

**UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS**

**PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE
Peltophorum dubium EM DOURADOS - MS, VIA
REML/BLUP**

IAGO ALEXANDRE SCHERWITZ DOS SANTOS
MICHELLI BITENCOURT KOSAK

DOURADOS
MATO GROSSO DO SUL
2023

PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE
***Peltophorum dubium* EM DOURADOS - MS, VIA**
REML/BLUP

Iago Alexandre Scherwitz dos Santos
Michelli Bitencourt Kosak

Orientadora Prof.^a Dr.^a Livia Maria Chamma Davide
Co-orientador: Dr. Maximiliano Kawahata Pagliarini

Trabalho de conclusão de curso
submetido ao Curso de Graduação
em Agronomia da Universidade
Federal da Grande Dourados, como
parte dos requisitos para obtenção do
título de Engenheiro Agrônomo.

Dourados
Mato Grosso do Sul
2023

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP).

K86p Kosak, Michelli Bitencourt
Parâmetros genéticos em progênies de *Peltophorum dubium* em Dourados - MS, via
REML/BLUP [recurso eletrônico] / Michelli Bitencourt Kosak, Iago Alexandre Scherwitz dos
Santos. -- 2023.
Arquivo em formato pdf.

Orientadora: Livia Maria Chamma Davide.
Coorientador: Maximiliano Kawahata Pagliarini.
TCC (Graduação em Agronomia)-Universidade Federal da Grande Dourados, 2023.
Disponível no Repositório Institucional da UFGD em:
<https://portal.ufgd.edu.br/setor/biblioteca/repositorio>

1. variabilidade genética. 2. herdabilidade. 3. canafistula. I. Santos, Iago Alexandre Scherwitz
dos. II. Davide, Livia Maria Chamma. III. Pagliarini, Maximiliano Kawahata. IV. Título.

Ficha catalográfica elaborada automaticamente de acordo com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).

©Direitos reservados. Permitido a reprodução parcial desde que citada a fonte.

**PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE
Peltophorum dubium EM DOURADOS - MS, VIA
REML/BLUP**

Por

Iago Alexandre Scherwitz dos Santos
Michelli Bitencourt Kosak

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado como parte dos requisitos exigidos para
obtenção do título de ENGENHEIRO AGRÔNOMO.

Aprovado em



Profa. Dra. Livia Maria Chamma Davide
Orientadora – UFGD/FCA



Profa. Dra. Liliam Silvia Candido
Membro da banca – UFGD/FCBA



Dr. Maximiliano Kawahata Pagliarini
Membro da banca – UFGD/FAECA

Dedicamos

Às nossas famílias, aos nossos amigos e para todos que torceram pelo nosso sucesso durante a nossa caminhada.

“Pois sabemos que a tribulação produz a paciência, a paciência prova a fidelidade e a fidelidade, comprovada, produz a esperança. E a esperança não engana.”

Romanos 5, 3-5

AGRADECIMENTOS

Agradecemos em primeiro lugar a Deus por todo discernimento, sabedoria concedida e por colocar Sua mão em tudo que fizemos.

A Nossa Senhora sua mãe que com certeza nos cobriu com seu manto protetor e nos deu afago e acalento durante essa jornada.

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

À banca examinadora, especialmente o Dr. Maximiliano Pagliarini pela co-orientação, confiança, paciência e a Prof^a. Dr^a. Liliam Silvia Candido pela disponibilidade e paciência.

Aos alunos Viviane Wruck, Fabrício Taguti e Rayan Alexandre, pela disponibilidade e paciência em nos auxiliar.

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

Eu, Iago Alexandre Scherwitz dos Santos, agradeço em especial:

Aos meus pais Alexandre Sulino e Denize por todo apoio emocional, psicológico e financeiro que me deram em todo momento, deixando de fazer por eles para fazer por mim, sem vocês não seria possível, essa conquista é para vocês.

Ao meu irmão Igor que a todo o momento esteve presente em minha vida me ajudando da forma que pode, aos nossos momentos de alegria e descontração.

Aos meus sogros que me prestaram apoio durante minha graduação e a minha namorada Alesandra que sempre largou tudo para fazer por mim, essa conquista também é por você.

Aos primos Jackeline e Willian Arnt que me prestaram todo apoio durante a graduação cada membro de minha família, tios, primos que tenham prestado algum apoio.

Aos meus conselheiros espirituais Frei Leodir e Diácono Edenilson por toda motivação, instrução e discernimento.

Ao meu amigo Geovani que sempre foi um ponto de apoio, conselheiro e confidente, me ouvindo e me ajudando e a minha parceira de TCC Michelli por todo trabalho em equipe e companheirismo.

Eu, Michelli Bitencourt Kosak, agradeço em especial:

A todos da minha família, especialmente minha mãe Luciene Santos Bitencourt Kosak, meu pai Jair José Kosak, meu irmão Patrick Bitencourt Kosak, minha avó Dina Teresa Santos Bitencourt, meu avô Laudemir Ramos Bitencourt e a minha madrinha

Sueli Souza, que não mediram esforços para acreditar neste sonho junto comigo, me incentivar e estarem presentes nos momentos que eu mais precisei de apoio.

À minha cunhada, Kasciane Gomes, pela motivação e incentivo.

Aos meus amigos de caminhada, especialmente o Marcos Paulo Garcia e a Maria Fernanda Marques, pelo incentivo na minha escolha de curso, pela motivação e apoio prestados no decorrer de todos esses anos.

Aos meus colegas de sala, especialmente, aos meus amigos Natalia Pereira, Thalliane Raissa, Ana Ribeiro e ao meu parceiro de TCC Iago Alexandre, pelo apoio, ajuda mútua e companheirismo.

Ao professor Vagner Torres, pelo incentivo e motivação prestados a mim desde o ensino médio.

SANTOS, I. A. S.; KOSAK, M. B. **Parâmetros genéticos em progênies de *Peltophorum dubium* em Dourados - MS, via REML/BLUP.** 2023. 36 f. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Agronomia) – Faculdade de Ciências Agrárias, Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados-MS, Brasil.

RESUMO

A *Peltophorum dubium* (Sprengel) Taubert é uma planta perene pertencente à família Fabaceae e nativa do cerrado brasileiro. Sua utilização pode ser destinada a mourões, produção de tanino, celulose, construções civis, fabricação de móveis, planta medicinal na forma de chá, entre outros. Considerando as possibilidades de uso e a importância da espécie no Mato Grosso do Sul é necessário investigar a existência de variabilidade genética da espécie visando à implantação de Programas de Melhoramento para a obtenção de progênies com melhores características silviculturais. Dessa forma, o objetivo do presente trabalho foi investigar a variabilidade e estimar parâmetros genéticos em progênies de canafístula semeadas em Dourados - MS quanto a características silviculturais, visando encontrar um caráter avaliativo que possa ser utilizado para selecionar progênies para um possível programa de melhoramento. O experimento foi instalado em 2013, na Universidade Federal da Grande Dourados, em Dourados – MS, Brasil. O delineamento experimental utilizado foi alfa-látice 8x8, com 64 progênies e três repetições em espaçamento 3x2m. As parcelas foram compostas de seis plantas. As características avaliadas foram diâmetro à altura do peito (DAP, em cm) e calculado indiretamente a área basal (AB, em cm²) nas idades de oito, nove e dez anos, além de bifurcações (BIF) e sobrevivência (SOBRE) na idade de dez anos. As análises genético-estatísticas dos dados foram realizadas por meio do procedimento REML/BLUP, com análise de *deviance*, obtenção das estimativas dos parâmetros genéticos e predição dos valores genéticos. Foi detectada variabilidade genética entre as progênies para AB e DAP aos oito, nove e dez anos e SOBRE aos dez anos. Para as características AB e SOBRE há maior possibilidade de sucesso com a seleção, especialmente se realizada considerando a média das progênies. A sobrevivência é uma característica interessante, uma vez que demonstra indivíduos mais resistentes às adversidades do campo. Espécies arbóreas passam um longo período no campo até atingir a maturidade fisiológica desejada comercialmente e no presente trabalho, as progênies ainda não haviam atingido o ponto de maturidade fisiológica.

Palavras-chave: variabilidade genética, herdabilidade, canafístula.

SANTOS, I. A. S.; KOSAK, M. B. **Genetic parameters in *Peltophorum dubium* progenies in Dourados - MS, through REML/BLUP.** 2023. 36 p. Completion of Course Work (Bachelor's degree in Agronomy) – Faculty of Agricultural Sciences, Federal University of Grande Dourados, Dourados-MS, Brazil.

ABSTRACT

The *Peltophorum dubium* (Sprengel) Taubert is a perennial plant belonging to the Fabaceae family and native to the Brazilian cerrado. It can be used in wooden stakes, tannin production (potential item), cellulose, civil construction, furniture manufacturing and medicinal plant in the form of tea, among others. Considering the possibility of use and the importance of the species in Mato Grosso do Sul, it is necessary to study the genetic variability in populations aiming at implementing Plant Breeding Programs to obtain progenies with better silvicultural characteristics. Thus, the objective of the present work was to investigate the variability and estimate genetic parameters in canafistula progenies sown in Dourados - MS regarding silvicultural characteristics, aiming to find an evaluative character that can be used to select progenies for a possible breeding program. The experiment was installed in 2013 at the Federal University of Grande Dourados, in Dourados – MS, Brazil. The experimental design used was 8x8 alpha-lattice, with 64 progenies and three repetitions in 3x2m spacing. The plots were composed of six plants. The characteristics evaluated were diameter at breast height (DAP, in cm) and indirectly calculated the basal area (AB, in cm²) at ages eight, nine and ten. Bifurcations (BIF) and survival (SOBRE) at the age of ten. The genetic-statistical analyzes were performed using the procedure REML/BLUP, with deviance analysis, obtaining estimates of genetic parameters and prediction of genetic values. Genetic variability was detected in the progenies for AB and DAP at ages eight, nine and ten and SOBRE at the age of ten. For the characteristic AB and SOBRE there is a greater possibility of success with the selection, especially if performed considering the average of the progenies. Survival is an interesting feature, as it demonstrates individuals who are more resistant to the adversities of the field. Tree species spend a long period in the field until they reach the commercially desired physiological maturity and in the present work, the progenies had not yet reached the point of physiological maturity.

Key words: genetic variability, heritability, canafistula.

SUMÁRIO

RESUMO	9
ABSTRACT	10
1. INTRODUÇÃO	12
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	14
2.1. A cultura da canafístula	14
2.2. Estimativa dos componentes da variância e de parâmetros genéticos	15
2.3. O procedimento REML/BLUP	17
1. OBJETIVOS	19
2. MATERIAL E MÉTODOS	20
2.1. Local da área e delineamento experimental	20
2.2. Teste de progênies	21
2.3. Avaliações	21
2.4. Análise estatística	23
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	24
4. CONCLUSÕES	31
5. REFERÊNCIAS	32

1. INTRODUÇÃO

A canafístula (*Peltophorum dubium* (Sprengel) Taubert) é uma espécie florestal brasileira (LORENZI, 1992). Ela pertencente à família das leguminosas – Fabaceae - e subfamília Caesalpiniaceae, apresenta um ciclo de vida perene e é bem rústica, podendo ser bem adaptável quanto ao clima. A canafístula desenvolve-se melhor em clima subtropical úmido, é resistente a seca e ao frio, mas para temperaturas abaixo de zero apresenta algumas restrições (CARVALHO, 2003; CARVALHO, 2002). Ela é uma planta hermafrodita, e pode ser propagada tanto por meio de sementes quanto através de enxertia (CARVALHO, 2002).

Com relação ao tipo de solo, estudos evidenciaram a dependência nutricional para que a canafístula se desenvolva bem. Por ser da família das leguminosas, ela ajuda com a fixação de nitrogênio no solo e exige que ele seja de pelo menos média ou alta fertilidade. Além disso, mesmo que a canafístula seja resistente a áreas alagadas, os solos apropriados para o seu cultivo não podem ser rasos e devem ser bem drenados ou pedregosos (BERTOLINI et al., 2015).

Comparando com outras espécies nativas, a canafístula possui um crescimento relativamente alto, alto nível de sobrevivência e sua madeira é moderadamente pesada, dura e de longa durabilidade. Essas características possibilitam que a canafístula apresente usos na indústria madeireira, na geração de energia, na utilização de projetos paisagísticos, para fins medicinais (devido ao tanino muito presente na sua casca), para construções civis e entre outros usos (BERTOLINI et al., 2015).

Quase não há pesquisas sobre melhoramento genético de canafístula na literatura, a maioria dos trabalhos que está relacionada a esta espécie seguem a linha de pesquisa em morfologia e germinação de sementes (DONADIO e DEMATTÊ, 2000; PIROLI et al., 2005). Introduzir um programa de melhoramento genético em canafístula é uma alternativa muito propícia para aumentar a produtividade, selecionar os melhores descendentes e orientar sua aplicação com base nas características mais destacadas para silvicultura (SILVA, 2015).

A estimativa de parâmetros genéticos é uma das formas utilizadas pelos melhoristas para se obter indícios das possíveis melhores progênies que podem ser utilizadas para se desenvolver um programa de melhoramento. Por meio de estimativa dos componentes de variação fenotípica, genética e ambiental, podem ser identificados e selecionados progênies com características que se almeja.

Um dos parâmetros genéticos estimados por meio de componentes de variância é a herdabilidade. Ela espelha a proporção da variação genotípica que pode ser herdada, de modo que a probabilidade de seleção bem-sucedida pode ser prevista. Ademais, a herdabilidade é usada para calcular o proveito por meio da seleção.

1. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

1.1. A cultura da canafístula

A *Peltophorum dubium* (Sprengel) Taubert, popularmente conhecida como Canafístula, é uma árvore caducifólia, heliófila e rústica, apresenta um ciclo de vida perene, pertence à família da Fabaceae (leguminosas) e subfamília Caesalpiniaceae (CARVALHO, 2003). No Brasil, têm ocorrências mais frequentes nos estados de São Paulo, Rio de Janeiro, Mato Grosso do Sul, Santa Catarina, Rio Grande do Sul, Paraná e na Bahia apresentando diferentes períodos de floração para cada região: de setembro a março, em São Paulo; de outubro a março, no Rio de Janeiro e em Santa Catarina; em novembro, no Mato Grosso do Sul; de dezembro a março, no Rio Grande do Sul e no Paraná e, de março a agosto, em Pernambuco (CARVALHO, 2002). O clima favorável ao seu desenvolvimento pode variar sendo observado melhor desenvolvimento em clima subtropical úmido devido a essa espécie ser resistente ao frio e a seca (CARVALHO, 2002). Segundo Carvalho (2003), em locais com ocorrência de fortes geadas, o crescimento da canafístula é limitado devido às lesões que ela sofre com geadas de temperatura mínima ou abaixo de -1°C . De acordo com Santiago & Paoli (2003), a canafístula resiste bem ao alagamento, seu desenvolvimento passa a depender mais da nutrição do local em que ela está inserida.

A canafístula é uma espécie florestal brasileira (LORENZI, 1992). A sua madeira é moderadamente pesada, dura e de longa durabilidade (BERTOLINI et al., 2015). Sua produção pode ser destinada à indústria madeireira, para ser usada em mourões, produção de tanino (item em potencial), papel, celulose, produção de lenha, construções civis, fabricação de móveis, ser utilizada como planta medicinal na forma de chá e também pode ter sua comercialização voltada para a geração de energia. A canafístula possui uma copa ampla e vistosa, podendo ser cultivada em parques e praças para a utilização da sua sombra ou em quaisquer outras áreas com objetivo de ornamentar e/ou arborizar a via. E, devido ao seu grande porte, 40 m de altura e 120 cm de diâmetro a altura do peito, ela pode ser utilizada também em recuperação de áreas degradadas ou preservação permanente (BERTOLINI et al., 2015).

A produção de mudas da canafístula pode ser realizada através de semeadura diretamente em recipientes ou propagação vegetativa por enxertia, utilizando o método

da garfagem (CARVALHO, 2003). O início do seu processo reprodutivo após o plantio, se dá entre sete e doze anos de idade. A canafístula é uma planta hermafrodita e o seu principal vetor de polinização são as abelhas, o vento e os pequenos insetos, sendo que sua semente é encontrada no banco de sementes do solo (CARVALHO, 2002). Segundo a loja virtual Click Mudanças (2023) do Instituto Brasileiro de Florestas, o valor de uma muda de canafístula com 10 a 20 cm está em torno de R\$ 11,00, de modo que pode chegar a aproximadamente R\$210,00 quando se trata de 250g de semente. A fim de se comparar, no site Sementes Caiçara (2023), 100g de semente de *Eucalyptus dunnii* custa R\$ 245,20, enquanto 100g de semente de canafístula custa R\$ 48,30. Mas vale lembrar que cada espécie possui uma exigência diferente e condições adversas para semeadura e plantio, por isso, para que a espécie se desenvolva bem, é necessário buscar atender a todas as suas necessidades.

Por apresentar elevado nível de sobrevivência, crescimento relativamente alto e alta produção de biomassa, a canafístula se destaca quando comparada a outras espécies nativas, mas não se desenvolve bem em solos rasos ou pedregosos. Sabe-se pouquíssimo sobre as exigências nutricionais específicas da canafístula, todavia, ela tem alto potencial para absorver nitrogênio e desenvolve-se melhor em solos bem drenados, de média ou alta fertilidade (BERTOLINI et al., 2015). Em estudo realizado por Carvalho (2004) comparando a lixiviação de nutrientes do solo no momento da colheita em áreas de canafístula com e sem casca como cobertura verificou-se que: no ambiente com casca apenas 22,6% dos nutrientes (nitrogênio, fósforo, potássio, magnésio e enxofre) do solo foram perdidos, o cálcio permaneceu e aumentou juntamente com os outros nutrientes. Enquanto, nos locais sem a casca como cobertura, o sistema perdeu cerca de 55% dos nutrientes, inclusive o cálcio.

1.2. Estimativa dos componentes da variância e de parâmetros genéticos

A variação fenotípica é resultado da ação conjunta dos efeitos genéticos e ambientais. Geralmente, espera-se que os efeitos genéticos sejam responsáveis pela maior parte da variação observada, de modo que essas características podem ser repassadas aos seus descendentes. Por outro lado, caso o ambiente tenha maior influência na expressão de certas características do que fatores genéticos, as discrepâncias encontradas não serão repassadas para os descendentes (RESENDE, 2002).

Em características quantitativas há um grande número de genes (poligenes) controlando a expressão do caráter e cada gene pode ser afetado pelo ambiente de formas diferentes. Assim, o ambiente tende a ter um impacto maior na expressão fenotípica devido à sua natureza poligênica. Dentre os componentes de variação fenotípica, a estimativa que irá favorecer a seleção é a variância genética aditiva, por referir-se aos efeitos aditivos dos genes. A variabilidade genética não aditiva é a heterose, indica a superioridade média dos filhos em relação à média dos pais (SWAN & KINGHORN, 1992). Os componentes de variância genética não aditiva podem se apresentar como variância genética dominante, devido aos efeitos de dominância dos genes ou como variância genética epistática, onde um gene influencia a ação de outro gene, inibindo-o (RAMALHO et al., 2012).

A partir dos componentes de variância são estimados os parâmetros genéticos que são de suma importância no melhoramento de plantas já que eles podem indicar quais progênies se destacam e no seu desempenho de campo e quais devem ser levadas adiante no estudo.

Ao estimar parâmetros genéticos, deve-se enfatizar que os valores e tendências observados são válidos apenas para a população analisada, não podendo ser utilizado para outras populações, pois cada grupo de indivíduos possui sua própria estrutura genética. Como resultado, é possível perceber grandes diferenças nos valores estimados de parâmetros genéticos obtidos em experimentos com a mesma espécie, devido a diferentes ambientes de teste, diferentes tempos de avaliação e diferentes métodos de medição de caracteres, dentre outros fatores (VENCOVSKY, 1987; ROSSMANN, 2001).

A herdabilidade (h^2) é um dos parâmetros mais importantes no melhoramento genético, pois pode prever o quanto uma determinada característica individual pode ser expressa em suas progênies. O valor da herdabilidade pode variar de 0 a 1, de maneira que, quanto mais próximo de zero, maior a influência do ambiente na variação observada, e quanto mais próximo de 1, maior a influência genética na variação observada. Um valor próximo a 1 indica confiabilidade, onde o fenótipo representa o genótipo. Portanto, o conhecimento sobre herdabilidade é necessário na condução de programas de melhoramento genético (FONSECA et al., 2010).

A herdabilidade pode ser estimada no sentido amplo ou restrito. A herdabilidade no sentido amplo considera todos os componentes da variação genotípica, ou seja, variância genética aditiva e variância genética de dominância. Diversos autores incluem

a variância genética epistática (BATESON, 1909; FISHER, 1918; COCKERHAM, 1954; KEMPTHORNE, 1954). Já a herdabilidade no sentido restrito considera apenas a variação genética aditiva. A escolha entre as duas herdabilidades deve considerar o tipo de reprodução da espécie em estudo (RESENDE, 2009). Alto valor de herdabilidade não significa necessariamente alto ganho genético, mas apenas uma possibilidade, porque altos valores de herdabilidade podem ocorrer em características com pouca variância genética aditiva (FALCONER, 1987; SAMPAIO et al., 2000).

O coeficiente de determinação dos efeitos da parcela (C^2_{parc}) aponta a quantidade de mudança ambiental entre parcelas e dentro de blocos. Em seguida, é possível analisar se o projeto utilizado, o número de blocos e o número de parcelas por bloco são válidos, uma vez que se é priorizado a homogeneidade dentro de blocos e a heterogeneidade entre os blocos (FONSECA et al., 2010).

O coeficiente de variação genética ($CV_g\%$) é responsável por indicar a existência de variabilidade genética e a possibilidade de alteração de determinadas características por seleção, com o cálculo considerando o valor médio da característica de avaliação (RESENDE, 2009). Por outro lado, o coeficiente de variação experimental ($CV_e\%$) representa a precisão do experimento. De acordo com Pimentel Gomes (2000), valores de CV_e abaixo de 10% são considerados baixos e valores de CV_e acima de 30% são considerados altos. Ao calcular a razão entre CV_g e CV_e , podemos encontrar o valor do coeficiente de variação relativo ($CV_r\%$), que pode ajudar a identificar a variabilidade genética da população sem ser diretamente afetado pela média da característica (FONSECA et al., 2010). Segundo Vencovsky e Barriga (1992), quando o resultado dessa divisão for maior que 1, a seleção é vantajosa.

Silva (2015) cita em seu trabalho “Variabilidade e estimação de parâmetros genéticos via modelos mistos em canafístula” as fórmulas referentes à herdabilidade e aos coeficientes de variação.

2.3. O procedimento REML/BLUP

O software SELEGEN-REML/BLUP (Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos) surgiu em associação com o aperfeiçoamento das metodologias de seleção genética a partir da análise matemática e estatística de dados obtidos em experimentos de campo. Na década de 1990 ocorreu um

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

A metodologia REML é o procedimento ótimo para estimação dos componentes de variância, uma vez que é considerado superior ao método de análise de variância (ANOVA) quando se trabalha com dados desbalanceados ou delineamentos não ortogonais, que são os casos de blocos aumentados ou incompletos (FONSECA et al., 2010). A função de verossimilhança é uma função da densidade de probabilidade conjunta dos pontos amostrais, de modo que o método da máxima verossimilhança (ML) consiste na obtenção do ponto máximo de tal função. Embora estimadores ML apresentem diversas vantagens em situações de dados desbalanceados, estes apresentam a desvantagem de ser viesados, uma vez que a estimação dos efeitos fixos ocasiona a perda de graus de liberdade. O REML apresenta uma correção do método ML, isto é, elimina o viés em decorrência do fato de que apenas a parte da verossimilhança invariante aos efeitos fixos é maximizada (RESENDE, 2002).

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

1. OBJETIVOS

O presente estudo objetivou investigar a variabilidade e estimar parâmetros genéticos em progênies de canafístula sementeas em Dourados - MS quanto a características silviculturais, visando encontrar um caráter avaliativo que possa ser utilizado para selecionar progênies para um possível programa de melhoramento.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Local da área e delineamento experimental

O experimento foi implementado na Fazenda Experimental de Ciências Agrárias - FAECA, da Universidade Federal da Grande Dourados, no mês de fevereiro do ano de 2013. A área localizada no polígono formado pelos pontos de coordenadas geográficas $22^{\circ}14'26,24''\text{S} - 54^{\circ}59'57,83''\text{W}$; $22^{\circ}14'28,51''\text{S} - 54^{\circ}59'57,66''\text{W}$; $22^{\circ}14'29,17''\text{S} - 55^{\circ}0'0,75''\text{W}$; $22^{\circ}14'26,71''\text{S} - 55^{\circ}0'1,05''\text{W}$, num total de 6.663m^2 , com altitude de 390 metros (Figura 1). O solo da área é classificado como Latossolo Vermelho Distroférrico de textura argilosa (EMBRAPA, 2018). O clima predominante é do Cwa (temperado chuvoso com inverno seco, verão chuvoso, temperatura média do mês mais frio inferior a 18°C e a do mês mais quente superior a 22°C) com temperatura média anual de $22,9^{\circ}\text{C}$ e precipitação de $1.412,5\text{ mm}$ (EMBRAPA, 2017).

O delineamento escolhido foi o alfa-látice 8×8 , com três repetições. Cada parcela experimental foi constituída por seis plantas no espaçamento $3 \times 2\text{m}$, sendo os tratamentos compostos por 64 progênies de canafístula, totalizando 1.128 plantas (Figura 2). A escolha do delineamento se deu em função da capacidade de recuperação da informação intrablocos.



Figura 1. Localização da área experimental de canafístula na FAECA– UFGD. Fonte: Google Earth, 2023.

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

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

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

Figura 2. Croqui de campo utilizado para organização das progênies de canafístula na área experimental em delineamento alfa-látice 8x8, com três repetições. UFGD, 2023. Fonte: Autores.

2.2. Teste de progênies

Para instalar o teste de progênies de canafístula na FAECA/UFGD foram coletados em Mato Grosso do Sul e Minas Gerais, sementes obtidas a partir da polinização aberta de 64 matrizes.

Foram coletadas sementes em Mato Grosso do Sul e Minas Gerais.

2.3. Avaliações

Para realizar as avaliações das características silviculturais foram coletados dados de todas as plantas da parcela. Foram obtidos dados de circunferência à altura do peito (CAP) em centímetros e calculado indiretamente diâmetro à altura do peito (DAP) em centímetros, área basal (AB) em centímetros quadrados, sobrevivência (SOBRE) e bifurcação (BIF).

A circunferência à altura do peito foi medida a 1,30 m em relação ao solo, utilizando uma fita diamétrica. Quando averiguado bifurcações à altura de 1,30 m, tomou-se o diâmetro de todas as ramificações e foi realizada a média para obtenção dos dados.

O diâmetro à altura do peito foi determinado pela fórmula de Loëtsch et al. (1973):

$$DAP = CAP / \pi$$

Onde:

CAP: circunferência à altura do peito;

π : Pi: 3,1416.

A área basal foi determinada pela fórmula de Poggiani et al. (1996):

$$AB = DAP^2 \times \pi / 4$$

Onde:

DAP: diâmetro à altura do peito;

π : Pi: 3,1416.

A sobrevivência foi avaliada por meio da contagem das árvores vivas e mortas (adotando “1” para plantas vivas e “0” para plantas mortas). Para avaliação da bifurcação foram utilizadas notas conforme escala pré-estabelecida (Tabela 1).

Tabela 1. Escala de notas utilizadas para avaliação da bifurcação de plantas de canafístula. Fonte: Autores.

Nota	Descrição
1	Bifurcação na base
2	Bifurcação entre a base e o diâmetro à altura do peito
3	Bifurcação no diâmetro à altura do peito
4	Bifurcação acima do diâmetro à altura do peito
5	Ausência de bifurcação

As avaliações para circunferência à altura do peito (CAP) foram realizadas aos oito, nove e dez anos, nos meses de março/2021, outubro/2022 e junho/2023,

respectivamente. As avaliações quanto à sobrevivência e à bifurcação não foram avaliadas aos oito e nove anos.

2.4. Análise estatística

As avaliações genético-estatísticas das progênies foram feitas por meio do procedimento REML/BLUP. A partir da análise de *deviance* foram estimados os componentes de variância e os parâmetros genéticos conforme Cruz et al. (2020). As análises foram realizadas utilizando o modelo 6 intitulado “Látice, progênies de meios-irmãos, várias plantas por parcela” do aplicativo computacional de estatística e genética SELEGEN – REML/BLUP (RESENDE, 2007).

Para as análises individuais foi utilizado o modelo para avaliação de progênies de meios-irmãos, no delineamento alfa-látice, com várias plantas por parcela, uma medição por indivíduo, um só caráter e uma só população, descrito em Resende (2002). Então, o modelo linear misto univariado utilizado para as análises individuais por procedência foi: $y = Xr + Za + Wp + Tb + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados da análise de *deviance* para as 64 progênes podem ser observados na Tabela 2, onde verifica-se os valores do teste da razão de verossimilhança e suas respectivas significâncias segundo o teste qui-quadrado.

Tabela 2. Análise de *deviance* dos caracteres diâmetro à altura do peito (DAP), área basal, bifurcação e sobrevivência obtidas nas avaliações de 64 progênes de canafístula realizadas aos oito, nove e dez anos. FAECA - UFGD, 2023.

8 ANOS					
DAP			ÁREA BASAL		
Efeito	<i>Deviance</i>	LRT	Efeito	<i>Deviance</i>	LRT
Progênie	2750,74	9,31*	Progênie	7513,51	13,54*
Parcela	2741,00	0,43 ^{ns}	Parcela	7499,97	0,00 ^{ns}
Bloco	2741,43	0,00 ^{ns}	Bloco	7499,97	0,00 ^{ns}
Modelo Completo	2741,43		Modelo Completo	7499,97	
CV _e (%)	9,85		CV _e (%)	18,35	
Média	10,70		Média	97,52	
9 ANOS					
DAP			ÁREA BASAL		
Efeito	<i>Deviance</i>	LRT	Efeito	<i>Deviance</i>	LRT
Progênie	2881,96	9,45*	Progênie	7767,54	14,09*
Parcela	2872,51	0,00 ^{ns}	Parcela	7753,45	0,00 ^{ns}
Bloco	2872,51	0,00 ^{ns}	Bloco	7753,45	0,00 ^{ns}
Modelo Completo	2872,51		Modelo Completo	7753,45	
CV _e (%)	10,13		CV _e (%)	19,22	
Média	11,24		Média	108,25	
10 ANOS					
DAP			ÁREA BASAL		
Efeito	<i>Deviance</i>	LRT	Efeito	<i>Deviance</i>	LRT
Progênie	2913,14	10,91*	Progênie	7848,50	15,34*
Parcela	2902,23	0,00 ^{ns}	Parcela	7833,16	0,00 ^{ns}
Bloco	2902,23	0,00 ^{ns}	Bloco	7833,16	0,00 ^{ns}
Modelo Completo	2902,23		Modelo Completo	7833,16	
CV _e (%)	10,10		CV _e (%)	19,33	
Média	11,45		Média	112,21	
BIFURCAÇÃO			SOBREVIVÊNCIA		
Efeito	<i>Deviance</i>	LRT	Efeito	<i>Deviance</i>	LRT
Progênie	440,77	0,65 ^{ns}	Progênie	-774,89	23,04*
Parcela	440,12	0,00 ^{ns}	Parcela	-797,93	0,00 ^{ns}
Bloco	441,58	1,46 ^{ns}	Bloco	-797,92	0,01 ^{ns}
Modelo Completo	440,12		Modelo Completo	-797,93	
CV _e (%)	6,06		CV _e (%)	19,39	
Média	4,42		Média	79,73	

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

Foi observado efeito significativo entre as progênies para todas as características, exceto para o número de bifurcações aos 10 anos de idade (Tabela 2). Este resultado demonstra que existem pelo menos duas progênies estatisticamente diferentes quanto a diâmetro à altura do peito, área basal e sobrevivência. E que por sua vez, há chance de ganho com a realização de ciclos seletivos. A área basal e diâmetro à altura do peito são fatores determinantes para o desempenho das progênies no momento das avaliações, uma vez que o aproveitamento da madeira de árvores com altos valores dessas características é otimizado (SILVA, 2015).

A sobrevivência é uma característica interessante a ser analisada, uma vez que demonstra indivíduos mais resistentes às adversidades do campo, o que se torna interessante tendo em vista que espécies arbóreas passam um longo período de tempo no campo até atingir a maturidade fisiológica desejada comercialmente. Para o experimento em questão, este resultado se mostra ainda mais interessante, visto que as progênies em estudo passaram por diversos tipos de estresse, como queimada, geada e alagamento, demonstrando a alta resistência da canafístula a intempéries.

O efeito não significativo para parcela e bloco observado em todos os caracteres indica que a variação dentro das parcelas e dos blocos foi baixa, demonstrando pouco efeito do ambiente. Este resultado aponta para o menor efeito ambiental em relação ao efeito genético para características avaliadas, tendo em vista que os efeitos de progênie foram significativos. Batista et al. (2012) também encontraram efeito significativo para progênie ao avaliar diâmetro à altura do peito e sobrevivência em canafístula.

Na tabela 3 são apresentadas estimativas de parâmetros genéticos obtidos a partir da avaliação de 64 progênies de canafístula quanto às características diâmetro à altura do peito (DAP, cm) e área basal (AB, cm²) realizadas aos oito, nove e dez anos e sobrevivência (SOBRE) realizada aos dez anos de idade da população. A obtenção destes parâmetros possibilita ao melhorista maior eficiência na escolha do método de melhoramento e indica quais os caracteres que devem ser selecionados em etapas iniciais e avançadas de um programa de melhoramento.

Garcia (1989) descreve o coeficiente de variação experimental como uma ferramenta útil para se especificar com eficiência e exatidão os resultados experimentais de forma que, quanto menor o CV_e %, mais homogêneos são os dados, além de sofrer menos interferência ambiental. Os coeficientes experimentais obtidos foram 9,85; 10,13 e 10,10 para DAP aos oito, nove e dez anos, respectivamente; 18,25; 19,22 e 19,33 para AB aos oito, nove e dez anos, respectivamente e 19,39 para sobrevivência aos dez anos,

condizentes com os valores encontrados por Miranda et al. (2015) na avaliação genética do DAP de *Eucalyptus grandis*, por Patiño-valera (1986) na avaliação genética da AB de *Eucalyptus saligna* e por Ohashi (2010) na avaliação genética de sobrevivência de *Shizolobium amazonicum*. Deste modo, o presente trabalho apresentou boa eficiência experimental e, portanto, uma alta confiabilidade dos parâmetros genéticos estimados.

A média geral de DAP foi de 10,70cm, 11,24cm e 11,45cm aos 8, 9 e 10 anos de idade, respectivamente (Tabela 3). O maior ganho ocorreu entre 8 e 9 anos, onde houve incremento de 0,54 cm no diâmetro à altura do peito das progênies de canafístula. O incremento em DAP pode ter ocorrido devido a fatores ambientais favoráveis ao desenvolvimento da espécie. Com relação a média da AB verificou-se aumento de 10,73 cm² entre 8 e 9 anos e 3,96 cm² entre 9 e 10 anos, reforçando a hipótese de que os fatores ambientais possibilitaram melhor desenvolvimento das progênies entre 8 e 9 anos. Considerando desde a implantação do experimento, que ocorreu em 2013, verificou-se que a média de sobrevivência encontrada nas progênies de canafístula aos dez anos de idade foi de 79,73%. Este resultado confirma a alta rusticidade da espécie, uma vez que as progênies passaram por diferentes condições de estresse abiótico como geada, alagamento, seca e queimada.

Tabela 3. Estimativa dos parâmetros genéticos para as características diâmetro à altura do peito (DAP, cm) e área basal (AB, cm²) realizado aos oito, nove e dez anos e sobrevivência (SOBRE) realizada aos dez anos, obtidas nas avaliações de 64 progênies de canafístula. FAECA - UFGD, 2023.

PARÂMETROS	DAP		
	8 ANOS	9 ANOS	10 ANOS
h^2_{aj}	0,11	0,11	0,12
h^2_{mp}	0,39	0,40	0,42
h^2_a	0,10±0,06	0,10±0,06	0,11±0,06
C^2_{parc}	0,11	0,11	0,11
CV_{gi} (%)	9,21	9,56	10,06
CV_{gp} (%)	4,60	4,78	5,03
CV_r	0,93	0,94	0,99
A_{cprog}	0,62	0,63	0,65
PARÂMETROS	AB		
	8 ANOS	9 ANOS	10 ANOS
h^2_{aj}	0,15	0,15	0,16
h^2_{mp}	0,46	0,47	0,49
h^2_a	0,13±0,07	0,14±0,07	0,14±0,07
C^2_{parc}	0,11	0,11	0,11
CV_{gi} (%)	19,90	21,25	22,09
CV_{gp} (%)	9,95	10,62	11,04
CV_r	1,08	1,10	1,14
A_{cprog}	0,68	0,69	0,70
PARÂMETROS	SOBRE		
	10 ANOS		
h^2_{aj}	0,15		
h^2_{mp}	0,47		
h^2_a	0,14±0,06		
C^2_{parc}	0,11		
CV_{gi} (%)	21,49		
CV_{gp} (%)	10,74		
CV_r	1,10		
A_{cprog}	0,69		

h^2_{aj} : herdabilidade individual no sentido amplo; h^2_{mp} : herdabilidade média de progênies; h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito ajustada para efeitos de parcela; C^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos da parcela; CV_e (%): coeficiente de variação experimental; CV_{gi} (%): coeficiente da variação genética aditiva individual; CV_{gp} (%): coeficiente de variação genotípica entre progênies; CV_r : coeficiente de variação residual; A_{cprog} : acurácia de seleção de progênies.

Para Fonseca et al. (2010), a herdabilidade (h^2) é um parâmetro extremamente importante, principalmente na condução de programas de melhoramento genético. Ela indica o quanto uma determinada característica individual pode ser expressa em suas progênies, com seu valor variando de 0 a 1 (ou 100%). Quanto mais próximo do zero,

maior a influência do ambiente na característica em questão, e, quanto mais próximo de um, maior a influência genética e a possibilidade de sucesso com a seleção.

A herdabilidade individual no sentido amplo (h^2_{aj}) acontece quando todos os componentes de variação fenotípica estão inclusos, de acordo com Resende (2009). Para a característica diâmetro à altura do peito (DAP), obtiveram-se os seguintes valores para herdabilidade individual no sentido amplo: 0,11; 0,11 e 0,12 aos 8, 9 e 10 anos, respectivamente (Tabela 3). Para a característica área basal (AB), obtiveram-se os seguintes valores: 0,15; 0,15 e 0,16 aos 8, 9 e 10 anos, respectivamente. E para a característica sobrevivência (SOBRE), obteve-se o seguinte valor: 0,15 aos 10 anos (Tabela 2). Os valores para DAP, AB e SOBRE para herdabilidade individual no sentido amplo em todos os anos de análise são considerados valores mais próximos de zero, indicando que houve uma maior influência do ambiente comparado à influência genética das progênes, tornando o processo de seleção individual para melhoramento genético desfavorável.

Para a característica DAP, obtiveram-se os seguintes valores para herdabilidade média de progênes (h^2_{mp}): 0,39; 0,40 e 0,42 aos 8, 9 e 10 anos, respectivamente. Para a característica AB, obtiveram-se os seguintes valores para herdabilidade média de progênes: 0,46; 0,47 e 0,49 aos 8, 9 e 10 anos, respectivamente. Para a característica SOBRE, obteve-se o seguinte valor para herdabilidade média de progênes: 0,47 aos 10 anos (Tabela 3). Vale acrescentar o cenário atual das progênes, aos 10 anos elas ainda não expressaram seu máximo potencial genético, ou seja, não atingiram seu ponto de maturidade fisiológica desejado comercialmente. A herdabilidade média de progênes apresentou valores superiores para todas as características se comparada a herdabilidade individual no sentido amplo indicando que a seleção poderá ter melhor resultado se realizada considerando a média das progênes.

Na herdabilidade individual no sentido restrito (h^2_a) se considera apenas a variação genética aditiva, segundo Resende (2009). Para a característica DAP, obtiveram-se os seguintes valores: $0,10 \pm 0,06$; $0,10 \pm 0,06$ e $0,11 \pm 0,06$ aos 8, 9 e 10 anos, respectivamente. Para a característica AB, obtiveram-se os seguintes valores para herdabilidade individual no sentido restrito: $0,13 \pm 0,07$; $0,14 \pm 0,07$ e $0,14 \pm 0,07$ aos 8, 9 e 10 anos, respectivamente. Para a característica SOBRE, obteve-se o seguinte valor para herdabilidade individual no sentido restrito: $0,14 \pm 0,06$ aos 10 anos (Tabela 3). Estes são valores considerados não favoráveis para seleção.

O coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (C^2_{parc}) nos mostra o quanto de variação ambiental ocorreu dentro do bloco e entre as parcelas. Torna-se possível, dessa forma, averiguar se o número de parcelas por bloco, o número de blocos e o delineamento utilizado foi eficaz, em virtude de se priorizar pela heterogeneidade entre blocos e homogeneidade dentro de blocos (FONSECA et al., 2010). Para as características DAP, AB e SOBRE, obteve-se o mesmo valor para coeficiente de determinação dos efeitos de parcela: 0,11 para os 8, 9 e 10 anos (Tabela 3) indicando que o delineamento foi eficiente.

Segundo Fonseca et al. (2010), o coeficiente de variação genética aditiva individual ($CV_{gi}\%$) é um parâmetro que mensura a amplitude da variação genética disponível para seleção, de modo que valores altos resultam em maior possibilidade de ganho com seleção. Os coeficientes de variação genética individual variaram de 9,21% para DAP aos 8 anos a 22,09% para AB aos 10 anos (Tabela 3). As características AB e SOBRE apresentaram estimativas semelhantes e superiores ao $CV_{gi}\%$ obtido no DAP das progênies. Estes resultados permitem inferir que, possivelmente, haverá maiores chances de encontrar indivíduos superiores para as características AB e SOBRE.

Os valores encontrados para o coeficiente de variação genética aditiva individual ($CV_{gi}\%$) no presente trabalho condizem com estimativas obtidas por Rocha et al. (2006) na avaliação genética de *Eucalyptus grandis* e indicam o possível uso deste material genético no programa de melhoramento, pois evidenciam a existência de variação genética dos indivíduos de cada família e do potencial para o melhoramento genético, podendo haver maior expressão da variação genética em avaliações posteriores para os caracteres avaliados na população.

O coeficiente de variação genotípica entre progênies ($CV_{gp}\%$) permite a estimativa da variação genotípica entre as progênies para cada característica avaliada. A área basal e sobrevivência apresentaram os maiores valores, reforçando que existe capacidade de ganhos com seleção para estes caracteres, juntamente com os resultados de herdabilidade média de progênies, é maior do que a possibilidade de ganho avaliando DAP.

O CV_r corresponde a relação entre o coeficiente de variação genética e o coeficiente de variação experimental e é um dado importante para o melhorista. Em ensaios de progênie quando esta relação atinge o valor 1 ou superior indica uma situação favorável à seleção (Vencovsky e Barriga, 1992) devido ao controle eficiente da precisão experimental e pelas diferenças encontradas entre os materiais genéticos

utilizados. Considerando esta relação para os coeficientes de variação genética aditiva individual e experimental, podemos averiguar os valores 0,93; 0,94 e 0,99 para DAP aos oito, nove e dez anos respectivamente, 1,08; 1,10 e 1,14 para AB aos oito, nove e dez anos respectivamente e 1,10 para sobrevivência aos dez anos, significando que a seleção de progênies para todas as características pode ser eficiente (Tabela 3).

Resende e Duarte (2007) classificaram as classes de precisão como muito alta para acurácia de 0,90 a 0,99, alta para 0,70 a 0,85, moderada para 0,50 a 0,65 e baixa para 0,10 a 0,40. A acurácia das progênies para DAP foi considerada moderada, sendo 0,62; 0,63 e 0,65 aos oito, nove e dez anos, respectivamente (Tabela 3). Já para as características área basal e sobrevivência a classificação se enquadrou em alta, sendo 0,68; 0,69 e 0,70 para AB aos oito, nove e dez anos respectivamente e 0,69 para sobrevivência aos dez anos. Segundo Pires et al. (2011) a acurácia refere-se à correlação entre os valores genéticos preditos e os valores genéticos verdadeiros dos indivíduos logo, quanto maior a acurácia na avaliação de um indivíduo, maior é a confiança na avaliação e no valor genético predito deste indivíduo. Os valores de acurácias obtidos apontam para um alto grau de confiabilidade dos resultados alcançados na avaliação genética, além de indicar possibilidades reais de ganhos genéticos e precisão na seleção de progênies superiores.

4. CONCLUSÕES

As estimativas dos parâmetros genéticos indicaram que haverá maior possibilidade de ganhos com a seleção nas características área basal e sobrevivência e que a seleção deverá ser realizada com base na média das progênes, visto que elas ainda não atingiram seu ponto de maturidade fisiológica, impossibilitando a expressão do seu máximo potencial genético.

Já a seleção de progênes de canafístula quanto ao diâmetro à altura do peito e com base na média do indivíduo não é recomendada em função da alta influência ambiental.

5. REFERÊNCIAS

BASSAN, Daniela Arai Zanetta. **Diversidade genética em populações de canafístula (*Peltophorum dubium* (Spreng.) Taub.), micropropagação e produção de mudas micorrizadas em Mato Grosso do Sul**. 2019. 115 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Faculdade de Ciências Agrárias, Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados – MS.

BATESON, W. **Mendel's principles of heredity**. Cambridge: Cambridge University Press, 1909. 396 p.

BATISTA, C. M.; FREITAS, M. L. M.; MORAES, M. A. de; ZANATTO, A. C. S.; SANTOS, P. C. dos; ZANATA, M.; MORAES, M. L. T. de; SEBBENN, A. M. Estimativas de parâmetros genéticos e a variabilidade em procedências e progênes de *Handroanthus vellosi*. **Pesquisa Florestal Brasileira**, [S. l.], v. 32, n. 71, p. 269, 2012. DOI: 10.4336//2012.pfb.32.71.269. Disponível em: <https://pfb.cnpf.embrapa.br/pfb/index.php/pfb/article/view/358>. Acesso em: 14 ago. 2023.

BERTOLINI, I. C., BRUN, E. J., & DEBASTIANI, A. B.; **Caracterização silvicultural da canafístula (*Peltophorum dubium* (Sprengel) Taubert)**. *Scientia Agraria Paranaensis*, v. 14, n. 2, p. 67-76, 2015.

SEMENTES CAIÇARA. Link de acesso <<https://www.loja.sementescaicara.com/eucalipto-dunni/p>>, 2023.

SEMENTES CAIÇARA. Link de acesso <<https://www.loja.sementescaicara.com/canafistula/p>>, 2023.

CARVALHO, P. E. R.; Canafístula. Circular Técnica, 2002, Colombo-PR.

CARVALHO, P. E. R.; **Espécies arbóreas brasileiras**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 2003, v1. 1039p.

CARVALHO, P.E.R. Guajuvira – Patagonula america. **Circular Técnica**, 2004, Colombo-PR

CLICK MUDAS. Link de acesso <https://www.clickmudas.com.br/loja/busca.php?loja=694142&palavra_busca=canafistula>, 2023.

COCKERHAM, C.C. An extension of the concept of partitioning hereditary variance for analysis of covariance among relatives when epistasis is present. **Genetics**, Austin v. 39, p. 859-882, 1954.

CRUZ, S. L.; PEDROZO, C. A.; OLIVEIRA, V. X. A.; SILVA, A. M.; RESENDE, M. D. V.; GONÇALVES, D. A. Parâmetros genéticos e seleção inicial de procedências e progênies de taxi-branco (*Tachigali vulgaris*) em Roraima. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 30, n. 1, p. 258-269, 2020.

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

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **O clima da região de Dourados, MS**. 3.ed. rev. e atual. Dourados: Embrapa Agropecuária Oeste, p.29, nov. 2017.

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 5.ed. rev. e ampl. Brasília: Embrapa Solos, p. 196, 2018.

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

FISHER, R.A. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. **Transactions of the Royal Society of Edinburgh**, Edinburgh, v. 52, p. 399–433, 1918.

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

GARCIA, C. H. Tabelas para classificação do coeficiente de variação. **Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais**. IPEF, Piracicaba-SP, 11 p. 1989.

KEMPTHORNE, O. The correlation between relatives in a random mating population. **Proceedings of the Royal Society of London. Biological Sciences**, London, v. 143, p. 103-113, 1954.

LOËTSCH, F.; HALLER, K.E.; ZÖHRER, F. **Forest inventory**. 2. ed. Munich: BLV Verlagsgesellschaft, 1973. v. 2, 469 p.

LORENZI, Harri. **Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas do Brasil**. Nova Odessa: Instituto Plantarum de Estudos da Flora. 351 p. 1992.

MIRANDA, A. C.; MORAES, M. L. T.; SILVA, P. H. M.; SEBBENN, A. M. Ganhos genéticos na seleção pelo método do índice multi-efeitos em progênies polinização livre de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Scientia Forestalis**. Piracicaba, v. 43, n. 105, p. 203-209, 2015.

OHASHI, S. T., YARED, J. A. G., & FARIAS NETO, J. T. de. (2010). **Variabilidade entre procedências de paricá *Schizolobium parahyba var amazonicum* (Huber ex Ducke) Barneby plantadas no município de Colares - Pará**. Acta Amazonica, 40(1), 81–88.

PATIÑO-VALERA, Fernando. **Variação genética em progênies de *Eucalyptus saligna Smith* e sua interação com o espaçamento**. 1986. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, University of São Paulo, Piracicaba, 1986. doi:10.11606/D.11.1986.tde-20220207-215044. Acesso em: 2023-08-14.

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

PIRES, I. E.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, R. L.; RESENDE JR.; M. F. R. **Genética florestal**. Viçosa-MG. Ed: Arka, cap. 15, 318p, 2011.

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

POGGIANI, F.; OLIVEIRA, R.E.; CUNHA, G.C. Práticas de Ecologia Florestal. **Documentos Florestais**, Piracicaba, n.16, p.1-44, 1996.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A. de; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. de. **Genética na Agropecuária**. 5º Ed. Lavras: Editora UFLA, 2012. 566p.

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

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

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

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

RESENDE, M. D. V; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia-GO, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

ROCHA, M. G. B.; PIRES, I. E.; ROCHA, R. B. R.; CRUZ, C. D. Avaliação genética de progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus grandis* por meio dos procedimentos REML/BLUP e da ANOVA. **Scientia Forestalis**, Piracicaba-SP, n. 71, p. 99-107, 2006.

ROSSMANN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. 2001. Dissertação (Mestrado em genética e melhoramento de plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, University of São Paulo, Piracicaba, 2001. Disponível em <<https://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/11/11137/tde29072002153415/publico/heik>> acesso em 01 de novembro de 2020.

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.

SANTIAGO, Etenaldo F.; PAOLI, Adelita AS. O aumento em superfície em *Adelia membranifolia* (Müll. Arg.) Pax & K. Hoffm. e *Peltophorum dubium* (Spreng.) Taub., em resposta ao estresse por deficiência nutricional e alagamento do substrato. **Brazilian Journal of Botany**, v. 26, n. 4, p. 503-513, 2003.

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

SWAN, A. A.; KINGHORN, B. P. **Avaliação e exploração de cruzamentos em gado leiteiro**. *Journal of Dairy Science*, v. 75, n. 2, pág. 624-639, 1992.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. Disponível em: <<https://repositorio.usp.br/item/000769576>>. Acesso em: 21 ago. 2023.

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