Ilha Solteira**: área de Hidráulica e Irrigação. Ilha Solteira: UNESP, 2018. Disponível em: <http://clima.feis.unesp.br/>. Acesso em: 19 ago. 2018.

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

VENCOVSKY, R.; CHAVES, L. J.; CROSSA, J. Variance effective population size for dioecious species. **Crop Science**, Madison, v. 52, n. 1, p. 79-90, 2012.

VIEGAS, M. P. **Diversidade genética em populações de *Myracrodruon Urundeuva* Fr. All., sob diferentes tipos de perturbações antrópicas.** 2009. 69 f. Dissertação (Mestrado) – Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Ilha Solteira, 2009.

WILLIAMS, R. **O campo e a cidade.** São Paulo: Cia das letras, 1988. 34 p.

XAVIER, F. C. **Nosso lar.** [S. l.: s. n.], 1944. 281 p.

YOKOMIZO, G. K.; FARIAS NETO, J. T.; OLIVEIRA, M. S. P. Dissimilaridade morfológica entre progênies de açaizeiro provenientes de Anajás – PA. **Revista de Ciências Agrárias**, Jaboticabal, v. 60, n. 4, p. 343-349, 2017.

ANEXO A – INFORMATIVO DE CORTE DE REFLORESTAMENTO

	GOVERNO DO ESTADO DO MATO GROSSO DO SUL SECRETARIA DE ESTADO DE MEIO AMBIENTE, DESENVOLVIMENTO ECONÔMICO, PRODUÇÃO E AGRICULTURA FAMILIAR - SEMAGRO
INFORMATIVO DE CORTE DE REFLORESTAMENTO	
INF Nº: _____	PROCESSO Nº: 00487/2019
DADOS DO REQUERENTE E DO IMÓVEL:	
<i>Requerente:</i> UNIVER. ESTADUAL PAULISTA JÚLIO DE MESQUITA FILHO	
<i>CPF/CNPJ:</i> 48.031.918/0015-20	
<i>Imóvel:</i> FAZENDA DE ENSINO, PESQUISA E EXTENSÃO - CERRADO	
<i>Município:</i> SELVIRIA	
<i>Dados de Posse Não Cartorais:</i> Não existentes	
<i>Cartório:</i> C.R.I. DE TRÊS LAGOAS	<i>Matrícula:</i> 33308
<i>Comarca:</i> TRES LAGOAS / MS	<i>Área Registrada:</i> 344,5353 ha
<i>Bacia(s)/UPG:</i> PARANÁ	
<i>Área Total do Imóvel (Georreferenciada):</i> 348,6881 ha	<i>Espécie:</i> Astronium Urundeuva
<i>Área de Efetivo Plantio:</i> 1,5000 ha	<i>Volumetria Total do Corte:</i> 12,0000 m³
<i>Área Autorizada do Corte:</i> 0,3000 ha	<i>Volumetria Total Aprovada do CCRF:</i> 12,0000 m³
<i>Tipo de Corte:</i> Desbaste Seletivo	<i>Porcentagem de Corte:</i> 20,00 %
DADOS DO RESPONSÁVEL TÉCNICO:	
<i>Nome:</i> MARIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES MORAES	<i>Profissão:</i> PROFESSOR UNIVERSITÁRIO
	<i>CREA:</i> 0600758874
LOCAL E DATA:	

- Deverão ser observadas as seguintes condições:

- Este Informativo deverá ser mantido na propriedade/obra para eventual fiscalização;
- É proibido o transporte de material lenhoso nativo sem o Documento de Origem Florestal - DOF;
- Proprietários de imóveis rurais no Estado de Mato Grosso do Sul deverão realizar junto ao IMASUL/SEMAGRO/MS o Cadastro Ambiental Rural - CAR, conforme dispõe o Decreto nº 13.977, de 05 de junho de 2014 e Portaria MMA Nº 100 de 04 de maio de 2015;
- O empreendedor que utiliza água deverá obrigatoriamente efetuar o Cadastro Estadual de Usuários de Recursos Hídricos - CEURH, no sistema SIRIEMA www.imasul.ms.gov.br, conforme Decreto Nº 13.397, de 22 de Março de 2012 (gratuito);
- O empreendedor usuário de recursos hídricos que se enquadre nos critérios estabelecidos na Resolução CERH/MS nº 25, de 03 de março de 2015, deverá requerer junto ao IMASUL/SEMAGRO/MS, a outorga de direito de uso dos recursos hídricos, em atendimento à Lei Estadual nº 2.406, de 29 de janeiro de 2002, Decreto nº 13.990, de 2 de julho de 2014 e Resolução SEMADE nº 21 de 27 de novembro de 2015;
- Mediante decisão motivada, esta Licença/Autorização poderá ser suspensa e/ou cancelada, sem prejuízo da adoção das outras medidas punitivas administrativas e judiciais, quando ocorrer:
 - I - Violação ou inadequação de quaisquer das condicionantes descritas ou normas legais;
 - II - Omissão ou falsa descrição das informações relevantes que subsidiaram a concessão da licença/autorização;
 - III - Superveniência de graves riscos ambientais, à saúde e ao interesse público e social;
 - IV - Determinação judicial constante de sentença, alvará ou mandado.
- As condicionantes descritas nesta Licença/Autorização poderão ser modificadas mediante decisão motivada deste Instituto;
- A suspensão ou cancelamento desta Licença/Autorização não constitui prejuízo à adoção de medidas administrativas punitivas e judiciais cabíveis ao empreendedor e/ou ao responsável técnico;

INSTITUTO DE MEIO AMBIENTE DE MATO GROSSO DO SUL - IMASUL



0000000000000000

ANEXO B - ANÁLISE DE REGRESSÃO DO TESTE DE PROGÊNIES DE MYRACRODRUON URUNDEUVA DA POPULAÇÃO DE BAURU E SELVÍRIA

```
=====
EQUAÇÃO GERAL
=====
```

Call:

lm(formula = DBM ~ ALT + DAP)

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-0.34378	-0.04386	-0.01088	0.02254	0.33979

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	0.600623	0.027834	21.579	<2e-16 ***
ALT	0.002794	0.003526	0.792	0.429
DAP	0.003773	0.002330	1.619	0.107

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.08876 on 163 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.04286, Adjusted R-squared: 0.03112
F-statistic: 3.649 on 2 and 163 DF, p-value: 0.02815

```
=====
EQUAÇÕES POR FAMILIAS
=====
```

```
[1] "====="
```

```
[1] "Familia = 1 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
```

```
[1] "====="
```

Start: AIC=-44.19
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- DAP[f]	1	0.0037209	0.037786	-45.257
<none>			0.034065	-44.190
- ALT[f]	1	0.0212861	0.055352	-41.821

Step: AIC=-45.26

DBM[f] ~ ALT[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
<none>			0.037786	-45.257
- ALT[f]	1	0.01921	0.056996	-43.558

Call:

lm(formula = DBM[f] ~ ALT[f])

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-0.151622	-0.004813	0.019372	0.023107	0.070372

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	0.35569	0.14763	2.409	0.0468 *
ALT[f]	0.02818	0.01494	1.886	0.1012

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.07347 on 7 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.337, Adjusted R-squared: 0.2423
F-statistic: 3.559 on 1 and 7 DF, p-value: 0.1012

```
[1] "=====
[1] "Familia = 2 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
Start: AIC=-26.84
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]
```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
<none>			0.025172	-26.843
- DAP[f]	1	0.025503	0.050675	-24.645
- ALT[f]	1	0.054375	0.079547	-21.939

Call:
lm(formula = DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f])

Residuals:

	1	2	3	4	5	6
	0.044644	0.000659	0.048225	-0.084418	0.078163	-0.087273

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	0.78027	0.25426	3.069	0.0546 .
ALT[f]	-0.12467	0.04897	-2.546	0.0843 .
DAP[f]	0.09555	0.05480	1.743	0.1796

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.0916 on 3 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.7057, Adjusted R-squared: 0.5095
F-statistic: 3.597 on 2 and 3 DF, p-value: 0.1596

```
[1] "=====
[1] "Familia = 3 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
Start: AIC=-39.15
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]
```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
<none>			0.0005994	-39.145
- DAP[f]	1	0.0039582	0.0045576	-31.002
- ALT[f]	1	0.0060352	0.0066346	-29.124

Call:
lm(formula = DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f])

Residuals:

	1	2	3	4	5
	-0.0125819	-0.0008014	0.0068396	-0.0103710	0.0169148

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	0.37960	0.05697	6.663	0.0218 *
ALT[f]	0.07318	0.01631	4.488	0.0462 *

DAP[f] -0.03654 0.01005 -3.634 0.0681 .

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.01731 on 2 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.9152, Adjusted R-squared: 0.8303
F-statistic: 10.79 on 2 and 2 DF, p-value: 0.08484

```
[1] "=====
[1] "Familia = 4 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
Start: AIC=-31.38
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]
```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- ALT[f]	1	0.004351	0.016171	-31.498
<none>			0.011820	-31.378
- DAP[f]	1	0.040123	0.051944	-24.496

Step: AIC=-31.5
DBM[f] ~ DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
<none>			0.016171	-31.498
- DAP[f]	1	0.13056	0.146735	-20.265

Call:
lm(formula = DBM[f] ~ DAP[f])

Residuals:

	1	2	3	4	5	6
	-0.0004562	0.0130676	0.0218149	0.0883146	-0.0711651	-0.0515759

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	0.485175	0.054163	8.958	0.000859 ***
DAP[f]	0.027016	0.004754	5.683	0.004733 **

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.06358 on 4 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.8898, Adjusted R-squared: 0.8622
F-statistic: 32.3 on 1 and 4 DF, p-value: 0.004733

```
[1] "=====
[1] "Familia = 5 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
Start: AIC=-39.29
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]
```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- DAP[f]	1	0.00037082	0.0035312	-40.627
<none>			0.0031604	-39.293
- ALT[f]	1	0.00148695	0.0046473	-38.979

Step: AIC=-40.63
DBM[f] ~ ALT[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- ALT[f]	1	0.0013261	0.0048573	-40.714
<none>			0.0035312	-40.627

Step: AIC=-40.71
DBM[f] ~ 1

Call:
lm(formula = DBM[f] ~ 1)

Residuals:

1	2	3	4	5	6
0.04733	-0.01567	0.03133	-0.02767	-0.01767	-0.01767

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	0.66767	0.01272	52.47	4.75e-08 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.03117 on 5 degrees of freedom

[1] "=====
[1] "Familia = 7 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
Start: AIC=-55.64
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- DAP[f]	1	0.00015239	0.0012011	-56.693
<none>			0.0010487	-55.643
- ALT[f]	1	0.00120946	0.0022582	-52.274

Step: AIC=-56.69
DBM[f] ~ ALT[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
<none>			0.0012011	-56.693
- ALT[f]	1	0.0010578	0.0022589	-54.272

Call:
lm(formula = DBM[f] ~ ALT[f])

Residuals:

1	2	3	4	5	6	7
-0.013681	-0.014788	0.001891	-0.002234	0.015390	0.021873	-0.008450

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	0.611410	0.028129	21.736	3.82e-06 ***
ALT[f]	0.005536	0.002638	2.098	0.0899 .

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.0155 on 5 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.4683, Adjusted R-squared: 0.3619
F-statistic: 4.403 on 1 and 5 DF, p-value: 0.08993


```
[1] "=====
[1] "Familia = 8 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
Start: AIC=-27.52
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]
```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
<none>		0.022495		-27.517
- ALT[f]	1	0.0095266	0.032022	-27.399
- DAP[f]	1	0.0121498	0.034645	-26.926

```
Call:
lm(formula = DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f])
```

```
Residuals:
 1      2      3      4      5      6
-0.07901 -0.01467 -0.01332  0.08733  0.07324 -0.05357
```

```
Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  1.07520    0.14126   7.611  0.00471 **
ALT[f]       -0.01341    0.01189  -1.127  0.34169
DAP[f]       -0.01455    0.01143  -1.273  0.29274
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
Residual standard error: 0.08659 on 3 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.6521,    Adjusted R-squared:  0.4202
F-statistic: 2.812 on 2 and 3 DF,  p-value: 0.2052
```

```
[1] "=====
[1] "Familia = 9 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
Start: AIC=-35.62
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]
```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- ALT[f]	1	0.00041565	0.044464	-37.540
- DAP[f]	1	0.00301585	0.047064	-37.086
<none>		0.044048		-35.615

```
Step: AIC=-37.54
DBM[f] ~ DAP[f]
```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- DAP[f]	1	0.0093418	0.053805	-38.015
<none>		0.044464		-37.540

```
Step: AIC=-38.01
DBM[f] ~ 1
```

```
Call:
lm(formula = DBM[f] ~ 1)
```

```
Residuals:
  Min      1Q  Median      3Q     Max
-0.09775 -0.05675 -0.01425  0.03850  0.13825
```

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	0.6877	0.0310	22.19	9.55e-08 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.08767 on 7 degrees of freedom

```
[1] "=====
```

```
[1] "Familia = 11 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
```

```
[1] "=====
```

Start: AIC=-27.56

DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- DAP[f]	1	0.00049308	0.0065757	-29.169
- ALT[f]	1	0.00199202	0.0080746	-28.142
<none>			0.0060826	-27.559

Step: AIC=-29.17

DBM[f] ~ ALT[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
<none>			0.0065757	-29.169
- ALT[f]	1	0.0067795	0.0133552	-27.626

Call:

lm(formula = DBM[f] ~ ALT[f])

Residuals:

	1	2	3	4	5
	-0.01071	0.03393	0.04502	-0.05597	-0.01227

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	0.789823	0.087394	9.038	0.00286 **
ALT[f]	-0.016880	0.009598	-1.759	0.17687

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.04682 on 3 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.5076, Adjusted R-squared: 0.3435

F-statistic: 3.093 on 1 and 3 DF, p-value: 0.1769

```
[1] "=====
```

```
[1] "Familia = 12 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
```

```
[1] "=====
```

Start: AIC=-38.12

DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- ALT[f]	1	0.00330	0.035507	-39.340
<none>			0.032207	-38.120
- DAP[f]	1	0.03339	0.065598	-34.429

Step: AIC=-39.34

DBM[f] ~ DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
<none>			0.035507	-39.340
- DAP[f]	1	0.030671	0.066178	-36.359

Call:
lm(formula = DBM[f] ~ DAP[f])

Residuals:

	Min	1Q	Median	3Q	Max
	-0.06350	-0.05323	-0.02350	0.02947	0.14487

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	0.511097	0.080931	6.315	0.000736 ***
DAP[f]	0.017251	0.007578	2.277	0.063097 .

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.07693 on 6 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.4635, Adjusted R-squared: 0.374
F-statistic: 5.183 on 1 and 6 DF, p-value: 0.0631

[1] "=====
[1] "Familia = 14 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
Start: AIC=-17.21
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- DAP[f]	1	0.0001987	0.048402	-19.188
- ALT[f]	1	0.0058656	0.054069	-18.635
<none>			0.048204	-17.209

Step: AIC=-19.19
DBM[f] ~ ALT[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- ALT[f]	1	0.0065796	0.054982	-20.551
<none>			0.048402	-19.188

Step: AIC=-20.55
DBM[f] ~ 1

Call:
lm(formula = DBM[f] ~ 1)

Residuals:

	1	2	3	4	5
	0.188	0.034	-0.055	-0.056	-0.111

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	0.68200	0.05243	13.01	0.000202 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.1172 on 4 degrees of freedom

```
[1] "=====
[1] "Familia = 15 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
Start: AIC=-44.96
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]
```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- ALT[f]	1	0.00001529	0.0048409	-46.936
<none>			0.0048256	-44.958
- DAP[f]	1	0.00190551	0.0067311	-44.628

```
Step: AIC=-46.94
DBM[f] ~ DAP[f]
```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
<none>			0.0048409	-46.936
- DAP[f]	1	0.01076	0.0156014	-40.744

```
Call:
lm(formula = DBM[f] ~ DAP[f])
```

```
Residuals:
 1    2    3    4    5    6    7
-0.057728  0.020832  0.016744  0.004472  0.019188  0.012383 -0.015891
```

```
Coefficients:
      Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  0.561536   0.032548  17.252 1.2e-05 ***
DAP[f]       0.007109   0.002132   3.334 0.0207 *
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
Residual standard error: 0.03112 on 5 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.6897,    Adjusted R-squared:  0.6277
F-statistic: 11.11 on 1 and 5 DF, p-value: 0.02069
```

```
[1] "=====
[1] "Familia = 17 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
Start: AIC=-38.78
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]
```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- DAP[f]	1	0.0010623	0.0045030	-39.169
<none>			0.0034407	-38.783
- ALT[f]	1	0.0052947	0.0087354	-35.193

```
Step: AIC=-39.17
DBM[f] ~ ALT[f]
```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
<none>			0.004503	-39.169
- ALT[f]	1	0.0082385	0.012741	-34.928

```
Call:
lm(formula = DBM[f] ~ ALT[f])
```

Residuals:

1	2	3	4	5	6
0.034403	-0.014940	-0.016308	0.031824	0.007063	-0.042043

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	0.505837	0.047721	10.600	0.000448 ***
ALT[f]	0.013947	0.005156	2.705	0.053803 .

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.03355 on 4 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.6466, Adjusted R-squared: 0.5582
F-statistic: 7.318 on 1 and 4 DF, p-value: 0.0538

```
[1] "====="
```

```
[1] "Familia = 18 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
```

```
[1] "====="
```

Start: AIC=-44.17
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- ALT[f]	1	0.0000497	0.0002691	-45.148
<none>			0.0002194	-44.169
- DAP[f]	1	0.0048561	0.0050755	-30.464

Step: AIC=-45.15
DBM[f] ~ DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
<none>			0.0002691	-45.148
- DAP[f]	1	0.0053357	0.0056048	-31.968

Call:
lm(formula = DBM[f] ~ DAP[f])

Residuals:

1	2	3	4	5
-0.006440	0.008349	-0.008350	-0.002590	0.009030

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	0.495826	0.014256	34.780	5.23e-05 ***
DAP[f]	0.010135	0.001314	7.712	0.00453 **

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.009472 on 3 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.952, Adjusted R-squared: 0.936
F-statistic: 59.47 on 1 and 3 DF, p-value: 0.004532

```
[1] "====="
```

```
[1] "Familia = 19 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
```

```
[1] "====="
```

Start: AIC=-31.31
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
--	----	-----------	-----	-----

```
- ALT[f] 1 0.0010130 0.012970 -32.821
- DAP[f] 1 0.0017571 0.013714 -32.487
<none>          0.011957 -31.309
```

```
Step: AIC=-32.82
DBM[f] ~ DAP[f]
```

```
      Df Sum of Sq  RSS  AIC
- DAP[f] 1 0.0049075 0.017877 -32.896
<none>          0.012970 -32.821
```

```
Step: AIC=-32.9
DBM[f] ~ 1
```

Call:

```
lm(formula = DBM[f] ~ 1)
```

Residuals:

```
      1      2      3      4      5      6
-0.009667 -0.046667  0.080333 -0.035667  0.068333 -0.056667
```

Coefficients:

```
      Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  0.64267   0.02441   26.33 1.48e-06 ***
```

```
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Residual standard error: 0.0598 on 5 degrees of freedom

```
[1] "=====
[1] "Familia = 20 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
Start: AIC=-22.71
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]
```

```
      Df Sum of Sq  RSS  AIC
- DAP[f] 1 0.011356 0.061443 -23.488
<none>          0.050087 -22.715
- ALT[f] 1 0.029888 0.079975 -21.907
```

```
Step: AIC=-23.49
DBM[f] ~ ALT[f]
```

```
      Df Sum of Sq  RSS  AIC
<none>          0.061443 -23.488
- ALT[f] 1 0.031395 0.092838 -23.012
```

Call:

```
lm(formula = DBM[f] ~ ALT[f])
```

Residuals:

```
      1      2      3      4      5      6
-0.02966  0.09678  0.08971  0.06178 -0.02146 -0.19716
```

Coefficients:

```
      Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  0.95116   0.24874   3.824  0.0187 *
ALT[f]      -0.04010   0.02805  -1.430  0.2260
```

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.1239 on 4 degrees of freedom
 Multiple R-squared: 0.3382, Adjusted R-squared: 0.1727
 F-statistic: 2.044 on 1 and 4 DF, p-value: 0.226

```
[1] "=====
```

```
[1] "Familia = 22 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
```

```
[1] "=====
```

Start: AIC=-42.04
 DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
<none>			0.0019981	-42.044
- ALT[f]	1	0.018446	0.0204442	-30.091
- DAP[f]	1	0.022465	0.0244628	-29.014

Call:
 lm(formula = DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f])

Residuals:

	1	2	3	4	5	6
	0.0245592	-0.0249287	0.0203671	-0.0188795	0.0003502	-0.0014684

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	1.16213	0.11114	10.456	0.00187 **
ALT[f]	-0.07340	0.01395	-5.263	0.01337 *
DAP[f]	0.01516	0.00261	5.808	0.01016 *

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.02581 on 3 degrees of freedom
 Multiple R-squared: 0.9387, Adjusted R-squared: 0.8978
 F-statistic: 22.97 on 2 and 3 DF, p-value: 0.01518

```
[1] "=====
```

```
[1] "Familia = 23 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
```

```
[1] "=====
```

Start: AIC=-33.77
 DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
<none>			0.0017564	-33.770
- ALT[f]	1	0.0010879	0.0028444	-33.359
- DAP[f]	1	0.0063996	0.0081561	-28.092

Call:
 lm(formula = DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f])

Residuals:

	1	2	3	4	5
	0.01962	-0.01768	-0.02700	0.01535	0.00971

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	0.21786	0.09988	2.181	0.161

```
ALT[f] -0.01228 0.01104 -1.113 0.382
DAP[f] 0.04936 0.01829 2.699 0.114
```

Residual standard error: 0.02963 on 2 degrees of freedom
 Multiple R-squared: 0.9067, Adjusted R-squared: 0.8134
 F-statistic: 9.716 on 2 and 2 DF, p-value: 0.09332

```
[1] "=====
[1] "Familia = 24 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
Start: AIC=-38.33
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]
```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- ALT[f]	1	0.0034978	0.034859	-39.487
<none>			0.031362	-38.333
- DAP[f]	1	0.0164735	0.047835	-36.955

Step: AIC=-39.49
 DBM[f] ~ DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
<none>			0.034859	-39.487
- DAP[f]	1	0.031103	0.065962	-36.385

Call:
 lm(formula = DBM[f] ~ DAP[f])

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-0.057865	-0.033400	-0.020889	0.005146	0.163479

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	0.39123	0.12325	3.174	0.0192 *
DAP[f]	0.02656	0.01148	2.314	0.0600 .

 Signif. codes: 0 '****' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.07622 on 6 degrees of freedom
 Multiple R-squared: 0.4715, Adjusted R-squared: 0.3834
 F-statistic: 5.353 on 1 and 6 DF, p-value: 0.05996

```
[1] "=====
[1] "Familia = 25 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
Start: AIC=-43.32
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]
```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- DAP[f]	1	0.0009115	0.072997	-45.199
- ALT[f]	1	0.0142063	0.086292	-43.526
<none>			0.072085	-43.325

Step: AIC=-45.2
 DBM[f] ~ ALT[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
--	----	-----------	-----	-----

<none> 0.072997 -45.199
 - ALT[f] 1 0.018543 0.091540 -44.936

Call:
 lm(formula = DBM[f] ~ ALT[f])

Residuals:
 Min 1Q Median 3Q Max
 -0.098745 -0.055802 -0.000206 0.017509 0.223794

Coefficients:
 Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
 (Intercept) 0.36044 0.26984 1.336 0.218
 ALT[f] 0.03708 0.02601 1.426 0.192

Residual standard error: 0.09552 on 8 degrees of freedom
 Multiple R-squared: 0.2026, Adjusted R-squared: 0.1029
 F-statistic: 2.032 on 1 and 8 DF, p-value: 0.1918

[1] "=====
 [1] "Familia = 26 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
 [1] "=====
 Start: AIC=-56.41
 DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- ALT[f]	1	0.00001076	0.0087755	-58.397
- DAP[f]	1	0.00177426	0.0105390	-56.749
<none>			0.0087647	-56.408

Step: AIC=-58.4
 DBM[f] ~ DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- DAP[f]	1	0.0020134	0.0107889	-58.538
<none>			0.0087755	-58.397

Step: AIC=-58.54
 DBM[f] ~ 1

Call:
 lm(formula = DBM[f] ~ 1)

Residuals:
 Min 1Q Median 3Q Max
 -0.03689 -0.03489 -0.01689 0.04111 0.04611

Coefficients:
 Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
 (Intercept) 0.65289 0.01224 53.34 1.69e-11 ***

 Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.03672 on 8 degrees of freedom

[1] "=====
 [1] "Familia = 27 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"

[1] "=====

Start: AIC=-44.76

DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- ALT[f]	1	0.0018862	0.015927	-45.754
- DAP[f]	1	0.0020594	0.016100	-45.667
<none>		0.014040		-44.762

Step: AIC=-45.75

DBM[f] ~ DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- DAP[f]	1	0.00017493	0.016102	-47.666
<none>		0.015927		-45.754

Step: AIC=-47.67

DBM[f] ~ 1

Call:

lm(formula = DBM[f] ~ 1)

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-0.07925	-0.01800	0.00675	0.01275	0.08575

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	0.64525	0.01696	38.05	2.25e-09 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.04796 on 7 degrees of freedom

Análise de Regressão do Teste de progênies de *Myracrodruon urundeuva* da população de Selvíria.

=====

EQUAÇÃO GERAL

=====

Call:

lm(formula = DBM ~ ALT + DAP)

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-0.47711	-0.03550	-0.01037	0.04198	0.22380

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	0.636325	0.026663	23.865	<2e-16 ***
ALT	0.008151	0.004010	2.032	0.0440 *
DAP	-0.004582	0.002273	-2.016	0.0458 *

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.08786 on 137 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.03224, Adjusted R-squared: 0.01811

F-statistic: 2.282 on 2 and 137 DF, p-value: 0.1059

```
=====
EQUAÇÕES POR FAMÍLIAS
=====
```

```
[1] "=====
[1] "Familia = 1 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
Start: AIC=-31.21
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]
```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- ALT[f]	1	0.00025995	0.076655	-33.183
- DAP[f]	1	0.00086217	0.077257	-33.121
<none>			0.076395	-31.210

```
Step: AIC=-33.18
DBM[f] ~ DAP[f]
```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- DAP[f]	1	0.0046355	0.081290	-34.713
<none>			0.076655	-33.183

```
Step: AIC=-34.71
DBM[f] ~ 1
```

```
Call:
lm(formula = DBM[f] ~ 1)
```

```
Residuals:
  Min    1Q  Median    3Q   Max
-0.09750 -0.07050 -0.04100  0.03275  0.18850
```

```
Coefficients:
      Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  0.6935     0.0381   18.2 3.74e-07 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
Residual standard error: 0.1078 on 7 degrees of freedom
```

```
[1] "=====
[1] "Familia = 3 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
Start: AIC=-37.8
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]
```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- ALT[f]	1	0.00001968	0.013433	-39.792
- DAP[f]	1	0.00215942	0.015573	-38.757
<none>			0.013414	-37.802

```
Step: AIC=-39.79
DBM[f] ~ DAP[f]
```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- DAP[f]	1	0.0029217	0.016355	-40.414

<none> 0.013433 -39.792

Step: AIC=-40.41
DBM[f] ~ 1

Call:
lm(formula = DBM[f] ~ 1)

Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-0.093143 -0.022643 0.003857 0.037857 0.058857

Coefficients:
Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 0.63314 0.01973 32.09 6.09e-08 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.05221 on 6 degrees of freedom

[1] "=====
[1] "Familia = 4 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
Start: AIC=-47.56
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- ALT[f]	1	0.00052719	0.023944	-49.363
- DAP[f]	1	0.00213018	0.025547	-48.780
<none>		0.023417		-47.564

Step: AIC=-49.36
DBM[f] ~ DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- DAP[f]	1	0.0046172	0.028562	-49.776
<none>		0.023944		-49.363

Step: AIC=-49.78
DBM[f] ~ 1

Call:
lm(formula = DBM[f] ~ 1)

Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-0.081222 -0.054222 0.000778 0.049778 0.086778

Coefficients:
Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 0.63222 0.01992 31.74 1.06e-09 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.05975 on 8 degrees of freedom

```
[1] "=====
[1] "Familia = 6 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
Start: AIC=-32.91
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]
```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- ALT[f]	1	0.0000465	0.0092087	-34.876
<none>			0.0091623	-32.907
- DAP[f]	1	0.0041387	0.0133010	-32.670

```
Step: AIC=-34.88
DBM[f] ~ DAP[f]
```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
<none>			0.0092087	-34.876
- DAP[f]	1	0.0073501	0.0165588	-33.356

```
Call:
lm(formula = DBM[f] ~ DAP[f])
```

```
Residuals:
 1    2    3    4    5    6
-0.07083  0.04124  0.02351  0.01318  0.02595 -0.03304
```

```
Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  0.788469   0.058927  13.381  0.00018 ***
DAP[f]      -0.008633   0.004831  -1.787  0.14850
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
Residual standard error: 0.04798 on 4 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.4439,    Adjusted R-squared:  0.3048
F-statistic: 3.193 on 1 and 4 DF,  p-value: 0.1485
```

```
[1] "=====
[1] "Familia = 7 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
Start: AIC=-31.58
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]
```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- DAP[f]	1	0.00014351	0.011571	-33.506
- ALT[f]	1	0.00167117	0.013098	-32.762
<none>			0.011427	-31.581

```
Step: AIC=-33.51
DBM[f] ~ ALT[f]
```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- ALT[f]	1	0.0022306	0.013801	-34.448
<none>			0.011571	-33.506

```
Step: AIC=-34.45
DBM[f] ~ 1
```

```
Call:
```

lm(formula = DBM[f] ~ 1)

Residuals:

1	2	3	4	5	6
0.040333	0.001333	0.020333	0.006333	0.034333	-0.102667

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	0.63267	0.02145	29.5	8.4e-07 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.05254 on 5 degrees of freedom

```
[1] "=====
[1] "Familia = 8 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
Start: AIC=-30.36
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]
```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- ALT[f]	1	0.00007202	0.014084	-32.327
- DAP[f]	1	0.00125624	0.015268	-31.843
<none>			0.014012	-30.358

```
Step: AIC=-32.33
DBM[f] ~ DAP[f]
```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- DAP[f]	1	0.0019363	0.016020	-33.554
<none>			0.014084	-32.327

```
Step: AIC=-33.55
DBM[f] ~ 1
```

Call:

lm(formula = DBM[f] ~ 1)

Residuals:

1	2	3	4	5	6
0.103	-0.051	-0.036	0.007	-0.036	0.013

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	0.63400	0.02311	27.44	1.2e-06 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.0566 on 5 degrees of freedom

```
[1] "=====
[1] "Familia = 9 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
Start: AIC=-34.61
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]
```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
--	----	-----------	-----	-----

```
- ALT[f] 1 0.00007821 0.0015635 -36.351
- DAP[f] 1 0.00069543 0.0021807 -34.688
<none>          0.0014853 -34.608
```

```
Step: AIC=-36.35
DBM[f] ~ DAP[f]
```

```
      Df Sum of Sq  RSS  AIC
<none>          0.0015635 -36.351
- DAP[f] 1 0.0020137 0.0035772 -34.213
```

```
Call:
lm(formula = DBM[f] ~ DAP[f])
```

```
Residuals:
     1     2     3     4     5
-0.0134975 -0.0238990  0.0267352  0.0097211  0.0009402
```

```
Coefficients:
      Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  0.630885   0.022094  28.554 9.43e-05 ***
DAP[f]       0.003276   0.001666   1.966  0.144
```

```
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
Residual standard error: 0.02283 on 3 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.5629,    Adjusted R-squared:  0.4172
F-statistic: 3.864 on 1 and 3 DF, p-value: 0.1441
```

```
[1] "======"
[1] "Familia = 10 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "======"
Start: AIC=-30.88
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]
```

```
      Df Sum of Sq  RSS  AIC
- DAP[f] 1 9.6472e-07 0.012844 -32.880
- ALT[f] 1 2.3078e-06 0.012845 -32.879
<none>          0.012843 -30.880
```

```
Step: AIC=-32.88
DBM[f] ~ ALT[f]
```

```
      Df Sum of Sq  RSS  AIC
- ALT[f] 1 6.7057e-05 0.012911 -34.849
<none>          0.012844 -32.880
```

```
Step: AIC=-34.85
DBM[f] ~ 1
```

```
Call:
lm(formula = DBM[f] ~ 1)
```

```
Residuals:
     1     2     3     4     5     6
-0.026167 -0.068167  0.004833 -0.001167  0.003833  0.086833
```

```
Coefficients:
```

```

      Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 0.63417   0.02075  30.57 7.03e-07 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.05082 on 5 degrees of freedom

```

```

[1] "=====
[1] "Familia = 11 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
Start: AIC=-28.38
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]

```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- DAP[f]	1	0.0010372	0.0062019	-29.462
<none>			0.0051647	-28.377
- ALT[f]	1	0.0033129	0.0084777	-27.899

```

Step: AIC=-29.46
DBM[f] ~ ALT[f]

```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
<none>			0.0062019	-29.462
- ALT[f]	1	0.0036113	0.0098132	-29.167

```

Call:
lm(formula = DBM[f] ~ ALT[f])

```

```

Residuals:
    1    2    3    4    5
-0.028517  0.033600 -0.046508  0.045600 -0.004175

```

```

Coefficients:
      Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 0.766612   0.070495  10.875 0.00166 **
ALT[f]      -0.012221   0.009246  -1.322 0.27802
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

```

Residual standard error: 0.04547 on 3 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.368,    Adjusted R-squared:  0.1573
F-statistic: 1.747 on 1 and 3 DF,  p-value: 0.278

```

```

[1] "=====
[1] "Familia = 13 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
Start: AIC=-32.14
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]

```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- ALT[f]	1	0.00007077	0.0025030	-33.999
- DAP[f]	1	0.00064585	0.0030781	-32.964
<none>			0.0024322	-32.142

```

Step: AIC=-34
DBM[f] ~ DAP[f]

```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
--	----	-----------	-----	-----


```
<none>          0.0025030 -33.999
- DAP[f] 1 0.0019818 0.0044848 -33.082
```

```
Call:
lm(formula = DBM[f] ~ DAP[f])
```

```
Residuals:
    1     2     3     4     5
0.010933 -0.009644 -0.037028  0.029717  0.006023
```

```
Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 0.578338   0.047508  12.173 0.00119 **
DAP[f]      0.003870   0.002511   1.541 0.22092
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
Residual standard error: 0.02888 on 3 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.4419,    Adjusted R-squared:  0.2559
F-statistic: 2.375 on 1 and 3 DF,  p-value: 0.2209
```

```
[1] "=====
[1] "Familia = 15 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
Start: AIC=-22.97
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]
```

```
      Df Sum of Sq  RSS  AIC
- DAP[f] 1 0.00004463 0.015286 -24.951
- ALT[f] 1 0.00039509 0.015636 -24.838
<none>          0.015241 -22.966
```

```
Step: AIC=-24.95
DBM[f] ~ ALT[f]
```

```
      Df Sum of Sq  RSS  AIC
- ALT[f] 1 0.0066756 0.021961 -25.140
<none>          0.015286 -24.951
```

```
Step: AIC=-25.14
DBM[f] ~ 1
```

```
Call:
lm(formula = DBM[f] ~ 1)
```

```
Residuals:
    1     2     3     4     5
-0.1214  0.0196 -0.0024  0.0256  0.0786
```

```
Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 0.60740   0.03314  18.33 5.21e-05 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
Residual standard error: 0.0741 on 4 degrees of freedom
```

```
[1] "=====
[1] "Familia = 19 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
Start: AIC=-21.53
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]
```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
<none>			0.020309	-21.531
- DAP[f]	1	0.015974	0.036283	-20.629
- ALT[f]	1	0.024113	0.044423	-19.617

Call:
lm(formula = DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f])

Residuals:

	1	2	3	4	5
	-0.115305	0.013390	0.040284	-0.009884	0.071515

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	0.36472	0.34997	1.042	0.407
ALT[f]	0.05331	0.03459	1.541	0.263
DAP[f]	-0.02261	0.01803	-1.254	0.336

Residual standard error: 0.1008 on 2 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.5631, Adjusted R-squared: 0.1261
F-statistic: 1.289 on 2 and 2 DF, p-value: 0.4369

```
[1] "=====
[1] "Familia = 20 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
Start: AIC=-16.38
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]
```

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- ALT[f]	1	0.0026545	0.059499	-18.156
- DAP[f]	1	0.0161246	0.072969	-17.136
<none>			0.056845	-16.384

Step: AIC=-18.16
DBM[f] ~ DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- DAP[f]	1	0.023746	0.083245	-18.477
<none>			0.059499	-18.156

Step: AIC=-18.48
DBM[f] ~ 1

Call:
lm(formula = DBM[f] ~ 1)

Residuals:

	1	2	3	4	5
	0.0056	0.0566	-0.2494	0.1056	0.0816

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	0.0056	0.0056	1.000	0.333

(Intercept) 0.63340 0.06452 9.818 0.000603 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.1443 on 4 degrees of freedom

[1] "=====

[1] "Familia = 22 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"

[1] "=====

Start: AIC=-27.4

DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- DAP[f]	1	0.0003269	0.023271	-29.314
<none>			0.022944	-27.399
- ALT[f]	1	0.0114137	0.034358	-26.976

Step: AIC=-29.31

DBM[f] ~ ALT[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
<none>			0.023271	-29.314
- ALT[f]	1	0.019252	0.042523	-27.697

Call:

lm(formula = DBM[f] ~ ALT[f])

Residuals:

	1	2	3	4	5	6
	-0.09189	0.05617	0.06915	-0.06278	-0.02080	0.05015

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	0.75073	0.09463	7.933	0.00137 **
ALT[f]	-0.01999	0.01099	-1.819	0.14302

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.07627 on 4 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.4527, Adjusted R-squared: 0.3159

F-statistic: 3.309 on 1 and 4 DF, p-value: 0.143

[1] "=====

[1] "Familia = 24 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"

[1] "=====

Start: AIC=-31.45

DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- DAP[f]	1	0.00081683	0.012502	-33.042
- ALT[f]	1	0.00120775	0.012893	-32.857
<none>			0.011685	-31.447

Step: AIC=-33.04

DBM[f] ~ ALT[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- ALT[f]	1	0.00039514	0.012897	-34.855

<none> 0.012502 -33.042

Step: AIC=-34.85
DBM[f] ~ 1

Call:
lm(formula = DBM[f] ~ 1)

Residuals:
1 2 3 4 5 6
0.08967 -0.04133 0.02967 -0.01733 -0.02233 -0.03833

Coefficients:
Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 0.67233 0.02073 32.43 5.24e-07 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.05079 on 5 degrees of freedom

[1] "=====
[1] "Familia = 25 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
Start: AIC=-35.06
DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- ALT[f]	1	0.0019572	0.021810	-36.399
<none>		0.019852	-35.057	
- DAP[f]	1	0.0069806	0.026833	-34.948

Step: AIC=-36.4
DBM[f] ~ DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- DAP[f]	1	0.0051983	0.027008	-36.903
<none>		0.021810	-36.399	

Step: AIC=-36.9
DBM[f] ~ 1

Call:
lm(formula = DBM[f] ~ 1)

Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-0.0640 -0.0305 -0.0180 0.0000 0.1430

Coefficients:
Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 0.65700 0.02536 25.91 2.18e-07 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.06709 on 6 degrees of freedom

```
[1] "=====
[1] "Familia = 27 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
```

Start: AIC=-41.27

DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- ALT[f]	1	0.003038	0.024763	-42.223
<none>			0.021725	-41.270
- DAP[f]	1	0.051736	0.073461	-33.524

Step: AIC=-42.22

DBM[f] ~ DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
<none>			0.024763	-42.223
- DAP[f]	1	0.053471	0.078234	-35.020

Call:

lm(formula = DBM[f] ~ DAP[f])

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-0.08806	-0.03408	-0.01030	0.05377	0.07255

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	1.083699	0.100586	10.774	3.78e-05 ***
DAP[f]	-0.021695	0.006027	-3.599	0.0114 *

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.06424 on 6 degrees of freedom
 Multiple R-squared: 0.6835, Adjusted R-squared: 0.6307
 F-statistic: 12.96 on 1 and 6 DF, p-value: 0.01137

```
[1] "=====
[1] "Familia = 28 Modelo: DBM = b0 + b1*ALT+b2*DAP"
[1] "=====
```

Start: AIC=-25.34

DBM[f] ~ ALT[f] + DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- ALT[f]	1	0.0020224	0.27854	-27.279
- DAP[f]	1	0.0031765	0.27970	-27.241
<none>			0.27652	-25.344

Step: AIC=-27.28

DBM[f] ~ DAP[f]

	Df	Sum of Sq	RSS	AIC
- DAP[f]	1	0.0011614	0.27971	-29.241
<none>			0.27854	-27.279

Step: AIC=-29.24

DBM[f] ~ 1

Call:

lm(formula = DBM[f] ~ 1)

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-0.47167	-0.00067	0.04433	0.11533	0.13433

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	0.65467	0.06233	10.5	5.88e-06 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.187 on 8 degrees of freedom

APÊNDICE A - TABELAS

Tabela 11 - Estimativas de parâmetros estatísticos e genéticos para os caracteres: altura total das plantas (ALT), diâmetro a altura do peito (DAP), densidade básica da madeira (DBM), diâmetro médio de copa (DMC), forma do fuste (FOR) e relação cerne/alburno na base (RC/Ab) em um teste de progênie e procedências de *Myracrodruonurundeuva*, instalado em Selvíria-MS, aos 31 anos, para a população de Bauru-SP.

Estimativas	ALT	DAP	DBM	DMC	FOR	RC/Ab
	(m)	(cm)	(g cm ⁻³)	(m)		
$\hat{\sigma}_a^2$	0,980218	0,174046	0,012215	0,151956	0,001562	0,254397
$\hat{\sigma}_g^2$	0,246072	0,082519	0,003054	0,038689	0,000776	0,063609
$\hat{\sigma}_c^2$	0,985028	3,972584	0,001404	0,372881	0,051928	0,026059
$\hat{\sigma}_e^2$	5,104357	23,449930	0,007653	1,553202	0,480826	0,182860
$\hat{\sigma}_f^2$	6,335457	27,505033	0,012112	1,964772	0,533531	0,272528

Nota: $\hat{\sigma}_a^2$ variância genética aditiva; $\hat{\sigma}_g^2$: variância entre famílias, cujos componentes de variância genética aditiva e variância genética de dominância dependem da taxa de autofecundação (Resende, 2007b); $\hat{\sigma}_c^2$ variância ambiental entre parcelas; $\hat{\sigma}_e^2$ variância residual (ambiental+não aditiva); $\hat{\sigma}_f^2$ variância fenotípica individual.

Fonte: Próprio autor.

Tabela 12 - Estimativas de parâmetros estatísticos e genéticos para os caracteres: altura total das plantas (ALT), diâmetro a altura do peito (DAP), densidade básica da madeira (DBM), diâmetro médio de copa (DMC), forma do fuste (FOR) e relação cerne/alburno na base (RC/Ab) em um teste de progênies e procedências de *Myracrodruonurundeuva*, instalado em Selvíria-MS, aos 31 anos, para a população de Selvíria-MS.

Estimativas	ALT (m)	DAP (cm)	DBM (g cm ⁻³)	DMC (m)	FOR	RC/Ab
$\hat{\sigma}_a^2$	0,752402	0,195664	0,015129	0,174402	0,011661	0,167298
$\hat{\sigma}_g^2$	0,189594	0,091327	0,003782	0,043933	0,003312	0,041831
$\hat{\sigma}_c^2$	1,431025	4,347713	0,000923	0,191916	0,039831	0,042982
$\hat{\sigma}_e^2$	5,287820	23,608721	0,006498	1,291082	0,379995	0,155161
$\hat{\sigma}_f^2$	6,908439	28,047761	0,011203	1,526932	0,423138	0,239974

Nota: $\hat{\sigma}_a^2$ variância genética aditiva; $\hat{\sigma}_g^2$: variância entre famílias, cujos componentes de variância genética aditiva e variância genética de dominância dependem da taxa de autofecundação (Resende, 2007b); $\hat{\sigma}_c^2$ variância ambiental entre parcelas; $\hat{\sigma}_e^2$ variância residual (ambiental+não aditiva); $\hat{\sigma}_f^2$ variância fenotípica individual.

Fonte:

Tabela 13 - Estimativas de parâmetros estatísticos e genéticos para os caracteres: altura total das plantas (ALT), diâmetro a altura do peito (DAP), densidade básica da madeira (DBM), diâmetro médio de copa (DMC), forma do fuste (FOR) e relação cerne/alburno na base (RC/Ab) em um teste de progênies e procedências de *Myracrodruon urundeuva*, em Selvíria-MS, aos 31 anos, envolvendo as população de Bauru-SP e Selvíria-MS.

Estimativas	ALT (m)	DAP (cm)	DBM (g cm ⁻³)	DMC (m)	FOR	RC/Ab
$\hat{\sigma}_a^2$	0,659815	1,743572	0,001343	0,160662	0,019237	0,030186
$\hat{\sigma}_g^2$	0,305198	0,548199	0,001834	0,063721	0,005430	0,032017
$\hat{\sigma}_c^2$	0,305198	0,548199	0,001834	0,063721	0,005430	0,032017
$\hat{\sigma}_r^2$	0,002387	0,005263	0,000188	0,019651	0,012794	0,000134
$\hat{\sigma}_e^2$	5,989828	26,443772	0,007818	1,656619	0,466392	0,193317
$\hat{\sigma}_f^2$	6,602611	27,545433	0,011673	1,803711	0,490046	0,257486

Nota: $\hat{\sigma}_a^2$ variância genética aditiva; $\hat{\sigma}_g^2$: variância entre famílias, cujos componentes de variância genética aditiva e variância genética de dominância dependem da taxa de autofecundação (Resende, 2007b); $\hat{\sigma}_c^2$ variância ambiental entre parcelas; $\hat{\sigma}_r^2$ variância genética entre populações; $\hat{\sigma}_e^2$ variância residual (ambiental+não aditiva); $\hat{\sigma}_f^2$ variância fenotípica individual.

Nota: Próprio autor.

Tabela 14 - Índices utilizados nas equações de regressão nas estimativas da densidade básica da madeira a população de Bauru-SP: $DBM = b_0 + b_1.ALT + b_2.DAP$

Progênie	b0	b1	b2	R ²	n
1	0,0685483	-0,070404	0,0908175	0,66	9
2	0,1475861	0,1837654	-0,127806	0,39	6
3	0,5989176	-0,104528	0,0627518	0,12	6
4	-0,579371	0,0567487	0,0583933	0,94	6
5	1,7067391	-0,122146	0,007038	0,36	6
6
7	0,4439362	0,0705889	-0,050168	0,28	7
8	0,2964589	-0,039075	0,0651284	0,39	6
9	-0,705825	-0,018279	0,1371479	0,44	9
10
11	-0,077691	0,004293	0,0316243	0,24	5
12	-0,019591	0,0357466	0,0092453	0,05	8
13
14	-0,938777	-0,022181	0,1673974	0,88	5
15	0,5164881	-0,046565	0,0314785	0,53	7
16
17	1,0007583	0,0391099	-0,109575	0,69	5
18	-0,803461	0,0052102	0,1317854	0,89	5
19	-0,465982	0,0668398	0,0406578	0,39	6
20	-0,004689	0,1797299	-0,083348	0,07	6
21
22	0,567948	0,0009148	-0,009912	0,02	6
23	0,7622039	0,0235278	-0,05937	0,13	5
24	-0,025091	-0,052035	0,0992945	0,12	8
25	-0,149243	0,0632436	-0,001336	0,55	10
26	-0,984197	0,0187807	0,1359465	0,71	9
27	-0,436202	0,1260083	0,0013102	0,61	8
28

Tabela 15 - Índices utilizados nas equações de regressão nas estimativas da densidade básica da madeira para a população de Selvíria-MS:

$$DBM = b_0 + b_1.ALT + b_2.DAP$$

Progênes	b0	b1	b2	R ²	n
1	-0,361365	0,1324388	-0,051307	0,25	7
2
3	-0,21189	0,0476618	0,0104168	0,59	7
4	0,1354393	-0,036147	0,0453844	0,15	9
5
6	0,9783198	-0,070018	-0,018654	0,41	7
7	-1,341219	0,270076	-0,051248	0,98	6
8	-0,477709	0,0474659	0,0540904	0,89	6
9	-0,262497	0,0185364	0,0696893	0,18	5
10	-0,382166	0,1244467	-0,010204	0,51	6
11
12
13	-0,532001	0,0966605	0,0126136	0,64	5
14
15	-0,118785	0,1605883	-0,09136	0,95	5
16
17
18
19	-0,359726	-0,160323	0,2368252	0,67	5
20	-0,120848	0,0046372	0,0375568	0,84	5
21
22	-0,349245	0,0607884	0,0276752	0,68	6
23
24	-0,118275	0,0588336	0,0105468	0,21	6
25	-0,647628	0,0900548	0,0391547	0,23	7
26
27	-0,922643	0,0674903	0,0674661	0,67	8
28	-0,315889	-0,088346	0,1705935	0,61	9