



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
“JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
Campus de Ilha Solteira

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

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

VARIAÇÃO, PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO ENTRE E DENTRO
DE PROCEDÊNCIAS E PROGÊNIES DE *Handroanthus vellosi* (Toledo) Mattos

CAMILA MOREIRA BATISTA

Ilha Solteira - SP
Fevereiro/2012



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
“JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
Campus de Ilha Solteira

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

**“VARIÇÃO, PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO ENTRE E DENTRO
DE PROCEDÊNCIAS E PROGÊNIES DE *Handroanthus vellosi* (Toledo)
Mattos”**

CAMILA MOREIRA BATISTA

**ORIENTADOR: PROF. DR. MIGUEL LUIZ MENEZES FREITAS
CO-ORIENTADOR: PROF. DR. MÁRIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES**

Dissertação Apresentada à Faculdade
de Engenharia – UNESP – Campus
de Ilha Solteira, para a obtenção do
Título de Mestre em Agronomia.
Especialidade: Sistemas de Produção

**Ilha Solteira-SP
Fevereiro/2012**

FICHA CATALOGRÁFICA

Elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação
Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação da UNESP - Ilha Solteira.

B333v Batista, Camila Moreira.
 Variação, parâmetros genéticos e seleção entre e dentro de procedências e
 progênes de *Handroanthus Vellosoi* (Toledo) Mattos / Camila Moreira Batista. --
 Ilha Solteira : [s.n.], 2012
 81 f. : il.

 Dissertação (mestrado) – Universidade Estadual Paulista. Faculdade de
 Engenharia de Ilha Solteira. Especialidade: Sistemas de Produção, 2012

 Orientador: Miguel Luiz Menezes Freitas
 Co-orientador: Mário Luiz Teixeira de Moraes
 Inclui bibliografia

 1. Caracteres quantitativos. 2. Conservação *ex situ*. 3. Conservação genética.
 4. Recursos genéticos florestais. 5. Variabilidade genética.



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
CAMPUS DE ILHA SOLTEIRA
FACULDADE DE ENGENHARIA DE ILHA SOLTEIRA

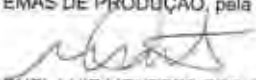
CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO: Variação, parâmetros genéticos e seleção entre e dentro de procedências e progênies de *Handroanthus vellosi* (Toledo) Mattos

AUTORA: CAMILA MOREIRA BATISTA

ORIENTADOR: Prof. Dr. MIGUEL LUIZ MENEZES FREITAS

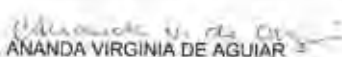
Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de MESTRE EM AGRONOMIA
Área: SISTEMAS DE PRODUÇÃO, pela Comissão Examinadora:


Prof. Dr. MIGUEL LUIZ MENEZES FREITAS

Divisão de Dasonomia - Horto Florestal - Instituto Florestal de São Paulo - São Paulo/Sp / Instituto Florestal de São Paulo


Prof. Dr. ALEXANDRE MAGNO SEBBENN

Instituto Florestal de São Paulo - Ifsp - Secret. do Meio Ambiente / Instituto de Botânica


Profa. Dra. ANANDA VIRGINIA DE AGUIAR

Embrapa Florestas

Data da realização: 09 de fevereiro de 2012.

DEDICO...

A Deus, Pai de amor, minha sustentação, minha eterna gratidão.

OFEREÇO...

À minha família Tânia (mami), Zezé (papi), Danilo,
Murilo e Luis (amor).

AGRADECIMENTOS

À FAPESP, pela bolsa de mestrado concedida,

Ao Programa de Pós Graduação em Sistema de Produção da Faculdade de Engenharia da Universidade Estadual Paulista, Campus Ilha Solteira, pela oportunidade da realização do curso de Mestrado,

Ao Prof. Dr Miguel Luiz Menezes Freitas, pela orientação, amizade, dedicação, auxílio, paciência e confiança,

Ao Prof. Dr. Mário Luiz Teixeira de Moraes, pela co-orientação, ensinamentos, conselhos e amizade,

Ao pesquisador Dr. Alexandre Magno Sebbenn, pelos importantes esclarecimentos de dúvidas no decorrer das análises estatísticas,

Ao professor Dr. Pedro César dos Santos, pelos ensinamentos, pela paciência e auxílio,

Aos professores relatores, Dr. Alexandre Magno Sebbenn e Dra. Ananda Virginia Aguiar pelo auxílio e esclarecimentos,

À Selma Maria Buzetti Moraes pelo carinho e preocupação,

Aos funcionários da Estação Experimental de Luiz Antônio, do Instituto Florestal,

Aos funcionários da seção de pós-graduação, em especial o Rafael, a Marcia e a Onilda,

À funcionária da Biblioteca Sandra, pelas correções e paciência,

À Érica, pela amizade, companheirismo e pelo auxílio desde o início,

Ao Luis, amor da minha vida, pelo apoio, companheirismo, paciência, exemplo, amor, dedicação, conselhos e sempre estar ao meu lado,

Aos meus amados pais, Tânia e Zezé por tudo desde sempre, amor incondicional, conselhos sempre sábios, força, paciência, exemplo e auxílio em todas as etapas da minha vida,

Aos meus irmãos Danilo e Murilo, por serem maravilhosos, pelo carinho dedicado sempre, pelas risadas e companheirismo incondicional,

Aos meus sogros, Helena e Beto, pelo apoio, amizade e força,

A todos os amigos, familiares e pessoas que se fizeram presentes, meus agradecimentos.

“Ainda que eu fale todas as línguas dos homens e dos anjos, se não tiver amor sou como o bronze que soa ou o sino que retine... mesmo que tivesse toda a fé a ponto de, transportar montanhas, se não tiver amor, não serei nada.”

Apóstolo Paulo

“Sábio é o ser humano que tem coragem de ir diante do espelho da sua alma para reconhecer seus erros e fracassos e utilizá-los para plantar as mais belas sementes no terreno de sua inteligência.”

Augusto Cury

VARIAÇÃO, PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE PROCEDÊNCIAS E PROGÊNIES DE *Handroanthus vellosi* (Toledo) Mattos

RESUMO

A intensa fragmentação dos habitats de ocorrência de *Handroanthus vellosi* (Toledo) Mattos já extinguiu grande parte das populações naturais da espécie. Essa exploração inadequada vem comprometendo sua capacidade de sobrevivência nesses ambientes naturais. Neste contexto, as finalidades deste trabalho são a conservação *ex situ*, avaliação da variabilidade e estimativa de parâmetros genéticos em teste de procedências e progênies de polinização aberta da espécie arbórea tropical *Handroanthus vellosi* por caracteres quantitativos. Mais especificamente, pretende-se estudar a herança de caracteres quantitativos, a correção entre estes caracteres e selecionar árvores superiores de *H. vellosi* em um teste de procedências e progênies para a produção de sementes com ampla variabilidade genética para fins de recuperação ambiental. O teste foi instalado na Estação Experimental de Luiz Antônio, do Instituto Florestal de São Paulo em 1986. O delineamento experimental adotado foi o de blocos de famílias compactas, com seis repetições, com subparcelas lineares de cinco plantas provenientes de duas procedências, 17 progênies de polinização aberta de Bebedouro e 18 de Mogi Guaçu, obedecendo ao espaçamento de 3 x 3 m. O ensaio foi mensurado aos 24 anos de idade para diâmetro à altura do peito, altura de planta, volume, forma do fuste e sobrevivência. Para as análises estatísticas foi utilizado o programa estatístico SAS. As estimativas da diferenciação genética entre e dentro de procedências e progênies indicou que a maior parte da variação genética se encontra entre progênies.

Os coeficientes de herdabilidade em nível de plantas individuais foram relativamente médios (variando de 10% a 14%), sugerindo possível potencial para a seleção massal no experimento. Em nível de média de progênies, para a população experimental, assumindo o sistema misto de reprodução, foram moderadamente altos (57% DAP, 63% altura, 57% forma do fuste, 56% volume e 67% sobrevivência), sendo possível o melhoramento genético por seleção e que as procedências possuem variação herdável para responder a pressão de seleção natural. Entretanto dentro de progênies os valores do coeficiente foram baixos para todos os caracteres estudados (variando de 0,04 a 0,08), sugerindo baixo potencial para a seleção dentro de progênies. De acordo com a estimativa do número *status*, o proposto pomar de sementes pode produzir sementes com variabilidade genética e baixa endogamia.

Palavras-chave: Caracteres quantitativos. Conservação *ex situ*. Conservação genética. Recursos genéticos florestais. Variabilidade genética.

**GENETIC AND VARIATION PARAMETERS SELECTION BETWEEN AND
WITHIN THE PROVENANCE AND PROGENIES *Handroanthus vellosi*
(Toledo) Mattos**

ABSTRACT

The intense fragmentation to of the habitat that *Handroanthus vellosi* (Toledo) Mattos occur has extinguished much of the natural populations of the species. This exploitation is inadequate, compromising their ability to survive in these natural environments. In this context, the purposes of this study was the *ex situ* conservation, evaluation and estimation of the genetic variability and parameters in a open-pollinated provenance and progeny test of the tropical tree species *Handroanthus vellosi*, based on quantitative traits. More specifically, we intend to study the inheritance of quantitative thaits, the correction between traits and to select superior trees of *H. vellosi* for to seed production with wide genetic variability for environmental remediation. The provenance and progeny test was established in 1986 at the Experimental Station of Luiz Antônio, São Paulo Forestry Institute. The trial was established in a compact family block desing with six replicates, linear plots of five plants, using two provenances, 17 families from Bebedouro and 18 from Mogi Guaçu. The spacing used was the 3 x 3 m. The test was measured at 24 years of age to diameter at breast height (DBH), plant height, volume, stem forma and survival. The statistical analysis was performed using the SAS program. The estimates of genetic differentiation between and within provenances and progenies indicated that most of the genetic variation is found among progenies. The estimates of heritability at the level of individual plants were substantial (ranging from 10 to 14%),

suggesting possible potential for mass selection in the trial. The heritability in level of average of families, assuming the mixed mating system model were moderately high (57% for DAP, 63% for high, 57% for stem form, 56% for volume and 67% for survival), indicating the possible genetic improvement by selection among families within provenances and that the populations potential to response to pressure from natural selection. However, the heritability within progenies for all traits were low (ranging from 4 to 8%), suggesting a low potential for massal selection within progenies. According to the estimate of the number status, the proposed seed orchard can produce seeds with high genetic variability and low inbreeding.

Keywords: Conservation genetics. *Ex situ* conservation. Forest genetic resources. Genetic variability. Quantitative traits.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1- Coeficiente de coancestria para diferentes cenários de seleção de progênies (20 a 35) e plantas por progênies (1 a 6) em teste de procedências e progênies de <i>Handroanthus vellosi</i>	60
Figura 2- Número <i>status</i> para diferentes cenários de seleção de progênies (20 a 35) e plantas por progênies (1 a 6) em teste de procedências e progênies de <i>Handroanthus vellosi</i>	61

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1- Esquema da análise de variância individual utilizado na análise de cada um dos caracteres quantitativos nas duas procedências de *Handroanthus vellosi*, tendo como fonte de variação: repetição (R), progênes (P) e repetição x progênes (R x P)...35
- Tabela 2- Esquema da análise de variância conjunta utilizado na análise de cada um dos caracteres quantitativos nas duas populações de *Handroanthus vellosi*, tendo como fonte de variação: repetição/população (R/PP), procedência (PR), progênes/procedência (P/PR) e o erro médio (E/PR).36
- Tabela 3- Quadrados médios e médias para os caracteres DAP, altura, forma do fuste, volume e sobrevivência em progênes de *Handroanthus vellosi*, procedência de Bebedouro, em Luiz Antônio, SP, aos 24 anos de idade, pela análise individual.43
- Tabela 4- Quadrados médios e médias para os caracteres DAP, altura, forma do fuste, volume e sobrevivência em progênes de *Handroanthus vellosi*, procedência de Mogi Guaçu, em Luiz Antônio, SP, aos 24 anos de idade, pela análise individual44
- Tabela 5- Quadrados médios e médias para os caracteres DAP, altura, forma do fuste, volume e sobrevivência em teste de procedências e progênes de *Handroanthus vellosi*, em Luiz Antônio, SP, aos 24 anos de idade, pela análise conjunta45
- Tabela 6- Valores das médias e do incremento médio anual (IMA) para as variáveis diâmetro a altura do peito (DAP), altura (Alt), forma (FF), volume (V) e sobrevivência (SOB) procedências e progênes de *Handroanthus vellosi* em Luiz Antônio, SP48
- Tabela 7- Estimativas de parâmetros genéticos para diâmetro à altura do peito, altura de planta, forma do fuste, volume e sobrevivência em progênes de *Handroanthus vellosi*

como meios- irmãos (MI) e como misturas de diferentes parentescos devido ao sistema misto de reprodução (SM), em Luiz Antônio, SP, para cada procedência	53
Tabela 8- Estimativas de parâmetros genéticos para diâmetro à altura do peito, altura de planta, forma do fuste, volume e sobrevivência em progênies de <i>Handroanthus vellosi</i> como meios- irmãos (MI) e como misturas de diferentes parentescos devido ao sistema misto de reprodução (SM), em Luiz Antônio, SP, para análise conjunta.....	54
Tabela 9- Resposta à seleção para DAP, altura, forma, volume e sobrevivência em teste de procedências e progênies de <i>Handroanthus vellosi</i> , aos 24 anos de idade, em Luiz Antônio, SP.....	57
Tabela 10- Estimativa do coeficiente de coancestria de grupo e número <i>status</i> antes e após a seleção para o conjunto das populações de <i>Handroanthus vellosi</i> em Luiz Antônio, SP.....	61
Tabela 11- Correlações genótípicas (r_g) e fenotípicas (r_f) entre os caracteres DAP e altura em teste de procedências e progênies de <i>Handroanthus vellosi</i> , aos 24 anos de idade, em Luiz Antônio, SP.....	62

LISTA DE APÊNDICE

Apêndice A – Estrutura da variância genética entre progênes dentro de procedência $\sigma_{p(pr)}^2$, variância ambiental σ_e^2 , variância fenotípica dentro de progênes

σ_d^2 , variância fenotípica total $\hat{\sigma}_F^2$, variância genética aditiva entre progênes σ_A^2 , assumindo sistema misto de reprodução, para os caracteres diâmetro a altura do peito, altura, forma do fuste, volume e sobrevivência, para a procedência Bebedouro de *Handroanthus vellosi*.....74

Apêndice B – Estrutura da variância genética entre progênes dentro de procedência $\sigma_{p(pr)}^2$, variância ambiental σ_e^2 , variância fenotípica dentro de progênes

σ_d^2 , variância fenotípica total $\hat{\sigma}_F^2$, variância genética aditiva entre progênes σ_A^2 , assumindo sistema meios-irmãos, para os caracteres diâmetro a altura do peito, altura, forma do fuste, volume e sobrevivência, para a procedência Bebedouro de *Handroanthus vellosi*.....75

Apêndice C – Estrutura da variância genética entre progênes dentro de procedência $\sigma_{p(pr)}^2$, variância ambiental σ_e^2 , variância fenotípica dentro de progênes

σ_d^2 , variância fenotípica total $\hat{\sigma}_F^2$, variância genética aditiva entre progênes σ_A^2 , assumindo sistema misto de reprodução, para os caracteres diâmetro a altura do peito, altura, forma do fuste, volume e sobrevivência, para a procedência Mogi Guaçu de *Handroanthus vellosi*.....76

Apêndice D – Estrutura da variância genética entre progênes dentro de procedência $\sigma_{p(pr)}^2$, variância ambiental σ_e^2 , variância fenotípica dentro de progênes

σ_d^2 , variância fenotípica total $\hat{\sigma}_F^2$, variância genética aditiva entre progênes σ_A^2 , assumindo sistema meios-irmãos, para os caracteres diâmetro a altura do peito, altura, forma do fuste, volume e sobrevivência, para a procedência Mogi Guaçu de *Handroanthus vellosi*.....77

Apêndice E – Estrutura da variância genética entre progênes dentro de procedência $\sigma_{p(pr)}^2$, variância ambiental σ_e^2 , variância fenotípica dentro de progênes

σ_d^2 , variância fenotípica total $\hat{\sigma}_F^2$, variância genética aditiva entre progênes σ_A^2 , assumindo sistema misto de reprodução, para os caracteres diâmetro a altura do peito, altura, forma do fuste, volume e sobrevivência, para população experimental de *Handroanthus vellosi*.....78

Apêndice F – Estrutura da variância genética entre progênes dentro de procedência $\sigma_{p(pr)}^2$, variância ambiental σ_e^2 , variância fenotípica dentro de progênes

σ_d^2 , variância fenotípica total $\hat{\sigma}_F^2$, variância genética aditiva entre progênes σ_A^2 , assumindo sistema meios-irmãos, para os caracteres diâmetro a altura do peito, altura, forma do fuste, volume e sobrevivência, para a população experimental de ipê do peito, altura, forma do fuste, volume e sobrevivência, para população experimental de *Handroanthus vellosi*.....79

Apêndice G – Croqui da área do experimento de <i>Handroanthus vellosi</i> , na Estação Experimental de Luiz Antônio, SP.....	80
Apêndice H – Análises química e física do solo da área do experimento de <i>Handroanthus vellosi</i> , na Estação Experimental de Luiz Antônio, SP.	81

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	19
1.1 OBJETIVOS	22
2. REVISÃO DE LITERATURA	23
2.1. <i>Handroanthus vellosi</i>	23
2.1.1. Descrição da espécie	24
2.1.2 Utilização e importância de <i>Handroanthus vellosi</i>	24
2.1.3 Aspectos ecológicos	25
2.2 Conservação genética <i>ex situ</i>	26
2.3. Pomares de sementes para restauração florestal	27
2.4 Melhoramento florestal	28
2.5 Testes de progênies	31
2.6 Caracteres e parâmetros genéticos quantitativos	31
3. MATERIAL E MÉTODOS	33
3.1 Local de Estudo	33
3.2. Amostragem e delineamento experimental	33
3.3 Análise de variância	34
3.4. Estimativa de parâmetros genéticos	37
3.5. Coancestria de grupo e número status	39
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	41
4.1 Experimentação e Variabilidade	41
4.2 Comportamento Silvicultural	46
4.3 Parâmetros genéticos	49
4.4 Respostas à seleção	55
4.5 Coancestria e Número Status	57
4.6 Correlações genéticas e fenotípicas	62
5. CONCLUSÕES	63

6. REFERÊNCIAS.....	64
7. APÊNDICE	74

1. INTRODUÇÃO

As florestas tropicais vêm sendo intensamente exploradas, parte pela voracidade de consumo dos seus produtos, para a geração de energia, para transformar a matéria prima em calor e alimentar fornos e parte para dar espaço para a agricultura moderna, que acaba dizimando áreas que deveriam estar cobertas por vegetação arbórea e que são essenciais, pois propiciam habitats e condições ambientais que suportam centenas de outras espécies vegetais e animais em um simples hectare (RAJORA; MOSSELER, 2001). A fragmentação dessas áreas tem causado grande impacto à biodiversidade, desequilibrando os ecossistemas, isolando os habitats, mudando o comportamento dos vegetais e dos animais, interferindo no fluxo gênico entre os fragmentos (KAGEYAMA, 2003), erodindo a variabilidade genética; e conseqüentemente reduzindo a densidade populacional, levando essas populações à extinção (PINTO et al., 2004).

Quando a floresta se torna fragmentada há uma diminuição no tamanho das populações e, conseqüentemente, na sua diversidade genética, no potencial evolutivo das populações arbóreas ali presentes tornando-as isoladas e vulneráveis a eventos ambientais, demográficos e genéticos (KAGEYAMA; GANDARA, 1998). Segundo Sebbenn (2002a), devem ser coletadas sementes de no mínimo 45 árvores matrizes, distantes pelo menos 100 metros ou duas vezes a altura da árvore para a formação de populações com um mínimo de variabilidade genética e potencial evolutivo e também para evitar a coleta de sementes de indivíduos aparentados. A estratégia de minimizar os efeitos dos processos de fragmentação dos ecossistemas naturais denomina-se restauração ecológica (KAGEYAMA; GANDARA, 1998), sendo fundamental para a sustentabilidade das espécies, a diversidade genética, pois fornece matéria-prima para

sobrevivência, evolução e adaptação das populações arbóreas (RAJORA; MOSSELLER, 2001). Todavia a ocorrência de perturbação antrópica pode levar à alteração da distribuição da variabilidade genética gerando estruturação genética espacial nas populações (MORAES et al., 2005).

A fragmentação florestal é o principal problema para a sobrevivência de indivíduos e populações de espécies arbóreas nativas. Essas populações merecem atenção, pois representam as fontes de sementes e propágulos mais adequadas para a recuperação ambiental. Como restam poucas áreas, as quais podem ser perdidas rapidamente por ação antrópica e catástrofes ambientais como, incêndios florestais, furacões, tornados etc., é fundamental adotar medidas para sua conservação *in situ* e *ex situ*, propagando esse material genético para o maior número possível de locais, procurando, garantir um maior tempo de sobrevivência para essas populações. Uma estratégia para multiplicar o material genético remanescente, com variabilidade genética, é pela coleta de sementes em árvores matrizes localizadas em fragmentos florestais e sua utilização para reflorestamentos ambientais. Assim, as populações atuais serão expandidas, e a base genética atual será ao menos mantida.

Handroanthus vellosi (Toledo) Mattos, sinonímia *Tabebuia vellosi* (Toledo), popularmente conhecida por ipê-amarelo, é uma espécie pertencente à família Bignoneaceae, utilizada no paisagismo pela beleza de suas flores e com propósitos de restauração de áreas degradadas, além disso, algumas espécies dessa família possuem substâncias que são usadas como produtos medicinais. Ocorre em grande parte do Brasil, desde o Estado da Bahia até o Rio Grande do Sul, Minas Gerais, Mato Grosso do Sul, Santa Catarina e São Paulo (LORENZI, 2008; CARVALHO, 1994).

A espécie é utilizada de forma predatória, pois o seu uso em escala comercial é pequeno e suas sementes ainda são colhidas em populações naturais. Não existem

programas de melhoramento genético quanto ao oferecimento de sementes melhoradas para fins comerciais, ou para se ter um banco de sementes, obedecendo às normas de coletas. Desta forma, as colheitas estão sendo realizadas sem conhecimento prévio de sua biologia reprodutiva, floral e variabilidade genética, sendo necessário, conhecer o habitat onde ocorrem as plantas a que se deseja estudar, realizar estudos ecológicos e genéticos, para se estabelecer práticas de conservação sustentável, adquirindo subsídios para os procedimentos de conservação *in situ* e também *ex situ*.

São estratégias da conservação *ex situ* escolher medidas para a recuperação e regeneração de espécies ameaçadas e para sua reintrodução em seu habitat em condições adequadas. Esse tipo de conservação proporciona a manutenção de genes ou complexos de genes em condições artificiais, fora do seu habitat. Podendo ser feita com coleções permanentes de pólen, sementes, culturas de tecidos ou coleções de plantas mantidas em campo, de acordo com as características da espécie e a disponibilidade de recursos materiais e humanos. Diversos problemas dificultam os programas de preservação e conservação de recursos genéticos, principalmente nos países não desenvolvidos. Os de ordem técnica são, muitas vezes, limitantes para grande número de espécies por serem de solução onerosa. Os problemas de natureza não técnica normalmente provocam solução de continuidade no sistema de conservação.

A transformação de testes combinados de procedências e progênies em pomares de sementes por mudas é um procedimento importante no melhoramento de árvores, inclusive as consideradas não industriais, e de múltiplo uso (HAUGERUD; COLLINSON, 1990; SIMONS, 1992). A seleção dos indivíduos nos testes de procedência, tem sido feita unicamente com base em características fenotípicas.

Para efetiva conservação genética de uma espécie, utiliza-se o conhecimento prévio de seu sistema de reprodução, estrutura e diversidade genética, no delineamento

de estratégias para a recombinação, amostragem e uso do material genético remanescente. Deste modo, as informações podem ser obtidas por meio do uso de marcadores genéticos, e no caso de espécies arbóreas, programas de conservação têm procurado dar ênfase à determinação dos níveis de variabilidade genética mantidos dentro e entre populações naturais, como forma de planejar o uso sustentável e a conservação *in situ* (KAGEYAMA, 1987).

1.1 OBJETIVOS

As finalidades deste trabalho são a conservação *ex situ*, avaliar a variabilidade e estimativa de parâmetros genéticos em teste de procedências e progênies de polinização aberta da espécie arbórea tropical *Handroanthus vellosi* por caracteres quantitativos. Mais especificamente, estudar a herança de caracteres quantitativos a correção entre estes caracteres e comparar as estimativas de herdabilidades e ganhos na seleção, utilizando o modelo misto de reprodução e o modelo de cruzamentos aleatórios Para selecionar árvores superiores de *H. vellosi* em um teste de procedências e progênies para a produção de sementes com ampla variabilidade genética para fins de recuperação ambiental.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. *Handroanthus vellosi*

H.vellosi (Toledo) Mattos pertence à família Bignoniaceae Juss. que é representada por cerca de 120 gêneros e 800 espécies arbóreas, arbustivas e trepadeiras, com distribuição pantropical e pronunciada ocorrência nos neotrópicos (SILVA; QUEIROZ, 2003; SOUZA; LORENZI, 2008). No Brasil a família possui apenas três tribos que se diferenciam pelo hábito da planta e pela morfologia do fruto, Bignonieae, Crescentieae e Tecomeae, sendo esta última a da espécie em estudo (BUREAU; SCHUMANN, 1897; GENTRY, 1980), embora o total seja de oito tribos. O Brasil apresenta alguns táxons endêmicos e é considerado o centro de diversidade da família, com 32 gêneros e 350 espécies ocorrendo em vários tipos de ambiente, desde o cerrado até florestas úmidas perenifólias (GENTRY, 1980; SILVA; QUEIROZ, 2003; SOUZA; LORENZI, 2008).

Lorenzi (2008) informa que a exuberância durante o florescimento faz com que muitas espécies de Bignoniaceae sejam utilizadas na arborização de parques, praças, avenidas e ruas. A madeira dos exemplares dessa família é amplamente utilizada como matéria-prima de diversos artigos da carpintaria e marcenaria, sendo também de grande utilidade na construção civil e naval (LORENZI, 2008). Nos últimos anos observaram que cada vez mais o uso de espécies dessa família na medicina, como nos estudos de Hiruma-Lima e Di Stasi (2002) e Agra et al. (2007) os quais detectaram que o macerado das folhas de *Jacaranda caroba* em aguardente pode ser aplicado externamente como cicatrizante e contra úlceras. Já se observou, também, atividade bactericida (PARK et al., 2005), fungicida (PORTILLO et al., 2001) e antitumoral (CHENNA et al., 2001) de

substâncias presentes no cerne e na casca de espécies do gênero *Handroanthus* (*Tabebuia*).

2.1.1. Descrição da espécie

Handroanthus vellosi é conhecido por ipê-amarelo; ipê-tabaco; cavatã, ipê-cascudo; ipê-preto; ipê-uma; pau-d'arco; ipê-amarelo-da-casca-lisa; ipê-comum; piúva e quiarapaíba. Possui altura de 15 a 25 m, com tronco de 40 a 70 cm de diâmetro; as folhas 3-5 foliadas e folíolos quase glabros (LORENZI, 2008; CARVALHO, 1994). Tem ocorrência nos estados de Minas Gerais, São Paulo, Mato Grosso do Sul, Goiás e Rio de Janeiro, principalmente na floresta pluvial.

2.1.2 Utilização e importância de *Handroanthus vellosi*

Segundo Gonzaga (2006), a madeira é classificada comercialmente como madeira de lei, por ato do poder público, para fins industriais, energéticos ou para qualquer outro fim econômico ou não. O aspecto da madeira tem como características gerais: alburno que pode ser contrastado, branco-palha, extremamente vulnerável; os anéis de crescimento podem ser regulares, distintos, demarcados por tecido fibroso mais denso (e escuro) e parênquima marginal; o brilho é moderado; o cheiro e gosto são indistintos; a figura e a cor podem ser cerne pardo-castanho ou pardo havana, com reflexos esverdeados quando recém cortados (devido à presença de ipéina), escurecendo por oxidação, após envernizado ou tratado com óleo, adquire sua cor mais forte, castanho muito escuro, com destaque para os anéis anuais quase negros. A grã é em parte direita com faixas revessas; a madeira é muito pesada, dura, difícil de trabalhar; textura é fina à média, uniforme, medianamente lisa ao tato, exceto nas faixas revessas.

Naturalmente, a madeira possui alta resistência a fungos e insetos xilófagos, mesmo em condições desfavoráveis. Praticamente impermeável a soluções preservantes. Baixa a média resistência aos teredos aquáticos. A sua utilização é recomendada na carpintaria naval, muito apreciada por sua durabilidade e resistência, embora seja razoavelmente flexível, vantajosa no tabuado do casco. Excelente cunha e cavilha. Na carpintaria civil em estruturas sujeitas ao intemperismo e em vigas de alta responsabilidade. Não recomendado para usos decorativos e nobres, exceto assoalhos, face ao elevado peso e tendência a entortar na secagem. Adequada para peças torneadas. Não recomendado para usos externos rústicos, como moirões e dormentes etc., pois seria um desperdício (GONZAGA, 2006). Também é de grande utilidade na ornamentação, sendo considerada “árvore símbolo do país”, através de decreto federal. É ótima para o paisagismo em geral, sendo mais apropriada para arborização de parques e praças, devido seu porte um tanto elevado (LORENZI, 2008; CARVALHO, 1994).

2.1.3 Aspectos ecológicos

É uma planta decídua, heliófita ou esciófita, característica da floresta pluvial da mata atlântica e da floresta latifoliada semidecídua, pertence ao grupo ecológico das secundárias tardias (FERRETTI et al., 1995). Floresce anualmente, a partir do mês de julho, prolongando-se até meados de setembro com árvore totalmente despida de folhagem. A maturação dos frutos verifica-se em outubro-novembro, entretanto produz relativamente pouca semente. Quase todas as espécies dessa família dependem de animais para formar frutos, principalmente devido ao fato de que a maioria das espécies é auto-incompatível (GENTRY, 1980; STEVENS, 1994). Os serviços de polinização nessa família são realizados por morcegos, beija-flores, esfingídeos, borboletas e

principalmente abelhas de médio e grande porte (FRANKIE et al., 1983; GENTRY, 1974).

2.2 Conservação genética *ex situ*

A maior ameaça à diversidade biológica é a perda de habitat, sendo necessária a adoção de estratégias para a conservação das espécies (PRIMACK; RODRIGUES, 2001). A manutenção de habitat fragmentados também ameaça a diversidade genética das espécies, pela restrição do fluxo gênico entre os remanescentes florestais (OLIFIERS; CERQUEIRA, 2006). Assim, há a necessidade de conservação dos recursos fitogenéticos, que podem ser mantidos em seu habitat (*in situ*), em condições diferentes de sua área de ocorrência natural (*ex situ*) ou pela combinação entre ambos de forma complementar, dependendo das necessidades, possibilidades e da espécie em questão.

A conservação *ex situ* geralmente é realizada por meio de semente, no campo ou *in vitro*, dependendo da reprodução e ecologia da espécie. Para espécies com reprodução vegetativa utiliza-se a conservação em campo ou *in vitro*, e para espécies de reprodução por sementes, há a possibilidade de armazenamento das mesmas, todavia estas devem apresentar comportamento de ortodoxa. Recomendam-se a conservação em campo para espécies perenes de sementes recalcitrantes, ou seja, em bancos ativos de germoplasma (SANTOS; BETTENCOURT, 2001).

O Programa de Conservação de Recursos Genéticos de Essências Nativas foi iniciado em 1979 pelo Instituto Florestal. O objetivo do Programa era a manutenção *ex situ* da variabilidade genética existente em populações naturais de espécies arbóreas nativas, a partir de população-base, que mantenham o contínuo potencial evolutivo das espécies, e permitam sua utilização para demandas sociais ou ambientais futuras. Outros

objetivos eram estudos de parâmetros genéticos de caracteres de interesse econômico e seleção para programas de melhoramento e produção de sementes de qualidade, para comercialização para usos produtivos e restauração ambiental. O Programa totaliza 48 experimentos com 22 espécies arbóreas nativas, em plantios puros e consorciados (GARRIDO et al., 1997). Os autores ressaltam a importância de considerar o objetivo do uso das sementes produzidas nas áreas experimentais, destacando que se o uso for para fins produtivos os povoamentos podem ser compostos por progênies de diferentes procedências, entretanto se o objetivo for a restauração florestal é necessário a manutenção da variabilidade genética local, pela coleta de sementes de progênies das respectivas áreas de ocorrência ecológica da espécie.

2.3. Pomares de sementes para restauração florestal

A utilização de experimentos destinados à conservação *ex situ* como pomares de sementes a partir da manutenção do número total de progênies, mas com seleção e desbaste dentro das parcelas, para evitar a endogamia e perda da qualidade genética das sementes é uma possibilidade para a recomposição de áreas, ampliando a oferta de sementes (ETTORI et al., 2006).

A instalação de áreas produtoras de sementes para espécies nativas é uma excelente alternativa para o atendimento da demanda por sementes de qualidade genética e em quantidade adequada. Esta opção é defendida pelo alto custo das sementes coletadas em matrizes marcadas em remanescentes florestais, por encontrarem-se dispersas, necessitando de grandes deslocamentos, pouca produção de sementes, entre outros fatores. Outro aspecto que torna a instalação de pomares essencial é o fato da maioria dos remanescentes de florestas nativas no centro-sul do país estarem localizadas em Áreas de Preservação Permanente e Unidades de

Conservação, que apresentam uso controlado, inclusive para coleta de sementes (HIGA; DUQUE SILVA, 2006).

Sebbenn (2002a) relaciona algumas recomendações gerais para coleta de sementes para restauração, que inclui: marcação de matrizes a uma distância mínima de 100 metros para evitar a coleta de sementes de indivíduos aparentados; utilizar sementes de no mínimo 45 árvores matrizes para implementação de pomares de sementes, a fim de fundar populações com mínimo de variabilidade genética e potencial evolutivo; e efetuar o controle gamético, pela coleta de grande quantidade de sementes por matriz e realização da mistura em quantidades iguais por matriz, maximizando o tamanho efetivo da amostra.

2.4 Melhoramento florestal

O objetivo primordial do melhoramento florestal é garantir o aumento da produtividade e da qualidade de matéria-prima a cada ciclo de seleção, de modo a manter a base genética da população, para possíveis programas de melhoramento a médio e longo prazo (ODA et al., 1989). Juntamente, outros objetivos são desejáveis, como a melhoria das qualidades físicas e mecânicas apropriadas, melhoria de adaptação das espécies, tolerância a doenças e pragas, assim como a manutenção da variabilidade genética (MORI, 1988; MORI, 1993; PIGATO; LOPES, 2001).

Várias características de interesse no melhoramento florestal, como crescimento, adaptação, qualidade da madeira e forma, são avaliadas a partir de caracteres quantitativos, pois são herdadas pela ação de muitos genes de efeito aditivo, de forma que cada um contribui para a herança dos caracteres, sendo de ação complexa. Nos programas de melhoramento, as árvores desejáveis são escolhidas fenotipicamente para o caráter enfocado, porém, esta aparência almejada pode ser consequência de um bom

ambiente, bom genótipo, ou ser resultado da interação de ambos, do ambiente x genótipo (MORI et al., 1986; MORI et al., 1988; PATIÑO-VALERA, 1986). Para o estabelecimento de um programa de melhoramento, atenção especial deve ser dada em relação ao material genético tanto para espécies quanto para populações que será utilizado. Desta forma, é de suma importância que se faça uma amostragem correta dos genótipos visando coletar o máximo possível da variabilidade alélica da população (VENCOVSKY, 1969; OLIVEIRA, 1994), além de obter material com baixa carga genética, bom desempenho e boa adaptação (CRUZ, 2005).

A definição dos conceitos de população base, população de melhoramento e população de produção é primordial para elaboração de estratégias de melhoramento, pois esses três tipos de populações genéticas constituem de forma distinta a estrutura geral dos programas de melhoramento florestal (RESENDE; FERNANDES, 1999; RESENDE et al. , 2001; CRUZ, 2005):

a) Fase inicial é a formação da população base ou população experimental que se constitui por uma etapa principal, seu estabelecimento tem origem a partir de matrizes escolhidas para posterior seleção da próxima geração de melhoramento. Essas populações são obtidas de populações naturais ou plantações não melhoradas, manejadas de tal forma que possuam tamanho efetivo suficientemente adequado, como uma reserva estratégica de toda variação genética possível para que seja mantido um padrão mínimo de variabilidade genética, como suporte adequado a programas de melhoramento. Nesta população, a seleção deve ser realizada em diferentes intensidades, visando à constituição das populações de produção e de melhoramento.

b) Fase intermediária é a formação da população de melhoramento em que há preocupação na condução das progênes segregantes que permitam maximizar os ganhos diretos, indiretos ou simultâneos em caracteres de importância. São obtidas a

partir de testes genéticos mais informativos, como por exemplo, teste de progênes de matrizes selecionadas. Visam ao melhoramento genético em longo prazo, ao aumento contínuo e progressivo da frequência dos alelos favoráveis, a partir da realização de vários ciclos de seleção.

c) Fase final é a população de produção em que se dispõe de material genético melhorado e procura-se recomendá-los para regiões amplas ou específicas, o que torna fundamentais os estudos de interação genótipo x ambiente e de estabilidade e adaptabilidade. As populações de produção podem ser constituídas por pomares de sementes, jardins clonais ou pomares biclonais, conforme interesse do melhorista.

É possível encontrar trabalhos na literatura, que têm em comum o objetivo de direcionar quanto aos critérios necessários para estabelecimento de populações genéticas, pois são nelas que será possível encontrar a variabilidade necessária para os programas de melhoramento genético. Ferreira e Araújo (1981) descrevem os procedimentos e recomendações de formação das populações para as necessidades dos programas de melhoramento, como a estratégia a ser adotada para escolha de árvores e localidades para coleta de sementes, os procedimentos de amostragem e delineamento experimental, coleta de dados e análise, de modo didático e informativo. Sebbenn (2002a, 2003a, 2003b) descreve em seus trabalhos, estratégias da determinação do número de plantas por progênie, o número de progênes necessárias para conservação *in situ* e *ex situ* de população de espécies arbóreas, enfocando detalhes importantes sobre conceitos genéticos e informações sobre o sistema de reprodução.

Posteriormente ao dimensionamento da população de genótipos, a estratégia de amostragem consiste em obter indivíduos com certo grau de parentesco, e da covariância entre estes indivíduos aparentados são estimadas variâncias genéticas da população, ou seja, a estimativa dos parâmetros genéticos de interesse (VENCOVSKY,

1969). A amostragem de parentes de mesma geração, especificamente progênies de meios-irmãos e/ou irmãos completos, é um esquema que tem se mostrado eficiente para as estimativas de parâmetros genéticos (VENCOVSKY, 1969).

2.5 Testes de progênies

Os testes ou ensaios de progênies representam uma das mais úteis ferramentas para o melhorista florestal (KAGEYAMA, 1980). São formados a partir de sementes advindas tanto de árvores de polinização livre como de cruzamentos controlados. Os testes de progênies propiciam a manutenção de amostras representativas de populações, que após a caracterização genética, podem estar disponíveis ao melhoramento genético. Representam uma alternativa para conservação genética de populações, possibilitam estimar a estrutura genética de populações, assim como selecionar indivíduos superiores como fonte de produção de sementes, a partir da transformação em pomares de sementes por mudas ou clonal e da determinação do valor genotípico selecionado (KAGEYAMA, 1980; SHIMIZU et al., 1982). Em programas de melhoramento florestal, os testes de progênies são amplamente empregados. Nos experimentos genéticos florestais, os testes de progênies de polinização livre são os mais utilizados para estimar parâmetros genéticos. Suas vantagens em comparação aos testes de progênies de polinização controlada são os custos menores, além de atenderem aos objetivos de determinação da capacidade geral de combinação (SHIMIZU et al., 1982; SAMPAIO et al., 2000).

2.6 Caracteres e parâmetros genéticos quantitativos

As características de interesse no melhoramento florestal são avaliadas por meio de caracteres quantitativos. Nos estudos dos caracteres quantitativos, os métodos

estatístico-genéticos levam em consideração a existência de variação contínua ou às vezes descontínua, o efeito pouco pronunciado de cada gene e o efeito muitas vezes grande do ambiente (VENCOVSKY, 1969; CRUZ, 2005). Um dos aspectos mais relevantes da genética quantitativa é a descrição e explicação da variabilidade genotípica de um caráter de interesse, em termos de parâmetros genéticos e baseado nas leis mendelianas, decompondo a variância genética com base no conhecimento dos processos genéticos envolvidos na herança dos caracteres (VENCOVSKY et al., 2001; CRUZ, 2005). Dentre os parâmetros genéticos quantitativos que mais interessam ao melhorista e que são objeto de estudos em testes de progênies, se destacam as variâncias e os coeficientes de variação genética; a herdabilidade; a repetibilidade; a estabilidade, adaptabilidade e produtividade; o ganho genético; as correlações genética e fenotípica; a acurácia seletiva; o valor genético dos indivíduos, entre outros (RESENDE, 2002; CRUZ, 2005).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Local de Estudo

O teste de procedências e progênies de *Handroanthus vellosi* foi instalado em 1986 na Estação Experimental de Luiz Antônio, do Instituto Florestal de São Paulo. O objetivo da implantação deste teste foi à conservação *ex situ* de populações naturais da espécie. A Estação Experimental localiza-se na latitude de 21° 40' S, longitude de 47° 49' W, e altitude de 550 m. A precipitação pluviométrica média anual no local é de 1.365 mm, a temperatura média anual é de 21,2°C, o solo é do tipo Latossolo vermelho amarelo, fase arenosa e Latossolo roxo. Segundo Ventura et al. (1965/66), o clima da região é classificado como do tipo Cwa.

3.2. Amostragem e delineamento experimental

O delineamento experimental adotado foi o de blocos de famílias compactas *Compact family block design* (WRIGHT, 1978), sendo que nas parcelas se encontram alocadas as procedências e nas subparcelas as progênies. Foram testadas duas procedências: Bebedouro e Mogi Guaçu (SP). De cada procedência foram amostradas e plantadas sementes de polinização aberta de 18 e 17 árvores matrizes, respectivamente. No experimento, foram utilizados seis blocos, com subparcelas lineares de cinco plantas, no espaçamento de 3 x 3 m e uma bordadura externa de duas linhas.

No ensaio foram mensurados o diâmetro à altura do peito (DAP, cm), a altura total (h, m), a forma do fuste (FF), com notas variando de 1 – fuste muito tortuoso e bifurcado, a 5 – fuste reto sem bifurcação, e também foram estimados o volume (m³/árvore) e a sobrevivência (%).

3.3 Análise de variância

Por meio do programa estatístico System Analysis Statistical (SAS) (ANDERSON; BANCROFT, 1952), foram realizados as análises de variância dos caracteres DAP, altura, forma do fuste (os valores atribuídos à forma do fuste foram transformados por raiz quadrada), volume e sobrevivência. O teste F e estimativas de componentes de variância foram realizados pelo método REML (*Restricted Maximum Likelihood*) associado ao procedimento VARCOMP.

Foram utilizados dois modelos estatísticos, primeiramente para as procedências individuais (Tabela 1), o modelo:

$$Y_{ij} = \mu + b_j + t_i + e_{ij},$$

em que, Y_{ij} é o valor fenotípico do i -ésimo indivíduo da j -ésima repetição; μ é o termo fixo da média total; b_j é o efeito fixo da j -ésima repetição; t_i é o efeito aleatório da i -ésima progênie; e_{ij} é o efeito da interação aleatória entre a i -ésima progênie e j -ésima repetição. Sendo, $i = 1 \dots I$ (I é o número de progênies); $j = 1 \dots J$ (J é o número de repetições). E posteriormente, para a análise conjunta (Tabela 2), o modelo:

$$Y_{ijuv} = \mu + r_{j(i)} + p_i + f_u(i) + e_{ju(i)} + d_v(ju),$$

em que, Y_{ijuv} é o valor fenotípico da árvore v da procedência i na progênie u da repetição j ; μ é o termo fixo da média geral; $r_{j(i)}$ é o efeito da repetição j dentro da procedência i , onde $j = 1, 2, \dots, a$; p_i é o efeito da procedência i , com $i = 1, 2, \dots, a$; $f_u(i)$ é o efeito da progênie u , dentro da procedência i , com $u = 1, 2, \dots, bi$; $e_{ju(i)}$ é o efeito do erro referente à parcela ij na procedência i e $d_v(ju)$ é o desvio referente à árvore v da parcela ij na procedência i .

Tabela 1- Esquema da análise de variância individual utilizado na análise de cada um dos caracteres quantitativos nas duas procedências de *Handroanthus vellosi*, tendo como fonte de variação: repetição (R), progênies (P) e repetição x progênies (R x P).

FV	GL	QM	E(QM)
R	$J-1$	QM_R	$\sigma_e^2 + \sum b_j^2 / J-1$
P	$I-1$	QM_P	$\sigma_e^2 + J \sigma_P^2$
B X P	$(J-1) (I-1)$	QM_{ERRO}	σ_e^2
Total	$N-1$		

Em que: J = número de repetições
 I = número de progênies

Tabela 2- Esquema da análise de variância conjunta utilizado na análise de cada um dos caracteres quantitativos nas duas populações de *Handroanthus vellosi* estudadas, tendo como fonte de variação: repetição/procedência (R/PR), procedência (PR), progênies/procedência (P/PR) e o erro médio (E/PR).

FV	GL	QM	E(QM)	F
R/(PR)	(c-1) a	QM _R	$\sigma_D^2 + \sigma_E^2 + b \sigma_R^2$	QM _R /QM _E
PR	(a-1)	QM _{PR}	$\sigma_D^2 + \sigma_E^2 + c \sigma_P^2 + b \sigma_R^2 + bc \sigma_{PR}^2$	QM _{PR} + QM _E /QM _R +QM _P
P/(PR)	(u-1) a	QM _P	$\sigma_D^2 + \sigma_E^2 + c \sigma_P^2$	QM _R +QM _P
E/(PR)	(c-1) (u-1) a	QM _E	$\sigma_D^2 + \sigma_E^2$	QM _R + QM _P
DENTRO	$\sum_i \sum_u GL_{iu}$	QM _D	σ_D^2	QM _R + QM _P

Em que: n= media harmônica do número de plantas dentro de parcelas, nas procedências estudadas; a= o número de procedências; b= o número de progênies; b= o número de progênies; c= número de repetições.

Da análise de variância, foram decompostos os componentes de variância: $\sigma_{p(pr)}^2$ = variância genética entre progênies dentro de procedência; σ_e^2 = variância da interação entre blocos e progênies dentro de procedência (variância ambiental); σ_d^2 = variância fenotípica dentro de progênies; $\hat{\sigma}_F^2$ = variância fenotípica total; σ_A^2 = variância genética aditiva entre progênies. A variância fenotípica total foi estimada por $\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2$; a variância genética aditiva foi calculada com base na expressão: $\hat{\sigma}_A^2 = \hat{\sigma}_p^2 / \hat{r}_{xy}$, sendo r_{xy} a estimativa do coeficiente de parentesco ou covariância genética aditiva entre plantas dentro de progênies, assumido como 0,639, conforme Feres et al. (2011). Como não existem estimativas do coeficiente de parentesco entre plantas dentro de progênies de polinização aberta da espécie foram utilizados dois modelos, i) assumindo que as progênies são meios-irmãos= 0,250, e ii) assumindo que as progênies são originadas de um sistema misto de reprodução= 0,639.

As correlações genéticas entre DAP e altura, DAP e volume e altura entre volume foi calculada de acordo com a expressão:

$$\hat{r}_{P_{XY}} = \frac{\hat{\sigma}_{P_X P_Y}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{P_X}^2 \hat{\sigma}_{P_Y}^2}} \quad \text{e} \quad \hat{r}_{G_{XY}} = \frac{\hat{\sigma}_{G_X G_Y}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{G_X}^2 \hat{\sigma}_{G_Y}^2}},$$

em que: $r_{P_{xy}}$ e $r_{G_{xy}}$ são os coeficientes de correlação fenotípica e genética; $\sigma_{P_X P_Y}$ e $\sigma_{G_X G_Y}$ são os produtos cruzados fenotípicos e genéticos dos caracteres x e y , estimados das análises de covariância, $\hat{\sigma}_{P_X}^2 \hat{\sigma}_{P_Y}^2$ e $\hat{\sigma}_{G_X}^2 \hat{\sigma}_{G_Y}^2$ são as variâncias fenotípicas e genéticas dos caracteres x e y , respectivamente.

3.4. Estimativa de parâmetros genéticos

A partir dos componentes de variância foram estimados os parâmetros coeficiente de variação genética, herdabilidades e os ganhos esperados na seleção, com base em Namkoong (1979). O coeficiente de variação genética (CV_g) foi estimado por:

$$CV_g = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_{p(p)}^2}}{\bar{x}} \times 100,$$

em que, \bar{x} é a média do caráter. Os coeficientes de herdabilidade em nível de plantas individuais (h_i^2), média de progênies (h_m^2) e dentro de progênies (h_d^2) foram estimados por:

$$\hat{h}_i^2 = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_F^2}, \quad \hat{h}_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_{p(pr)}^2}{\frac{\hat{\sigma}_d^2}{nb} + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{b} + \hat{\sigma}_{p(pr)}^2}, \quad \hat{h}_d^2 = \frac{(1 - \hat{r}_{xy})\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_d^2}.$$

Em que r_{xy} é o coeficiente de parentesco entre plantas dentro de progênies.

A resposta esperada com a seleção foi estimada, somente para análise conjunta, objetivando a seleção entre e dentro de procedência e progênies para a formação de um pomar de sementes por mudas. Diferentes métodos de seleção foram testados, como seleção entre e dentro de progênies e seleção apenas dentro de progênies. O ganho esperado com a seleção entre e dentro de progênies (R_{ed}) foi calculada por:

$$\hat{R}_{ed} = i_e \hat{\sigma}_F \hat{h}_m^2 + i_d \hat{\sigma}_d \hat{h}_d^2,$$

em que, i_e e i_d são as intensidades de seleção em unidade de desvio-padrão, aplicada entre e dentro de progênies e σ_F e σ_d são os desvios padrões da variância fenotípica total e dentro de progênies. Para a formação de um pomar de sementes por mudas foram selecionadas 20 progênies (20:35 - $i_e = 0,782$) entre procedências e progênies e 3 plantas (3:30 - $i_d = 1,673$) dentro de procedências e progênies. A seleção dentro de progênies foi estimada pela expressão:

$$\hat{R}_d = i_d \hat{\sigma}_d \hat{h}_d^2.$$

O ganho esperado à seleção em porcentagem [$R(\%)$] foi estimada por:

$$\hat{R}(\%) = \frac{\hat{R}_{ed}}{\bar{x}} \times 100 .$$

em que, \bar{x} é a média do caráter.

3.5. Coancestria de grupo e número status

O coeficiente de coancestria de grupo (Θ) foi estimado para o teste antes da seleção e após a seleção, assumindo duas pressuposições: *i*) considerando que a amostragem das progênies no local de origem das procedências seguiu as recomendações de amostrar sementes em árvores espaçadas por, pelo menos, 100 m, para evitar coletar sementes de árvores aparentadas. Foi assumido que a coancestria entre plantas de diferentes progênies é zero ($\theta_p = 0$) e que dentro de progênies de polinização aberta está entre meios-irmãos ($\theta_{xy} = 0,125$) e irmãos-completos ($\theta_{xy} = 0,25$), com média de $\theta_{xy} = 0,1665$ (BRIDGWATER, 1992). Assumiu-se que existe depressão endogâmica na espécie, e que plantas de autofecundação e de cruzamentos endogâmicos foram eliminadas do teste ou não foram selecionadas para o estabelecimento do ensaio. Assim, o coeficiente de coancestria de grupo (Θ_{xy}) foi estimado pela expressão:

$$\hat{\Theta}_{xy} = \frac{[mn0,5(1+F) + \hat{\theta}_{xy}mn(n-1)]}{(mn)^2},$$

sendo F o coeficiente de endogamia na população parental, assumido como zero, e m e n são o número de progênies selecionadas e o número de plantas selecionadas por progênies.

De posse do coeficiente de coancestria de grupo foi calculado o número *status* (N_s) da população de recombinação antes e após a seleção. O número *status* refere-se ao número de indivíduos de uma população de cruzamentos aleatórios, sem endogamia e sem parentesco, que a população sob consideração representa (LINDGREN et al., 1996). Este parâmetro foi definido por Lindgren et al. (1996) como o inverso do coeficiente de coancestria de grupo ($N_s = 0,5/\Theta_{xy}$) e pode ser aplicado para as mais diversas situações, desde que se conheça ou tenha ideia da coancestria entre todas as árvores da população.

O coeficiente de coancestria de grupo e o número *status* foram avaliados em diferentes cenários de seleção: cenário 1 - seleção de 20 progênies e 1 a 6 plantas por progênie; cenário 2 - seleção de 15 progênies e 1 a 6 plantas por progênie; cenário 3 - seleção de 10 progênies e 1 a 6 plantas por progênie; cenário 4 - seleção apenas dentro de progênies, com a seleção de 1 a 6 plantas por progênie. A comparação dos impactos dos diferentes métodos de seleção sobre a coancestria e o número *status* permitiu determinar qual é a melhor estratégia de seleção que garanta a obtenção de ganhos genéticos na seleção, associadas à ampla variabilidade genética.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Experimentação e Variabilidade

O teste F da análise de variância detectou diferenças significativas a 1% de probabilidade para efeito de blocos (Tabelas 3 e 5) para procedência Bebedouro (7,30) e análise conjunta (4,17), somente para o caráter sobrevivência. Essas diferenças entre blocos indicam que o ambiente do ensaio não era homogêneo em toda sua extensão, sendo o caráter sobrevivência o mais afetado por esse efeito, provavelmente devido a variações no solo, e que a utilização de blocos para controlar o ambiente foi eficiente para manter o controle da variação ambiental.

O efeito de progênies foi significativo ($p \leq 0,01$) (Tabela 3) para os quatro caracteres silviculturais estudados da procedência Bebedouro (3,68 para DAP; 4,55 para altura; 3,26 para volume e 8,91 para sobrevivência), com exceção da forma do fuste. Para a procedência Mogi Guaçu ocorreu diferença significativa (Tabela 4), somente para forma do fuste (3,73) e na análise conjunta (Tabela 5), todos os caracteres foram significativos. Estes resultados sugerem que a estratégia amostral foi efetiva para representar a variabilidade genética das populações, além de indicar a possibilidade de manipulação da variação genética pela seleção entre progênies das variáveis avaliadas. Os resultados detectaram diferenças significativas ($p \leq 0,01$) (Tabela 5) aos 24 anos de idade entre as procedências Bebedouro e Mogi Guaçu, somente para o caráter sobrevivência (20,13). Este fato revela que só é possível a seleção entre procedências para sobrevivência. Em termos de melhoramento genético, esses resultados sugerem que ganhos genéticos para os caracteres que apresentaram diferenças significativas podem

ser capitalizados pela seleção da melhor procedência e das melhores progênies dentro da melhor procedência. Quanto à conservação genética, os resultados indicaram que a variação genética existente dentro de procedências foi conservada no presente banco de germoplasma.

Tabela 3- Quadrados médios e médias para os caracteres DAP, altura, forma do fuste, volume e sobrevivência em progênies de *Handroanthus vellosi*, da procedência Bebedouro, em Luiz Antônio, SP, aos 24 anos de idade, pela análise individual.

Fonte de Variação	GL	DAP		ALT		FF		V		SOB	
		QM	F	QM	F	QM	F	QM	F	QM	F
Bloco	5	42,52	0,96 ^{ns}	15,90	1,42 ^{ns}	0,16	1,14 ^{ns}	0,02	1,99 ^{ns}	12296,30	7,30 ^{**}
Progênie	17	163,23	3,68 ^{**}	50,95	4,55 ^{**}	0,20	1,48 ^{ns}	0,03	3,26 ^{**}	15015,25	8,91 ^{**}
Progênie*Bloco	78	53,76	1,21 ^{ns}	12,73	1,14 ^{ns}	0,13	0,92 ^{ns}	0,01	1,18 ^{ns}	2398,26	1,42 ^{ns}
Erro Dentro	243	44,40		11,20		0,14		0,01		1685,19	
Total	343										

** significativo a 1% de probabilidade; ^{ns} não significativo.

Tabela 4- Quadrados médios e médias para os caracteres DAP, altura, forma do fuste, volume e sobrevivência em progênes de *Handroanthus vellosi*, da procedência Mogi Guaçu, em Luiz Antônio, SP, aos 24 anos de idade, pela análise individual.

Fonte de Variação	GL	DAP		ALT		FF		V		SOB	
		QM	F	QM	F	QM	F	QM	F	QM	F
Bloco	5	31,09	0,81 ^{ns}	10,32	0,78 ^{ns}	0,07	0,56 ^{ns}	0,05	0,87 ^{ns}	2051,27	1,17 ^{ns}
Progênie	16	32,76	0,85 ^{ns}	13,39	1,01 ^{ns}	0,45	3,73 ^{**}	0,01	1,01 ^{ns}	3078,96	1,76 ^{ns}
Progênie*Bloco	80	34,69	0,90 ^{ns}	13,61	1,03 ^{ns}	0,12	0,97 ^{ns}	0,01	0,97 ^{ns}	2177,70	1,24 ^{ns}
Erro Dentro	282	38,62		13,25		0,12		0,01		1754,29	
Total	383										

** significativo a 1% de probabilidade; ^{ns} não significativo.

Tabela 5- Quadrados médios e médias para os caracteres DAP, altura, forma do fuste, volume e sobrevivência em procedências e progênies de *Handroanthus vellosi*, em Luiz Antônio, SP, aos 24 anos de idade, pela análise conjunta.

Fonte de Variação	GL	DAP		ALT		FF		V		SOB	
		QM	F	QM	F	QM	F	QM	F	QM	F
Bloco/Procedência	10	36,81	0,89 ^{ns}	13,11	1,07 ^{ns}	0,11	0,87 ^{ns}	0,01	1,61 ^{ns}	7173,79	4,17 ^{**}
Procedência	1	96,74	2,34 ^{ns}	135,38	11,01 ^{ns}	2,54	19,79 ^{**}	0	0,03 ^{ns}	34597,69	20,13 ^{**}
Progênie/Procedência	33	99,97	2,42 ^{**}	32,74	2,66 ^{**}	0,32	2,51 ^{**}	0,02	2,53 ^{**}	9227,96	5,37 ^{**}
Procedência/Progênie*Bloco	158	44,11	1,07 ^{ns}	13,18	1,07 ^{ns}	0,12	0,95 ^{ns}	0,01	1,12 ^{ns}	2291,32	0,01 ^{ns}
Erro	525	41,29		12,29		0,13		0,01		1718,71	
Total	727										
Média procedência Bebedouro		14,1 (cm)		10,2 (m)		1,6		0,09 (m ³ /árv.)		64%	
Média procedência Mogi Guaçu		14,93 (cm)		11,0 (m)		1,8		0,09 (m ³ /árv.)		75%	
Média Geral		14,6 (cm)		10,7 (m)		1,7		0,09 (m ³ /árv.)		69 (%)	

** significativo a 1% de probabilidade; ^{ns} não significativo.

4.2 Comportamento Silvicultural

A diferença na performance dos caracteres estudados entre as procedências foi baixa. A média geral para o conjunto experimental em DAP, altura, forma do fuste, volume e sobrevivência dos caracteres de *H. vellosi* foi 14,6 cm; 10,7 m; 1,71; 0,09 m³/árvore e 69 %, respectivamente. Já para o incremento médio anual (IMA) foi 0,61; 0,45 e 0,004 (Tabela 6).

Para sobrevivência verificou-se moderada relevância, sendo de 64 % para Bebedouro, 75 % para Mogi Guaçu e 69 % para análise conjunta. Esses resultados foram comparativamente menores aos encontrados por todas as espécies na Tabela 6, para o mesmo tipo de solo e região climática, demonstrando boa adaptação dessas espécies ao local de experimentação e em plantios puros. Todavia, a comparação com outras espécies é meramente informativa, pois as características de crescimento e sociabilidade em plantios homogêneos podem causar competições muitas vezes devastadoras, levando ensaios à quase total mortalidade.

Comparando-se a média e o incremento médio anual (IMA) dos caracteres no experimento de *H. vellosi* com outras espécies arbóreas nativas e exótica crescendo na mesma Estação Experimental e com idades ao redor de 24 anos (Tabela 6), verifica-se que, em geral, *H. vellosi* apresenta desempenho silvicultural melhor que *Tabebuia heptaphylla* nos testes I e II (FREITAS et al., 2008) para a média dos caracteres DAP (13,69 cm teste I e 12,36 cm teste II) e volume (0,03 m³/árvore para os testes I e II). Para o IMA do DAP foi semelhante ao teste I de *Tabebuia heptaphylla* (0,62), e superior ao teste II (0,59). Em relação à *Cariniana legalis* (SEBBENN et al., 2009) foi maior apenas para o IMA do caráter volume (0,001 m³/árvore). Mas, quando comparado a *Cordia alliodora* (SEBBENN et al., 2007), espécie exótica, apresentou desempenho superior para média dos caracteres DAP (11,7 cm), altura (8,8 m) e semelhante ao

volume (0,09 m³/árvore). Para o IMA foi maior para DAP (0,51) e altura (0,45). Os incrementos geralmente tendem a ser altos nos primeiros anos de plantio, e diminuem com o passar dos anos e desenvolvimento das árvores. Os caracteres são adequados para sua utilização em reflorestamentos ambientais, dada à moderada taxa de adaptação e crescimento. Vale ressaltar que adaptação e crescimento são fortemente influenciados pelas condições ambientais.

Tabela 6- Valores das médias e do incremento médio anual (IMA) para as variáveis diâmetro a altura do peito (DAP), altura (Alt), forma (FF), volume (V) e sobrevivência (SOB) para procedências e progênies de *Handroanthus vellosi* em Luiz Antônio, SP.

Amostras	Idade Anos	DAP (cm) [IMA]	Alt (m) [IMA]	FF	V (m ³ /árv) [IMA]	Sob	Fonte
Média geral do experimento	24	14,6 [0,61]	10,7 [0,45]	1,71	0,09 [0,004]	69	Presente estudo
Prog./Bebedouro	24	14,1 [0,59]	10,2 [0,43]	1,62	0,09 [0,004]	64	Presente estudo
Prog./Mogi Guaçu	24	14,9 [0,62]	11,00 [0,46]	1,79	0,09 [0,004]	75	Presente estudo
Espécies							
<i>Cariniana legalis</i>	26	16,1 [0,62]	15,3 [0,57]	3,04	0,20 [0,001]	85	Sebbenn et al.,(2009)
<i>Tabebuia heptaphylla</i> (Teste I)	22	13,69 [0,62]	18,83 [0,86]	1,92	0,03 [0,002]	78	Freitas et al.,(2008)
<i>Tabebuia heptaphylla</i> (Teste II)	21	12,36 [0,59]	17,64 [0,84]	1,91	0,03 [0,001]	78	Freitas et al.,(2008)
<i>Cordia alliodora</i>	23	11,7 [0,51]	8,8 [0,38]	1,98	0,09 [0,006]	89	Sebbenn et al.,(2007)

4.3 Parâmetros genéticos

Os coeficientes de variação genética (CVg %) foram baixo a moderadamente alto (Tabelas 7 e 8) para a procedência Bebedouro (18,67 % para DAP; 16,07 % para altura; 3,81 % para forma do fuste; 37,52 % para volume e 32,19 % para sobrevivência), baixo a mediano para a procedência Mogi-Guaçu (0 para DAP; 2,42 % para altura; 6,49 % forma do fuste; 18,88 % para volume e 7,43 % para sobrevivência) e para análise conjunta baixo a alto (46,16 % para DAP; 10,43 % para altura; 7,34 % forma do fuste; 7,74 % para volume e 182,93 % para sobrevivência). Os resultados obtidos para esta população de *H. vellosi* observando a análise conjunta são semelhantes aos estudos efetuados com outras espécies arbóreas, com variações entre os caracteres. Eles são superiores para DAP, altura de planta e forma do fuste àqueles encontrados em *Balfourodendron riedelianum* (3,98 % para DAP; 1,02 % para altura e 0,36 % forma; SEBBENN et al., 2007), *Pinus patula tecunumanii* (1,93 % para DAP; 1,47 % para altura e 2,78 % para forma; Sebbenn et al.(2005) e apenas para DAP e altura em *Eucalyptus resinifera* 2,6 % e 3,0 % (SATO et al., 2007). Isso indica, que o material tem potencial para o melhoramento genético, uma vez que a presença de variação genética é fundamental para a seleção de genótipos superiores.

Os coeficientes de herdabilidade, em nível de médias de progênies (h_m^2) (Tabela 7), variaram para procedência Bebedouro de 0,33 (forma do fuste) a 0,89 (sobrevivência), para procedência Mogi Guaçu de 0,001 (volume e altura) a 0,73 (forma do fuste) e para análise conjunta de 0,56 (volume) a 0,67 (sobrevivência) (Tabela 8). Os resultados mostraram valores consideráveis e altos para procedência Bebedouro e análise conjunta, se comparado ao observado em *Tabebuia heptaphylla* (*Handroanthus heptaphylla*) aos 21 e 22 anos de idade, onde os valores desta herdabilidade variaram de 0,11 (volume) a 0,73 (sobrevivência) (FREITAS et al., 2008), portanto estes valores

foram entre 16 a 22 % menores que a procedência Bebedouro e 45 % menor para análise conjunta. Para *Balfourodendron riedelianum*, aos 21 anos de idade, localizado na mesma estação experimental, os valores variaram de 0,014 (forma do fuste) a 0,33 (volume) (SEBBENN et al., 2007), sendo de 23 a 32 % menores que a procedência Bebedouro e de 30 a 80 % menores que a análise conjunta. Sugerindo que a seleção massal ou dentro de progênies para as análises individual da procedência Bebedouro e conjunta pode resultar em substanciais ganhos genéticos, entretanto para a procedência Mogi Guaçu, o ganho substancial seria somente para o caráter forma do fuste. Esses resultados, analisando o ensaio experimental, sugerem, para conservação genética, que estes caracteres têm possível potencial genético nesta população para responder à seleção natural, e que parte da variação fenotípica total e média entre progênies é de origem genética.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade, em nível de média de progênies e dentro de progênies, foram substancialmente reduzidas para todos os caracteres, quando as progênies foram consideradas como originadas de sistema misto de reprodução (SM), em relação ao sistema de cruzamentos aleatório (meios irmãos: MI). Nesse caso, sem fazer uso do modelo de correção para o sistema misto de cruzamento, o coeficiente de herdabilidade sofreria uma superestimativa relativa de 155,6 % em nível de plantas individuais e 431 % dentro de progênies. Assumir progênies de polinização aberta como meios-irmãos pode, portanto, induzir a erros nas estimativas de variâncias genéticas aditivas e herdabilidades e, conseqüentemente, nas estimativas de ganhos genéticos. Isso indica também que a seleção deve se basear nas herdabilidades estimadas assumindo o sistema de cruzamento misto (Freitas et al., 2006). Houve diferenças entre as herdabilidades em nível de planta individual e dentro de progênies, em que os valores em nível de plantas individuais se sobressaíram (Tabela

7), em 11 % para DAP, 15 % para altura, 2 % para forma do fuste, 10 % para volume e 15 % para sobrevivência para procedência Bebedouro, 18 % para DAP, 1 % altura, 10 % para forma do fuste e 2 % para sobrevivência, para a procedência Mogi Guaçu, só não sendo maior para volume, e 7 % (DAP), 8 % (altura), 7 % (forma do fuste), 6 % (volume) e 79 % (sobrevivência) para análise conjunta.

Esses resultados demonstram que, para maior sucesso na seleção, a seleção massal para todas as progênies no experimento poderia ser mais eficiente do que a seleção massal dentro de progênies, com exceção para o caráter volume, na procedência Mogi Guaçu.

O coeficiente de herdabilidade no sentido restrito proporciona o conhecimento sobre a magnitude relativa das variações genética e ambiental. No presente trabalho, as estimativas de herdabilidade encontradas em nível de plantas individuais, assumindo o sistema misto, variaram de 0,04 (forma do fuste) a 0,29 (altura e sobrevivência) para procedência Bebedouro, 0,01 (altura e volume) a 0,18 (DAP) para procedência Mogi Guaçu e 0,10 (volume) a 0,87 (sobrevivência) para análise conjunta (Tabelas 7 e 8). Comparando com os resultados de Freitas et al. (2008), estudando *Tabebuia heptaphylla*, encontraram valores menores que 1% de estimativas de herdabilidade individual, evidenciando que a população experimental do presente estudo possui potencial evolutivo para seleção e melhoramento. Tais resultados indicam razoáveis progressos genéticos obtidos com a seleção massal dos caracteres para a procedência Bebedouro e análise conjunta e baixos para procedência Mogi Guaçu, uma vez que o controle genético é baixo.

Em geral, estimativas de herdabilidades individuais, conduzem a moderadas magnitudes das herdabilidades em nível de médias de família (RESENDE, 2002). A mais importante função da herdabilidade no estudo genético é o seu papel preditivo

expressando a confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genético ou, o grau de correspondência entre o valor fenotípico e genético (FALCONER, 1987; VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Falconer (1987) observou que a herdabilidade é uma propriedade não somente de um caráter, mas também da população e das circunstâncias de ambientes às quais os indivíduos estão sujeitos. O valor da herdabilidade poderá ser afetado se houver alteração em qualquer um dos componentes da variância. Com isso, é possível inferir que os caracteres estudados de *H. vellosi* podem ser utilizados para avaliação da variabilidade genética de populações amostradas da espécie, ressaltando que a procedência de Bebedouro tem maior potencial genético.

Tabela 7- Estimativas de parâmetros genéticos para diâmetro à altura do peito, altura de planta, forma do fuste, volume e sobrevivência em progênies de *Handroanthus vellosi* como meios- irmãos (MI) e como misturas de diferentes parentescos devido ao sistema misto de reprodução (SM), em Luiz Antônio, SP, para cada procedência.

Parâmetros Genéticos		Bebedouro					Mogi Guaçu				
		DAP	Altura	FF	V	SOB	DAP	Altura	FF	V	SOB
Coeficiente de variação genética	$CV_g(\%)$	18,67	16,07	3,81	37,52	32,19	0	2,42	6,49	18,88	7,43
Herdabilidade individual (SM)	h_i^2	0,2	0,29	0,04	0,16	0,29	0	0,01	0,16	0,01	0,03
Herdabilidade individual (MI)	h_i^2	0,52	0,75	0,11	0,41	0,29	0	0,02	0,41	0,20	0,03
Superestimativa relativa	%	155,60	155,60	155,60	155,60	-	0	155,60	155,60	155,60	-
Herdabilidade média de progênies	h_m^2	0,73	0,78	0,33	0,67	0,89	0,18	0,01	0,73	0,01	0,43
Herdabilidade dentro de progênies (SM)	h_d^2	0,09	0,14	0,02	0,06	0,14	0	0	0,06	0,03	0,01
Herdabilidade dentro de progênies (MI)	h_d^2	0,46	0,73	0,08	0,35	0,14	0	0,02	0,34	0,16	0,01
Superestimativa relativa	%	431,03	431,03	431,03	431,03	-	0	431,02	431,02	431,02	-
Acurácia	Ac	0,85	0,88	0,57	0,82	0,94	0,42	0,1	0,85	0,1	0,66

Acurácia seletiva, que representa a relação entre o valor genético verdadeiro e o estimado, foi alta para DAP, volume, forma do fuste e sobrevivência para procedência Bebedouro e análise conjunta, com valores variando de (0,57 forma do fuste a 0,94 sobrevivência) e análise conjunta (0,75 forma do fuste e volume a 0,82 sobrevivência), indicando reais possibilidades de ganhos genéticos e precisão na seleção de progênes superiores. Todavia para a procedência Mogi Guaçu, os valores tiveram baixas e altas magnitudes (0,42 DAP; 0,1 altura; 0,85 forma do fuste; 0,1 volume e 0,66 sobrevivência).

Tabela 8- Estimativas de parâmetros genéticos para diâmetro à altura do peito, altura de planta, forma do fuste, volume e sobrevivência em progênes de *Handroanthus vellosi* como meios-irmãos (MI) e como misturas de diferentes parentescos devido ao sistema misto de reprodução (SM), em Luiz Antônio, SP, para análise conjunta.

Parâmetros Genéticos		Caracteres				
		DAP	Altura	FF	V	SOB
Coefficiente de variação genética	CV %	46,16	10,43	7,34	7,74	182,93
Herdabilidade individual (SM)	h_i^2	0,11	0,14	0,11	0,10	0,87
Herdabilidade individual (MI)	h_i^2	0,28	0,36	0,27	0,26	0,87
Superestimativa relativa	%	155,60	155,60	155,60	155,60	155,60
Herdabilidade média de progênes	h_m^2	0,57	0,63	0,57	0,56	0,67
Herdabilidade dentro de progênes (SM)	h_d^2	0,04	0,06	0,04	0,04	0,08
Herdabilidade dentro de progênes (MI)	h_d^2	0,22	0,30	0,22	0,21	0,08
Superestimativa relativa	%	431,02	431,02	431,02	431,02	431,02
Acurácia – Ac	%	0,76	0,80	0,75	0,75	0,82

4.4 Respostas à seleção

Para o cálculo da resposta esperada com a seleção entre e dentro de progênies para a formação de um pomar de sementes por mudas foi considerado 20 progênies e três plantas. Os resultados encontrados para as respostas à seleção também tiveram as progênies consideradas como originadas de sistema misto de reprodução (SM), em relação ao sistema de cruzamentos aleatório (meios irmãos: MI). Nesse caso, sem fazer uso do modelo de correção para o sistema misto de cruzamento, os valores da resposta à seleção entre e dentro sofreria uma superestimativa relativa que variaram entre 55,26% (volume) a 82,44% (DAP) (Tabela 9). Como os resultados anteriores demonstraram, os caracteres aqui estudados apresentaram razoáveis valores de resposta à seleção.

As estimativas de resposta à seleção entre e dentro, assumindo o sistema misto, variaram de 0,05 (volume) a 15,94 (sobrevivência), já para as estimativas de resposta à seleção dentro, os valores variaram de 0,01 (volume) a 5,28 (sobrevivência). Os resultados dos ganhos esperados foram altos para a formação de um pomar de sementes por mudas (Tabela 9), em especial para os caracteres DAP (23,70 %), altura (20,24 %), volume (50,42 %) e sobrevivência (23,03 %). A superioridade de ficam mais evidentes quando comparados a outros trabalhos, como por exemplos, em *T. heptaphylla*, em que esses valores variaram de 0,081 % (forma do fuste do teste II) a 0,78 % (forma do fuste do teste I) (FREITAS et al., 2008), em *B. riedelianum*, que variaram de 0,02 % (forma do fuste) a 2,78 % (volume) (SEBBENN et al., 2007) e também em Freitas et al. (2007), estudando *M. urundeuva* observaram valores de ganhos esperados para a seleção que variaram de 0,33% (forma do fuste) a 6,56% (volume). O esquema de seleção proposto possibilita uma expectativa alta de progressos genéticos (Tabela 9), para volume (50,42%), DAP, sobrevivência e altura (23,70%, 23,03% e 20,24%, respectivamente). Esses progressos genéticos esperados são válidos para *H. vellosi*, aos 24 anos de idade,

no mesmo espaçamento aqui utilizado (3 x 3 m) e nas mesmas condições ambientais de Luiz Antônio.

A média da população atual é de 14,6 cm (DAP), 10,7 m (altura), 1,7 (forma do fuste), 0,09 m³/árvore (volume) e 69% (sobrevivência), a esperada, considerando, o sistema misto, a população melhorada, depois da seleção é de 18,0 cm (DAP), 12,8 m (altura), 1,9 (forma do fuste), 0,14 m³/árvore (volume) e 85% (sobrevivência) (Tabela 9). Vale ressaltar que esses ganhos preditos são esperados para plantios de *H. vellosi*, aos 24 anos de idade, estabelecidos em ambientes com as mesmas características edafoclimáticas da região de Luiz Antônio–SP, e realizados com sementes originadas do presente teste, após a seleção entre e dentro de progênes.

Tabela 9- Ganho esperado com a seleção para DAP, altura, forma, volume e sobrevivência em teste de procedências e progênes de *Handroanthus vellosi*, aos 24 anos de idade, em Luiz Antônio, SP.

		DAP	ALT	FF	V	SOB
Intensidade de seleção entre	i_e	0,782	0,782	0,782	0,782	0,782
Intensidade de seleção dentro	i_d	1,673	1,673	1,673	1,673	1,673
Resposta à seleção entre e dentro (SM)	R_{ed}	3,45	2,16	0,19	0,05	15,94
Resposta à seleção entre e dentro (MI)	R_{ed}	6,03	3,94	0,32	0,07	15,94
Superestimativa relativa	%	82,44	74,87	72,60	55,26	-
Resposta à seleção dentro (SM)	R_d	0,45	0,33	0,02	0,01	5,28
Resposta à seleção dentro (MI)	R_d	3,03	2,11	0,16	0,03	5,28
Superestimativa relativa	%	570,83	533,86	557,84	431,02	-
Resposta à seleção (SM)	$R(\%)$	23,70	20,24	10,99	50,42	23,03
Resposta à seleção (MI)	$R(\%)$	41,45	36,92	18,97	78,28	23,03
Superestimativa relativa	%	74,87	82,44	72,60	55,26	-
Média	μ	14,6	10,7	1,7	0,09	69
Média melhorada (SM)	μ_{SM}	18,0	12,8	1,9	0,14	85
Média melhorada (MI)	μ_{MI}	20,6	14,6	2,0	0,16	85
Superestimativa relativa	%	14,35	13,88	7,19	18,52	-

4.5 Coancestria e Número Status

O presente teste de procedências e progênes representa o único material genético de *H. vellosi* que o Instituto Florestal detém na forma de conservação *ex situ*. Por isso, é importante selecionar para obterem-se ganhos genéticos, mas manter a variabilidade genética alta para desenvolver um programa de melhoramento de longo prazo para crescimento, forma, volume e sobrevivência, utilização da madeira, ou testá-la futuramente em outros ambientes. Para atingir esses objetivos, utilizou-se uma medida de representatividade genética do número de indivíduos de uma população, denominada número *status*, N_s (LINDGREN et al., 1996, 1997). O número *status*

refere-se ao número de indivíduos de uma população de cruzamentos aleatórios, sem endogamia e parentesco, que a população sob consideração representa (LINDGREN et al., 1996). Esse parâmetro pode ser utilizado para conhecer a representatividade genética de indivíduos de uma população para as mais diversas situações, desde que se conheça ou se suponha a coancestria entre todas as árvores da população. O número *status* permite o controle e o monitoramento do *pedigree* de populações tanto em programas de melhoramento como para conservação genética, de forma que é possível prever o futuro genético da população em termos de endogamia, tendo em vista que a endogamia de uma geração é igual a coancestria na precedente geração.

As estimativas do coeficiente de coancestria de grupo e do número *status* para diversos cenários, envolvendo a seleção de diferentes números de progênies e plantas por progênie, são apresentadas nas FIGURAS 1 e 2. Observa-se que, quanto menor o número de progênies e plantas por progênies selecionadas, maior é o coeficiente de coancestria de grupo e vice-versa. Isso acontece porque, com pequenas populações, o coeficiente de autocoancestria passa a ter maior peso nas estimativas, aumentando o coeficiente de coancestria de grupo e vice-versa. A estimativa do número *status* antes da seleção indica que as 1.050 árvores (2 procedências x 18 progênies da procedência Bebedouro x 17 progênies da procedência Mogi Guaçu x 5 plantas por subparcela x 6 repetições x 0,692, que é a taxa de sobrevivência), conservadas no banco de germoplasma, correspondem a apenas 101 árvores não endogâmicas e parentes de uma população. Isso se deve ao fato de que o banco é composto por estruturas de progênies, assim, existe parentesco entre plantas dentro de progênies. Originalmente existiam 18 progênies da procedência Bebedouro e 17 progênies da procedência Mogi Guaçu, com a mortalidade estes números foram reduzidos para uma média de 12 árvores irmãs dentro de cada progênie.

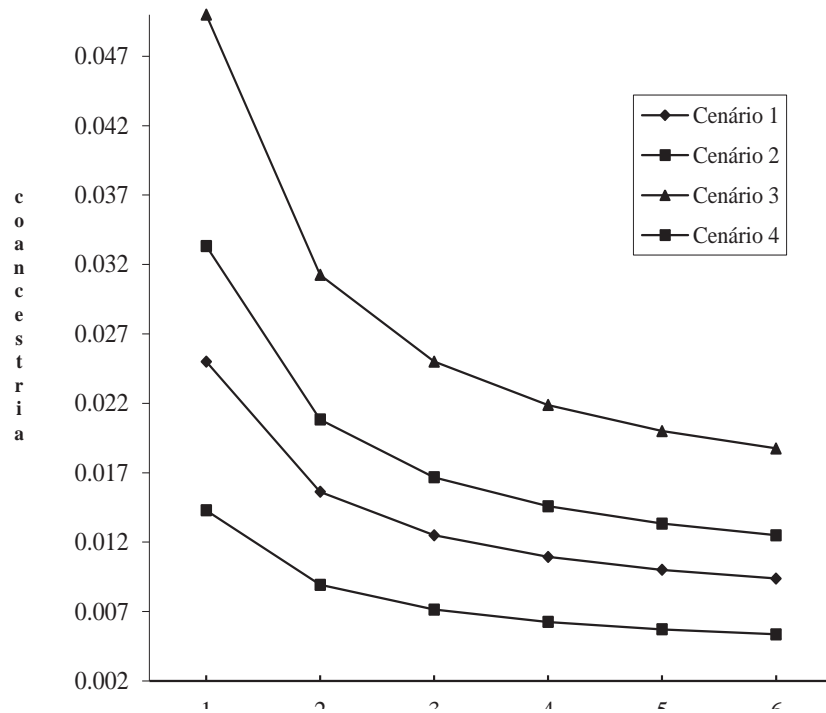
Os resultados mostram que o coeficiente de coancestria antes da seleção em média foi 0,005, e após a seleção variou de 0,0125 a 0,0250 (Tabela 10). Isso indica que, sob cruzamentos aleatórios nos ensaios, se espera pouca endogamia em sementes coletadas de polinização aberta antes da seleção (máximo 1,0%) e após (1,33%, em média).

Para a formação de um pomar de sementes por mudas, como é importante a recombinação do material, deseja-se maior número status e diversidade genética, a qual poderá ser futuramente explorada novamente por seleção em futuros ciclos. Assim, a seleção de 20 progênies e 3 plantas por progênie mantêm o coeficiente de coancestria baixo ($\Theta_{xy} = 0,01$) e a um número status relativamente alto ($N_s = 45$). Portanto, a taxa de endogamia esperada sob cruzamentos aleatórios no pomar proposto é baixa 0,01, igual ao coeficiente de coancestria de grupo da presente geração (população selecionada) e as sementes conterão um alto potencial evolutivo para reflorestamentos ambientais.

Em progênies de polinização aberta de uma hipotética população panmítica (população infinita, reproduzindo-se por cruzamentos aleatórios, sem seleção natural e alteração de alelos por mutação), os descendentes serão parentes no grau de meios-irmãos e o coeficiente de coancestria dentro de progênies atingirá seu valor mínimo, ou seja, 0,125. Contudo, populações naturais de espécies arbóreas não se ajustam às características de uma população panmítica ideal. As presenças de autofecundações, cruzamentos entre parentes e cruzamentos correlacionados aumentam o coeficiente de coancestria dentro de progênies (SEBBENN, 2006). A fragmentação e o corte seletivo de árvores reduzem o tamanho das populações, a densidade populacional e aumentam a distância entre coespecíficos reprodutivos, afetando o sistema da reprodução das espécies como, por exemplo, aumentando a taxa de autofecundação (ALDRICH; HAMRICK, 1998; DICK et al., 2003; LOWE et al., 2005) e proporção de cruzamentos correlacionados (ROCHA; AGUILAR, 2001; FUCHS et al., 2003). Autofecundações e

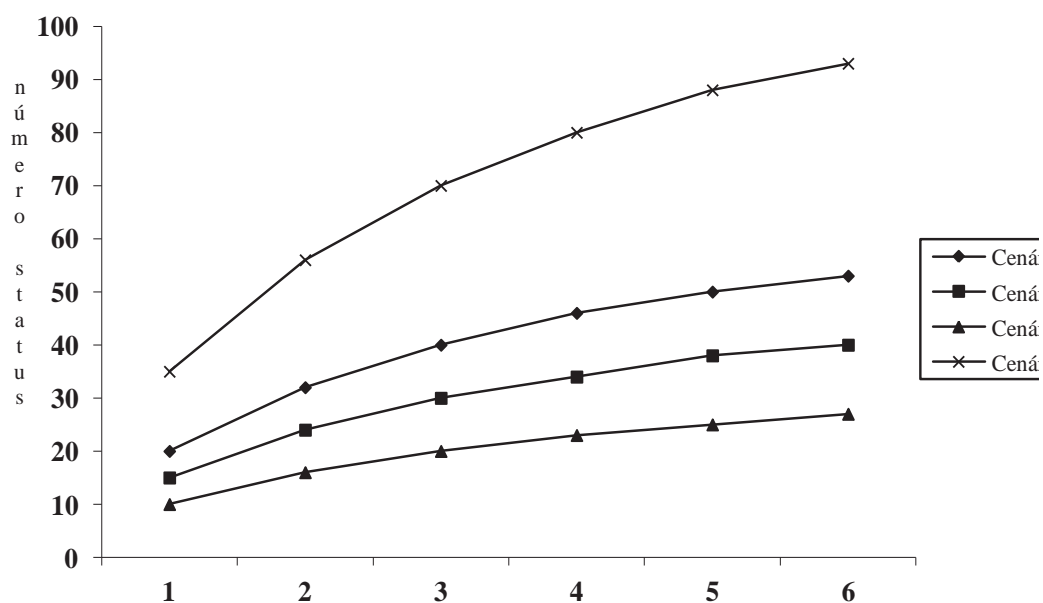
cruzamentos correlacionados reduzem o número efetivo de doadores de pólen e, conseqüentemente, aumentam o coeficiente de coancestria dentro das progênes.

FIGURA 1- Coeficiente de coancestria para diferentes cenários de seleção de progênes (20 a 35) e plantas por progênes (1 a 6) em teste de procedências e progênes de *Handroanthus vellosi*.



Fonte: Batista (2012)

FIGURA 2- Número *status* para diferentes cenários de seleção de progênes (20 a 35) e plantas por progênes (1 a 6) em teste de procedências e progênes de *Handroanthus vellosi*.



Fonte: Batista (2012)

Tabela 10- Estimativa do coeficiente de coancestria de grupo e número *status* antes e após a seleção para o conjunto das populações de *Handroanthus vellosi* em Luiz Antônio, SP.

	Seleção Antes	Seleção Após	Seleção Após	Seleção Após
M	35	20	20	20
N	1050	60	40	20
n'		3	2	1
$\Theta_{.xy}$	0,00497	0,0125	0,015625	0,025
N_s	101	40	32	20

$\Theta_{.xy}$ = coancestria de grupo; N_s = número status

4.6 Correlações genéticas e fenotípicas

As estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva, em plantas, e fenotípica, em médias de famílias, entre os caracteres DAP e altura e entre altura e volume, foram positivas e de alta magnitude na população conjunta ($r_g = 0,91; 1,00$ e $0,80$ e $r_f = 0,87; 0,91$ e $0,76$) (Tabela 11). Assim, quando se praticar a seleção em uma delas, espera-se uma alta resposta correlacionada na outra, o que se constitui uma vantagem, uma vez que o sentido da seleção é o mesmo para tais caracteres.

Tabela 11- Correlações genotípicas (r_g) e fenotípicas (r_f) entre os caracteres DAP, altura e volume em teste de procedências e progênies de *Handroanthus vellosi*, aos 24 anos de idade, em Luiz Antônio, SP.

Correlações	(r_g)	(r_f)
DAP vs Altura	0,91**	0,87**
DAP vs Volume	1,00**	0,91**
Altura vs Volume	0,80**	0,76**

** : $P \leq 0,01$.

5. CONCLUSÕES

1. Existe variação genética entre procedências para os caracteres forma do fuste e sobrevivência e entre progênies dentro de procedências para todos os caracteres estudados.
2. A maior parte da variação genética detectada encontra-se distribuída entre progênies.
3. Sementes, coletadas no pomar de sementes proposto, devem apresentar considerável variabilidade genética e baixa taxa de endogamia, antes e após a seleção.
4. Como a herdabilidade individual foi moderada para os caracteres avaliados na análise conjunta, conclui-se que a população geral tem potencial genético para responder à seleção natural, assim como para a conservação genética *ex situ* e utilidade para exploração em programas de melhoramento genético.

6. REFERÊNCIAS

- AGRA, M. F.; FRANÇA, P. F.; BARBOSA-FILHO, J. M. Synopsis of the plants known as medicinal and poisonous in Northeast of Brazil. **Revista Brasileira de Farmacognosia**, São Paulo, v. 17, n. 1, p. 114-140, 2007.
- ALDRICH, P. R.; HAMRICK, J. L. Reproductive dominance of pasture trees in a fragmented tropical forest mosaic. **Science**, Cambridge, v. 281, p. 103-105, 1998.
- ANDERSON, R. L.; BANCROFT, T. A. **Statistical theory in research**. New York: Mc Graw-Hill, 1952. 399 p.
- BUREAU, E.; SCHUMANN, K. Bignoniaceae. **Flora Brasiliensis**, Monachii, v. 8, n. 2, p. 2-298, 1897.
- CARVALHO, P. E. R. **Espécies florestais brasileiras: recomendações silviculturais, potencialidades e uso da madeira**. Colombo: CNPF/EMBRAPA, 1994. 369 p.
- CHENNA, P. H.; DOCTOROVICH, V.; BAGGIO, R. F.; GARLAND, M. T.; BURTON, G. Preparation and citotoxicity toward cancer cells of mono (arylimino) derivatives of a lapachone. **Journal Medicinal Chemistry**, Buenos Aires, v. 44, n. 15, p. 2486-2489, 2001.
- CRUZ, C.D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 2005. p. 394.
- DICK, C. W.; ETCHELECU, G.; AUSTERLITZ, F. Pollen dispersal of neotropical trees (*Dinizia excelsa*: Fabaceae) by native insects and Africa honeybees in pristine and fragmented Amazonian rainforest. **Molecular Ecologic**, Oxford, v. 12, p. 753-764, 2003.
- ETTORI, L. de 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.; DUQUE SILVA, L. **Pomar de sementes de espécies florestais nativas**. Curitiba: Fundação de Pesquisas Florestais do Paraná, 2006. 203-225 p.
- FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1987. 279 p.
- FERREIRA, M.; ARAÚJO, A. J. **Procedimentos e recomendações para testes de procedências**. Curitiba: EMBRAPA – URPFCS, 1981. 28 p. (Série documentos, 6).
- FERRETTI, A. R.; KAGEYAMA, P. Y.; ÁRBOCZ, G. F.; SANTOS, J. D.; BARROS, M. I. A.; LORZAT, R. F.; OLIVEIRA, C. Classificação das espécies arbóreas em grupos ecológicos para revegetação com nativas no Estado de São Paulo. **Florestar Estatístico**, São Paulo. v. 3, n. 7, p. 73-77, 1995.
- FRANKIE, G. W.; HABER, W. A.; BAWA, K. S. Characteristics and organization of the large beepollination system in the Costa Rican dry forest. In: JONES, C. E.; LITTLE, R. J. (Ed.). **Handbook of experimental pollination biology**. New York: Scientific and Academic Editions, 1983. 558 p.
- FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M.; MORAIS, E.; ZANATTO, A. C. S.; VERARDI, C. K.; PINHEIRO, A. N. Parâmetros genéticos em progênies de polinização aberta de *Cordia trichotoma* (Vell.) ex Steud. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 18, p. 95-102, 2006.
- FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAES, E. Pomar de sementes a partir da seleção dentro de teste progênies de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 19, n. 2, p. 65-72, 2007.
- FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M.; MORAES, E.; ZANATTO, A. C. S.; 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.

- FERES, J. M.; SEBBENN, A. M.; GUIDUGLI, M. C.; MESTRINER, M. A.; MORAES, M. L. T.; ALZATE-MARIN, A. L. Mating system parameters at hierarchical levels of fruits, individuals and populations in the Brazilian insect-pollinated tropical tree, *Tabebuia roseo-alba* (Bignoniaceae). **Conservation Genetics**, Alemanha, 2011. DOI 10.1007/s10592-011-0292-z
- FUCHS, E. J.; LOBO, J. A.; QUESADA, M. Effects of forest fragmentation and flowering phenology on the reproductive success and mating patterns of the tropical dry forest tree *Pachira quinata*. **Conservation Biology**, Gainesville, v. 17, n. 1, p. 149-157, 2003.
- GARRIDO, L. M. A. G.; SIQUEIRA, A. C. M. F.; CRUZ, S. F.; ROMANELLI, R. C.; ETTORI, L. C.; CRESTANA, C. S. M.; SILVA, A. A.; MORAIS, E.; ZANATTO, A. C. S.; SATO, A. S. Programa de melhoramento genético florestal do Instituto Florestal (Acervo). **Série Registros**, São Paulo, v. 18, p. 1-53, 1997.
- GENTRY, A. H. Flowering phenology and diversity in tropical bignoniaceae. **Biotropica**, Washington, v. 6, p. 64-68, 1974.
- GENTRY, A. H. Bignoniaceae, Part I (Crescentiae and Tourrettiae). **Flora Neotropica**, New York, v. 25, n. 1, p. 1-130, 1980.
- GIUDICE-NETO, J. D.; SEBBENN, A. M.; KAGEYAMA, P. Y. Herança e ligação em locos isoenzimáticos de *Caesalpinia echinata* (pau-brasil). **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 16, n. 2, p. 101-110, 2004.
- GONZAGA, A. L. **Madeira**: uso e conservação/Armando Luiz Gonzaga. Brasília: IPHAN/MONUMENTA, 2006. 246 p. (Cadernos Técnicos, 6).
- HAUGERUD, A.; COLLINSON, M. P. Plants genes and people: improving the relevance of plant breeding in Africa, **Experimental Agriculture**, Cambridge, v. 26, n. 3, p. 341-362, 1990.

- HIGA, A. R.; DUQUE SILVA, L. **Pomar de sementes de espécies florestais nativas**. Curitiba: Fundação de Pesquisas Florestais do Paraná, 2006. 266 p.
- HIRUMA-LIMA, C. A.; DI STASI, L. C. Scrophulariales medicinais. **Plantas medicinais na Amazônia e na Mata Atlântica**. São Paulo: Unesp, 2002. p. 449-452.
- KAGEYAMA, P. Y. **Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden**. 1980. 125 f. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1980.
- KAGEYAMA, P. Y. Conservação “*in situ*” de recursos genéticos de plantas. **Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais-IPEF**, Piracicaba, n. 35, p. 7-37, 1987.
- KAGEYAMA, P. Y. **Restauração ecológica de ecossistemas naturais**. Piracicaba: Fundação de Estudos e Pesquisas Agrícolas e Florestais, 2003. 340 p.
- KAGEYAMA, P. Y.; GANDARA, F. B. Consequências genéticas da fragmentação sobre populações de espécies arbóreas, **Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais**, Piracicaba, v. 12, n. 32, p. 65-70, 1998.
- LINDGREN, D.; GEA, L.; JEFFERSON, P. Loss of genetic diversity by status number. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 45, n. 1, p. 52-59, 1996.
- LINDGREN, D; LUIGI, D. G.; JEFFERSON, P. A. Status number for measuring genetic diversity. **Forest Genetics**, Svolen, v. 4, n. 2, p. 69-76, 1997.
- LORENZI, H. **Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil**. 5. ed. Nova Odessa: Instituto Plantarum, 2008. v. 1, 368 p.
- LOWE, A. J.; BOSHIER, D.; WARD, M.; BACLES, C. F. E.; NAVARRO, C. Genetic resource impacts of habitat loss and degradation; reconciling empirical evidence and predicted theory for Neotropical trees. **Heredity**, Lund, v. 95, p. 255–273, 2005
doi:10.1038

- MORAES, M. L. T.; KAGEYAMA, P. Y.; SEBBENN, A. M. Diversidade e estrutura genética espacial em duas populações de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. sob diferentes condições antrópicas. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 2, n. 29, p. 281-289, 2005.
- MORI, E. S. Pomares de sementes florestais. **Série Técnica IPEF**, Piracicaba, v. 5, n. 16, p. 1-27, 1988.
- MORI, E. S. **Variabilidade genética isoenzimática em uma população de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden submetida a diferentes intensidades de seleção**. 1993. 119 f. Tese (Doutorado em Genética) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba. 1993.
- MORI, E. S.; KAGEYAMA, P. Y.; FERREIRA, M. Variação genética e interação progênes x locais em *Eucalyptus urophylla*. **Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais-IPEF**, Piracicaba, n. 39, p. 53-63, 1988.
- MORI, E. S.; LELLO, L. R. B.; KAGEYAMA, P. Y. Efeitos da interação genótipo x ambiente em progênes de *Eucalyptus saligna* Smith. **Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais-IPEF**, Piracicaba, n. 33, p. 19-25, 1986.
- ODA, S.; MENCK, A. L. M.; VENCOSKY, R. Problemas no melhoramento genético clássico do eucalipto em função da alta intensidade de seleção. **Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais-IPEF**, Piracicaba, n. 41-42, p. 8-17, 1989.
- OLIFIERS, N.; CERQUEIRA, R. Fragmentação de habitat: efeitos históricos e ecológicos. In: ROCHA, C. F. D.; BERGALLO, H. G.; SLUYS, M. V.; ALVES, M. A. S. **Biologia da conservação: essências**. São Carlos: Rima, 2006. 582 p.
- OLIVEIRA, V. R. **Estudos para formação de populações base de *Eucalyptus tereticornis* Sm**. 1994. 117 f. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1994.

PARK, B. S.; KIM, J. R.; LEE, S. E.; KIM, K. S.; TAKEOKA, G. R.; AHN, Y. J.; KIM, J. H. Selective growth-inhibiting effects of compounds identified in *Tabebuia impetiginosa* inner bark on human intestinal bacteria. **Journal Agricultural Food Chemistry**, Easton, v. 53, n. 4, p. 1152-1157, 2005.

PATIÑO-VALERA, F. **Variação genética em progênes de *Eucalyptus saligna* Smith e sua interação com o espaçamento**. 1986. 192 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba.

PIGATO, S. M. P. C.; LOPES, C. R. Caracterização silvicultural, botânica e avaliação da variabilidade genética por meio de marcador molecular RAPD em um teste de progênes de *Eucalyptus urophylla* S. T. Blake. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 2, n. 60, p.135-148, 2001.

PINTO, S. I. C.; SOUZA, A. M.; CARVALHO, D. Variabilidade genética por isoenzimas em populações de *Copaifera langsdorffii* Desf, em dois fragmentos de mata ciliar. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 1, n. 65, p. 40-48, 2004.

PORTILLO, A.; VILA, R.; FREIXA, B.; ADZET, T.; CAÑIGUERAL, S. Antifungal activity of Paraguayan plants used in traditional medicine. **Journal of Ethnopharmacology**, Amsterdam, v. 76, n. 1, p. 93-98, 2001.

PRIMACK, R. B.; RODRIGUES, E. **Biologia da conservação**. Londrina: Planta, 2001. 328 p.

RAJORA, O. M.; MOSSELER, A. Challenges and opportunities for conservation of forest genetic resources. **Euphytica**, Wageningen, v. 118, n. 2, p. 197–212, 2001.

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

RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEN - REML/BLUP**: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: EMBRAPA – CNPF, 2007. 360 p.

RESENDE, M. D. V.; FERNANDES, J. S. C. Procedimento BLUP individual para delineamentos experimentais aplicados ao melhoramento florestal. **Revista de Matemática e Estatística**, São Paulo, v. 17, p. 89-107, 1999.

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

ROCHA, O. J. R.; AGUILAR, G. Variation in the breeding behaviour of the dry forest tree *Enterolobium cyclocarpum* (Guanacaste) in Costa Rica. **Am. J. Bot.**, Oklahoma, v. 89, p. 1600-1606, 2001.

SAMPAIO, P. T. B.; RESENDE, M. D. V.; ARAÚJO, A. J. Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 11, p. 2243-2253, 2000.

SANTOS, E.; BETTENCOURT, E. **Manual de apoio à formação e treino em conservação *ex situ* de recursos fitogenéticos**. Nairobi: Instituto Nacional de Investigação Agrária- INA, 2001. 207 p.

SATO, A. S.; SEBBENN, A. M.; MORAES, E.; ZANATTO, A. C. S.; FREITAS, M. L. M. Seleção dentro de progênies de *Eucalyptus resinifera* aos 21 anos de idade em Luiz Antonio–SP. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 19, n. 2, p. 93-100, 2007.

SEBBENN, A. M. Número de árvores matrizes e conceitos genéticos na coleta de sementes para reflorestamentos com espécies nativas. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 14, n. 2, p. 115-132, 2002a.

SEBBENN, A. M. Número de populações para conservação genética *in situ* de espécies arbóreas. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 15, n. 1, p. 45-51, 2003a.

SEBBENN, A. M. Tamanho amostral para conservação *ex situ* de espécies arbóreas com sistema misto de reprodução. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v.15, n. 1, p.109-124, 2003b.

SEBBENN, A. M.; FREITAS, M. L. M.; MORAES, E.; ZANATTO, A. C. S. Variação genética em procedências e progênes de *Pinus patula* ssp. *tecunumanii* no noroeste do Estado de São Paulo. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 17, n. 1, p. 1-15, 2005.

SEBBENN, A. M. Sistema de reprodução em espécies arbóreas tropicais e suas implicações para a seleção de árvores matrizes para reflorestamentos ambientais. In: HIGA, A. R.; SILVA, L. D. **Pomares de sementes de espécies florestais nativas**. Curitiba: FUPEF, 2006. p. 93-138.

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

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

SEBBENN, A. M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAES, E. Conservação genética *ex situ* de *Gallesia gorarema* Vell. Moq. no Estado de São Paulo. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 14, n. 2, p. 95-014, 2002b.

SHIMIZU, J. Y.; KAGEYAMA, P. Y.; HIGA, A. R. **Procedimentos e recomendações para estudos de progênes de essências florestais**. Curitiba: EMBRAPA - URPFCS, 1982. p. 33. (Série Documentos, 11).

SILVA, M. M. da; QUEIROZ, L. P. de. A família Bignoniaceae na região de Catolés, Chapada Diamantina, Bahia, Brasil. **Sitientibus Série Ciências Biológicas**, Feira de Santana, v. 3, n. 1-2, p. 3-21, 2003.

SIMONS, A. J. Genetic improvement of non-industrial trees, **Agroforestry Systems**, Dordrecht, v. 18, p. 197-212, 1992.

SOUZA, V. C.; LORENZI, H. **Botânica sistemática: guia ilustrado para identificação das famílias de Fanerógamas nativas e exóticas no Brasil, baseado em APG II**. 2. ed. Nova Odessa: Instituto Plantarum, 2008. p. 574.

STEVENS, A. D. **Reproduktionsbiologie einiger bignoniaceen im Cerrado Brasiliens**. Berlin: Österreichische Akademie der Wissenschaften, 1994. (Biosystematics and Ecology Series, 5).

VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In: KERR, W. E. (Org.). **Melhoramento e genética**. São Paulo: Melhoramento, 1969. p. 17-38.

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

VENCOVSKY, R.; PEREIRA, M.; CRISÓSTOMO, J. R.; FERREIRA, M. A. J. F. Genética e melhoramento em populações mistas. In: NASS, L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento – plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 231-282.

VENTURA, A.; BERENGUT, G.; VICTOR, M. A. M. Características edafo-climáticas das dependências do Serviço Florestal do Estado de São Paulo, **Silvicultura em São Paulo**, São Paulo, v. 4-5, n. 4, p. 57-140, 1965-66.

7. APÊNDICE

Apêndice A – Estrutura da variância genética entre progênies dentro de

procedência $\sigma_{p(pr)}^2$, variância ambiental σ_e^2 , variância fenotípica dentro de progênies

σ_d^2 , variância fenotípica total $\hat{\sigma}_F^2$, variância genética aditiva entre progênies σ_A^2 ,

assumindo sistema misto de reprodução, para os caracteres diâmetro a altura do peito,

altura, forma do fuste, volume e sobrevivência, para a procedência Bebedouro de *H.*

vellosoi.

Componentes da variância	DAP	Altura	Forma do fuste	Volume	Sobrevivência
$\sigma_{p(pr)}^2$	14,124	2,709	0,004	0,001	420,566
σ_e^2	6,951	0,587	0	0	142,614
σ_d^2	1,740	11,127	0,136	0,009	1.685,200
$\hat{\sigma}_F^2$	45,026	14,423	0,139	0,011	2.248,381
σ_A^2	53,717	4,239	0,006	0,002	658,160

Apêndice B – Estrutura da variância genética entre progênies dentro de procedência $\sigma_{P(PR)}^2$, variância ambiental σ_e^2 , variância fenotípica dentro de progênies σ_d^2 , variância fenotípica total $\hat{\sigma}_F^2$, variância genética aditiva entre progênies σ_A^2 , assumindo sistema meios-irmãos, para os caracteres diâmetro a altura do peito, altura, forma do fuste, volume e sobrevivência, para a procedência Bebedouro de *H. vellosi*.

Componentes da variância	DAP	Altura	Forma do fuste	Volume	Sobrevivência
$\sigma_{P(PR)}^2$	6,951	2,701	0	6.844,600	142,614
σ_e^2	1,740	0,587	0,136	9.917.065,000	1.685,2
σ_d^2	45,025	11,127	0,139	1.112.611,3000	2.248,4
$\hat{\sigma}_F^2$	53,717	14,423	0,015	456.240,800	658,16
σ_A^2	27,804	10,837	0	6844,6	142,614

Apêndice C – Estrutura da variância genética entre progênes dentro de procedência $\sigma_{p(pr)}^2$, variância ambiental σ_e^2 , variância fenotípica dentro de progênes σ_d^2 , variância fenotípica total $\hat{\sigma}_F^2$, variância genética aditiva entre progênes σ_A^2 , assumindo sistema misto de reprodução, para os caracteres diâmetro a altura do peito, altura, forma do fuste, volume e sobrevivência, para a procedência Mogi Guaçu de *H. vellosi*.

Componentes da variância	DAP	Altura	Forma do fuste	Volume	Sobrevivência
$\sigma_{p(pr)}^2$	0	0,071	0,014	0	31,220
σ_e^2	0	0,095	0	0	82,840
σ_d^2	37,505	13,223	0,119	0,006	1.754,70
$\hat{\sigma}_F^2$	37,505	13,389	0,132	0,006	1.868,80
σ_A^2	0	0,111	0,021	0	48,860

Apêndice D – Estrutura da variância genética entre progênes dentro de procedência $\sigma_{p(pr)}^2$, variância ambiental σ_e^2 , variância fenotípica dentro de progênes σ_d^2 , variância fenotípica total $\hat{\sigma}_F^2$, variância genética aditiva entre progênes σ_A^2 , assumindo sistema meios-irmãos, para os caracteres diâmetro a altura do peito, altura, forma do fuste, volume e sobrevivência, para a procedência Mogi Guaçu de *H. vellosi*.

Componentes da variância	DAP	Altura	Forma do fuste	Volume	Sobrevivência
$\sigma_{p(pr)}^2$	0	0,071	0,014	0	31,220
σ_e^2	0	0,096	0	0	82,840
σ_d^2	37,505	13,223	0,119	0,005	1.754,700
$\hat{\sigma}_F^2$	37,505	13,390	0,132	0,006	1.868,800
σ_A^2	0	0,284	0,054	0	48,860

Apêndice E – Estrutura da variância genética entre progênies dentro de procedência $\sigma_{p(pr)}^2$, variância ambiental σ_e^2 , variância fenotípica dentro de progênies σ_d^2 , variância fenotípica total $\hat{\sigma}_F^2$, variância genética aditiva entre progênies σ_A^2 , assumindo sistema misto de reprodução, para os caracteres diâmetro a altura do peito, altura, forma do fuste, volume e sobrevivência, para população experimental de *H. vellosi*.

Componentes da variância	DAP	Altura	Forma do fuste	Volume	Sobrevivência
$\sigma_{p(pr)}^2$	1,236	231,695	3,101	0,0092	0,001
σ_e^2	0,313	114,208	0	0	0
σ_d^2	12,293	1.718,900	41,966	0,127	0,008
$\hat{\sigma}_F^2$	13,842	415,143	45,067	0,136	0,008
σ_A^2	1,930	362,590	4,850	0,014	0,001

Apêndice F – Estrutura da variância genética entre progênies dentro de procedência $\sigma_{p(pr)}^2$, variância ambiental σ_e^2 , variância fenotípica dentro de progênies σ_d^2 , variância fenotípica total $\hat{\sigma}_F^2$, variância genética aditiva entre progênies σ_A^2 , assumindo sistema meios-irmãos, para os caracteres diâmetro a altura do peito, altura, forma do fuste, volume e sobrevivência, para a população experimental de *H. vellosi*.

Componentes da variância	DAP	Altura	Forma do fuste	Volume	Sobrevivência
$\sigma_{p(pr)}^2$	1,236	231,695	3,116	0,009	0,001
σ_e^2	0,313	114,208	0	0	0
σ_d^2	12,293	1.718,900	41,966	0,127	0,008
$\hat{\sigma}_F^2$	13,842	415,143	45,067	0,136	0,008
σ_A^2	4,940	362,590	12,400	0,040	0,002

Apêndice G – Croqui da área do experimento de *H. vellosi*, na Estação Experimental de Luiz Antônio, SP.

17	3	12	7	14	1	15	6	5	13	2	18	9	11	8	16	10	4	19	25	21	28	30	22	32	26	31	20	33	35	23	34	27	29	24
17	3	12	7	14	1	15	6	5	13	2	18	9	11	8	16	10	4	19	25	21	28	30	22	32	26	31	20	33	35	23	34	27	29	24
17	3	12	7	14	1	15	6	5	13	2	18	9	11	8	16	10	4	19	25	21	28	30	22	32	26	31	20	33	35	23	34	27	29	24
17	3	12	7	14	1	15	6	5	13	2	18	9	11	8	16	10	4	19	25	21	28	30	22	32	26	31	20	33	35	23	34	27	29	24
17	3	12	7	14	1	15	6	5	13	2	18	9	11	8	16	10	4	19	25	21	28	30	22	32	26	31	20	33	35	23	34	27	29	17
19	28	21	31	20	33	27	24	32	25	35	22	30	26	29	23	34	7	14	6	16	1	18	8	2	15	17	3	12	9	4	11	5	13	10
19	28	21	31	20	33	27	24	32	25	35	22	30	26	29	23	34	7	14	6	16	1	18	8	2	15	17	3	12	9	4	11	5	13	10
19	28	21	31	20	33	27	24	32	25	35	22	30	26	29	23	34	7	14	6	16	1	18	8	2	15	17	3	12	9	4	11	5	13	10
19	28	21	31	20	33	27	24	32	25	35	22	30	26	29	23	34	7	14	6	16	1	18	8	2	15	17	3	12	9	4	11	5	13	10
19	28	21	31	20	33	27	24	32	25	35	22	30	26	29	23	34	7	14	6	16	1	18	8	2	15	17	3	12	9	4	11	5	13	10
4	1	8	17	3	13	18	7	10	1	6	15	2	9	12	5	16	11	22	29	25	31	26	19	33	35	34	23	32	24	20	28	30	27	21
4	1	8	17	3	13	18	7	10	1	6	15	2	9	12	5	16	11	22	29	25	31	26	19	33	35	34	23	32	24	20	28	30	27	21
4	1	8	17	3	13	18	7	10	1	6	15	2	9	12	5	16	11	22	29	25	31	26	19	33	35	34	23	32	24	20	28	30	27	21
4	1	8	17	3	13	18	7	10	1	6	15	2	9	12	5	16	11	22	29	25	31	26	19	33	35	34	23	32	24	20	28	30	27	21
17	3	12	7	14	1	15	6	5	13	2	18	9	11	8	16	10	4	19	25	21	28	30	22	32	26	31	20	33	35	23	34	27	29	24
17	3	12	7	14	1	15	6	5	13	2	18	9	11	8	16	10	4	19	25	21	28	30	22	32	26	31	20	33	35	23	34	27	29	24
17	3	12	7	14	1	15	6	5	13	2	18	9	11	8	16	10	4	19	25	21	28	30	22	32	26	31	20	33	35	23	34	27	29	24
17	3	12	7	14	1	15	6	5	13	2	18	9	11	8	16	10	4	19	25	21	28	30	22	32	26	31	20	33	35	23	34	27	29	17
19	28	21	31	20	33	27	24	32	25	35	22	30	26	29	23	34	7	14	6	16	1	18	8	2	15	17	3	12	9	4	11	5	13	10
19	28	21	31	20	33	27	24	32	25	35	22	30	26	29	23	34	7	14	6	16	1	18	8	2	15	17	3	12	9	4	11	5	13	10
19	28	21	31	20	33	27	24	32	25	35	22	30	26	29	23	34	7	14	6	16	1	18	8	2	15	17	3	12	9	4	11	5	13	10
19	28	21	31	20	33	27	24	32	25	35	22	30	26	29	23	34	7	14	6	16	1	18	8	2	15	17	3	12	9	4	11	5	13	10
4	1	8	17	3	13	18	7	10	1	6	15	2	9	12	5	16	11	22	29	25	31	26	19	33	35	34	23	32	24	20	28	30	27	21
4	1	8	17	3	13	18	7	10	1	6	15	2	9	12	5	16	11	22	29	25	31	26	19	33	35	34	23	32	24	20	28	30	27	21
4	1	8	17	3	13	18	7	10	1	6	15	2	9	12	5	16	11	22	29	25	31	26	19	33	35	34	23	32	24	20	28	30	27	21
4	1	8	17	3	13	18	7	10	1	6	15	2	9	12	5	16	11	22	29	25	31	26	19	33	35	34	23	32	24	20	28	30	27	21
4	1	8	17	3	13	18	7	10	1	6	15	2	9	12	5	16	11	22	29	25	31	26	19	33	35	34	23	32	24	20	28	30	27	21

Apêndice H – Análises química e física do solo da área do experimento de *H. vellosi*, na Estação Experimental de Luiz Antônio, SP.

Amostra	Análises										
	pH	M.O.	Presina	Al	H+Al	K	Ca	Mg	SB	CTC	V%
	CaCl	g/dm ³	mg/dm ³			-----	mmolc/dm ³ -----				
	5,1	28	6	1	48	1,3	35	14	51	99	51
	Química										
				Boro	Cobre	Ferro	Manganês	Zinco	Manganês	Zinco	
						mg/dm ³					
Luiz Antônio				0,19	6,4	17	47,2	1	47,2	1	
	Física										
				Grossa	Areia Fina	Total	Argila	Silte	Textura do solo		
						g/Kg					
						441	415	144	Argilosa		