

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE CEDRO AUSTRALIANO (*Toona ciliata*) VIA METODOLOGIA REML/BLUP E MARCADORES DE DNA

RULFE TAVARES FERREIRA

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
FEVEREIRO - 2009

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE CEDRO AUSTRALIANO (*Toona ciliata*) VIA METODOLOGIA REML/BLUP E MARCADORES DE DNA

RULFE TAVARES FERREIRA

Dissertação apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas

Orientador: Prof^o Alexandre Pio Viana

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
FEVEREIRO - 2009

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE CEDRO AUSTRALIANO (*Toona ciliata*) VIA METODOLOGIA REML/BLUP E MARCADORES DE DNA

RULFE TAVARES FERREIRA

Dissertação apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas

Aprovada em 16 de fevereiro de 2009

Comissão examinadora:

Dr. Marcos Deon Vilela de Resende (D.Sc., Genética) – Pesquisador EMBRAPA

Prof^a. Deborah Guerra Barroso (D.Sc., Produção Vegetal) - UENF

Prof^o. Rogério de Figueiredo Daher (D.Sc., Produção vegetal/Melhoramento de Plantas) - UENF

Prof^o. Alexandre Pio Viana (D.Sc., Produção Vegetal) – UENF
Orientador

A meu Pai meus familiares e
a meus irmãos em Cristo
dedico esta conquista.

AGRADECIMENTO

A meu Deus e Pai por toda paz e tranqüilidade ao longo de todo o curso.

A meus familiares (minha amada esposa Meirislaine, meus filhos Pedro e Daniel, meu pai Jorge, minha mãe Rosa e meu irmão Giorgio, meu sogro Bernardo e meu cunhada Welton).

A meu orientador, professor Alexandre Pio Viana, pela oportunidade de me aprimorar como profissional e como pessoa.

A professora Deborah Guerra Barroso, pela oportunidade de trabalho, aprendizagem e confiança.

Aos professores do LMGV e demais laboratórios do CCTA que contribuíram para a minha formação.

Ao pesquisador Marcos Deon Vilela de Resende, pelo suporte intelectual e atenção oferecida.

Ao meu amigo Pedro Corrêa Damasceno Júnior pela amizade, incentivo e suporte intelectual.

Aos meus colegas pelo companheirismo, em especial, Thiago Lyrio, Marcelo Ribeiro, Vanerson, Daniele e Mirian.

Aos funcionários da UENF, em especial, Armando, Isa, Jader, Vitória e Daniel por toda colaboração.

Aos professores que participaram da banca, pelas preciosas sugestões que muito contribuíram para a melhoria desse trabalho.

Aos produtores Edison e Paulo, e ao técnico Ângelo.

Aos meus irmãos em Cristo, em especial Josué, Elias, Enoque, Sebastião,
Marcos e Hosana.

À UENF pela oportunidade de cursar o mestrado e concessão de bolsa.

SUMÁRIO

RESUMO	VII
ABSTRACT	IX
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	4
2.1. CEDRO AUSTRALIANO.....	4
2.2. CENTRO DE ORIGEM E DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA.....	5
2.3. BIOLOGIA REPRODUTIVA DA ESPÉCIE	6
2.4. CITOGENÉTICA.....	7
2.5. MELHORAMENTO GENÉTICO FLORESTAL	8
2.5.1. ASPECTOS DO CEDRO AUSTRALIANO ASSOCIADOS AO MELHORAMENTO GENÉTICO.....	9
2.6. MARCADORES DE DNA.....	11
2.7. METODOLOGIA REML/BLUP	14
3. TRABALHOS	19
3.1. SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE TOONA CILIATA COM A UTILIZAÇÃO DE BLUP INDIVIDUAL COM MEDIDAS REPETIDAS.....	19
RESUMO	19
ABSTRACT	20
3.1.1. INTRODUÇÃO	21
3.1.2. MATERIAL E MÉTODOS.....	23
3.1.2.1. MATERIAL EXPERIMENTAL	23
3.1.2.2. CARACTERÍSTICAS ESTIMADAS VIA IMAGEM DIGITAL	24
3.1.2.2.1. DIÂMETRO À ALTURA DO PEITO (DAP).....	24
3.1.2.2.2. VOLUME CILÍNDRICO (VC).....	24
3.1.2.2.3. DIÂMETRO DO COLO (D. COLO).....	24

3.1.2.2.4. DISTÂNCIA ENTRE NÓS (ENTRENÓS).....	25
3.1.2.2.5. DIÂMETRO DE COPA (D. COPA).....	25
3.1.2.3. ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS GENÉTICOS.....	26
3.1.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	28
3.1.3.1. TESTE DE DIFERENÇA ENTRE MENSURAÇÃO VIA ANÁLISE DIGITAL DE IMAGEM E VIA MANUAL.....	28
3.1.3.2. ESTIMATIVAS DAS VARIÂNCIAS, REPETIBILIDADE DAS CARACTERÍSTICAS E ACURÁCIA REFERENTES A 3 AVALIAÇÕES.....	29
3.1.3.3. SELEÇÃO E ESTIMATIVAS DOS GANHOS.....	33
3.1.3.4. ESTABILIDADE DE VALORES GENÉTICOS.....	44
3.1.4. CONCLUSÕES.....	49
3.2. DIVERSIDADE GENÉTICA EM CEDRO AUSTRALIANO COM BASE EM CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS E MARCADORES DE DNA.....	54
RESUMO.....	54
ABSTRACT.....	55
3.2.1. INTRODUÇÃO.....	55
3.2.2. MATERIAL E MÉTODOS.....	57
3.2.2.1. MATERIAL VEGETAL.....	57
3.2.2.2. COLETA E EXTRAÇÃO DO DNA.....	60
3.2.2.3. PRODUTOS AMPLIFICADOS.....	62
3.2.2.4. ANÁLISE ESTATÍSTICA.....	62
3.2.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	63
3.2.4. CONCLUSÕES.....	74
3.2.5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	75
4. RESUMO E CONCLUSÃO.....	77
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	80

RESUMO

FERREIRA, Rulfe Tavares, M.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Fevereiro de 2009. Seleção de genótipos de cedro australiano (*Toona ciliata*) via metodologia REML/BLUP e marcadores de DNA. Orientador: Prof^o. Alexandre Pio Viana. Conselheiros: Profs. Antônio Teixeira do Amaral Júnior e Deborah Guerra Barroso.

O Cedro australiano (*Toona ciliata*), por apresentar alto potencial produtivo e econômico, despertou o interesse sobre a ampliação dos conhecimentos sobre a mesma. Com o presente trabalho objetivou-se aplicar o método REML/ BLUP aplicado via programa SELEGEN em programa de melhoramento genético com a espécie, utilizando-o na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos. Os ensaios foram conduzidos em propriedades particulares localizadas em Santa Maria Madalena e Trajano de Moraes, RJ. Os resultados gerados de três avaliações – cujas mensurações foram realizadas via análise digital de imagem – , apresentaram elevada acurácia para os caracteres altura de planta, diâmetro à altura do peito, volume cilíndrico, diâmetro do colo, diâmetro da copa e distância entre nós. Dos 90 genótipos avaliados 38 apresentaram valores genotípicos preditos para o diâmetro à altura do peito superiores à média geral desse caráter, 33 para o volume e 49 para altura, permitindo ganhos da ordem de até 24,9 % na média para o volume cilíndrico. O procedimento utilizado mostrou-se adequado à estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos em nível de indivíduos, podendo ser de grande utilidade prática em programas de melhoramento genético de *Toona ciliata*.

Outro objetivo deste estudo foi realizar um estudo de diversidade genética entre esses 90 genótipos de cedro australiano empregando marcadores moleculares e caracteres morfoagronômicos. Foram utilizados 12 iniciadores RAPD, gerando um total de 91 marcas totais, sendo 9 monomórficas e 82 polimórficas, ou seja, 90,10% de bandas polimórficas, com uma média de 7,58 bandas por iniciadores. Os marcadores RAPD mostraram-se como uma ferramenta eficiente para a caracterização molecular. Os resultados mostraram também que os marcadores moleculares RAPD juntamente com análise dos dados morfoagronômicos, utilizando-se o método hierárquico UPGMA, foram eficazes em revelar a existência de diversidade genética entre os 90 genótipos de cedro australiano. Na interpretação das análises moleculares, foi utilizado o complemento aritmético do Índice de Jaccard. Com base nas análises de agrupamento hierárquicas UPGMA, vizinho mais próximo e o método de otimização de Tocher, essa diversidade pôde ser observada pela presença de genótipos similares e divergentes.

ABSTRACT

FERREIRA, Rulfe Tavares, M.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; February, 2009; Genotypes selection of Australian cedar (*Toona ciliata*) using REML/BLUP and DNA markers. Adviser: Alexandre Pio Viana. Committee members: Antônio Teixeira do Amaral Júnior and Deborah Guerra Barroso.

The Australian cedar (*Toona ciliata*) has a great economic and productive potential and due to this fact, some studies about this species have been carried out. The first objective of this work was to apply the REML/ BLUP analysis by SELEGEN software, in order to estimate genetic parameters and to predict genotypic values of Australian cedar, and after that, to utilize this information in the genetic breeding program of this species. The assays were conducted in private properties localized in Santa Maria Madalena and Trajano de Moraes, Rio de Janeiro State. The measures were obtained from digital image analyses and the results from the three evaluations were very accurate to the following traits: plant height, diameter at breast height (DBH) and cylindrical volume. From the 90 genotypes evaluated, 38 presented superior predicted genotypic values to DBH, 33 genotypes to volume and 49 to plant height, higher values than their respective means, allowing gains around 24.9% to cylindrical volume. The procedure was adequate to estimate the genetic parameters and to predict the genotypic values at individual level. Thus, it can be useful in genetic breeding programs of *Toona ciliata*. The second objective of this work was to evaluate the genetic diversity among 90 Australian cedar genotypes using molecular markers and

morphoagronomic traits. Twelve RAPD primers generated a total of 91 marks, 9 monomorphic and 82 polymorphic, (90.10% of polymorphic bands) with a mean of 7.58 markers per primer. The RAPD markers were efficient in molecular characterization. The association between these markers and the morphoagronomic analysis using the UPGMA method revealed the genetic diversity among the 90 Australian cedar genotypes. The Jaccard index was utilized in the molecular analyses interpretation. Based on UPGMA and nearest neighbor, both hierarchical cluster analyses, and on Tocher method, this diversity was verified by the presence of similar and divergent genotypes.

1. INTRODUÇÃO

O aumento da demanda de produtos e subprodutos florestais tem despertado o interesse por espécies de rápido crescimento, como fonte de matéria-prima para usos múltiplos. Esta realidade tem incrementado a pesquisa de novas espécies com maior e melhor potencial produtivo e econômico, para atendimento da demanda das indústrias do setor (Assis, 1999). Para tanto, a implantação de florestas de produção melhoradas geneticamente, é uma etapa muito importante neste processo.

O Cedro Australiano — espécie exótica no Brasil, que pertence à família Meliaceae e que, no país, segundo Oiano (2000), encontrou condições favoráveis ao seu desenvolvimento, apresentando excelente e rápido crescimento — por apresentar madeira de boa qualidade e grande aceitação em todo o mundo para usos nobres, como fabricação de móveis e acabamentos em construção civil (Lorenzi et al., 2003 e Pinheiro et al., 2003), apresenta-se como uma boa alternativa para o setor florestal brasileiro e fluminense.

O melhoramento genético das espécies vegetais perenes, como as essências florestais, é dependente da eficiência de escolha dos melhores indivíduos — que transmitam seus genes de interesse à próxima geração, para serem utilizados na obtenção de novas plantas com características desejáveis. Para tanto, a adoção de métodos precisos de seleção, além da variabilidade genética, são muito importantes (Resende, 2000). Além desse aspecto, outros como: expressões de diferentes caracteres por possíveis alterações dos genes

que os controlam ao longo das várias idades e ciclos reprodutivos longos, reforçam a importância da utilização de métodos que permitam a determinação do valor genético de um indivíduo, através de suas características fenotípicas.

Henderson (1949) propôs, inicialmente, a utilização do método dos modelos mistos, que permite obter o melhor preditor linear não viciado, determinado BLUP em 1973, predizendo, assim, os valores genéticos de cada indivíduo, que são tratados como efeitos aleatórios, corrigidos para os demais efeitos fixos contidos no modelo, permitindo estimar médias e prever valores genéticos aditivos de indivíduos. Essa metodologia, permite gerar estimativas não tendenciosas, de parâmetros, pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), proposto por Patterson & Thompson (1971). A metodologia de modelos mistos, é uma ferramenta flexível, que apresenta as vantagens de poder ser aplicada a dados desbalanceados, permitir utilizar, simultaneamente, grande número de informações, provenientes de diferentes gerações, locais e idades, gerando estimativas mais precisas. Não exige dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação, podendo ser aplicada a dados obtidos normalmente nos programas de melhoramento, os quais não precisam estar associados a delineamentos, bastando que se tenha informações sobre a genealogia dos indivíduos.

O método permite o ajuste de vários modelos alternativos, podendo-se escolher o que melhor se ajusta aos dados. Além disso, Resende et al. (2000) apresentam esse procedimento como ótimo na predição de valores genéticos em nível individual.

A metodologia dos modelos mistos, desenvolvida por Henderson (1973), contém efeitos de natureza fixa e aleatória. Outra grande vantagem desses modelos é que eles consideram a covariância genética entre as observações e ponderam os genótipos com diferentes números de informações, na mesma ou em diferentes gerações (Resende, 2002). No modelo misto, os blocos, os ambientes podem ser considerados efeitos fixos, mas que interferem nos efeitos aleatórios ou genéticos.

O uso dos modelos mistos certamente é um marco no melhoramento de plantas perenes, uma vez que conjuntos de dados que antes não podiam ser utilizados, podem agora ser aproveitados, permitindo maior eficiência dos

programas de melhoramento. Este fato permite maior precisão na seleção e, portanto, maiores ganhos genéticos.

A utilização de medidas repetidas (no tempo) em cada indivíduo, vem sendo cada vez mais empregada no melhoramento genético de espécies perenes. A avaliação genética envolvendo indivíduos dessas espécies, tem se baseado em modelos que consideram o efeito adicional, denominado efeito de ambiente permanente, bem como a repetibilidade, (parâmetro associado à correlação fenotípica entre medidas repetidas em um mesmo indivíduo).

A importância dos modelos de repetibilidade para avaliação genética em algumas espécies perenes, como, por exemplo, a erva-mate (Resende, Sturion e Mendes, 1995) e espécies florestais de rápido crescimento (Wei et al., 1996), tem sido enfatizada por alguns pesquisadores.

Outra ferramenta, que além de estar sendo muito utilizada em culturas agrônômicas, também vem auxiliando grandemente no melhoramento de espécies perenes, como as florestais, são os marcadores moleculares. Este fato se deve aos mesmos poderem ser utilizados na identificação de alelos favoráveis e nas estimativas da variabilidade genética de um grupo de indivíduos, o que pode auxiliar, grandemente, programas de melhoramento florestal.

No caso específico do Cedro Australiano, o presente trabalho objetiva estimar parâmetros, e obter predições de valores genotípicos, pelo procedimento BLUP, em nível de indivíduos, sem delineamentos experimentais rígidos, com vários indivíduos e medidas repetidas, utilizando-se o programa SELEGEN-REML/BLUP, sendo para as mensurações, testada a metodologia da análise digital de imagem via software Imagej. Associado a isto, realizar o estudo da diversidade genética dos indivíduos avaliados via marcadores de DNA e caracteres morfológicos. Tais estudos visam iniciar o programa de melhoramento da espécie no estado do Rio.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. CEDRO AUSTRALIANO

O Cedro Australiano é uma espécie florestal que apresenta um enorme potencial para silvicultura comercial (Ares e Fownes, 2000). A espécie foi introduzida no Brasil, através de projeto de fomento florestal, realizado na região sudeste, onde encontrou condições edafoclimáticas favoráveis ao seu desenvolvimento. A implantação da cultura é economicamente viável e confere um investimento rentável ao produtor, segundo análise econômica de Pinheiro et al. (2003).

Essa espécie possui similaridade botânica com o cedro nativo (*Cedrela fissilis* e *C. odorata*), árvores das mais conhecidas da Mata Atlântica brasileira e com o mogno nativo (*Swietenia macrophylla*), da Amazônia. (Lorenzi et al., 2003).

O Cedro Australiano apresenta resistência aos ataques da broca da gema apical (*Hypsipyla grandella*), que causa grandes danos ao cedro e ao mogno brasileiros (Oiano, 2000).

Segundo Pinheiro (1986), o Cedro é descrito como uma árvore de grande porte, podendo alcançar cerca de 50,0 m de altura e 2,0 m de diâmetro. Seu tronco é retilíneo, às vezes bifurcado, apresentando sapopemas baixas, assimétricas e pouco desenvolvidas. A casca apresenta-se grossa, dura, com deiscência em placas retangulares e escamiformes, de coloração cinza a marrom, com manchas de líquens, placas com 7,0 a 25,0 mm de largura e 10,0 a 30,0 mm de comprimento por 10,0 mm de espessura. As folhas são alternadas, pecioladas,

paripenadas e um pouco pendentes. As flores estão reunidas em panículas terminais pendentes, menores que as folhas com pedúnculo levemente ciliado, actinomorfas, unissexuais, heteroclamídeas, pentâmeras, com 3 a 4 mm de comprimento. Seus frutos são cápsulas de 15 a 20 mm de comprimento por 10 mm de diâmetro, abrindo-se do ápice em direção a base, de cor castanho-escuro. As sementes apresentam-se com 10 a 20 mm de comprimento por 3 mm de largura, aladas, presas nas cinco cavidades da columela, de coloração castanho-clara e apresentando no lado maior uma faixa castanho-escuro diagonal, contornando a semente e prolongando-se por quase todo o bordo, brilhante, exalbuminada e bitegminada. Esta espécie possui copa verde, densifoliada, com tendência a forma apitada esférica e às vezes umbeliformes, floresce de setembro a novembro, frutifica entre janeiro e março e perde toda a folhagem entre junho e julho, aproximadamente.

De acordo com Lamprecht (1990), *Toona ciliata* M.Roem. cresce em área com precipitação anual entre 800 e 1.800 mm com 2 a 6 meses de seca, apresentando um bom desenvolvimento em plantios de regiões com 4.000 mm de precipitação anual.

A temperatura para o seu desenvolvimento fica em torno de 20 a 26°C, no entanto a espécie sobrevive a temperaturas mínimas absolutas pouco abaixo de 0°C. (Pinheiro et al. 2006)

Segundo Streets (1962), *Toona ciliata* tem boa regeneração natural próximo às árvores produtoras de sementes, mesmo em áreas onde foi introduzida como espécie exótica. Devido a estas características é considerada uma espécie pantropical, ou seja, cultivada em todos os trópicos.

Estudos desenvolvidos por Otárola et al. (1976), na Costa Rica, permitiram observar que essa espécie tem capacidade de rebrotar após o primeiro corte. Observou-se que 98% das cepas rebrotaram e, após o segundo corte a rebrota atingiu 53%, apresentando-se vigorosa. Estes dados foram coletados em plantios de quatro a sete anos.

2.2. CENTRO DE ORIGEM E DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA

O Cedro Australiano, segundo Grijpma e Ramalho (1969), distribui-se naturalmente no leste da Austrália se estendendo, desde Ulladulla, ao sul de

Sidney, no Estado de New South Wales, até Atherton, no norte do estado de Queensland.

A distribuição da espécie de acordo com Edmonds (1993), engloba além do sul da Austrália, entre Queensland e New South Wales, citados anteriormente, a Índia e sudeste asiático.

O habitat natural da espécie segundo relatos de Holdridge e Poveda (1975) são as baixas e médias elevações, que apresentam clima de úmido a muito úmido.

2.3. BIOLOGIA REPRODUTIVA DA ESPÉCIE

As inflorescências, segundo Pinheiro et al. (2006) são cimosas, do tipo cima bíparas ou dicásio — caracterizada por possuir uma inflorescência formada por um eixo principal que se ramifica sucessivamente, formando eixos secundários de várias ordens, conhecidos como tirsos, de crescimento determinado, com a formação de uma flor terminal, contendo duas outras laterais em sentidos opostos.

As flores terminais no final de cada tirso são as primeiras a entrarem em antese. O tamanho das inflorescências e o número de flores por inflorescência apresentam grande variação. As pétalas são livres e abrem-se totalmente nas flores em antese. Os filetes são livres de acordo com Judd et al. 1999 e as anteras mantêm um mesmo plano em relação ao estigma, conforme Pennington & Styles (1975).

A espécie de acordo com Gouvêa (2008), apresenta dimorfismo sexual em que ocorre a degeneração, ou má-formação, dos óvulos em ovários de flores “funcionalmente masculinas”, e o desenvolvimento normal dos óvulos nas flores “funcionalmente femininas”

Pinheiro et al. (2006) descrevem as flores como unissexuais masculinas e femininas, em que as flores masculinas apresentam comprimento em torno de quatro milímetros, com pedicelo de dois milímetros de comprimento e escassamente pilosos. Seu cálice é diminuto, gamossépalo, com formato ligeiramente campanulado, com cílios nos bordos das sépalas bem esparçados, além de apresentarem sépalas zigomorfos. A corola é branca, dialipétala, com formato elíptico, sendo que as pétalas possuem projeções carnosas na base e na região mediana que se une ao ovário. O androceu é isostêmone, livre e inserido

na parte inferior do ovário. Suas anteras são grandes, amarelas, bitecas, com formato ovalado, dorsifixas, introrsas, rimosas. Os filetes são subulados com uma dilatação perto do ovário e mais afilados perto das anteras. O gineceu é penta carpelar, próximo ao ápice das pétalas com três milímetros e meio, sendo o estilete estriado, com dois milímetros de comprimento; ovário súpero com um milímetro de comprimento, arredondado, pentalocular, com oito a dez óvulos por lóculo que são abortados.

As flores femininas são um pouco menores que as masculinas, apresentando cerca de três milímetros. As diferenças são basicamente no tamanho em que as pétalas apresentam três milímetros de comprimento e um milímetro e meio de largura. O androceu tem cinco estaminóides livres e inseridos na base do ovário e anteras delgadas. O gineceu é pentacarpelar com dois milímetros e meio com estigma discóide, próximo ao ápice das pétalas. O ovário súpero pubescente tem dois milímetros e meio de comprimento, arredondado a elíptico, pentacarpelar com oito a dez óvulos bisseriados e superpostos por lóculo. O estilete é estriado com um milímetro de comprimento.

2.4. CITOGENÉTICA

O conhecimento do número de cromossomos ou do nível de ploidia, de acordo com Schifino-Wittmann (2001), é imprescindível para os trabalhos de melhoramento genético, quando são programados cruzamentos, além de importante para a caracterização do germoplasma.

A expressão da quantidade de DNA presente no complemento cromossômico de um organismo é descrita pelo termo tamanho do genoma ou “valor-C”, que é quantificado em picogramas, pares de nucleotídeos, ou daltons (1pg = 0,965 x 10⁹ pares de nucleotídeos; 1 par de nucleotídeo = 660 daltons) (Greilhuber e Ehrendorfer, 1988). A quantidade de DNA nuclear influencia o fenótipo de duas maneiras distintas: pela expressão de seu conteúdo e pelos seus efeitos físicos (Schifino-Wittmann, 2001).

Mehra e Bawa (1969) afirmam que muitas espécies de plantas tropicais são poliplóides, sendo a família Meliaceae possuidora de muitas espécies poliplóides, como por exemplo, as do gênero *Khaya*, *Cedrela*, *Swietenia* e *Toona*.

A família Meliaceae apresenta uma grande variedade de números cromossômicos. A base do número de cromossomos é $n = 14$ ou múltiplos, como 28, 42, ou até mesmo superior de ploidia.

Muellner et al. (2003) apontam a importância do trabalho de revisão bibliográfica sobre a família Meliaceae realizado por Pennington & Styles (1975), no qual estes reconheceram a existência de quatro subfamílias: Melioideae, com sete tribos contendo 35 gêneros, entre as quais *Melia*, *Trichilia* e *Guarea*, e *Swietenioideae*, com treze gêneros, incluindo-se *Cedrela*, *Swietenia* e *Toona* organizados em três tribos.

A família Meliaceae, com cerca de 51 gêneros e 550 espécies, apresenta espécies que estão amplamente distribuídas, ocorrendo em uma grande variedade de ambientes, de florestas tropicais, brejos e semidesertos a ligeira penetração em zonas temperadas.

2.5. MELHORAMENTO GENÉTICO FLORESTAL

O melhoramento genético é um ramo da ciência que visa à obtenção de indivíduos ou populações com características desejáveis, a partir do conhecimento do controle genético destas características e de sua variabilidade.

O melhoramento genético de espécies florestais é uma ciência nova, que só se destacou a partir de 1950. Esta importante área, tem como base os conhecimentos da área de genética, mas requer a integralização de conhecimentos de várias outras disciplinas e campos do conhecimento, como a botânica, taxonomia, citologia, fitopatologia, entomologia, biologia molecular, fisiologia, estatística, entre outras.

O fato das espécies arbóreas serem perenes e de ciclo muito longo, dão ao melhoramento florestal um aspecto muito próprio. Além disso, a diversidade de sistemas reprodutivos, igualmente contribuiu com as peculiaridades dessa área.

Além dos tradicionais métodos usados em melhoramento florestal, esta utiliza como ferramenta a biotecnologia, principalmente na área de biologia molecular e cultura de tecidos.

A conservação dos Recursos Genéticos é outro aspecto muito importante do qual trata o Melhoramento Florestal e que envolve a variabilidade de espécies de interesse socioeconômico atual ou potencial para utilização em programas de melhoramento genético, segundo Nass (2001). Ao se empregar o termo

“recursos genéticos vegetais” reduz-se o universo da biodiversidade à flora. Neste caso, convém lembrar que das 300.000 espécies descritas até hoje, somente 300 espécies são atualmente utilizadas pelo homem em sua dieta, e destas, apenas 15 respondem por 90% de toda a alimentação humana. Essa situação pode levar a uma “erosão genética” ao longo do tempo, em que alelos podem ser irremediavelmente perdidos devido a reduções nos tamanhos das populações de determinada espécie, em detrimento da expansão das fronteiras agrícolas.

No Brasil, embora o melhoramento florestal tenha se desenvolvido a partir de 1967, com a adoção de incentivos fiscais, os trabalhos na área se iniciaram muito antes, em 1904, com Edmundo Navarro de Andrade. Navarro foi incumbido da missão de selecionar espécies que garantissem um rápido abastecimento para as locomotivas, madeira para dormentes, postes e outras aplicações para ferrovia da companhia Paulista de Estradas de Ferro. Desta maneira, sob o estímulo do novo aspecto econômico que a silvicultura adquiriu, nasceu a genética florestal brasileira. A partir de então, o melhoramento genético florestal tem prestado grandes contribuições à silvicultura intensiva no país.

Atualmente, softwares como por exemplo o SELEGEN-REML/BLUP, são amplamente utilizados contribuindo de forma significativa nos programas de melhoramento, proporcionando alta precisão na seleção. Trabalhos com algumas espécies florestais, tais como eucalipto (Garcia e Nogueira, 2005), pinus (Duda, 2003), acácia negra (Mora, 2002), erva-mate (Resende et al., 2000), seringueira (Resende et al., 1996a) e espécies frutíferas como o umbuzeiro (Oliveira et al., 2004), aceroleira (Paiva et al., 2002), cupuaçu (Souza et al., 2002), pupunheira (Farias Neto e Resende, 2001), cacau (Resende e Dias, 2000), e mais amendoim forrageiro (Lessa de Assis 2008), cana-de-açúcar (Pedrozo, 2009), soja (Carvalho et al., 2008), cafeeiro (Resende et al., 2001), dendê (Purba et al., 2001), são exemplos do emprego com sucesso dessa ferramenta.

2.5.1. ASPECTOS DO CEDRO AUSTRALIANO ASSOCIADOS AO MELHORAMENTO GENÉTICO

Segundo Gouvêa (2005), existe uma carência de informações quanto à biologia floral das espécies de interesse econômico da família Meliaceae e, como no caso do Cedro australiano, combinado a problemas silviculturais dificulta a elaboração de programas efetivos de melhoramento genético.

Em estudos de regeneração natural desenvolvidos por Otárola et al (1976), em plantios de quatro a sete anos de *Toona ciliata*, na Costa Rica, foram observados que essa espécie tem capacidade de rebrotar após o primeiro corte de 98% das cepas e, após o segundo corte a rebrota atingiu 53%.

De Paula et al. (1997) procuraram esclarecer a base da indução de resistência a partir do caule de *Cedrela odorata* enxertada sobre *Toona ciliata* sendo isoladas várias substâncias como: calamenene, cycloeucaleanol, sitosterol, catechin, juntamente com o novo limonoid 1-metoxi-1 ,2-dihydrogedunin e o novo cycloartane 3-O - d-glucopyranosylcycloeucaleanol. Eles concluíram que os limonoids eram de pouco valor para esclarecer a base da resistência induzida no enxerto contra *Hypsipyla grandella*.

Souza (2007) avaliou a viabilidade da propagação vegetativa do cedro australiano por miniestaquia e a necessidade da aplicação de auxina para o enraizamento das miniestacas. Em que, a partir de um minijardim clonal de origem seminal foram obtidas brotações para produção de mudas clonais, em três diferentes épocas de coleta. A autora obteve 100% de enraizamento das miniestacas utilizadas e concluiu que a clonagem da espécie pelo processo de miniestaquia é possível.

A produção clonal de mudas de cedro australiano além de poder resolver o problema da sazonalidade de oferta das sementes, que apresenta curta viabilidade ao longo do tempo, pode auxiliar em programas de melhoramento permitindo a multiplicação de materiais superiores.

A micropropagação in vitro é tema de outro estudo que, segundo Mroginski (2003), visa alcançar uma metodologia que permita propagar o cedro australiano em meio de cultura. Os autores concluíram que os melhores resultados foram obtidos com 0,5 mg / l de BAP (6-benzilaminopurina) e 0,1 mg / l de AIB (ácido indolbutírico) com materiais coletados de plantas de dois anos de idade permitindo a formação de brotações e raízes.

Ares e Fownes (2000) apresentaram estudo sobre mudanças na produtividade e eficiência de uso de água e nutrientes de *Eucalyptus saligna* e *Toona ciliata* ao longo de um gradiente de altitude (650-1300m) e precipitação (média anual de 2600 a 1200 milímetros por ano) na ilha do Havaí. A pesquisa revelou que *E. saligna* se ajustou melhor ao longo do gradiente, e que *T. ciliata* apresentou muitas alterações fisiológicas e de crescimento ao longo do gradiente.

Visando contribuir para a compreensão dos aspectos relacionados à reprodução das espécies *Swietenia macrophylla* e *Toona ciliata*, Gouvêa et al (2004), promoveram o estudo do desenvolvimento floral das mesmas. Para tal, amostras de inflorescências em diferentes estágios de desenvolvimento foram coletadas e, após procedimentos técnicos, observadas ao microscópio óptico. Os resultados permitiram a caracterização dos sucessivos estágios do desenvolvimento dos órgãos florais, o que permitirá, maior facilidade no estudo da expressão de genes via hibridização *in situ*. Observou-se ainda um dimorfismo sexual das flores para ambas as espécies, com má-formação dos óvulos durante o desenvolvimento das flores masculinas e aborto dos grãos de pólen nas flores femininas.

2.6. MARCADORES DE DNA

Um marcador genético de acordo com Ferreira e Grattapaglia (1998) pode ser definido como todo e qualquer fenótipo decorrente de um gene expresso (proteínas e caracteres morfológicos) ou de um segmento específico de DNA, cuja seqüência e função podem ou não ser conhecidas e possuem comportamento de acordo com as leis de Mendel. Outra definição mais abrangente é a de Sakyama (1993), que relata que a palavra marcadores tem sido utilizada para qualificar fatores morfológicos, fisiológicos, bioquímicos ou genéticos, susceptíveis de serem identificados e que permitem o estudo comparativo de genótipos e suas progênies.

Os marcadores têm sido ferramentas muito utilizadas em culturas agrônômicas, auxiliando grandemente no melhoramento de espécies perenes, como as florestais. Haines (1994) indica que marcadores genéticos podem ter uma aplicação imediata em programas de melhoramento em espécies florestais, principalmente no que diz respeito ao controle de qualidade, como por exemplo, identificação de clones, e determinação dos níveis de contaminação por pólen exterior em pomares de sementes estabelecidas para a produção de sementes melhoradas.

Os marcadores podem ser utilizados para a identificação de alelos favoráveis, a fim de que estes possam ser selecionados indiretamente. Além disso, também podem ser utilizados para determinar a variabilidade genética de

um grupo de indivíduos através da identificação do conjunto de genes de uma espécie.

Os marcadores, que podem ser utilizados em vegetais, são divididos em quatro classes: marcadores morfológicos, marcadores citológicos, marcadores bioquímicos e marcadores moleculares.

Um marcador morfológico consiste em um caráter qualitativo, de alta herdabilidade, e que só pode ser caracterizado em fenótipos de fácil identificação visual, como nanismo, cor de pétala e morfologia foliar. Esses marcadores contribuíram, significativamente, para o desenvolvimento teórico da análise de ligação gênica e para a construção das primeiras versões de mapas genéticos. Porém, apresentam uma série de problemas, entre eles, o fato de sofrerem grande influência do ambiente e, o pequeno número de marcadores morfológicos distintos em uma mesma linhagem reduz a probabilidade de se encontrar associações significativas entre estes marcadores e caracteres de importância econômica através do estudo de populações segregantes. Mas, o principal problema é o fato de que essa classe de marcadores ocorre em número reduzido, e sua expressão, em sua maioria, só pode ser observada em nível de planta adulta (Ferreira & Grattapaglia, 1998).

Com relação aos marcadores bioquímicos, estes consistem no uso de proteínas de reserva e isoenzimas — definidas como um grupo de formas moleculares diferentes de uma mesma enzima, que ocorrem em uma espécie, como resultado da presença de mais de um gene, codificando as cadeias polipeptídicas. É um marcador que apresenta as desvantagens de: ser pouco variável, principalmente quando se analisam populações de genótipos altamente aparentados e poder haver interação com outros genes, uma vez que isoenzimas são produtos gênicos. Ele é um marcador relativamente barato e tecnicamente acessível. De acordo com Oliveira (2000), em trabalho com estrutura genética de populações naturais de *Copaifera langsdorffii* Desf. , Póvoa (2002) estudando a distribuição da variação genética de *Cedrela fissilis* Vell., em fragmentos florestais e Melo Junior (2003) em estudo de variabilidade genética em populações naturais de *Caryocar brasiliense* Camb. são exemplos da utilização de marcadores isoenzimáticos como uma ferramenta auxiliar nos estudos de genética e melhoramento de plantas, com aplicações nas áreas de genética de populações, identificação de cultivares e genética evolutiva.

A premissa básica adotada, segundo Murphy *et al.* (1990), ao se utilizar dados enzimáticos, é que diferenças na mobilidade de isoenzimas em um campo elétrico são resultantes de diferenças em nível de seqüências de DNA que codificam tais enzimas. Assim, se os padrões de bandas de dois indivíduos diferem, assume-se que estas diferenças possuam base genética e sejam herdáveis.

O poder de detecção da variabilidade existente diretamente em nível de DNA só foi alcançado com o advento das técnicas modernas da biologia molecular. A primeira das técnicas utilizava enzimas de restrições, as quais reconhecem uma seqüência de DNA e clivam a molécula em sítios específicos. Estes marcadores foram chamados de RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism). Foi utilizado por Botstein *et al.* (1980) para a análise genômica.

O grande número de características desejáveis como herança mendeliana simples, ausência de efeitos epistáticos e seu uso em qualquer fase de desenvolvimento da planta tem despertado o interesse pela utilização de marcadores de DNA. Uma vez que esta, de acordo com Ferreira e Gattapaglia (1998), permite a redução do tempo necessário para completar uma geração de melhoramento, aumentando a eficiência do programa por possibilitar a aceleração do processo de recombinação e seleção dos indivíduos desejados.

Atualmente, vários procedimentos alternativos são conhecidos, dentre estes, se destacam os marcadores RAPD. Willians *et al.* (1990) foram os primeiros a descrever este tipo de marcador, os quais são gerados pela amplificação de segmentos anônimos de DNA com um simples e curto oligonucleotídeo de seqüência arbitrária. Welsh e McClelland (1990), na mesma época, publicaram um trabalho utilizando o mesmo princípio do RAPD e denominaram técnica de AP-PCR (Arbitrarily-Prime-Polimerase Chain Reaction). Porém, esta técnica, utilizando oligonucleotídeos arbitrários, ficou mais conhecida como RAPD. Inúmeras são as vantagens oferecidas por estes marcadores, como exemplo: a técnica não utiliza radioatividade, não requer o conhecimento prévio da seqüência alvo a ser amplificada, necessita de pequenas quantidades de DNA, além de ser aplicável a qualquer espécie. Aliadas a estas vantagens estão o baixo custo, facilidade e rapidez no emprego da técnica.

Os marcadores justificam sua importância, pelo fato dos indivíduos possuírem um padrão único de seqüências, através de polimorfismo de

fragmentos de DNA, ou polimorfismo enzimático, que se revelam como uma verdadeira impressão digital genética. Assim, permite o conhecimento da variabilidade genética, identificação e clonagem de genes, melhoramento e criação de novas variedades.

2.7. METODOLOGIA REML/BLUP

Os estudos de melhoramento genético florestal, para a obtenção de árvores superiores, encontram algumas dificuldades devido à complexidade da base genética dos materiais experimentais e à influência acarretada pelos efeitos de ambiente. Para atingir o objetivo da seleção ou do melhoramento que é obter um dado ganho genético em um caráter ou conjunto de caracteres são necessários muitos cálculos estatísticos. O critério de seleção representa o caráter ou o conjunto de caracteres em que a seleção se baseia, com a finalidade de avaliar e ordenar os candidatos à seleção, para o caráter objetivo do melhoramento. A definição do critério de seleção depende de informações sobre os parâmetros genéticos e fenotípicos (herdabilidades, repetibilidades e correlações genéticas e fenotípicas associadas aos caracteres). A metodologia REML/BLUP, permite gerar estimativas não tendenciosas, de parâmetros, pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e predição dos valores genéticos e genotípicos pelo procedimento BLUP, conduzindo à maximização do ganho genético, por avaliar e ordenar os candidatos à seleção com precisão.

Na descrição da metodologia REML/BLUP faz-se necessário a descrição do modelo misto — cujo método foi desenvolvido por Henderson (1973), é aquele que apresenta tanto fatores de efeitos fixos como aleatórios, além do erro experimental — associado aos dados experimentais.

Em um modelo misto, a análise de variância apresenta algumas particularidades, como a composição das esperanças matemáticas dos quadrados médios, cujo conhecimento permite o estabelecimento correto dos testes de hipóteses, (Hicks, 1973). Caso o interesse do pesquisador resida na estimação dos componentes de variância, métodos adequados devem ser utilizados (Henderson,1953; Cunningham e Henderson, 1968; Thompson,1969; Patersson e Thompson,1971).

Outro motivo de se adotar um modelo linear misto é a possibilidade de se fazer a predição de efeitos aleatórios, na presença de efeitos fixos, que são de grande valia no melhoramento de plantas.

Um modelo linear misto generalizado tem a seguinte forma (Resede, 2007):

$$y = X\beta + Z\tau + \varepsilon,$$

com as seguintes distribuições e estruturas de médias e variâncias:

$$\tau \sim N(0, G)$$

$$E(y) = X\beta$$

$$\varepsilon \sim N(0, R)$$

$$Var(y) = V = ZGZ' + R$$

em que:

- ✓ y : vetor conhecido de observações.
- ✓ β : vetor paramétrico de efeitos fixos, com matriz de incidência X .
- ✓ τ : vetor paramétrico de efeitos aleatórios, com matriz de incidência Z .
- ✓ ε : vetor desconhecido de erros.
- ✓ G : matriz de variância-covariância dos efeitos aleatórios.
- ✓ R : matriz de variância-covariância dos erros.
- ✓ 0 : vetor nulo.

Assumindo G e R como conhecidas, a simultânea estimação de efeitos fixos e a predição dos efeitos aleatórios podem ser obtidas por meio das equações de modelo misto (método BLUP) dadas por:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \tilde{\tau} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

Quando G e R não são conhecidas, os componentes de variância associados aos efeitos aleatórios podem ser estimados de forma eficiente pelo método REML (Patterson & Thompson, 1971). Exceto por uma constante, a função de verossimilhança residual (em termos de seus log) a ser maximizada é dada por:

$$L = -\frac{1}{2} \left(\log|X'V^{-1}X| + \log|V| + v \log \sigma_s^2 + y'Py / \sigma_s^2 \right)$$

$$= -\frac{1}{2} \left(\log|C^*| + \log|R| + \log|G| + v \log \sigma_s^2 + y'Py / \sigma_s^2 \right), \text{ em que:}$$

$$V = R + ZGZ';$$

$$P = V^{-1} - V^{-1}X(X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}.$$

$v = N - r(x)$: graus de liberdade para os efeitos aleatórios, em que N é o número total de dados e $r(x)$ é o rank da matriz X .

C^* = Matriz dos coeficientes das equações de modelo misto.

Sendo geral, o modelo descrito engloba vários modelos peculiares a cada situação.

Nos modelos mistos, a importância das estimativas de parâmetros genéticos pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita - REML ("Restricted Maximum Likelihood"), é que essa metodologia gera estimativas não tendenciosas dos parâmetros (Schaeffer, 1999). Outra vantagem desses modelos é que eles levam em conta a covariância genética entre as observações e ponderam os genótipos com desigual número de informações, na mesma ou em diferentes gerações (Resende, 2002a). Isso faz da avaliação genética (predição de valores genéticos) pelos modelos mistos, um instrumento mais eficaz que o da avaliação partindo de estimativas pelo método dos mínimos quadrados, segundo Kennedy e Sorensen (1988), na seleção de genitores, famílias e árvores, pelo uso da informação da própria entidade ou de aparentados, avaliadas no mesmo ou em diferentes locais, épocas ou gerações (Resende, 1999b). No modelo misto, os blocos, ambientes e tempo (anos avaliados) podem ser assumidos como efeitos fixos, constantes, mas interferem na predição dos efeitos genéticos ou aleatórios, tendo a necessidade de ajuste dos efeitos fixos no modelo.

A seleção de indivíduos ou progênies de uma população pode ser fenotípica, quando o valor fenotípico do caráter é o referencial, ou genotípica quando baseada nos valores genéticos desses indivíduos. Valores genéticos aditivos, são efeitos aleatórios. Estes podem ser obtidos pelo procedimento BLUP, que estima os efeitos fixos (médias de blocos) pelo método dos mínimos

quadrados generalizados, considerando as variâncias, sendo esta a razão da maior acuidade. Ao mesmo tempo, o procedimento prediz os valores dos efeitos genéticos aleatórios e dos efeitos aleatórios não-correlacionados incluídos no modelo (Resende, 2002a).

O método Máxima Verossimilhança Restrita (REML), possui propriedades estatísticas superiores quando comparadas àquelas do método dos mínimos quadrados, para a estimação dos parâmetros genéticos com dados não balanceados (Searle et al., 1992). Devido às vantagens desse método, seu emprego no melhoramento florestal tem crescido expressivamente no exterior, como pode ser observado nos trabalhos de Dieters et al. (1995) e Dieters (1996); e, no Brasil, por Resende (2001), Mora (2002) e, dentre outros.

Resende (2002b) reestruturou o programa computacional SELEGEN - Seleção Genética, elaborado pelo próprio autor e cooperadores (Resende et al., 1994b), adequando-o para a análise de qualquer tipo de dado, pelo procedimento ótimo de Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e Melhor Predição Linear Não-Viciada (BLUP), com aperfeiçoamentos contemplando 165 diferentes estruturas experimentais, inclusive testes de progênies e procedências em vários locais, com estudo de interação genótipo x ambiente.

Com o surgimento dos modelos mistos ou BLUP individual, houve grande mudança na forma de estimação dos componentes de variância. Anteriormente, as covariâncias entre parentes eram estimadas e interpretadas em termos de suas esperanças matemáticas (igualando-as aos seus valores esperados), gerando os componentes de variância. Atualmente, os componentes de variância podem ser estimados diretamente com as variâncias dos efeitos aleatórios do modelo linear misto (Resende, 2002a).

O programa SELEGEN-REML/BLUP atende às exigências de experimento balanceado e não balanceado. Se adotados modelos em nível individual, o programa computacional fornece: (i) valores genéticos aditivos preditos; (ii) valores genotípicos preditos; (iii) estimativas de componentes de variância; (iv) ordenamento dos candidatos à seleção, segundo valores genéticos aditivos ou genotípicos; (v) estimativas de ganhos genéticos; (vi) estimativas do tamanho efetivo populacional; (vii) estimativas da interação genótipo x ambiente; e (viii) estimativas do valor genético de cruzamentos. Abrange os delineamentos experimentais de blocos ao acaso e látice, os delineamentos de cruzamento para

polinização aberta e controlada (progênies de meios irmãos e irmãos germanos, cruzamentos dialélicos, fatoriais, hierárquicos, delineamentos não balanceados, híbridos), bem como testes clonais, uma ou várias populações, experimentos repetidos em vários locais, uma ou várias plantas por parcela, presença ou ausência de medidas repetidas (Resende, 2002b). O programa emprega modelos, estimadores e preditores apresentados por Resende et al. (1994c) e Resende (1999b; 2000; 2002a), podendo ser aplicado às plantas alógamas, autógamas e com sistema reprodutivo misto. É direcionado às espécies perenes e semiperenes, podendo também ser aplicado às espécies anuais. Tem sido utilizado com sucesso, em algumas espécies florestais, tais como acácia negra (Mora, 2002), pinus (Duda, 2003), erva-mate (Resende et al., 2000), seringueira (Resende et al., 1996a; Costa et al., 2000) e espécies frutíferas como a pupunheira (Farias Neto e Resende, 2001), cacau (Resende e Dias, 2000), aceroleira (Paiva et al., 2002), umbuzeiro (Oliveira et al., 2004), cupuaçu (Souza et al., 2002) além de cafeeiro (Resende et al., 2001) e dendê (Purba et al., 2001).

Segundo Falconer (1989), a maioria das características de valor econômico, tanto para plantas como para animais, são características métricas, e essas, por sua vez, podem ser estudadas, desde que, seus atributos possam ser mensurados. A técnica de mensuração, entretanto, determina limitações práticas no que poderia ser estudado. O estudo de qualquer característica em um grande número de indivíduos mensurados, com técnica refinada, torna-se quase impraticável.

A análise de imagem, juntamente com a metodologia REML/BLUP, pode servir como uma ferramenta muito importante na obtenção, armazenamento, gerenciamento, manipulação e análise de dados obtidos em experimentos tanto em grande como em pequenas proporções.

3. TRABALHOS

3.1. SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE *TOONA CILIATA* COM A UTILIZAÇÃO DE BLUP INDIVIDUAL COM MEDIDAS REPETIDAS

RESUMO

O aumento da demanda por matériaprima para usos múltiplos de produtos e subprodutos florestais tem aumentado o interesse por espécies de rápido crescimento como o Cedro australiano (*Toona ciliata*), que apresenta alto potencial produtivo e econômico. Com o presente trabalho objetivou-se estimar parâmetros, e valores genotípicos para a espécie, pelo procedimento BLUP, em nível de indivíduos, com medidas repetidas, sem delineamentos experimentais, visando iniciar o programa de melhoramento genético da espécie. Os ensaios foram conduzidos em propriedades particulares, em plantas localizadas em Santa Maria Madalena e Trajano de Moraes, RJ. Os resultados gerados de três avaliações, apresentaram elevada acurácia para os caracteres altura de planta, diâmetro a altura do peito e volume cilíndrico. Dos 90 genótipos avaliados, 38 apresentaram valores genotípicos preditos para o diâmetro à altura do peito superiores à média geral desse caráter, 33 para o volume e 49 para altura, permitindo ganhos da ordem de até 24,9 % na média para o volume cilíndrico. O

método de modelos mistos (REML/BLUP) aplicado via programa SELEGEN, utilizando o procedimento BLUP em nível de indivíduos e medidas repetidas em cada indivíduo, mostrou-se adequado à estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos em situações de dados desbalanceados, podendo ser de grande utilidade prática em programas de melhoramento genético de *Toona ciliata*.

ABSTRACT

Increased demand for the raw material for multiple uses of forest products and by-products have increased the interest in the fast-growing species like the Australian cedar (*Toona ciliata*), which includes auto production and economic potential. In the present study aimed to estimate parameters, derive predictors of genetic and genotypic values for the species, the procedure BLUP to the level of individuals, without experimental designs and repeated measures on individuals, seeking the program start breeding of the species. The tests were conducted in private properties in plants located in Santa Maria Madalena and Trajano de Moraes, RJ. The results generated from three evaluations, showed high accuracy for the characters plant height, diameter at breast height and volume cylindrical. The 90 genotypes showed genotypic predicted 38 to the diameter at breast height above average for that character, 33 to 49 for volume and height which makes the order of up to 24.9% in the average volume for the round. The method of hybrid models (REML / BLUP) applied via a program using the procedure SELEGEN BLUP to the level of individuals and repeated measurements on each individual, it was appropriate to the estimation of genetic parameters and prediction of genotypic values in situations of unbalanced data and can be of great practical use in genetic improvement programs for *Toona ciliata*.

3.1.1. INTRODUÇÃO

O aumento da demanda por matéria-prima para usos múltiplos de produtos e subprodutos florestais têm aumentado o interesse por espécies de rápido crescimento como o Cedro australiano (*Toona ciliata*) — espécie exótica no Brasil, que pertence à família Meliaceae e que, no país, segundo Oiano (2000), encontrou condições favoráveis ao seu desenvolvimento — que apresenta alto potencial produtivo e econômico. Esta, portanto, se apresenta como uma boa alternativa, já que, segundo Lorenzi et al. (2003) e Pinheiro et al. (2003), sua madeira é de boa qualidade e grande aceitação em todo o mundo para usos nobres, como fabricação de móveis e acabamentos em construção civil.

A adoção de métodos precisos na escolha dos melhores indivíduos quando da seleção no melhoramento genético das espécies vegetais perenes, como as essências florestais, está diretamente associada ao bom resultado de um programa. Segundo Cruz e Carneiro (2003), o êxito do melhoramento genético está associado à capacidade de acerto na escolha dos melhores indivíduos que serão os genitores das próximas gerações. Esta dependência entre eficiência de escolha dos melhores indivíduos e o êxito torna-se ainda mais pronunciada nas espécies perenes, que apresentam ciclos reprodutivos longos, e expressões de diferentes caracteres por possíveis alterações dos genes que estejam controlando estes caracteres ao longo das várias idades. A importância da utilização, portanto, de métodos que permitam a determinação do valor genético de um indivíduo através de suas características fenotípicas, demonstram-se evidentes.

No processo de seleção em plantas perenes, Resende (2002a) recomenda que a mesma seja feita com base nos valores genéticos aditivos dos indivíduos que serão utilizados na recombinação e nos valores genotípicos dos indivíduos que serão clonados. O procedimento BLUP (melhor predição linear não viesada) individual, proposto por Henderson et al. (1959), tem se apresentado adequado para a predição dos valores genéticos na avaliação de plantas perenes, predizendo valores genéticos dos efeitos aleatórios do modelo estatístico, através de observações das características fenotípicas, ajustando-se os dados aos efeitos

fixos e ao número desigual de informações nas parcelas, por meio de metodologia de modelos mistos.

Alguns pesquisadores, como Resende et al. (1995) e Wei e Borralho (1996), têm enfatizado a importância dos modelos de repetibilidade (parâmetro associado à correlação fenotípica entre medidas repetidas em um mesmo indivíduo) para avaliação genética em algumas espécies perenes, como a erva-mate, e espécies florestais de rápido crescimento. A avaliação genética envolvendo indivíduos dessas espécies tem se baseado em modelos que considerem o efeito adicional denominado efeito de ambiente permanente, além da referida repetibilidade. Resende(2000) e Bueno (1997), concordam que a metodologia dos modelos mistos (REML/BLUP) em nível individual é a melhor alternativa para plantas perenes.

White e Hodge (1989) apresentam propriedades úteis do BLUP como: estimação e predição não viesadas, maximização da correlação entre valores genéticos verdadeiros e os preditos e pode-se predizer o valor genético de indivíduos observados ou não.

Santos et al. (2006) utilizaram o procedimento REML/BLUP como relatado por Resende e Higa (1994) para seleção individual de genótipos (matrizes) de *Eucalyptus grandis*. Os autores concluíram que a seleção de uma árvore matriz com maiores valores para os caracteres diâmetro à altura do peito e altura, é um parâmetro importante para a escolha inicial de árvores matrizes, sendo um indicativo do melhor desempenho da mesma após a sua avaliação em teste de progênies.

Carvalho et al. (2008) compararam os procedimentos REML/BLUP e quadrados mínimos na estimação e predição de parâmetros e valores genéticos em progênies de soja e concluíram que, para as condições do experimento, os dois procedimentos não apresentaram diferenças práticas.

Com o objetivo de estudar a variabilidade genética e estimar o valor genético individual como critério de seleção, em *Bactris gasipaes*, De Farias Neto e Resende (2001) compararam o procedimento BLUP/REML (Melhor predição linear não viciada/máxima verossimilhança restrita) e análise de variância no processo de estimação. Os autores concluíram que os procedimentos REML e ANOVA conduziram a resultados divergentes para a maioria dos caracteres, e o

procedimento REML/BLUP deve ser preferido em experimentos que geram dados desbalanceados.

O presente trabalho objetiva estimar para o Cedro Australiano parâmetros, e valores genotípicos pelo procedimento BLUP em nível de indivíduos, com vários indivíduos e medidas repetidas. Tais estudos, visam iniciar o programa de melhoramento da espécie.

Para as mensurações das características deverá utilizar-se uma nova técnica que emprega análise de imagens via software Imagej. Sendo que tais imagens, serão obtidas via câmera digital.

3.1.2. MATERIAL E MÉTODOS

3.1.2.1. MATERIAL EXPERIMENTAL

Os ensaios foram realizados em plantios comerciais de Cedro Australiano (Figura 1) em três locais: no distrito de Triunfo, município de Santa Maria Madalena-RJ, S 22° 51' W 41° 09' a 118 metros de altitude; no distrito de Alto Imbé, município de Santa Maria Madalena-RJ S 21° 59' W 41° 58', a 340 metros de altitude; e no município de Trajano de Moraes-RJ, S 22° 07' W 42° 13', a 660 metros de altitude.



Figura 1. Plantio comercial de Cedro Australiano (*Toona ciliata*) com dois e três anos, da esquerda para direita, respectivamente.

Os plantios foram implantados no segundo semestre de 2005, com espaçamento 3 x 2 m, com mudas produzidas por via seminal, sendo as sementes utilizadas em Triunfo, procedentes do estado do Espírito Santo e as de Alto Imbé e Trajano, oriundas de plantios do município de Viçosa-MG.

Foram pré-selecionadas 30 indivíduos ao acaso em cada plantio, sendo que as 3 mensurações tiveram um intervalo de 6 meses entre cada medição.

3.1.2.2. CARACTERÍSTICAS ESTIMADAS VIA IMAGEM DIGITAL

As plantas pré-selecionadas, tiveram as seguintes características avaliadas: altura de planta (H), diâmetro à altura do peito (DAP), volume cilíndrico (VC), diâmetro do colo (D. Colo), distância entre nós (Entre nós) e diâmetro de copa (D. Copa), sendo que VC foi estimado pelo emprego da equação:

$$VC = \frac{\pi}{4} \times DAP^2 \times H$$

As imagens foram obtidas via câmera digital, com 4.1 mega pixel's de resolução, sendo cada indivíduo fotografado em duas posições distintas (Figura 2), permitindo desta forma, a mensuração das características desejadas, através da análise das imagens com utilização do software Imagej no laboratório do LMGV/UENF.

Os dados obtidos pela metodologia de análise digital de imagem, foram submetidos a teste de comparação de médias com os dados obtidos manualmente, com mensurações utilizando Suta e Haste graduada, para a validação dos dados obtidos via análise de imagem.

3.1.2.2.1. Diâmetro à altura do peito (DAP)

O diâmetro do caule, em centímetros (cm), foi tomado a 1,30m de altura da base do tronco.

3.1.2.2.2. Volume Cilíndrico (VC)

O volume cilíndrico foi estimado indiretamente, através do emprego da equação $\pi/4 \times DAP^2 \times H$, utilizando as medidas das características mencionadas na equação e que foram obtidas anteriormente.

3.1.2.2.3. Diâmetro do colo (D. Colo)

O diâmetro do colo, em centímetros (cm), foi tomado na base das plantas.

3.1.2.2.4. Distância entre nós (Entrenós)

A distância entre nós, em centímetros (cm), foi feita através da média ponderada das distâncias entre os três nós imediatamente superiores a 1,30m de altura da base do tronco.

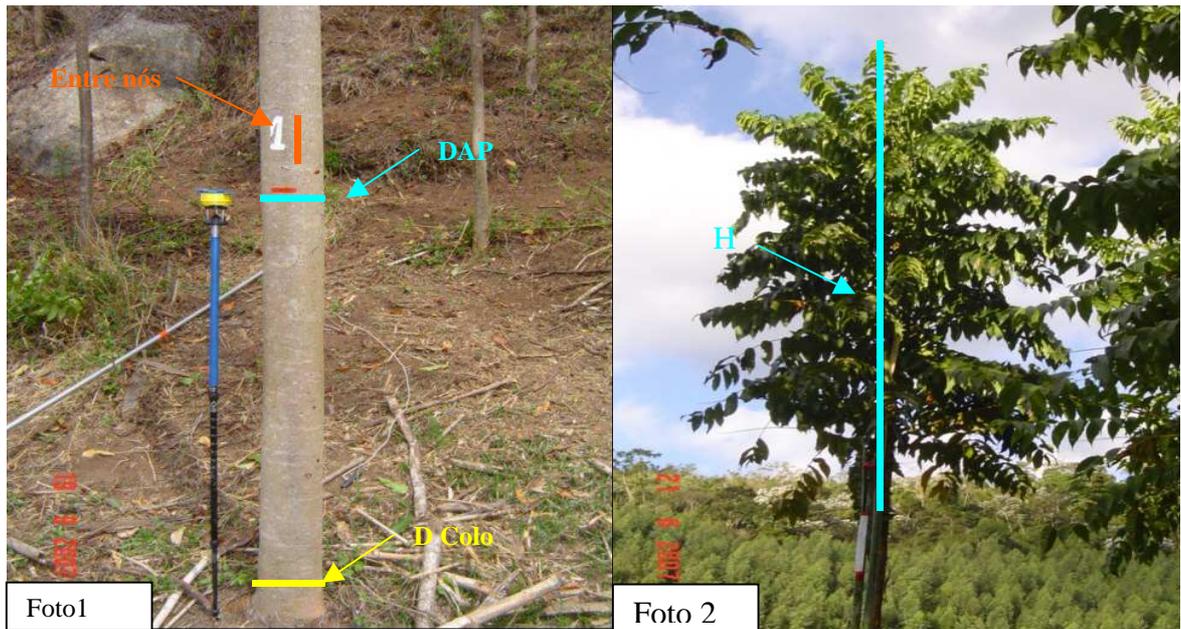


Figura 2. Foto 1 utilizada para mensuração do diâmetro à altura do peito (DAP), diâmetro do colo (D. Colo) e distância entrenós (Entrenós); Foto 2 utilizada para mensuração da altura (H).

3.1.2.2.5. Diâmetro de copa (D. Copa)

O diâmetro da copa, em centímetros (cm), foi tomado na altura dos ramos, sendo a imagem obtida da base das plantas focando a copa como apresentado na Figura 3.

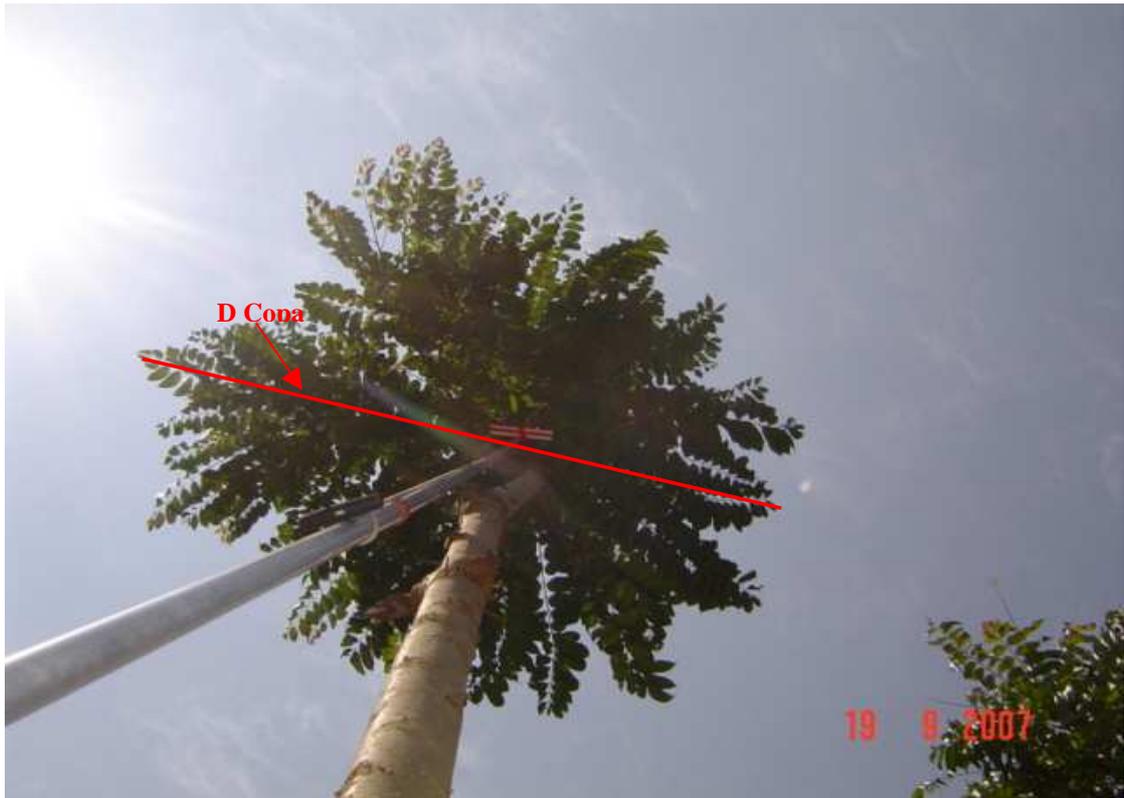


Figura 3. Foto utilizada para mensuração diâmetro de copa (D. Colo).

3.1.2.3. Estimativas dos parâmetros genéticos

Os valores genéticos, foram estimados, com o software Selegen-Reml/BLUP utilizando o procedimento, BLUP individual com medidas repetidas, com relação às características altura de planta (H), Diâmetro à altura do peito (DAP), Volume Cilíndrico (VC), diâmetro do colo (D. Colo), distância entre nós (Entre nós) e diâmetro de copa (D. Copa).

A predição dos valores genéticos segue o modelo estatístico, no contexto dos modelos lineares mistos, apresentado abaixo.

$y = X_m + Z_g + W_i + e$, em que:

y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medições-locais (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos somados ao vetor dos efeitos de ambiente permanente (assumidos como aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x medições e, e é

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

O vetor m contempla todas as medições em todos os locais e ajusta simultaneamente para os efeitos de locais, medição e interação locais x medição.

As equações de modelos mistos para estimar os efeitos fixos e predizer os efeitos aleatórios pelo procedimento BLUP, apresentados por Resende (2000) são dadas por:

$$\begin{bmatrix} \hat{m} \\ \hat{g} \\ \hat{i} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + I^{-1}\lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}$$

,em que:

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} = \frac{(1-r)}{r};$$

$$\lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_i^2} = \frac{(1-r)}{c^2 gm};$$

Para obter os Componentes de Variância a seguir empregou-se o software SELEGEN-REML/BLUP(REML Individual).

✓ Vf: variância fenotípica permanente.

$$V_{fp} = \frac{m\hat{\rho}}{1 + (m-1)\hat{\rho}}$$

✓ Vgm: variância da interação genótipos x medições.

$$V_{gm} = \frac{Vg^*}{Vgx \cdot Vgy}$$

✓ Ve: variância residual temporária.

✓ Vf: variância fenotípica individual.

$$Vf = Vg + Vet$$

✓ r : repetibilidade de plantas individuais.

$$r = \frac{V_g}{V_f}$$

✓ $c^2_{gm} = c^2_{21}$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x medições.

$$c^2_{gm} = \frac{\sum (Y_i^h - \bar{Y}_i)^2}{\sum (Y_i - \bar{Y}_i)^2}$$

✓ rg_{med} : correlação genotípica através das medições.

✓ rm : repetibilidade da média de genótipos (determinação).

$$rm = \frac{m \cdot r}{1 + (m-1)\hat{\rho}}$$

✓ Ac_{gen} : acurácia na seleção de genótipos.

$$Ac_{gen} = \left[\frac{m \cdot r}{1 + (m-1)\hat{\rho}} \right]^{\frac{1}{2}}$$

✓ Média geral do experimento.

3.1.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1.3.1. Teste de diferença entre mensuração via análise digital de imagem e via manual

Na situação deste trabalho, em que se utilizou uma nova metodologia para mensuração das variáveis, promoveu-se a comparação das médias da metodologia da análise digital das imagens, obtidas via câmera digital, com 4.1 mega pixel's de resolução, e posterior mensuração do diâmetro à altura do peito (DAP) e diâmetro do colo (D.Colo) em uma imagem e altura (H) em outra imagem com software Imagej como apresentado na Foto 1 da Figura 2, com a da coleta manual — utilizando Suta, para mensuração do diâmetro à altura do peito (DAP) e

diâmetro do colo (D.Colo), e Haste graduada para mensuração da altura (H), na mesma população. O interesse é verificar se a metodologia da análise digital das imagens, difere estatisticamente da metodologia da coleta manual dos dados tradicionalmente utilizados. Para tanto foi aplicado o teste t de Student para testar as diferenças entre médias populacionais, para dados pareados (mesma população: análise digital das imagens e coleta manual dos dados). Os resultados para as características diâmetro à altura do peito (DAP), diâmetro do colo (D. Colo) e altura de planta (H), estão apresentados na tabela 1.

Tabela 1- Médias das análises digitais e manuais referentes ao Diâmetro à Altura do Peito (DAP), Diâmetro do Colo (D. Colo) e Altura de Planta (H). Letras iguais, na coluna, não diferem estatisticamente pelo Teste “t” em nível de 5% de probabilidade.

Análise	DAP		D.Colo		H	
	Média	σ^2	Média	σ^2	Média	σ^2
Manual	14,02a	7,44a	18,12a	9,72a	12,00a	1,16a
Digital	13,80a	7,04a	17,20a	7,81a	11,90a	1,21a

As médias foram estatisticamente iguais pelo Teste t para comparação de médias entre as duas análises. Esse fato assegura que os dados obtidos via análise de imagem, para as variáveis mencionadas, podem ser utilizados com segurança, já que não diferem estatisticamente da coleta manual dos dados.

3.1.3.2. Estimativas das variâncias, repetibilidade das características e acurácia referentes a 3 avaliações

A mais importante função da herdabilidade no estudo genético do caráter métrico, de acordo com Falconer (1987), é o seu papel preditivo expressando a confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genético.

A repetibilidade, segundo Cruz & Regazzi (1997), representa o valor máximo que a herdabilidade no sentido amplo pode atingir. Isso porque a repetibilidade e a herdabilidade diferenciam-se, devido ao fato da variância genotípica utilizada para estimar a repetibilidade não ser apenas de origem genética, pois o componente de variância do ambiente permanente entre

indivíduos permanece confundido com esta. Assim, à medida que a variância proporcionada pelos efeitos permanentes do ambiente é minimizada, a repetibilidade será mais próxima da herdabilidade e se equivaleriam, se a estimativa da variância genotípica fosse puramente de natureza genética. No presente trabalho, assumindo-se não ter sido possível isolar o efeito de ambiente permanente entre os indivíduos, a repetibilidade e a herdabilidade são aproximadamente iguais.

Para os caracteres de crescimento, diâmetro à altura do peito (DAP), altura de planta (H), volume cilíndrico (VC), diâmetro do colo (D. Colo), distância entre nós (Entre nós) e diâmetro de copa (D. Copa), as repetibilidades estimadas variaram entre 0,023876 e 0,269556, como apresentados na Tabela 1, sendo os valores para DAP(0,244188), H(0,206068) e VC(0,269556) coerentes com os valores citados por autores como Sampaio et al. (2002) em trabalho com *Pinus* e Garcia e Nogueira (2005) em trabalho com *Eucalyptos* para tais características.

As estimativas da repetibilidade para a característica VC, estão situadas dentro do intervalo de valores de estimativas de herdabilidade apresentadas por Resende (2002a), compreendidas entre 0,14 e 0,62, para volume de madeira de *Eucalyptus grandis*. O mesmo autor, utilizando valores obtidos na literatura, fornece valores de médias de herdabilidade para volume de madeira de 0,21, baseada em 528 estimativas para várias espécies florestais. Os valores de repetibilidade encontrados para volume de madeira, aos três anos de idade, em *T. ciliata*, são de 0,269556 e acurácia de magnitude 0,855802, conforme Tabela 2, indicam boas possibilidades de ganho genético em programas de melhoramento.

Tabela 2.: Estimativas de repetibilidade (r), variância genotípica (V_g), variância fenotípica (V_f), variância da interação genótipos x medições (V_{gm}), variância residual temporária (V_e), coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x medições (c^2_{gm}), correlação genotípica através da medições (rg_{med}), acurácia na seleção de genótipos (Ac_{gen}) para as variáveis Diâmetro à altura do peito (DAP), altura de planta (H), Volume Cilíndrico (VC), diâmetro do colo (D. Colo), distância entre nós (Entre nós) e diâmetro de copa (D. Copa).

Estimativa	DAP	H	VC	D. Colo	Entre nós	D. Copa
V_g	0,441500	0,231221	0,000263	0,586589	1,492752	871,274550
V_{gm}	0,146563	0,096252	0,000076	0,260827	0,601363	4162,453776
V_e	1,219969	0,79458	0,000636	2,148048	4,970311	31457,696860
V_f	1,808032	1,122059	0,000974	2,995464	7,064425	36491,25185
R	0,244188	0,206068	0,269556	0,195826	0,211305	0,023876
c^2_{gm}	0,081062	0,085782	0,07798	0,087074	0,085126	0,114067
Rg_{med}	0,750769	0,706076	0,775608	0,692209	0,712832	0,173087
Ac_{gen}	0,839867	0,810950	0,855802	0,801902	0,815344	0,389126
Med. Geral	11,804452	9,717688	0,112029	14,559930	12,101807	245,652519

Em relação ao caráter DAP, trabalhos com eucalipto, como de Pires (1996) e Martins et al. (2003), têm mostrado que herdabilidade satisfatória para este caráter está próximo a 0,30. Kageyama et al. (1977) obtiveram para as características altura e diâmetro à altura do peito de *Pinus patula*, em dois locais distintos, herdabilidade de 28,73 % para altura de planta e 18,72 % para DAP, para um local e, 16,23 % e 13,73 % para outro. Rocha et al. (2007) afirmam que o caráter DAP é considerado o mais importante para fins de seleção para produção de madeira em *E. urophylla* e *E. grandis*, sendo que os mesmos apresentam valores de estimativas de herdabilidade considerados satisfatórios para a seleção em DAP, para *E. urophylla* e *E. grandis*, respectivamente de 0,2785 e 0,2247 e acurácias de 61 % e 53 %. Assim sendo, a repetibilidade de 0,2441 e acurácia 0,8398, apresentadas na Tabela 2, mostram-se satisfatórias em *Toona ciliata*.

A altura com repetibilidade 0,206068 e acurácia de 0,81095, estão dentro do intervalo apresentado por Garcia e Nogueira (2005) para seleção de clones de

eucalipto e superior a estimativas mostradas por Kageyama et al. (1977), para diferentes procedências de Pinus, indicando possibilidades de ganhos genéticos.

Para característica VC, de acordo com a Tabela 3, seriam necessárias 5 medições para se alcançar acurácia ligeiramente superior a 90%.

Tabela 3.: Eficiência do uso de m medidas no mesmo indivíduo ao longo do tempo para as características: diâmetro à altura do peito (DAP), altura (H) e volume cilíndrico (VC), diâmetro do colo (D. Colo), distância entre nós (Entre nós) e diâmetro de copa (D. Copa) em *Toona ciliata*.

medições	Acurácia					
	M	DAP	H	VC	D. Colo	Entre nós
1	0,666216	0,624784	0,6907	0,61253	0,630851	0,236939
2	0,784097	0,749345	0,803719	0,738687	0,754558	0,326055
3	0,839867	0,81095	0,855802	0,801902	0,815344	0,389126
4	0,872618	0,848054	0,88595	0,84027	0,851817	0,438397
5	0,894209	0,87292	0,905644	0,866115	0,8762	0,478775
6	0,909527	0,890766	0,919527	0,884731	0,893669	0,512848
7	0,920962	0,904206	0,929844	0,898788	0,906806	0,542183
8	0,929828	0,914694	0,937813	0,909782	0,917049	0,567818
9	0,936903	0,923109	0,944155	0,918618	0,925259	0,590481
10	0,942681	0,93001	0,949323	0,925875	0,931989	0,610704

A estimativa de repetibilidade obtida para diâmetro de copa (D. Copa) de 0,023876, segundo Tabela 2, foi a que apresentou menor valor, indicando para este caráter a maior irregularidade da superioridade dos indivíduos de uma medição para outra. Para 10 medições seria possível alcançar estimativa de acurácia de 0,61. Esta alta irregularidade aponta que não seria uma boa estratégia selecionar por esta característica.

A acurácia apresentou para as variáveis Diâmetro à altura do peito (DAP), altura de planta (H), Volume Cilíndrico (VC), diâmetro do colo (D. Colo) e

distância entre nós (Entre nós), valores variando de 0,801902 a 0,855802 e para diâmetro de copa (D. Copa) valor de 0,389126. Os valores encontrados entre 0,70 e 0,90 são considerados altos conforme classificação de Resende e Duarte (2007), que classificam esta estatística como muito alta ($Acgen \leq 0,90$), alta ($0,70 \leq Acgen \leq 0,90$), moderada ($0,50 \leq Acgen \leq 0,70$) e baixa ($Acgen \leq 0,50$). Esses altos valores da acurácia indicam alta precisão no acesso à variação genética verdadeira a partir da variação fenotípica observada em cada uma das características. Para D. Copa a baixa acurácia indicada para essa característica não se tem confiabilidade dos dados, possivelmente pela característica ser altamente influenciada pelo ambiente.

A baixa interação com idades, observada pelas correlações genotípicas através das medições (R_{gmed}), para as características, evidencia possibilidade de praticar a seleção em qualquer das idades em que foram feitas as mensurações.

A melhor precisão com relação à regularidade na repetição do caráter VC, demonstra que essa característica é a melhor a ser utilizada em seleção por apresentar o melhor controle genético, porém, como esta é de mais difícil obtenção, deve-se optar pela seleção via DAP por apresentar alta regularidade na repetição desse caráter, além de ser de fácil obtenção e ter alta correlação com o caráter VC. Isso corrobora as afirmativas de Martins et al. (2003) e Sampaio et al. (2002), de que deve-se optar por conduzir a seleção, utilizando o caráter DAP, devido à sua facilidade de avaliação e precisão, além de apresentar alta correlação genética aditiva com altura e volume.

3.1.3.3. Seleção e estimativas dos ganhos

A relação dos genótipos selecionados em função dos valores genotípicos obtidos para a, variável volume é apresentada na Tabela 4.

Tabela 4.: Ordenação de 90 genótipos selecionados via componentes de média para a característica Volume Cilíndrico (VC)

Ordem	Genótipo	g	u + g	Ganho	Nova Média	u+g+gem
1	3	0.0373	0.1493	0.0373	0.1493	0.1529
2	9	0.0366	0.1486	0.0369	0.1490	0.1521
3	61	0.0349	0.1470	0.0363	0.1483	0.1503
4	31	0.0347	0.1467	0.0359	0.1479	0.1501
5	36	0.0328	0.1448	0.0353	0.1473	0.1480
6	66	0.0293	0.1413	0.0343	0.1463	0.1441
7	55	0.0150	0.1270	0.0315	0.1435	0.1285
8	85	0.0130	0.1250	0.0292	0.1412	0.1262
9	15	0.0127	0.1247	0.0274	0.1394	0.1260
10	62	0.0102	0.1222	0.0256	0.1377	0.1232
11	32	0.0101	0.1221	0.0242	0.1363	0.1231
12	30	0.0095	0.1215	0.0230	0.1350	0.1224
13	5	0.0089	0.1210	0.0219	0.1339	0.1218
14	48	0.0089	0.1209	0.0210	0.1330	0.1218
15	65	0.0085	0.1205	0.0202	0.1322	0.1214
16	75	0.0074	0.1195	0.0194	0.1314	0.1202
17	64	0.0062	0.1182	0.0186	0.1306	0.1188
18	52	0.0056	0.1176	0.0179	0.1299	0.1181
19	70	0.0051	0.1171	0.0172	0.1292	0.1176
20	68	0.0051	0.1171	0.0166	0.1286	0.1176
21	34	0.0045	0.1165	0.0160	0.1280	0.1170
22	6	0.0037	0.1157	0.0154	0.1275	0.1161
23	60	0.0037	0.1157	0.0149	0.1270	0.1160
24	10	0.0036	0.1157	0.0145	0.1265	0.1160
25	33	0.0032	0.1152	0.0140	0.1260	0.1155
26	18	0.0031	0.1151	0.0136	0.1256	0.1154
27	35	0.0027	0.1147	0.0132	0.1252	0.1150
28	2	0.0025	0.1146	0.0128	0.1248	0.1148
29	11	0.0024	0.1144	0.0124	0.1245	0.1146
30	50	0.0012	0.1133	0.0121	0.1241	0.1134
31	40	0.0007	0.1128	0.0117	0.1237	0.1128
32	78	0.0005	0.1125	0.0114	0.1234	0.1125
33	76	0.0004	0.1124	0.0110	0.1231	0.1125
34	71	-0.0001	0.1120	0.0107	0.1227	0.1120
35	39	-0.0004	0.1116	0.0104	0.1224	0.1116
36	59	-0.0004	0.1116	0.0101	0.1221	0.1115
37	23	-0.0005	0.1115	0.0098	0.1218	0.1114
38	63	-0.0006	0.1114	0.0095	0.1216	0.1114
39	17	-0.0006	0.1114	0.0093	0.1213	0.1114
40	80	-0.0008	0.1112	0.0090	0.1210	0.1111
41	89	-0.0016	0.1104	0.0088	0.1208	0.1102
42	56	-0.0018	0.1103	0.0085	0.1205	0.1101
43	73	-0.0018	0.1102	0.0083	0.1203	0.1100
44	29	-0.0019	0.1101	0.0080	0.1201	0.1100
45	1	-0.0019	0.1101	0.0078	0.1198	0.1099
46	88	-0.0022	0.1098	0.0076	0.1196	0.1096
47	14	-0.0024	0.1096	0.0074	0.1194	0.1094
48	67	-0.0026	0.1094	0.0072	0.1192	0.1092
49	44	-0.0029	0.1092	0.0070	0.1190	0.1089
50	28	-0.0030	0.1090	0.0068	0.1188	0.1087
51	41	-0.0031	0.1089	0.0066	0.1186	0.1086
52	37	-0.0034	0.1086	0.0064	0.1184	0.1083
53	69	-0.0037	0.1083	0.0062	0.1182	0.1079
54	83	-0.0039	0.1081	0.0060	0.1180	0.1077
55	26	-0.0039	0.1081	0.0058	0.1178	0.1077
56	58	-0.0041	0.1079	0.0056	0.1177	0.1075
57	13	-0.0045	0.1075	0.0055	0.1175	0.1071
58	38	-0.0048	0.1072	0.0053	0.1173	0.1067
59	84	-0.0049	0.1071	0.0051	0.1171	0.1067
60	47	-0.0053	0.1067	0.0049	0.1170	0.1062
61	57	-0.0054	0.1066	0.0048	0.1168	0.1061
62	25	-0.0055	0.1065	0.0046	0.1166	0.1060
63	82	-0.0060	0.1061	0.0044	0.1165	0.1055
64	81	-0.0062	0.1058	0.0043	0.1163	0.1052
65	16	-0.0065	0.1055	0.0041	0.1161	0.1049
66	7	-0.0066	0.1054	0.0039	0.1160	0.1048
67	27	-0.0069	0.1052	0.0038	0.1158	0.1045
68	74	-0.0069	0.1052	0.0036	0.1157	0.1045
69	90	-0.0076	0.1045	0.0035	0.1155	0.1037

Cont. Tabela 4

Ordem	Genótipo	g	u + g	Ganho	Nova Média	u+g+gem
70	12	-0.0077	0.1043	0.0033	0.1153	0.1036
71	4	-0.0082	0.1038	0.0031	0.1152	0.1030
72	54	-0.0086	0.1034	0.0030	0.1150	0.1026
73	49	-0.0087	0.1033	0.0028	0.1148	0.1025
74	24	-0.0088	0.1032	0.0027	0.1147	0.1024
75	20	-0.0088	0.1032	0.0025	0.1145	0.1023
76	53	-0.0090	0.1030	0.0024	0.1144	0.1022
77	43	-0.0092	0.1028	0.0022	0.1142	0.1019
78	8	-0.0096	0.1024	0.0021	0.1141	0.1015
79	21	-0.0097	0.1023	0.0019	0.1139	0.1014
80	46	-0.0100	0.1020	0.0018	0.1138	0.1010
81	86	-0.0107	0.1013	0.0016	0.1136	0.1003
82	22	-0.0108	0.1013	0.0014	0.1135	0.1002
83	42	-0.0110	0.1010	0.0013	0.1133	0.0999
84	72	-0.0119	0.1001	0.0011	0.1132	0.0990
85	19	-0.0123	0.0997	0.0010	0.1130	0.0985
86	77	-0.0130	0.0990	0.0008	0.1128	0.0977
87	51	-0.0161	0.0959	0.0006	0.1127	0.0944
88	87	-0.0161	0.0959	0.0004	0.1125	0.0943
89	45	-0.0186	0.0934	0.0002	0.1123	0.0916
90	79	-0.0198	0.0923	0.0000	0.1120	0.0904

Do total de 90 genótipos foram selecionados 33, ou seja, 36,6 % dos genótipos avaliados, que apresentam para suas novas médias desempenho superior ao da média geral (desempenho relativo superior a 96%). O genótipo 3, localizado em Triunfo, ocupou para VC a posição 1 no ranking, com valor genotípico igual a 0,0373 e nova média 0,1493 m³, aumento de 24,9 % na média geral para o caráter. O genótipo melhor ranqueado para Trajano foi o 31 que ocupou para VC a posição 4 no ranking, com valor genotípico igual a 0,0347 e nova média 0,1479 m³, aumento de 24,2 % na média geral para o caráter. Para o Imbé o melhor ranqueado foi o genótipo 61 que ocupou para VC a posição 3 no ranking, com valor genotípico igual a 0,0349 e nova média 0,1483 m³, aumento de 24,4 % na média geral para o caráter. O último selecionado para a característica VC foi o genótipo 76 posição 33 no ranking, com valor genotípico igual a 0,0004 e nova média 0,1231 m³, aumento de 9,0 % na média geral para o caráter.

Do total de 90 genótipos relacionados na Tabela 5, foram selecionados 38 que apresentaram para a variável diâmetro à altura do peito, novas médias com desempenho superior ao da média geral, ou seja, 42,2 % dos indivíduos avaliados. Para esse caráter (DAP), o melhor ranqueado foi o genótipo 3 com valor genotípico de 1,355, permitindo acréscimo de 10,3 % na média e o pior ranqueado, na trigésima terceira colocação o material 76 com valor genotípico 0,011 e que permitiria um acréscimo de 4,14 % na média para o caráter. Os

demais 52 genótipos não estariam contribuindo para o aumento da média para o caráter.

Tabela 5.: Ordenação de 90 genótipos selecionados via componentes de média para as características para Diâmetro à altura do peito (DAP)

Ordem	Genótipo	g	u + g	Ganho	Nova Média	u+g+gem
1	3	0.0373	0.1493	0.0373	0.1493	0.1529
2	9	0.0366	0.1486	0.0369	0.1490	0.1521
3	61	0.0349	0.1470	0.0363	0.1483	0.1503
4	31	0.0347	0.1467	0.0359	0.1479	0.1501
5	36	0.0328	0.1448	0.0353	0.1473	0.1480
6	66	0.0293	0.1413	0.0343	0.1463	0.1441
7	55	0.0150	0.1270	0.0315	0.1435	0.1285
8	85	0.0130	0.1250	0.0292	0.1412	0.1262
9	15	0.0127	0.1247	0.0274	0.1394	0.1260
10	62	0.0102	0.1222	0.0256	0.1377	0.1232
11	32	0.0101	0.1221	0.0242	0.1363	0.1231
12	30	0.0095	0.1215	0.0230	0.1350	0.1224
13	5	0.0089	0.1210	0.0219	0.1339	0.1218
14	48	0.0089	0.1209	0.0210	0.1330	0.1218
15	65	0.0085	0.1205	0.0202	0.1322	0.1214
16	75	0.0074	0.1195	0.0194	0.1314	0.1202
17	64	0.0062	0.1182	0.0186	0.1306	0.1188
18	52	0.0056	0.1176	0.0179	0.1299	0.1181
19	70	0.0051	0.1171	0.0172	0.1292	0.1176
20	68	0.0051	0.1171	0.0166	0.1286	0.1176
21	34	0.0045	0.1165	0.0160	0.1280	0.1170
22	6	0.0037	0.1157	0.0154	0.1275	0.1161
23	60	0.0037	0.1157	0.0149	0.1270	0.1160
24	10	0.0036	0.1157	0.0145	0.1265	0.1160
25	33	0.0032	0.1152	0.0140	0.1260	0.1155
26	18	0.0031	0.1151	0.0136	0.1256	0.1154
27	35	0.0027	0.1147	0.0132	0.1252	0.1150
28	2	0.0025	0.1146	0.0128	0.1248	0.1148
29	11	0.0024	0.1144	0.0124	0.1245	0.1146
30	50	0.0012	0.1133	0.0121	0.1241	0.1134
31	40	0.0007	0.1128	0.0117	0.1237	0.1128
32	78	0.0005	0.1125	0.0114	0.1234	0.1125
33	76	0.0004	0.1124	0.0110	0.1231	0.1125
34	71	-0.0001	0.1120	0.0107	0.1227	0.1120
35	39	-0.0004	0.1116	0.0104	0.1224	0.1116
36	59	-0.0004	0.1116	0.0101	0.1221	0.1115
37	23	-0.0005	0.1115	0.0098	0.1218	0.1114
38	63	-0.0006	0.1114	0.0095	0.1216	0.1114
39	17	-0.0006	0.1114	0.0093	0.1213	0.1114
40	80	-0.0008	0.1112	0.0090	0.1210	0.1111
41	89	-0.0016	0.1104	0.0088	0.1208	0.1102
42	56	-0.0018	0.1103	0.0085	0.1205	0.1101
43	73	-0.0018	0.1102	0.0083	0.1203	0.1100
44	29	-0.0019	0.1101	0.0080	0.1201	0.1100
45	1	-0.0019	0.1101	0.0078	0.1198	0.1099
46	88	-0.0022	0.1098	0.0076	0.1196	0.1096
47	14	-0.0024	0.1096	0.0074	0.1194	0.1094
48	67	-0.0026	0.1094	0.0072	0.1192	0.1092
49	44	-0.0029	0.1092	0.0070	0.1190	0.1089
50	28	-0.0030	0.1090	0.0068	0.1188	0.1087
51	41	-0.0031	0.1089	0.0066	0.1186	0.1086
52	37	-0.0034	0.1086	0.0064	0.1184	0.1083
53	69	-0.0037	0.1083	0.0062	0.1182	0.1079
54	83	-0.0039	0.1081	0.0060	0.1180	0.1077
55	26	-0.0039	0.1081	0.0058	0.1178	0.1077
56	58	-0.0041	0.1079	0.0056	0.1177	0.1075
57	13	-0.0045	0.1075	0.0055	0.1175	0.1071
58	38	-0.0048	0.1072	0.0053	0.1173	0.1067
59	84	-0.0049	0.1071	0.0051	0.1171	0.1067
60	47	-0.0053	0.1067	0.0049	0.1170	0.1062
61	57	-0.0054	0.1066	0.0048	0.1168	0.1061
62	25	-0.0055	0.1065	0.0046	0.1166	0.1060

Cont. Tabela 5

Ordem	Genótipo	g	u + g	Ganho	Nova Média	u+g+gem
63	82	-0.0060	0.1061	0.0044	0.1165	0.1055
64	81	-0.0062	0.1058	0.0043	0.1163	0.1052
65	16	-0.0065	0.1055	0.0041	0.1161	0.1049
66	7	-0.0066	0.1054	0.0039	0.1160	0.1048
67	27	-0.0069	0.1052	0.0038	0.1158	0.1045
68	74	-0.0069	0.1052	0.0036	0.1157	0.1045
69	90	-0.0076	0.1045	0.0035	0.1155	0.1037
70	12	-0.0077	0.1043	0.0033	0.1153	0.1036
71	4	-0.0082	0.1038	0.0031	0.1152	0.1030
72	54	-0.0086	0.1034	0.0030	0.1150	0.1026
73	49	-0.0087	0.1033	0.0028	0.1148	0.1025
74	24	-0.0088	0.1032	0.0027	0.1147	0.1024
75	20	-0.0088	0.1032	0.0025	0.1145	0.1023
76	53	-0.0090	0.1030	0.0024	0.1144	0.1022
77	43	-0.0092	0.1028	0.0022	0.1142	0.1019
78	8	-0.0096	0.1024	0.0021	0.1141	0.1015
79	21	-0.0097	0.1023	0.0019	0.1139	0.1014
80	46	-0.0100	0.1020	0.0018	0.1138	0.1010
81	86	-0.0107	0.1013	0.0016	0.1136	0.1003
82	22	-0.0108	0.1013	0.0014	0.1135	0.1002
83	42	-0.0110	0.1010	0.0013	0.1133	0.0999
84	72	-0.0119	0.1001	0.0011	0.1132	0.0990
85	19	-0.0123	0.0997	0.0010	0.1130	0.0985
86	77	-0.0130	0.0990	0.0008	0.1128	0.0977
87	51	-0.0161	0.0959	0.0006	0.1127	0.0944
88	87	-0.0161	0.0959	0.0004	0.1125	0.0943
89	45	-0.0186	0.0934	0.0002	0.1123	0.0916
90	79	-0.0198	0.0923	0.0000	0.1120	0.0904

Para o caráter altura (Tabela 6) o melhor ranqueado foi o genótipo 31 com promoção de ganhos de 6,36 % na média para o caráter e o pior foi o 58 na quadragésima nona colocação, com ganhos esperados de 2,0 % sobre a média geral para o caráter. Os quarenta e nove selecionados correspondem a 54,4 % dos genótipos avaliados.

Tabela 6.: Ordenação de 90 genótipos selecionados via componentes de média para a característica altura de planta (H)

Ordem	Genótipo	g	u + g	Ganho	Nova Média	u+g+gem
1	31	0.6581	10.3758	0.6581	10.3758	10.4671
2	3	0.5666	10.2843	0.6124	10.3301	10.3629
3	36	0.5415	10.2592	0.5888	10.3064	10.3344
4	61	0.4614	10.1791	0.5569	10.2746	10.2431
5	63	0.4382	10.1559	0.5332	10.2509	10.2167
6	90	0.4032	10.1209	0.5115	10.2292	10.1768
7	33	0.3734	10.0911	0.4918	10.2095	10.1430
8	62	0.3667	10.0844	0.4762	10.1938	10.1353
9	60	0.3575	10.0752	0.4630	10.1807	10.1248
10	34	0.2980	10.0157	0.4465	10.1642	10.0570
11	48	0.2979	10.0155	0.4330	10.1507	10.0569
12	23	0.2704	9.9881	0.4194	10.1371	10.0256
13	35	0.2580	9.9757	0.4070	10.1247	10.0115
14	89	0.2535	9.9712	0.3960	10.1137	10.0063
15	59	0.2386	9.9563	0.3855	10.1032	9.9894
16	9	0.2348	9.9525	0.3761	10.0938	9.9851
17	71	0.2325	9.9501	0.3677	10.0854	9.9824
18	88	0.2285	9.9462	0.3599	10.0776	9.9779
19	17	0.2272	9.9449	0.3530	10.0706	9.9764

Cont. Tabela 6

Ordem	Genótipo	g	u + g	Ganho	Nova Média	u+g+gem
20	30	0.2267	9.9444	0.3466	10.0643	9.9758
21	5	0.2218	9.9395	0.3407	10.0584	9.9702
22	52	0.2150	9.9327	0.3350	10.0527	9.9625
23	25	0.2129	9.9305	0.3297	10.0474	9.9601
24	66	0.2037	9.9214	0.3244	10.0421	9.9497
25	21	0.1921	9.9097	0.3191	10.0368	9.9364
26	65	0.1919	9.9096	0.3142	10.0319	9.9362
27	29	0.1869	9.9046	0.3095	10.0272	9.9305
28	80	0.1856	9.9033	0.3051	10.0228	9.9291
29	16	0.1850	9.9027	0.3009	10.0186	9.9284
30	55	0.1770	9.8947	0.2968	10.0145	9.9193
31	56	0.1559	9.8736	0.2923	10.0100	9.8952
32	54	0.1371	9.8547	0.2874	10.0051	9.8738
33	44	0.1324	9.8501	0.2827	10.0004	9.8684
34	12	0.0927	9.8104	0.2771	9.9948	9.8232
35	37	0.0809	9.7986	0.2715	9.9892	9.8098
36	32	0.0796	9.7972	0.2662	9.9839	9.8083
37	19	0.0783	9.7960	0.2611	9.9788	9.8068
38	50	0.0750	9.7927	0.2562	9.9739	9.8031
39	82	0.0595	9.7772	0.2512	9.9689	9.7855
40	1	0.0555	9.7732	0.2463	9.9640	9.7809
41	83	0.0487	9.7664	0.2415	9.9592	9.7732
42	74	0.0455	9.7632	0.2368	9.9545	9.7695
43	24	0.0416	9.7593	0.2323	9.9499	9.7651
44	75	0.0398	9.7575	0.2279	9.9456	9.7631
45	20	0.0326	9.7503	0.2235	9.9412	9.7548
46	72	0.0296	9.7473	0.2193	9.9370	9.7514
47	26	0.0281	9.7458	0.2153	9.9330	9.7497
48	42	0.0082	9.7259	0.2109	9.9286	9.7270
49	58	0.0013	9.7190	0.2067	9.9244	9.7192
50	22	-0.0016	9.7161	0.2025	9.9202	9.7159
51	68	-0.0166	9.7011	0.1982	9.9159	9.6987
52	4	-0.0228	9.6949	0.1940	9.9116	9.6917
53	38	-0.0255	9.6922	0.1898	9.9075	9.6886
54	41	-0.0268	9.6909	0.1858	9.9035	9.6871
55	67	-0.0274	9.6903	0.1819	9.8996	9.6864
56	70	-0.0376	9.6800	0.1780	9.8957	9.6748
57	64	-0.0474	9.6703	0.1741	9.8917	9.6637
58	10	-0.0598	9.6579	0.1700	9.8877	9.6496
59	6	-0.0753	9.6424	0.1659	9.8836	9.6319
60	2	-0.0784	9.6393	0.1618	9.8795	9.6284
61	86	-0.0852	9.6325	0.1577	9.8754	9.6206
62	78	-0.0922	9.6255	0.1537	9.8714	9.6127
63	18	-0.0938	9.6239	0.1498	9.8675	9.6109
64	15	-0.1070	9.6107	0.1458	9.8635	9.5958
65	40	-0.1152	9.6024	0.1418	9.8594	9.5864
66	57	-0.1303	9.5874	0.1376	9.8553	9.5693
67	13	-0.1309	9.5868	0.1336	9.8513	9.5686
68	28	-0.1503	9.5673	0.1294	9.8471	9.5465
69	85	-0.1570	9.5607	0.1253	9.8430	9.5389
70	27	-0.1654	9.5523	0.1211	9.8388	9.5293
71	81	-0.1681	9.5496	0.1171	9.8348	9.5263
72	11	-0.1908	9.5268	0.1128	9.8305	9.5004
73	47	-0.2177	9.5000	0.1083	9.8260	9.4698
74	84	-0.2186	9.4991	0.1038	9.8215	9.4688
75	53	-0.2441	9.4736	0.0992	9.8169	9.4397
76	14	-0.2513	9.4664	0.0946	9.8123	9.4315
77	39	-0.2673	9.4504	0.0899	9.8076	9.4133
78	76	-0.2840	9.4337	0.0851	9.8028	9.3943
79	77	-0.2845	9.4331	0.0804	9.7981	9.3937
80	69	-0.3225	9.3952	0.0754	9.7931	9.3505
81	7	-0.3629	9.3548	0.0700	9.7877	9.3045
82	49	-0.3640	9.3536	0.0647	9.7824	9.3031
83	46	-0.3746	9.3431	0.0594	9.7771	9.2912
84	73	-0.3838	9.3339	0.0541	9.7718	9.2807
85	43	-0.3899	9.3278	0.0489	9.7666	9.2737
86	87	-0.4551	9.2626	0.0430	9.7607	9.1994
87	51	-0.5837	9.1340	0.0358	9.7535	9.0530
88	79	-0.6082	9.1095	0.0285	9.7462	9.0251
89	8	-1.1626	8.5551	0.0151	9.7328	8.3938
90	45	-1.3464	8.3713	0.0000	9.7177	8.1845

Tendo em vista que, segundo Dudley e Moll (1969) o progresso esperado com a seleção depende da herdabilidade do caráter, da intensidade de seleção e, do desvio padrão fenotípico do caráter, os valores de repetibilidade obtidos sugerem boas possibilidades de ganho genético, e em maiores proporções, via DAP, já que o mesmo apresentou resultados superiores aos da altura e que apresenta alta correlação com VC (Tabela 7). Dessa forma podem-se obter ganhos genéticos expressivos também para volume.

Tabela 7- Matriz de coeficientes de correlação de Pearson entre as características diâmetro à altura do peito (DAP), diâmetro do colo (D. Colo), distância entre nós (Entre nós), diâmetro de copa (D. Copa), altura (H) e volume cilíndrico (VC).

Variável	DAP	D.Colo	Entre nó	D.copa	H	VC
DAP	1,0000	0,7353	0,4073	-0,0094	0,218	0,9391
D.Colo	0,7353	1,0000	0,3613	-0,1216	0,0098	0,6383
Entre nó	0,4073	0,3613	1,0000	-0,206	0,3547	0,4707
D.copa	-0,0094	-0,1216	-0,206	1,0000	0,3116	0,0896
H	0,218	0,0098	0,3547	0,3116	1,0000	0,5149
VC	0,9391	0,6383	0,4707	0,0896	0,5149	1,0000

A menor correlação com o volume foi com a, variável diâmetro de copa e a maior com diâmetro à altura do peito. A menor correlação entre duas características ocorreu entre diâmetro de copa e distância entre nó.

As características diâmetro do colo (D. Colo) e distância entre nós (Entre nós), apresentam valores, nas Tabelas 8 e 9 respectivamente, condizentes com valores para características de crescimento.

Tabela 8.: Ordenação de 90 genótipos selecionados via componentes de média para a característica Diâmetro do Colo (D. Colo)

Ordem	Genótipo	g	u + g	Ganho	Nova Média	u+g+gem
1	85	1.4576	16.0176	1.4576	16.0176	16.2336
2	66	1.0214	15.5814	1.2395	15.7995	15.7328
3	14	1.0165	15.5765	1.1652	15.7251	15.7271
4	52	0.9259	15.4858	1.1054	15.6653	15.6231
5	68	0.8526	15.4125	1.0548	15.6147	15.5389
6	36	0.8274	15.3873	1.0169	15.5768	15.5100
7	9	0.8200	15.3799	0.9888	15.5487	15.5014
8	70	0.8099	15.3699	0.9664	15.5264	15.4899

Cont. Tabela 8

Ordem	Genótipo	g	u + g	Ganho	Nova Média	u+g+gem
9	55	0.7852	15.3451	0.9463	15.5062	15.4615
10	40	0.7008	15.2607	0.9217	15.4817	15.3646
11	32	0.6027	15.1626	0.8927	15.4527	15.2519
12	64	0.5792	15.1391	0.8666	15.4265	15.2249
13	15	0.5522	15.1121	0.8424	15.4023	15.1940
14	48	0.5178	15.0778	0.8192	15.3792	15.1545
15	67	0.5145	15.0744	0.7989	15.3588	15.1506
16	28	0.5100	15.0699	0.7809	15.3408	15.1455
17	26	0.4396	14.9996	0.7608	15.3207	15.0647
18	50	0.4053	14.9652	0.7410	15.3010	15.0253
19	18	0.3983	14.9582	0.7230	15.2829	15.0172
20	27	0.3980	14.9579	0.7067	15.2667	15.0169
21	61	0.3712	14.9311	0.6908	15.2507	14.9862
22	59	0.3494	14.9093	0.6752	15.2352	14.9611
23	75	0.3042	14.8642	0.6591	15.2190	14.9093
24	29	0.2708	14.8307	0.6429	15.2029	14.8708
25	83	0.2612	14.8211	0.6277	15.1876	14.8598
26	37	0.2368	14.7968	0.6126	15.1726	14.8319
27	69	0.2194	14.7793	0.5981	15.1580	14.8118
28	8	0.1951	14.7550	0.5837	15.1436	14.7839
29	82	0.1908	14.7507	0.5701	15.1301	14.7790
30	57	0.1801	14.7401	0.5571	15.1171	14.7668
31	53	0.1520	14.7119	0.5441	15.1040	14.7344
32	30	0.1104	14.6703	0.5305	15.0904	14.6867
33	84	0.1064	14.6663	0.5177	15.0776	14.6821
34	65	0.1008	14.6607	0.5054	15.0653	14.6756
35	3	0.0966	14.6565	0.4937	15.0536	14.6708
36	31	0.0957	14.6556	0.4827	15.0426	14.6698
37	21	0.0879	14.6478	0.4720	15.0319	14.6608
38	81	0.0787	14.6386	0.4616	15.0216	14.6503
39	6	0.0738	14.6337	0.4517	15.0116	14.6446
40	23	0.0288	14.5887	0.4411	15.0010	14.5929
41	43	0.0254	14.5853	0.4310	14.9909	14.5890
42	78	-0.0343	14.5256	0.4199	14.9798	14.5205
43	87	-0.0343	14.5256	0.4093	14.9693	14.5205
44	56	-0.0450	14.5149	0.3990	14.9589	14.5083
45	16	-0.0669	14.4930	0.3887	14.9486	14.4831
46	17	-0.0669	14.4930	0.3788	14.9387	14.4831
47	80	-0.0765	14.4834	0.3691	14.9290	14.4721
48	41	-0.0868	14.4731	0.3596	14.9195	14.4603
49	24	-0.1091	14.4508	0.3500	14.9099	14.4346
50	51	-0.1154	14.4446	0.3407	14.9006	14.4275
51	39	-0.1435	14.4164	0.3312	14.8911	14.3952
52	58	-0.1571	14.4028	0.3218	14.8817	14.3795
53	60	-0.1576	14.4024	0.3128	14.8727	14.3790
54	13	-0.1706	14.3893	0.3038	14.8637	14.3640
55	5	-0.2020	14.3579	0.2946	14.8545	14.3280
56	34	-0.2026	14.3573	0.2857	14.8457	14.3273
57	38	-0.2139	14.3461	0.2770	14.8369	14.3144
58	20	-0.2358	14.3242	0.2681	14.8281	14.2892
59	73	-0.2454	14.3145	0.2594	14.8194	14.2782
60	12	-0.2470	14.3129	0.2510	14.8109	14.2763
61	10	-0.2695	14.2904	0.2425	14.8024	14.2504
62	7	-0.2752	14.2848	0.2341	14.7940	14.2440
63	45	-0.2842	14.2757	0.2259	14.7858	14.2336
64	1	-0.2977	14.2622	0.2177	14.7776	14.2181
65	35	-0.3124	14.2476	0.2095	14.7695	14.2013
66	54	-0.3124	14.2476	0.2016	14.7616	14.2013
67	25	-0.3174	14.2425	0.1939	14.7538	14.1955
68	49	-0.3264	14.2335	0.1862	14.7462	14.1851
69	76	-0.3298	14.2301	0.1788	14.7387	14.1812
70	71	-0.3580	14.2020	0.1711	14.7310	14.1489
71	22	-0.3624	14.1975	0.1636	14.7235	14.1438
72	62	-0.3692	14.1907	0.1562	14.7161	14.1360
73	89	-0.3710	14.1889	0.1490	14.7089	14.1339
74	72	-0.3861	14.1738	0.1417	14.7017	14.1166
75	86	-0.3997	14.1602	0.1345	14.6944	14.1009
76	88	-0.4137	14.1463	0.1273	14.6872	14.0849
77	11	-0.4159	14.1440	0.1202	14.6802	14.0824
78	2	-0.4384	14.1215	0.1131	14.6730	14.0566
79	74	-0.5549	14.0050	0.1046	14.6645	13.9227
80	33	-0.5797	13.9802	0.0961	14.6560	13.8943
81	42	-0.5797	13.9802	0.0877	14.6477	13.8943

Cont. Tabela 8

Ordem	Genótipo	g	u + g	Ganho	Nova Média	u+g+gem
82	4	-0.6036	13.9563	0.0793	14.6392	13.8669
83	46	-0.6360	13.9239	0.0707	14.6306	13.8297
84	77	-0.7238	13.8361	0.0612	14.6211	13.7289
85	47	-0.7345	13.8254	0.0519	14.6118	13.7166
86	79	-0.8364	13.7236	0.0415	14.6015	13.5996
87	63	-0.8561	13.7039	0.0312	14.5911	13.5770
88	90	-0.8786	13.6814	0.0209	14.5808	13.5511
89	44	-0.9174	13.6425	0.0103	14.5703	13.5065
90	19	-0.9192	13.6407	0.0000	14.5599	13.5045

Tabela 9.: Ordenação de 90 genótipos selecionados via componentes de média para a característica Distância entre nós (Entre nós)

Ordem	Genótipo	g	u + g	Ganho	Nova Média	u+g+gem
1	89	2.0038	14.1056	2.0038	14.1056	14.3747
2	63	1.8110	13.9128	1.9074	14.0092	14.1560
3	74	1.3454	13.4472	1.7201	13.8219	13.6279
4	59	1.3347	13.4365	1.6237	13.7255	13.6157
5	19	1.3134	13.4152	1.5617	13.6635	13.5916
6	72	1.3085	13.4104	1.5195	13.6213	13.5861
7	46	1.2454	13.3472	1.4803	13.5821	13.5145
8	66	1.2185	13.3203	1.4476	13.5494	13.4840
9	33	1.1672	13.2690	1.4164	13.5182	13.4257
10	32	1.1119	13.2137	1.3860	13.4878	13.3630
11	15	1.1023	13.2041	1.3602	13.4620	13.3521
12	80	1.1019	13.2037	1.3387	13.4405	13.3517
13	44	1.0381	13.1399	1.3156	13.4174	13.2793
14	28	0.9969	13.0987	1.2928	13.3946	13.2325
15	42	0.9931	13.0949	1.2728	13.3746	13.2282
16	26	0.9657	13.0675	1.2536	13.3554	13.1972
17	3	0.7546	12.8564	1.2243	13.3261	12.9578
18	62	0.7184	12.8202	1.1962	13.2980	12.9167
19	57	0.7124	12.8142	1.1707	13.2725	12.9098
20	36	0.6374	12.7392	1.1440	13.2458	12.8248
21	5	0.5057	12.6075	1.1136	13.2154	12.6754
22	1	0.5018	12.6036	1.0858	13.1876	12.6710
23	25	0.4812	12.5830	1.0595	13.1613	12.6476
24	50	0.4582	12.5600	1.0345	13.1363	12.6216
25	20	0.4308	12.5326	1.0103	13.1121	12.5905
26	22	0.4069	12.5087	0.9871	13.0889	12.5634
27	76	0.4040	12.5058	0.9655	13.0673	12.5601
28	61	0.3903	12.4921	0.9450	13.0468	12.5446
29	48	0.3404	12.4423	0.9241	13.0259	12.4880
30	2	0.3326	12.4344	0.9044	13.0062	12.4791
31	41	0.3099	12.4117	0.8852	12.9870	12.4533
32	51	0.2801	12.3820	0.8663	12.9681	12.4196
33	87	0.2684	12.3702	0.8482	12.9500	12.4062
34	12	0.2584	12.3602	0.8309	12.9327	12.3949
35	27	0.2379	12.3397	0.8139	12.9157	12.3716
36	21	0.2377	12.3395	0.7979	12.8997	12.3715
37	17	0.2227	12.3245	0.7824	12.8842	12.3544
38	88	0.2082	12.3100	0.7673	12.8691	12.3380
39	43	0.1175	12.2193	0.7506	12.8524	12.2351
40	10	0.1069	12.2087	0.7345	12.8363	12.2230
41	6	0.0844	12.1863	0.7187	12.8205	12.1976
42	58	0.0722	12.1740	0.7033	12.8051	12.1837
43	18	0.0304	12.1322	0.6876	12.7894	12.1363
44	7	0.0060	12.1078	0.6721	12.7739	12.1086
45	9	-0.0002	12.1016	0.6572	12.7590	12.1016
46	47	-0.0169	12.0849	0.6425	12.7443	12.0826
47	75	-0.0434	12.0584	0.6279	12.7297	12.0526
48	70	-0.0590	12.0428	0.6136	12.7154	12.0349
49	81	-0.1337	11.9681	0.5984	12.7002	11.9502
50	52	-0.1648	11.9370	0.5831	12.6849	11.9148
51	31	-0.1951	11.9067	0.5678	12.6697	11.8805
52	40	-0.2249	11.8770	0.5526	12.6544	11.8468
53	53	-0.2841	11.8177	0.5368	12.6386	11.7795

Cont. Tabela 9

Ordem	Genótipo	g	u + g	Ganho	Nova Média	u+g+gem
54	60	-0.2991	11.8027	0.5213	12.6231	11.7625
55	55	-0.3131	11.7887	0.5062	12.6080	11.7467
56	77	-0.3263	11.7755	0.4913	12.5931	11.7317
57	29	-0.3415	11.7603	0.4767	12.5785	11.7144
58	64	-0.3429	11.7589	0.4626	12.5644	11.7128
59	71	-0.3471	11.7547	0.4488	12.5506	11.7081
60	73	-0.3682	11.7336	0.4352	12.5370	11.6842
61	79	-0.4159	11.6859	0.4213	12.5231	11.6301
62	67	-0.4237	11.6781	0.4076	12.5094	11.6212
63	86	-0.4447	11.6571	0.3941	12.4959	11.5974
64	23	-0.4604	11.6415	0.3808	12.4826	11.5796
65	16	-0.5340	11.5678	0.3667	12.4685	11.4961
66	49	-0.5510	11.5508	0.3528	12.4546	11.4768
67	14	-0.6092	11.4926	0.3384	12.4402	11.4108
68	78	-0.6382	11.4636	0.3241	12.4259	11.3779
69	85	-0.6529	11.4489	0.3099	12.4117	11.3612
70	4	-0.6765	11.4253	0.2958	12.3976	11.3345
71	38	-0.6783	11.4235	0.2821	12.3839	11.3324
72	45	-0.7296	11.3723	0.2680	12.3698	11.2743
73	56	-0.7435	11.3583	0.2542	12.3560	11.2584
74	83	-0.7865	11.3154	0.2401	12.3419	11.2097
75	39	-0.8334	11.2684	0.2258	12.3276	11.1565
76	69	-0.8462	11.2556	0.2117	12.3135	11.1420
77	65	-0.8518	11.2500	0.1979	12.2997	11.1356
78	8	-0.8614	11.2404	0.1843	12.2861	11.1248
79	35	-0.8629	11.2389	0.1711	12.2729	11.1230
80	68	-0.8907	11.2111	0.1578	12.2596	11.0915
81	90	-0.9724	11.1294	0.1438	12.2456	10.9988
82	82	-1.0238	11.0780	0.1296	12.2314	10.9405
83	11	-1.0310	11.0708	0.1156	12.2174	10.9324
84	34	-1.1217	10.9801	0.1009	12.2027	10.8295
85	84	-1.2112	10.8906	0.0854	12.1872	10.7279
86	54	-1.2635	10.8383	0.0698	12.1716	10.6686
87	24	-1.3220	10.7798	0.0538	12.1556	10.6023
88	13	-1.3695	10.7323	0.0376	12.1394	10.5484
89	37	-1.5365	10.5653	0.0199	12.1217	10.3590
90	30	-1.7707	10.3311	0.0000	12.1018	10.0934

O caráter diâmetro de copa apresentado na Tabela 10, mostra que com o genótipo 5, pode-se obter um acréscimo de 21,13% na média, ou seja, nova média de 311,1045 centímetros. Porém esse caráter é o que apresenta a menor correlação com volume segundo a Tabela 7.

Tabela 10.: Ordenação de 90 genótipos selecionados via componentes de média para a característica Diâmetro de copa (D.Copa)

Ordem	Genótipo	g	u + g	Ganho	Nova Média	u+g+gem
1	5	65.4520	311.1045	65.4520	311.1045	415.3354
2	61	8.5310	254.1835	36.9915	282.6440	267.7689
3	31	6.5803	252.2328	26.8544	272.5070	262.7118
4	35	5.5429	251.1954	21.5266	267.1791	260.0224
5	76	4.6941	250.3466	18.1601	263.8126	257.8218
6	74	4.5233	250.1758	15.8873	261.5398	257.3790
7	68	4.4281	250.0806	14.2502	259.9028	257.1323
8	34	3.7448	249.3974	12.9371	258.5896	255.3609
9	32	3.5058	249.1583	11.8891	257.5417	254.7413
10	46	3.3881	249.0406	11.0390	256.6916	254.4361

Cont. Tabela 10

Ordem	Genótipo	g	u + g	Ganho	Nova Média	u+g+gem
11	33	3.1424	248.7949	10.3212	255.9737	253.7992
12	18	2.9297	248.5822	9.7052	255.3577	253.2477
13	37	2.8886	248.5411	9.1809	254.8334	253.1410
14	30	2.4598	248.1123	8.7008	254.3533	252.0295
15	67	2.4469	248.0994	8.2839	253.9364	251.9960
16	69	2.4385	248.0910	7.9185	253.5710	251.9744
17	66	2.1726	247.8251	7.5805	253.2330	251.2850
18	78	2.1584	247.8109	7.2793	252.9318	251.2481
19	62	2.0940	247.7465	7.0064	252.6589	251.0812
20	50	1.7280	247.3805	6.7425	252.3950	250.1323
21	64	1.4357	247.0882	6.4898	252.1423	249.3746
22	14	1.2833	246.9358	6.2531	251.9056	248.9794
23	70	1.2788	246.9314	6.0368	251.6894	248.9679
24	53	1.1291	246.7816	5.8323	251.4849	248.5796
25	56	1.1052	246.7577	5.6433	251.2958	248.5177
26	73	0.9501	246.6026	5.4628	251.1153	248.1156
27	43	0.7857	246.4382	5.2895	250.9420	247.6894
28	65	0.7810	246.4335	5.1285	250.7810	247.6771
29	39	0.5607	246.2132	4.9710	250.6235	247.1061
30	86	0.5455	246.1980	4.8235	250.4760	247.0666
31	58	0.1519	245.8044	4.6728	250.3253	246.0464
32	40	0.1387	245.7912	4.5311	250.1836	246.0120
33	60	0.1325	245.7850	4.3978	250.0503	245.9960
34	85	-0.1431	245.5094	4.2642	249.9168	245.2815
35	38	-0.1774	245.4751	4.1373	249.7899	245.1925
36	77	-0.2220	245.4305	4.0162	249.6688	245.0770
37	81	-0.2657	245.3868	3.9005	249.5530	244.9636
38	52	-0.3348	245.3177	3.7891	249.4416	244.7846
39	17	-0.3602	245.2923	3.6827	249.3352	244.7187
40	44	-0.5850	245.0675	3.5760	249.2285	244.1358
41	84	-0.6603	244.9922	3.4727	249.1252	243.9407
42	71	-0.6816	244.9710	3.3737	249.0263	243.8856
43	10	-0.7811	244.8714	3.2771	248.9296	243.6274
44	15	-0.8242	244.8283	3.1839	248.8364	243.5157
45	29	-1.0589	244.5936	3.0896	248.7421	242.9074
46	6	-1.0684	244.5841	2.9992	248.6517	242.8827
47	47	-1.1281	244.5244	2.9114	248.5639	242.7279
48	9	-1.1324	244.5201	2.8272	248.4797	242.7168
49	55	-1.2254	244.4272	2.7445	248.3970	242.4758
50	90	-1.4118	244.2407	2.6613	248.3139	241.9925
51	22	-1.5096	244.1429	2.5796	248.2321	241.7390
52	2	-1.5857	244.0668	2.4995	248.1520	241.5417
53	48	-1.6054	244.0472	2.4220	248.0745	241.4907
54	83	-1.6456	244.0070	2.3467	247.9992	241.3864
55	19	-1.6679	243.9847	2.2737	247.9262	241.3287
56	75	-1.7220	243.9305	2.2023	247.8549	241.1883
57	16	-1.7643	243.8883	2.1327	247.7853	241.0787
58	80	-1.7733	243.8792	2.0654	247.7179	241.0552
59	63	-2.0205	243.6320	1.9961	247.6487	240.4145
60	27	-2.0533	243.5992	1.9287	247.5812	240.3293
61	89	-2.2675	243.3850	1.8599	247.5124	239.7740
62	24	-2.3854	243.2671	1.7914	247.4439	239.4684
63	59	-2.4554	243.1972	1.7240	247.3765	239.2871
64	26	-2.4596	243.1929	1.6586	247.3111	239.2761
65	13	-2.5084	243.1441	1.5945	247.2470	239.1494
66	36	-2.6894	242.9631	1.5296	247.1821	238.6802
67	28	-2.7309	242.9216	1.4660	247.1185	238.5727
68	20	-2.7606	242.8919	1.4039	247.0564	238.4958
69	57	-2.8692	242.7833	1.3419	246.9944	238.2142
70	42	-2.8754	242.7771	1.2817	246.9342	238.1981
71	51	-2.9754	242.6771	1.2217	246.8742	237.9388
72	45	-3.1349	242.5177	1.1612	246.8137	237.5255
73	88	-3.4850	242.1675	1.0976	246.7501	236.6178
74	21	-3.4924	242.1601	1.0355	246.6881	236.5986
75	41	-3.5535	242.0990	0.9744	246.6269	236.4401
76	11	-3.6931	241.9594	0.9129	246.5655	236.0783
77	12	-3.7825	241.8700	0.8520	246.5045	235.8464
78	4	-3.8517	241.8008	0.7917	246.4442	235.6670
79	3	-3.8560	241.7965	0.7328	246.3853	235.6559
80	49	-3.8859	241.7666	0.6751	246.3276	235.5784
81	72	-3.9430	241.7095	0.6181	246.2706	235.4303
82	7	-4.0905	241.5620	0.5607	246.2132	235.0481
83	82	-4.3087	241.3438	0.5020	246.1545	234.4823

Cont. Tabela 10

Ordem	Genótipo	g	u + g	Ganho	Nova Média	u+g+gem
84	54	-5.0294	240.6231	0.4361	246.0887	232.6138
85	79	-5.0772	240.5753	0.3713	246.0238	232.4899
86	23	-5.1064	240.5461	0.3076	245.9601	232.4142
87	1	-5.1660	240.4865	0.2447	245.8972	232.2597
88	8	-5.3058	240.3467	0.1816	245.8341	231.8973
89	25	-7.1294	238.5232	0.0994	245.7520	227.1698
90	87	-8.8506	236.8019	0.0000	245.6525	222.7076

3.1.3.4. Estabilidade de valores genéticos

Os resultados apresentados na Tabela 11 e 12 são o ordenamento de genótipos simultaneamente por seus valores genéticos (produtividade) e estabilidade, referentes à estabilidade genotípica pelo método da média harmônica dos valores genotípicos, conforme Resende (2004). Quanto menor for o desvio padrão do comportamento genotípico através das medições maior será a média harmônica de seus valores genotípicos através do tempo.

Tabela 11.: Estabilidade de Valores Genéticos (MHVG), para as características : diâmetro à altura do peito (DAP), altura (H) e volume cilíndrico (VC).

ordem	Caráter					
	DAP		H		VC	
	genótipo	MHVG	genótipo	MHVG	genótipo	MHVG
1	9	13.2423	31	10.3120	3	0.1451
2	31	13.1953	3	10.2226	9	0.1448
3	66	13.1358	36	10.1827	31	0.1438
4	36	13.1303	61	10.1059	61	0.1428
5	61	13.0778	63	10.0673	36	0.1408
6	3	12.9111	90	10.0287	66	0.1379
7	85	12.6400	62	9.9829	55	0.1195
8	15	12.6187	33	9.9778	15	0.1189
9	32	12.4201	60	9.9622	85	0.1184
10	55	12.3994	34	9.9161	32	0.1157
11	75	12.2056	48	9.9151	48	0.1141
12	48	12.1274	23	9.8839	62	0.1139
13	18	12.0925	35	9.8548	5	0.1134
14	70	12.0780	89	9.8397	75	0.1128
15	5	12.0409	9	9.8358	30	0.1123
16	52	12.0238	59	9.8315	65	0.1109
17	68	12.0208	17	9.8304	52	0.1108
18	2	12.0058	5	9.8290	70	0.109
19	10	11.9924	52	9.8230	68	0.1084
20	14	11.9849	88	9.8190	34	0.1084
21	73	11.9828	30	9.8179	64	0.108
22	11	11.9590	71	9.8167	10	0.1074

Cont. Tabela 11

ordem	genótipo	MHVG	genótipo	MHVG	genótipo	MHVG
23	76	11.9574	25	9.8148	18	0.1072
24	62	11.9383	66	9.8090	60	0.1072
25	6	11.8964	21	9.7827	6	0.1066
26	8	11.8779	29	9.7815	33	0.1063
27	69	11.8577	65	9.7810	2	0.1063
28	50	11.8497	16	9.7743	35	0.1055
29	34	11.8425	80	9.7711	11	0.1053
30	78	11.8360	55	9.7578	50	0.1048
31	64	11.8109	56	9.7517	71	0.1041
32	65	11.8026	54	9.7173	17	0.1036
33	60	11.7525	44	9.7051	76	0.1029
34	17	11.7498	12	9.6905	78	0.1029
35	7	11.7466	37	9.6588	40	0.1028
36	45	11.7402	32	9.6529	80	0.1023
37	40	11.7350	50	9.6491	59	0.1022
38	30	11.7225	19	9.6481	63	0.102
39	71	11.6962	83	9.6418	89	0.1017
40	28	11.6897	74	9.6344	73	0.1015
41	84	11.6857	1	9.6259	14	0.1013
42	35	11.6836	75	9.6215	23	0.1011
43	33	11.6675	82	9.6109	56	0.1011
44	57	11.6494	20	9.6014	39	0.1009
45	58	11.6433	24	9.6010	29	0.1007
46	67	11.6417	26	9.5937	1	0.1004
47	39	11.6340	72	9.5921	67	0.0999
48	80	11.6296	42	9.5852	88	0.0995
49	41	11.5801	58	9.5600	69	0.0995
50	89	11.5759	22	9.5587	58	0.0994
51	13	11.5688	68	9.5458	28	0.0992
52	56	11.5660	4	9.5430	41	0.0992
53	59	11.5652	41	9.5410	44	0.0987
54	81	11.5545	67	9.5317	37	0.0987
55	1	11.5509	70	9.5290	83	0.0986
56	47	11.5421	38	9.5238	26	0.0983
57	29	11.5283	10	9.5006	57	0.0982
58	49	11.5214	64	9.4912	84	0.0977
59	26	11.5105	6	9.4895	13	0.0976
60	27	11.5105	15	9.4719	25	0.0971
61	83	11.5099	2	9.4707	16	0.0967
62	4	11.4964	86	9.4575	81	0.0967
63	37	11.4702	18	9.4561	47	0.0963
64	16	11.4274	78	9.4458	74	0.0962
65	63	11.4226	40	9.4290	38	0.0957
66	12	11.4193	13	9.4169	7	0.0957
67	88	11.4131	57	9.4159	82	0.0955
68	53	11.4057	81	9.3948	27	0.0949
69	44	11.3870	28	9.3925	12	0.0949
70	46	11.3849	85	9.3750	4	0.0947
71	82	11.3654	27	9.3727	90	0.0941
72	74	11.3650	11	9.3396	49	0.0936
73	43	11.3544	84	9.3159	20	0.093

Cont. Tabela 11

ordem	genótipo	MHVG	genótipo	MHVG	genótipo	MHVG
74	25	11.3166	47	9.3096	53	0.0925
75	20	11.2987	14	9.2856	54	0.0925
76	23	11.2651	53	9.2749	24	0.0919
77	38	11.2149	77	9.2528	43	0.0914
78	22	11.1678	76	9.2521	46	0.0912
79	77	11.1575	39	9.2475	21	0.091
80	87	11.1377	69	9.1887	22	0.0906
81	86	11.1375	49	9.1603	42	0.0905
82	24	11.0874	7	9.1576	86	0.0896
83	42	11.0775	46	9.1347	8	0.0893
84	51	11.0766	73	9.1212	19	0.0891
85	90	11.0749	43	9.1039	72	0.0887
86	19	11.0676	87	9.0557	77	0.0885
87	54	11.0676	51	8.8708	87	0.0847
88	72	11.0333	79	8.8485	51	0.0838
89	21	10.9687	8	8.1064	45	0.0824
90	79	10.9674	45	8.0987	79	0.0794

Tabela 12.: Estabilidade de Valores Genéticos (MHVG), para as características : diâmetro de colo (D. Colo), distância entre nós (Entre nós) e diâmetro de copa (D.copa).

ordem	Caráter					
	D. Colo		Entre nós		D.copa	
	genótipo	MHVG	genótipo	MHVG	genótipo	MHVG
1	85	16.1023	89	14.3659	5	350.7697
2	66	15.6169	63	14.1522	61	264.1766
3	14	15.6003	74	13.6092	31	257.3581
4	52	15.4751	59	13.6023	35	256.6419
5	68	15.4074	72	13.5812	76	254.2714
6	36	15.3843	19	13.5797	68	253.5553
7	9	15.3782	46	13.5103	74	253.4823
8	70	15.3648	66	13.4577	34	253.0608
9	55	15.3027	33	13.4116	32	252.4194
10	40	15.1854	32	13.3576	18	250.9397
11	32	15.1524	15	13.3495	69	250.0714
12	15	15.0589	80	13.3417	30	249.3698
13	64	15.0552	44	13.2445	46	248.0189
14	67	15.0157	28	13.2241	67	247.9460
15	48	15.0092	42	13.2184	66	247.8256
16	28	14.9853	26	13.1891	37	247.7625
17	26	14.9176	3	12.9538	78	246.9891
18	50	14.8963	62	12.9121	33	246.8231
19	18	14.8861	57	12.9071	50	246.3116
20	27	14.8760	36	12.8112	14	245.9909
21	59	14.8545	5	12.6722	56	245.5374

Cont. Tabela 12

ordem	genótipo	MHVG	genótipo	MHVG	genótipo	MHVG
22	61	14.8064	1	12.6569	53	245.4124
23	75	14.7842	25	12.6357	62	245.0744
24	29	14.7280	50	12.5980	70	244.7079
25	69	14.7091	20	12.5771	64	244.4918
26	83	14.6988	22	12.5609	58	244.2800
27	37	14.6607	61	12.5428	73	244.2194
28	57	14.6501	76	12.5427	86	243.7336
29	8	14.6406	48	12.4796	43	243.5996
30	82	14.6339	2	12.4762	65	243.4292
31	53	14.5971	41	12.4527	40	243.4207
32	31	14.5517	51	12.4078	60	243.1728
33	3	14.5298	87	12.3995	85	242.7503
34	81	14.5259	12	12.3885	17	242.7385
35	30	14.5231	27	12.3632	38	242.3627
36	84	14.5095	21	12.3632	39	242.1388
37	21	14.5056	17	12.3479	15	241.9666
38	65	14.5034	88	12.3328	81	241.8364
39	6	14.4932	43	12.2260	84	241.6983
40	43	14.4451	10	12.2211	52	241.6074
41	23	14.4185	6	12.1815	10	240.8087
42	87	14.4044	58	12.1777	77	240.5857
43	78	14.3850	18	12.1302	9	240.4063
44	56	14.3780	7	12.1045	44	240.3418
45	17	14.3522	9	12.0977	6	240.0986
46	16	14.3496	47	12.0775	29	239.9739
47	80	14.3306	75	12.0479	71	239.5805
48	41	14.3222	70	12.0226	19	239.3606
49	51	14.2907	81	11.9455	22	239.0711
50	24	14.2758	52	11.9111	16	238.7177
51	58	14.2597	31	11.8732	2	238.3706
52	60	14.2514	40	11.8354	80	237.8591
53	13	14.2053	53	11.7711	90	237.8540
54	39	14.1947	60	11.7561	48	237.5672
55	34	14.1781	55	11.7408	47	237.5403
56	5	14.1747	77	11.7250	63	237.3789
57	20	14.1434	64	11.7114	55	237.3599
58	12	14.1264	71	11.7078	57	237.3562
59	10	14.1259	29	11.7075	83	237.1247
60	73	14.1245	73	11.6634	27	237.0710
61	7	14.1238	79	11.6191	24	237.0548
62	38	14.1229	67	11.6113	89	237.0261
63	45	14.0731	86	11.5912	13	236.3476
64	54	14.0686	23	11.5685	26	236.2607
65	49	14.0563	16	11.4905	75	236.1945
66	25	14.0524	49	11.4649	20	235.8653
67	1	14.0371	14	11.4058	28	234.9473
68	35	14.0290	78	11.3592	36	234.5309

Cont. Tabela 12

ordem	genótipo	MHVG	genótipo	MHVG	genótipo	MHVG
69	76	14.0196	85	11.3464	59	234.5242
70	71	14.0143	4	11.3308	42	234.1955
71	22	14.0020	38	11.3296	21	233.9343
72	72	13.9900	45	11.2569	51	233.5987
73	89	13.9703	56	11.2480	45	233.4153
74	11	13.9345	83	11.1927	49	233.1341
75	62	13.9341	39	11.1478	41	233.0694
76	88	13.9320	69	11.1265	4	232.8963
77	86	13.9215	8	11.1218	3	232.8158
78	2	13.9113	65	11.1207	11	232.5752
79	74	13.8162	35	11.1157	7	232.5723
80	33	13.7488	68	11.0769	12	232.3071
81	42	13.7471	90	10.9858	72	232.2965
82	4	13.7259	82	10.9309	88	232.1066
83	46	13.6854	11	10.9246	82	229.9644
84	77	13.6075	34	10.8253	23	229.6384
85	47	13.5496	84	10.7109	1	229.4375
86	79	13.4469	54	10.6630	8	228.2701
87	63	13.4229	24	10.5998	54	227.4199
88	90	13.3865	13	10.5450	79	227.2600
89	19	13.3718	37	10.3507	25	224.7848
90	44	13.3230	30	10.0908	87	220.2842

A predição baseada na média harmônica permite selecionar, simultaneamente, por produtividade e estabilidade, ao contrário do procedimento baseado na média aritmética que é adequado para seleção apenas por produtividade. Assim, a seleção pelo critério empregando os maiores valores da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG), apresenta-se interessante, por permitir inferências seguras sobre a predição dos valores genéticos, ressaltando a vantagem de se reunir em um único critério de seleção, os atributos: produtividade, estabilidade.

A seleção dos quarenta e cinco indivíduos ranqueados segundo os maiores valores genéticos (Tabela 11), concorda em 92,10% para DAP, 91,11% para altura e 96,96% para volume cilíndrico, com o ranqueamento segundo via componentes de média (Tabela 3). Sendo que, o genótipo 9 foi o que mais se destacou para DAP, já para H o 31 vem em primeiro e para VC o destaque é o 3.

Como segundo Dudley e Moll (1969) o progresso esperado com a seleção está associado com a herdabilidade do caráter, a intensidade de seleção e, o desvio padrão fenotípico do caráter. Os resultados apresentados na Tabela 11

das Médias Harmônicas dos Valores Genotípicos vêm confirmar o uso da seleção em DAP, por apresentar valores de herdabilidade superiores aos da altura, apresentar alta correlação com VC e, além disso, seu maior valor da sua média harmônica o classifica com o menor desvio padrão.

3.1.4. CONCLUSÕES

A análise digital das imagens apresentou-se adequada para a mensuração dos dados, sendo uma boa alternativa para baratear a coleta de dados, permitindo uma obtenção de resultados com rapidez e precisão.

A análise do experimento via metodologia REML/BLUP e modelo apresentado mostraram-se adequados para a avaliação de *Toona ciliata*, possibilitando obter estimativas de componentes de variância e a predição de valores genotípicos visando à seleção.

Os valores de repetibilidade, obtidos a partir dos componentes de variância, foram 0,244188 para DAP, 0,206068 para altura e 0,269556 para VC mostram um bom potencial para seleção dentro do experimento e com boas perspectivas de avanço genético.

Com exceção de D. Copa todas as características apresentaram acurácia superior a 80% com 3 medições. Esses altos valores da acurácia indicam alta precisão no acesso à variação genética verdadeira a partir da variação fenotípica observada em cada uma das características.

O caráter Diâmetro de copa apresentou baixa variação genética.

A seleção dos melhores genótipos pelo método REML/BLUP mostrou-se eficiente resultando em aumento de até 21,4 % na média para o caráter VC em relação à média do experimento. Do total de 90 genótipos, foram selecionados para VC 14 indivíduos procedentes de Triunfo com destaque para os 3, 9 e 15, 15 de Trajano onde se sobressaíram 31, 36 e 55, e 16 de Alto Imbé, em destaque 61, 62 e 66.

Os genótipos apresentaram baixa interação com idades, evidenciando a possibilidade de praticar a seleção em qualquer das idades em que foram feitas as mensurações.

3.1.5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Bueno Filho, J. S. S. Modelos mistos na predição de valores genéticos aditivos em testes de progênies florestais. (1997). Tese (Doutorado em Genética) - Escola Superior de Agricultura "Luis de Queiroz", Piracicaba. p118.

Carvalho, A. D. F.; Fritsche Neto, R.; Geraldi, I. O. (2008), Estimation and prediction of parameters and breeding values in soybean using REML/BLUP and Lest Squares. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 8: p 219-224.

Cruz, C. D., Carneiro, P. C. S. (2003), Modelos biométricos aplicados ao Melhoramento genético. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa. V. 2, p.585.

Cruz, C. D., Regazzi, A.J. (1997) ,Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, p. 390.

De Farias Neto, J. T., Resende, M. D. V. (2001), Aplicação da metodologia de modelos mistos (reml/blup) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes*). *Rev. Bras. Frutic., Jaboticabal* , SP. V. 23, p. 320-324.

Dudley. J.W., Moll, R. H. (1969), Interpretation and use of estimation of heritability and genetic variance in plant breeding. *Crop Science*, Madison. V.2, p. 257-262.

Falconer, D. S., (1987), Introdução à genética quantitativa. Tradução por M.A. Silva; J.C.Silva. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, Imprensa Universitária, p. 279.

Garcia, C. H., Nogueira, M. C. S. N. (2005), Utilização da metodologia REML/BLUP na seleção de clones de eucalipto. *Scientia Forestalis*. V.68, p. 107-112.

Kageyama, P. Y. et al. (1977), Variação genética entre procedências de *Pinus oocarpa* Schiede na região de Agudos-SP. IPEF, Piracicaba. V.14, p. 77-119.

Henderson, C.R. (1949), Estimates of changes in herd environment. *Journal of Dairy Science*, Champaign, (Abstr.), v.32, p.706.

Lorenzi, H., Souza H. M. de, Torres, M. A. V., Bacher L. B. (2003), Árvores Exóticas no Brasil: madeireiras, ornamentais e aromáticas. Nova Odessa – SP: Instituto Plantarum, p. 385.

Martins. I. S. et al. ,(2003), Eficiência da seleção direta e indireta e índices de seleção em *Eucalyptus grandis*. *Revista Árvore*. v.27, p.327-333.

Oiano, J. N. (2000), Estudo Fitoquímico da *Toona ciliata*: Uma contribuição à quimiosistemática do gênero e a ecologia da interação *Hypsipyla*- *Meleaceae*. Tese (Doutorado em Química) – São Carlos – SP, Universidade Federal de São Carlos – UFSCar, p. 287.

Pinheiro, A. L., Lani, L. L., COUTO, L. (2003) Cultura do Cedro Australiano para Produção de Madeira Serrada. Viçosa – UFV: p.42.

Pires, I. E. (1996) Eficiência da seleção combinada no melhoramento genético de *Eucalyptus* spp. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) –Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. p.116.

RESENDE, M. D. V. de; HIGA, A. R. (1994)Estimação de parâmetros genéticos no melhoramento de *Eucalyptus*: seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e de seus parentes. *Boletim de Pesquisa Florestal*, Colombo, n. 28/29, p. 11-36.

Resende, M. D. V. (2002a) SELEGEN-REML/BLUP -Seleção genética computadorizada: manual do usuário. Colombo: Embrapa – CNPF, p. 67.

Resende, M. D.V., Bertolucci, F. L. G. (1995), Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: IUFRO CONFERENCE "EUCALYPT PLANTATIONS: IMPROVING FIBRE YIELD AND QUALITY", Hobart, 1995. Proceedings... Hobart: CRC for Temperate Hardwood Forestry: p.167-170.

Resende, R. M. S., Simões, R. M., Fernandes, J. S. C. (2000), Blup individual com medidas repetidas aplicado ao melhoramento de espécies perenes. *Ciênc. agrotec., Lavras*. v. 24, p.986-997.

Resende, M. D. V. de., Sturion, J. A., Carvalho, A. P. de., Simeão, R. M., Fernandes, J. S. C.(2000), Programa de melhoramento da erva-mate coordenado indivíduos e clones. *Colombo: Embrapa Florestas*, (Embrapa Florestas. Circular Técnica, 43). p. 66.

RESENDE, M. D. V. (2002a) SELEGEN-REML/BLUP -Seleção genética computadorizada: manual do usuário. Colombo: Embrapa – CNPF: 67.

RESENDE, M.D.V. (2004), Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo. Colombo: Embrapa Florestas. 65p.

Rocha, M. G. B., Pires, I. E., Rocha, R. B., Xavier, A., Cruz, C. D., ED (2007) Seleção de genitores de *Eucalyptus grandis* e de *Eucalyptus urophylla* para produção de híbridos interespecíficos utilizando REML/BLUP e informação de divergênciagenética. *Rev.Árvore*.v.31, Viçosa.

Sampaio P. T. B., Resende M. D. V., Araújo, A. J. (2002), Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus oocarpa* Schiede. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. v.37, p. 625-636.

Santos, G. A., Xavier, A., Cruz, C. D., (2006), Desempenho silvicultural de progênies de *Eucalyptus grandis* em relação às árvores matrizes. *Scientia Forestalis*, p.67-76.

Wei, X., Borralho, N.M.G., Dieters, M.J., Matheson, A.C., Nikles, D.G., Harwood, C.E., Walker, S.M., (1996), A simple model to describe age trends in heritability in short rotation tree species. In: QFRI-IUFRO CONFERENCE, 1996, Caloundra, Queensland. Proceedings. Gympie: Queensland Forestry Research Institute, p.178-181.

White, T. L.; Hodge, G. (1989), Prediction breeding values with application in forest tree improvement. London: kluwer, p. 367.

3.2. DIVERSIDADE GENÉTICA EM CEDRO AUSTRALIANO COM BASE EM CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS E MARCADORES DE DNA

RESUMO

Marcadores de DNA têm sido ferramentas muito utilizadas no melhoramento vegetal em associação às avaliações agronômicas. Neste trabalho o objetivo foi realizar um estudo de diversidade genética entre 90 genótipos de cedro australiano, empregando análises moleculares de 31 genótipos e dados morfoagronômicos dos 90 genótipos. Foram utilizados 12 iniciadores para obter bandas RAPD, gerando um total de 91 marcas totais, sendo 9 marcas monomórficas e 82 marcas polimórficas, ou seja, 90,10% de bandas polimórficas, com uma média de 7,58 bandas por 'primer'. Os resultados mostraram também que os marcadores moleculares RAPD, juntamente com análise dos dados morfoagronômicos, utilizando-se o método hierárquico UPGMA, foram eficazes em revelar a existência de diversidade genética entre os 90 genótipos de cedro australiano. Na interpretação das análises moleculares, foi utilizado o complemento aritmético do Índice de Jaccard. Com base nas análises de agrupamento hierárquicas UPGMA, vizinho mais próximo e o método de otimização de Tocher, essa diversidade pôde ser observada pela presença de genótipos similares e divergentes.

ABSTRACT

DNA markers have been widely used tool in plant breeding. In this work the objective was to conduct a study of genetic diversity among these 90 genotypes of Australian cedar using molecular analysis and data morfoagronômicos. 12 primers were used for RAPD bands, generating a total of 91 marks total, 9 marks and 82 marks monomorphic polymorphic, ie 90.10% of polymorphic bands, with an average of 7.58 bands for 'first'. RAPD markers, showed itself as an efficient tool for molecular characterization. The results showed that the molecular markers with RAPD data analysis morfoagronômicos, using hierarchical UPGMA method was effective in revealing the existence of genetic diversity among 90 genotypes of Australian cedar. Interpreting the molecular analysis, we used the arithmetic complement of the Jaccard index. Based on hierarchical cluster analysis of UPGMA, visinho nearest and Tocher's optimization procedure, such diversity could be observed by the presence of similar and different genotypes.

3.2.1.INTRODUÇÃO

A escolha dos métodos de melhoramento de plantas, bem como a identificação genotípica de plantas, por muitos anos, foi implementada com base na avaliação de caracteres morfoagronômicos e fisiológicos, que podem sofrer grande interferência do ambiente, dificultando, assim, a identificação de grupos, por exibirem variação contínua e um alto grau de plasticidade fenotípica.

Os marcadores moleculares, segundo Gotmisky *et al.* (1999), constituem regiões do genoma possíveis de serem percebidas, cuja presença ou ausência pode caracterizar um organismo e cuja seqüência e função, podem ou não ser conhecidas.

Os avanços dos estudos moleculares, com a aplicação de inúmeras técnicas, como: isoenzimas, RFLP (Polimorfismo no Comprimento de Fragmentos de Restrição), PCR (Reação em Cadeia da Polimerase) microssatélites (SSR), AFLP (Polimorfismo de Comprimentos de Fragmentos Amplificados) e RAPD

(Polimorfismo de DNA Amplificado ao Acaso), entre outras, trouxeram um aumento significativo dos conhecimentos na área de Genética de Populações. Permitindo, assim, a caracterização, discriminação genotípica e identificação de marcadores ligados às características desejáveis, além de possibilitarem marcar características de efeito poligênico, por não sofrerem a interferência do ambiente.

Newton et al. (1999) destacam o surgimento da PCR (*Polymerase Chain Reaction*), em meados da década de 80, como uma verdadeira revolução em termos de pesquisas genéticas. Isso se deve ao fato do uso da PCR ter se difundido por todo o mundo, permitindo a análise genética de diversas espécies a um custo relativamente baixo e de forma bastante simplificada (Hadrys et al., 1992).

Na atualidade, os RAPDs (Random Amplified Polymorphic DNA) tornaram-se um dos marcadores moleculares mais usados em estudos genéticos. Os RAPDs são detectados pela amplificação, de forma arbitrária, de fragmentos de DNA de diferentes tamanhos, pela reação de polimerase em cadeia (PCR), na presença da enzima termoestável 'DNA polimerase' (Williams et al., 1990), ou seja, na repetição cíclica da extensão enzimática de iniciadores, que são pequenas seqüências complementares de DNA (iniciadores). O único *primer* (iniciador) usado na reação que normalmente é formado por diferentes combinações das quatro bases nitrogenadas, com um conteúdo de G+C entre 50 e 70%, se liga a seqüências complementares em fitas opostas do DNA alvo e ocorre a amplificação *in vitro* do segmento de DNA entre dois *primers* adjacentes.

A importância dos marcadores sobre os trabalhos com plantas, segundo Williams et al. (1993) e Gostimsky et al. (1999), está na possibilidade do mapeamento cromossômico, identificação e clonagem de genes, permitindo o conhecimento da variabilidade genética e identificação em níveis genéticos intra e interespecíficos. Outras características desejáveis apresentadas na utilização dos marcadores de DNA são: ausência de efeitos epistáticos e por serem utilizados em qualquer fase de desenvolvimento da planta, o que possibilita acelerar o processo de recombinação e seleção dos indivíduos de interesse e, conseqüentemente, reduz o tempo necessário para completar uma geração de melhoramento, aumentando a eficiência dos programas.

Os indivíduos possuem uma seqüência de caráter distintivo de nucleotídeos que compõem o seu DNA. Os indivíduos apresentam um padrão

único de seqüências, seja através de polimorfismo de fragmentos de DNA, ou polimorfismo enzimático, que se revelam como uma verdadeira impressão digital genética, útil como identidade do indivíduo (Grattapaglia e Ferreira, 1998).

A utilização de *primers* pequenos e de seqüência arbitrária mostra que a técnica de RAPD é indicada para estudos em espécies geneticamente desconhecidas e espécies das quais não se demandam grandes quantidades de materiais para as análises, como no caso de espécies raras ou ameaçadas de extinção. Isso se deve ao fato desta técnica ter grande potencial para detectar polimorfismo genético e por permitir a obtenção rápida de resultados. Além disso, a técnica de RAPD apresenta custo relativamente baixo, sendo assim uma ferramenta acessível a muitos laboratórios.

Este trabalho teve por objetivos testar protocolo já empregado em outras espécies nas condições do laboratório de melhoramento genético vegetal da UENF e estudar a divergência genética entre 90 genótipos de *Toona ciliata*, com base em dados morfoagronômicos e 31 genótipos via dados moleculares e estimar a relação entre as distâncias genéticas obtidas com base nos caracteres morfoagronômicos e nos marcadores RAPD.

3.2.2. MATERIAL E MÉTODOS

3.2.2.1. Material vegetal

Para análise do DNA, foram utilizadas folhas coletadas nos 91 materiais descritos na Tabela 1 em que 90 materiais são de Cedro Australiano e 1 é de Cedro Rosa (*Cedrela fissilis.*), sendo este ultimo utilizado como referência no estudo da divergência genética dos materiais.

Tabela 1- Descrição do código usado no experimento, local de procedência dos materiais analisados e local de introdução.

Código	Local de procedência	Local de introdução
E1	Viana-ES	Triunfo-RJ
E2	Viana-ES	Triunfo-RJ
E3	Viana-ES	Triunfo-RJ
E4	Viana-ES	Triunfo-RJ
E5	Viana-ES	Triunfo-RJ
E6	Viana-ES	Triunfo-RJ
E7	Viana-ES	Triunfo-RJ
E8	Viana-ES	Triunfo-RJ
E9	Viana-ES	Triunfo-RJ
E10	Viana-ES	Triunfo-RJ
E11	Viana-ES	Triunfo-RJ
E12	Viana-ES	Triunfo-RJ
E13	Viana-ES	Triunfo-RJ
E14	Viana-ES	Triunfo-RJ
E15	Viana-ES	Triunfo-RJ
E16	Viana-ES	Triunfo-RJ
E17	Viana-ES	Triunfo-RJ
E18	Viana-ES	Triunfo-RJ
E19	Viana-ES	Triunfo-RJ
E20	Viana-ES	Triunfo-RJ
E21	Viana-ES	Triunfo-RJ
E22	Viana-ES	Triunfo-RJ
E23	Viana-ES	Triunfo-RJ
E24	Viana-ES	Triunfo-RJ
E25	Viana-ES	Triunfo-RJ
E26	Viana-ES	Triunfo-RJ
E27	Viana-ES	Triunfo-RJ
E28	Viana-ES	Triunfo-RJ
E29	Viana-ES	Triunfo-RJ
E30	Viana-ES	Triunfo-RJ
P1	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P2	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P3	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P4	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P5	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ

Cont. Tabela 1

Código	Local de procedência	Local de introdução
P6	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P7	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P8	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P9	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P10	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P11	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P12	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P13	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P14	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P15	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P16	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P17	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P18	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P19	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P20	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P21	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P22	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P23	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P24	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P25	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P26	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P27	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P28	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P29	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
P30	Viçosa-MG	Trajano de Moraes-RJ
Z1	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z2	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z3	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z4	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z5	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z6	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z7	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z8	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z9	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z10	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z11	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ

Cont. Tabela 1

Código	Local de procedência	Local de introdução
Z12	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z13	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z14	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z15	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z16	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z17	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z18	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z19	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z20	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z21	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z22	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z23	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z24	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z25	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z26	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z27	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z28	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z29	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
Z30	Viçosa-MG	Auto Imbé-RJ
CD	Stª Maria Madalena-RJ	*

** material nativo de Santa Maria Madalena*

A introdução dos materiais foi realizada com mudas produzidas por via seminal em plantios nos distritos de Triunfo (sementes procedentes de Viana-ES) e Alto Imbé (sementes procedentes de Viçosa-MG) no município de Santa Maria Madalena e no município de Trajano de Moraes (sementes procedentes de Viçosa-MG) ambos municípios no estado do Rio de Janeiro.

3.2.2.2. Coleta e extração do DNA

As folhas recém-colhidas foram identificadas e mantidas em gelo para o transporte até o laboratório no LMGV (laboratório de melhoramento genético vegetal) e, em seguida, procedeu-se às extrações do DNA.

Para o estudo da divergência genética entre os indivíduos foi testado protocolo já empregado em outras espécies nas condições do LMGV. Para tanto, as folhas jovens foram coletadas, nos três locais, em recipiente refrigerado e

trazidas para o laboratório onde foram congeladas em nitrogênio líquido. Posteriormente a isto, o DNA foi extraído conforme Doyle e Doyle (1987). Assim, foram pesadas cerca de 200 a 300 mg de folha congelada, e depois maceradas em nitrogênio líquido. O pó gerado pela maceração foi transferido para eppendorf (1,5 ml) congelado e devidamente identificado. Foi adicionado 1.260 µl de tampão de extração aos tubos com as amostras e, a seguir, o preparado foi incubado em banho-maria, a 65° C, por 30-40 minutos. Após a incubação, os materiais foram centrifugados por 5 minutos, a 14.000 rpm, e resfriados à temperatura ambiente. Em seguida, o sobrenadante foi transferido para novos tubos também identificados. Ao sobrenadante foram adicionados 900 µl de clorofórmio-álcool isoamílico (24:1), sendo o tubo agitado, com suaves inversões, por aproximadamente, 10 minutos, até a solução ficar turva. Em seguida, a solução foi novamente centrifugada, como citado anteriormente. A solução aquosa localizada na parte superior do tubo foi transferida para um tubo identificado. Foram adicionados 700 µl de clorofórmio-álcool isoamílico (24:1) ao sobrenadante, e os tubos foram novamente agitados e centrifugados, como citado anteriormente. A fase aquosa foi novamente transferida para um novo tubo, onde foram adicionados 2/3 do volume de isopropanol gelado. Os tubos foram invertidos algumas vezes, e incubados a -20° C, por 2,5 horas. Em seguida, as soluções foram centrifugadas por 10 minutos a 14.000 rpm. Depois de removido o sobrenadante, o precipitado, formado no fundo do tubo, foi lavado 1-2 vezes com etanol 70%, com o objetivo de se retirar o sal presente neste, e em seguida, lavado com etanol 95%. Após tal procedimento, os precipitados foram secos à temperatura ambiente, por 15-20 minutos.

Os precipitados foram ressuspensos em 200 µl de TE (10 mM Tris-HCl, 1 mM EDTA, pH 8,0), contendo RNase na concentração final de 40 µg/ml. As soluções foram incubadas em banho-maria a 37° C, por 30 minutos, com o objetivo de ressuspender todo o DNA. A seguir foram adicionados NaCl 5 M na proporção de 1:10 (NaCl : DNA ressuspensão) e em seguida, foram também adicionados 2/3 do volume de isopropanol gelado, com o objetivo de precipitar o DNA novamente. Os tubos com a solução foram incubados em geladeira, a uma temperatura de 4° C, durante a noite. Os precipitados de coloração branca foram novamente lavados com etanol 70% depois de retirados os sobrenadantes, e a

seguir lavados com etanol 90%, sendo posteriormente secos à temperatura ambiente por 15 a 20 minutos.

As concentrações de DNA nas amostras foram estimadas utilizando métodos fluorométricos (DNA Quant 200 Fluorometer, Hoefer Scientific, San Francisco, EUA) e padronizadas na concentração de $10 \text{ ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$.

As reações de amplificação foram realizadas conforme Williams *et al.* (1990), modificadas, em um volume final de $25 \mu\text{l}$ e contendo os reagentes nas seguintes concentrações: 10 mmol L^{-1} Tris-HCl, pH 8,3; 50 mmol L^{-1} KCl; $2,4 \text{ mmol L}^{-1}$ MgCl_2 ; $100 \mu\text{M}$ dATP, dCTP e dTTP; $0,3 \mu\text{M}$ de primer; 20 ng de DNA genômico e uma unidade de Taq DNA polimerase (Pharmacia Biotech, EUA). O equipamento utilizado foi um termociclador Perkin Elmer GeneAmp PCR System 9600, programado para 95°C , por 1 minuto, seguido de 45 ciclos de 1 minuto a 94°C , 1 minuto a 36°C e 2 minutos a 72°C , e um passo final para extensão de 7 minutos a 72°C , utilizando o modo de transição de temperatura mais rápida disponível ($1^\circ \text{C}/\text{segundo}$).

3.2.2.3. Produtos amplificados

Os produtos amplificados (bandas) foram analisados por eletroforese em gel de agarose a 1,2% e visualizados após coloração com brometo de etídio. Os perfis RAPD de cada indivíduo foram obtidos pela presença ou ausência de bandas de alta intensidade.

3.2.2.4. Análise estatística

As informações a respeito da população a ser melhorada são de fundamental importância para que o programa de melhoramento tenha sucesso. Para tanto, o processamento adequado dos dados de forma que permita converter um conjunto de dados complexos em outros ordenados, simplificados e fáceis de serem interpretados é fundamental.

As análises estatísticas de dissimilaridade genética entre os indivíduos foram obtidas de variáveis quantitativas (dados morfoagronômicos) e de variáveis binárias (dados moleculares).

As medidas de dissimilaridade utilizadas foram estimadas via índice de jacob, a partir dos dados moleculares (binários), sendo o agrupamento dos genótipos feito via algoritmo UPGMA. Estas estimativas foram baseadas no

polimorfismo de marcadores RAPD, computados como presença e ausência de bandas. A variabilidade genética dos indivíduos utilizados foi evidenciada pelos fragmentos RAPD polimórficos entre os indivíduos.

Para os dados morfoagronômicos, diâmetro à altura do peito (DAP), altura (H) e volume cilíndrico (VC), diâmetro do colo (D. Colo), distância entre nós (Entre nós) e diâmetro de copa (D. Copa), foi feita a estimativa da distância genética com base nas médias dos genótipos usando a distância Euclidiana média e agrupamento feito via UPGMA. A análise via dispersão gráfica foi feita através da estimativa dos componentes principais com base nas médias. Os dados foram analisados utilizando-se o programa computacional GENES, de Cruz (2006).

3.2.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

O estudo da divergência genética foi feito através de marcas moleculares, que foram obtidas utilizando-se a técnica de RAPD, sendo utilizados 12 iniciadores (primers), os quais geraram pelo menos uma banda polimórfica entre os indivíduos analisados. O DNA obtido pelo processo de extração se apresentou como de boa qualidade, pois praticamente não houve rastro nos géis de quantificação, indicando baixo nível de degradação. Ao todo foram gerados 91 produtos de amplificação (Tabela 2), com uma média de 7,58 bandas por 'primer', com valores variando de 3 a 12. Desse total, 82 foram polimórficas, ou seja, 90,10%. O primer que apresentou o maior número de bandas polimórficas foi o A10, doze bandas. Enquanto o C11, apresentou apenas três bandas polimórficas. Um exemplo do padrão de bandas encontrado nos genótipos é apresentado na Figura 1.

Tabela 2- Relação do número de produtos amplificados por primers, com suas respectivas porcentagens de polimorfismo.

Primers	N de produtos amplificados	N de fragmentos polimórficos	Porcentagem de polimorfismo
A1	6	6	100
A3	10	10	100
A10	12	12	100
AC7	8	6	75
AC20	7	5	71
AF16	5	4	80
AW15	9	7	78
B17	9	9	100
C11	3	3	100
C13	5	5	100
V6	6	6	100
V12	11	11	100

Segundo Zucchi (2002), em estudo com *Eugenia dysenterica*, com a utilização de oito primers foram gerados 74 fragmentos, sendo 54 polimórficos. Estimativas de Estopa (2003) demonstraram que a variabilidade entre as matrizes de candeia (*Eremanthus erythropappus*) puderam ser definidas utilizando 10 primers, que apresentaram 56 fragmentos polimórficos de DNA amplificados. É importante ressaltar nestes casos que, pelo fato destas espécies ainda não serem domesticadas, ou, como no caso do cedro australiano, estarem no início do processo de domesticação, tem-se conseguido um grande polimorfismo com um número relativamente pequeno de iniciadores.

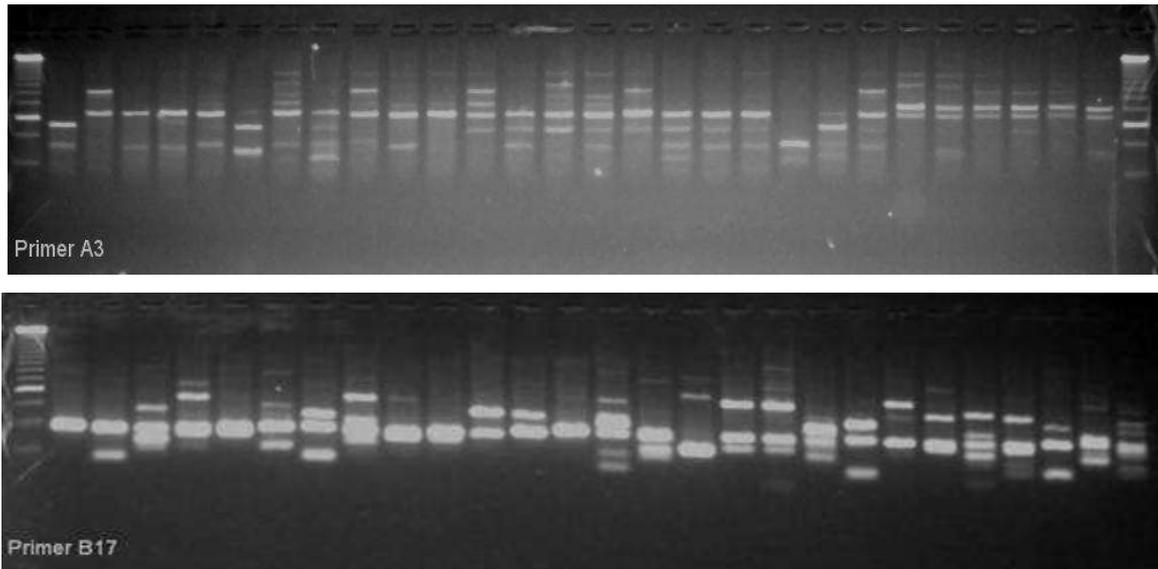


Figura 1. Produtos de amplificação do DNA de *Toona ciliata*. Obtidos com os primers A3 e B17.

No dendrograma da distância genética dos 30 genótipos de cedro australiano e 1 de *Cedrela fissilis*, obtidos a partir dos produtos de amplificação por RAPD, via complemento aritmético do índice de Jaccard, utilizando-se a base no método UPGMA, observa-se que houve a formação de oito grupos, como pode-se verificar na árvore (Figura 2). O primeiro grupo foi formado pelos genótipos E18, P5, E15, E30, P15, P2, P16, E11, P8, E2, E10, E3, E5 e E6, que são de dois locais distintos, sendo os indivíduos P2, P5, P8, P15 e P16, ou seja, 35% de genótipo desse grupo de Trajano de Moraes e o restante 75% de Triunfo. Nesse, se agruparam os indivíduos que mais se destacaram para DAP conforme análise realizada via programa SELEGEN - Seleção genética computadorizada ; o segundo grupo foi formado pelos indivíduos P6 e Z1 e que têm a mesma procedência (Tabela 1); o terceiro agrupamento é formado pelos indivíduos Z5, Z10, Z6, Z8, P4, P1, Z3 e Z4, que correspondem a 25,8% de todos os genótipos estudados, sendo todos procedentes de Viçosa-MG; o quarto grupo pelo indivíduo P25 que, apesar de ser de mesma procedência dos indivíduos do grupo três, é mais próximo do grupo cinco; o quinto grupo é formado pelos indivíduos Z20, Z22, Z26 e Z30 todos de Alto Imbé; o sexto grupo com o genótipo E9 e o grupo sete com o genótipo P18 fecham os grupos, respectivamente (Figura 2).

O que chama atenção é o fato de mais de 45,16% dos genótipos terem sido agrupados no primeiro grupo. Os grupos 2, 3 e 4 apresentam somente indivíduos de mesma procedência (Viçosa), o que permite inferir que embora divergentes, os indivíduos apresentam certo parentesco.

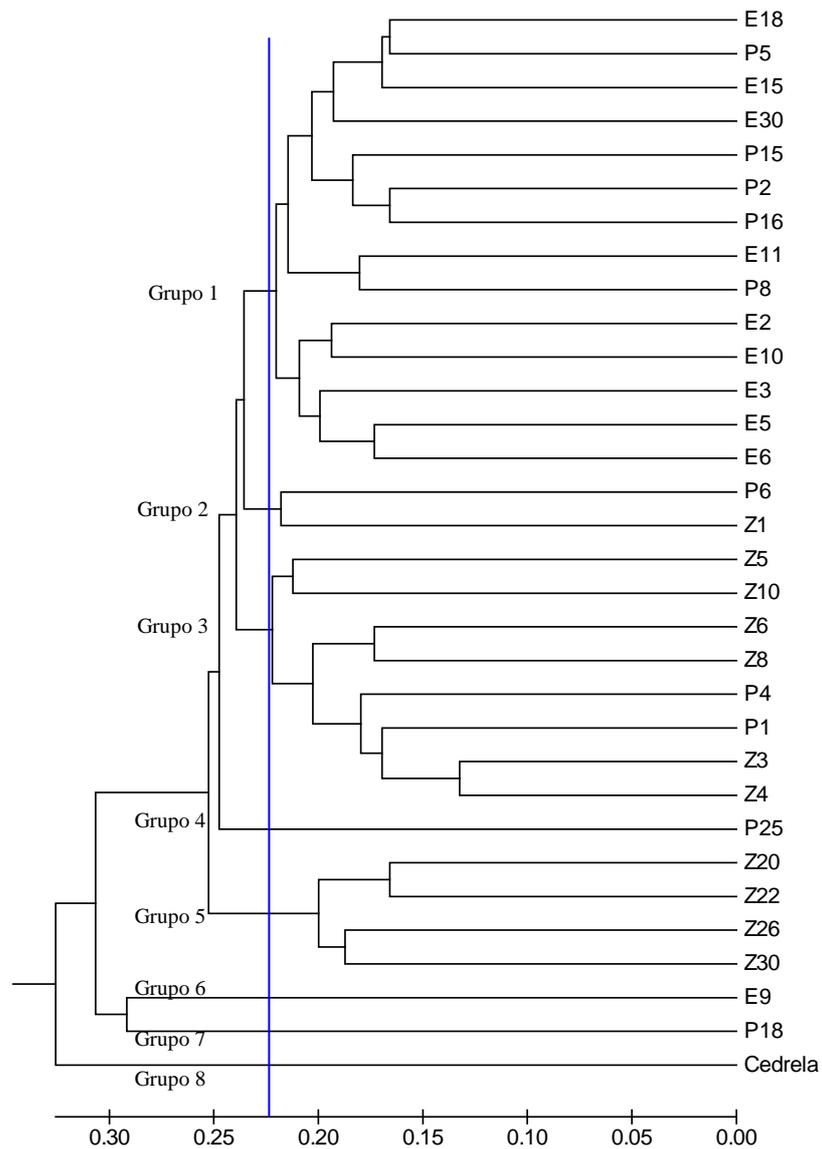


Figura 2- Dendrograma de similaridade genética, obtido com base em marcadores de DNA usando-se o índice de Jaccard com base no método UPGMA para 31 genótipos de cedro australiano e um de *Cedrela fissilis*.

No segundo dendrograma (Figura 3), a análise dos dados morfoagronômicos, utilizando-se o método hierárquico UPGMA, com base na distância euclidiana média separou os acessos em seis grupos distintos, diferentes do ocorrido na análise molecular.

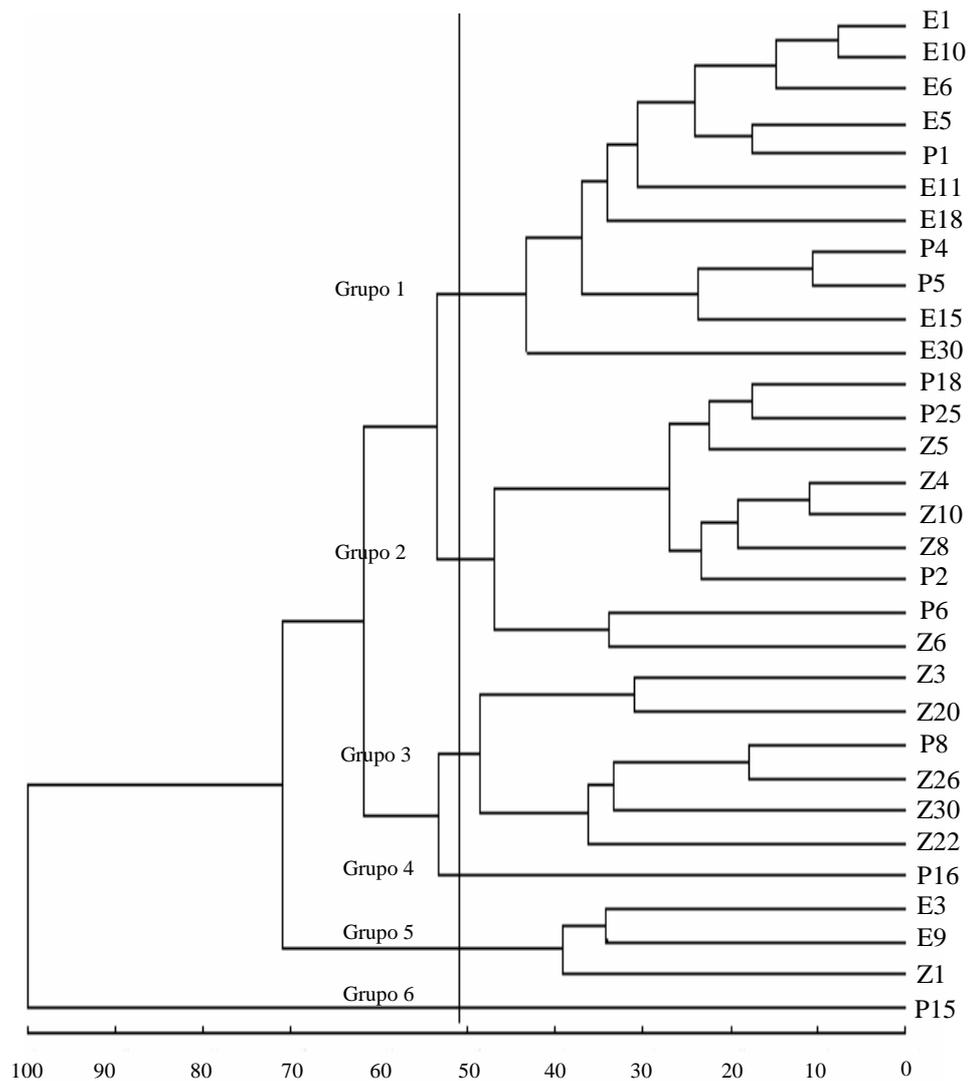


Figura 3- Dendrograma de similaridade, obtido a partir dos dados morfoagronômicos dos 30 genótipos de cedro australiano, usando-se distância Euclidiana média com base no método UPGMA.

Porém verificou-se que, considerando um índice de similaridade de 50%, os grupos formados se apresentaram coerentes, se comparados aos grupos da figura 2, sendo que no primeiro grupo, 80% dos seus integrantes são de triunfo; os grupos 2 e 3 só apresentam genótipos procedentes de Viçosa. Esses dois grupos concentram 72% dos materiais de Viçosa e 47% de todos os genótipos estudados. O grupo cinco é formado por dois indivíduos de triunfo e um de Trajano e este se manteve isolado no dendrograma de dados moleculares, mas, mais próximo do grupo formado por genótipos de Triunfo.

Espécies com mecanismos de dispersão à longa distância como as citadas por Gandara (1996) e Oliveira (2000), que são, respectivamente, *Cedrela fissilis* e *Copaifera langsdorffii*, estão pouco sujeitas à perda de diversidade genética dentro de populações.

Pelo fato dessa espécie ainda estar no início do processo de domesticação, esperava-se conseguir um grande polimorfismo com um número relativamente pequeno de iniciadores, o que se confirmou. Este fato se comprova com o relato de Trindade et al. (2001), que ao avaliarem uma frutífera nativa do cerrado (*Eugenia dysenterica*), afirmaram que seriam necessários 33 locos para a análise da estrutura genética populacional da espécie. Os autores para chegarem a esta conclusão realizaram ensaios preliminares, onde foram amostrados 25 genótipos com 36 locos RAPD utilizando 7 primers.

Para o caso dos marcadores os coeficientes de similaridade genética variaram de 0,41 a 0,94. As menores distâncias foram obtidas entre os indivíduos 23 e 24, os caracterizando como os genótipos mais similares. Entretanto, os resultados obtidos com relação à distância genética não fazem nenhuma referência a caracteres de interesse econômicos, ou seja, os mais divergentes podem não ser os mais produtivos. Porém, a escolha dos genótipos para iniciar um programa de melhoramento, deve levar em conta não somente a divergência dos genitores com base em marcas moleculares, mas também a divergência em relação aos caracteres morfológicos de interesse.

Com base no dendrograma de similaridade obtido a partir dos dados morfoagronômicos pelo método UPGMA dos 90 genótipos, verifica-se, a formação de 15 grupos distintos, nos quais se percebe uma concentração 63,33% dos genótipos de Triunfo (E_n) no primeiro grupo (Figura 4). O grupo 9 concentra 50% dos genótipos com procedência em Viçosa e introduzidas em Alto Imbé. Cinco

dos grupos são formados por genótipos únicos (Z7; E30; P27; P25; E8 e Z15), dois grandes grupos (Grupo 1 e 3) e outros dois grupos menores (Grupo 6 e 9). Os grupos 5, 10 12 e 13 são formados por dois genótipos cada.

O maior grau de similaridade genética foi observado entre os genótipos E12 e E20, enquanto a menor similaridade genética se encontra entre os genótipos E8 e Z15.

No dendrograma, verifica-se que a maior similaridade foi observada entre os genótipos pertencentes ao grupo 1, formado pelos genótipos E1; E2; E4; E5; E6; E7; E10; E11; E12; E13; E16; E17;E20; E21; E22; E23; E24; E25; E29; Z4; Z5 e P5.

Esse resultado, talvez possa ser devido ao fato dos genótipos com código “E” terem sido obtidos de sementes procedentes de uma mesma localidade.

O baixo grau de similaridade entre genótipos oriundos da mesma procedência, pode ser pelo fato da população, onde as sementes foram coletadas, ser formada por genótipos provenientes de matrizes distintas, o que poderia estar resultando na segregação genética promovida por polinização cruzada.

A técnica dos componentes principais baseia-se apenas nas informações individuais de cada genótipo, sem a necessidade de dados com repetição, o que credencia sua utilização no presente caso.

Os resultados evidenciam a necessidade de três componentes para explicar um mínimo de 80% da variação disponível, segundo observado na Tabela 3, e portanto, segundo recomendado por Cruz e Carneiro (2003), deve-se fazer a dispersão gráfica bidimensional considerando os componentes 1 (DAP- explicando 52,18% da variação) e 2 (VC- explicando 19,75% da variação) observados na Figura 1- Gráfico 1.A e, posteriormente, os componentes 1 e 3 (H- explicando 15,20% da variação) observados na Figura 1- Grafico 1.B. Na projeção de dissimilaridade entre 90 genótipos, no estudo da divergência genética por meio dos escores no gráfico cujos eixos são os referidos componentes, os genótipos serão considerados similares quando situados próximos e dissimilares quando graficamente distantes.

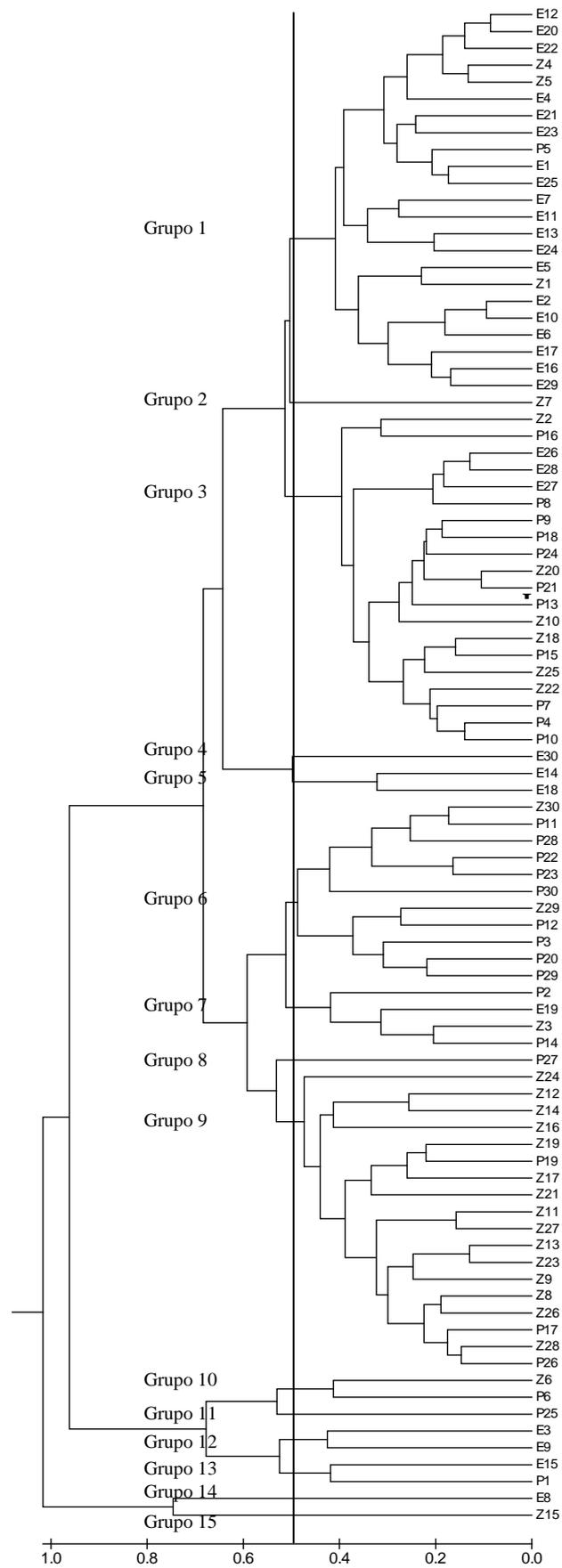


Figura 4- Dendrograma de similaridade, obtido a partir dos dados morfoagronômicos dos 90 genótipos de cedro australiano pelo método UPGMA.

Tabela 3. Estimativas de autovetores obtidos da matriz de correlação entre os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP), altura (H), volume cilíndrico (VC), distância entre nós (Entre nós), diâmetro do colo (D.Colo) e diâmetro de copa (D.Copa) avaliados em genótipos de *Toona ciliata* (cedro australiano)

Componente principal	Variância (autovalor)	Variância Acumulada(%)	Autovetores associados					
			DAP	H	VC	Entre nós	D.Colo	D.Copa
CP ₁	3,1312367	52,1872786	0,5211	0,3411	-0,1771	0,4197	0,3311	0,543
CP ₂	1,184779	71,9335952	0,0602	0,0652	0,8008	-0,3358	0,4686	0,1363
CP ₃	0,9122166	87,1372053	0,195	0,7539	0,1056	-0,3223	-0,5247	-0,0573
CP ₄	0,4409662	94,4866418	-0,3119	0,334	-0,514	-0,4669	*0,5533	-0,0546
CP ₅	0,318489	99,7947917	-0,4443	0,4445	0,2194	*0,6239	0,1749	-0,3702
CP ₆	0,0123125	100,0	-0,6262	0,0432	0,0628	0,0065	-0,2425	*0,7371

* autovetores associados a autovalores da matriz de correlação inferiores a 0,7.

A Tabela 3 permite também identificar os caracteres distância entre nós (Entre nós), diâmetro do colo (D.Colo) e diâmetro de copa (D.Copa) como sendo os menos importantes, ou seja, são as variáveis que menos contribuem para a diferenciação dos genótipos, sendo possível o descarte dessas em estudos futuros, pois apresentam os maiores coeficientes dos autovetores associados a autovalores inferiores a 0,7 da matriz de correlação.

Na dispersão dos 90 genótipos nos gráficos A e B da Figura 5, não é nítida a formação de grupos distintos, porém, em ambos os gráficos observa-se uma boa dispersão dos genótipos, indicando considerável divergência entre os indivíduos. A figura 5, permite identificar tanto os cruzamentos promissores quanto aqueles cuja variabilidade disponível em gerações segregantes deverá ser restrita. Assim, com a identificação de genótipos de interesse em virtude principalmente, do bom desempenho desses genótipos em relação a características de interesse, juntamente com a magnitude de suas dissimilaridades pode-se indicar genótipos para combinações híbridas.

Os genótipos 45 e 9 são os mais dissimilares por se apresentarem mais distantes graficamente.

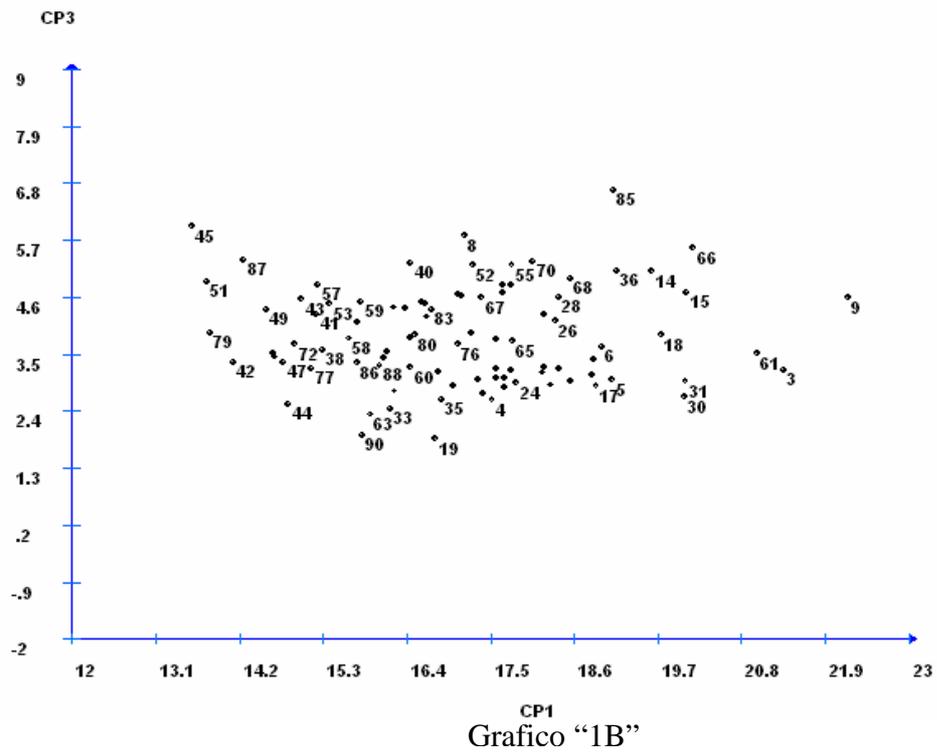
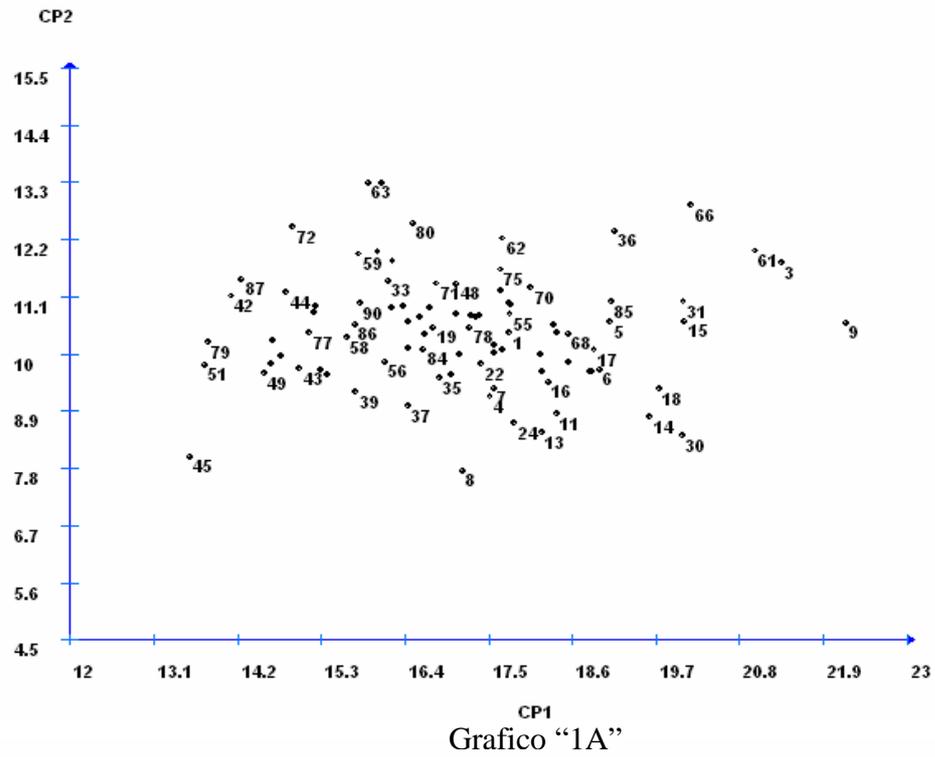


Figura 5. Projeção de dissimilaridade entre 90 genótipos, expressa pela Distância Euclidiana Média Padronizada, pela técnica de Componentes Principais. Gráfico "1. A" componentes 1 e 2 e, gráfico "1. B" componentes 1 e 3.

O grupo 1 é formado por 58,88% de todos os genótipos estudados, tendo agrupado genótipos dos três locais de introdução.

O agrupamento pelo método Tocher afirma a divergência dos genótipos observada na dispersão gráfica, por apresentar genótipos de mesma procedência em vários grupos distintos.

3.2.4. CONCLUSÕES

Há grande divergência genética entre os indivíduos avaliados.

Os indivíduos se agrupam em 8 Grupos distintos independente da procedência.

O indivíduo 1 (*Cedreia fissilis*) nativo é o mais divergente.

Os indivíduos no dendrograma gerado pelos dados morfoagronômicos se agruparam de forma semelhante ao molecular.

A maior divergência foi observada entre os genótipos 23 e 24, a menor entre os indivíduos 16 e 22.

As distâncias genéticas classificaram, pelos dados moleculares, os indivíduos em oito grupos distintos, sendo 60% dos genótipos que têm sua procedência o Espírito Santo são encontrados no grupo 1.

As distâncias genéticas classificaram, pelos dados morfoagronômicos, os indivíduos em seis grupos distintos, sendo 80% dos genótipos que têm sua procedência o Espírito Santo são encontrados no grupo 1.

Os fragmentos polimórficos utilizados no estudo podem ser considerados suficientes para a avaliação da diversidade genética na espécie.

Considerando um índice de similaridade de 50%, os grupos formados pelos dados morfoagronômicos se apresentaram coerentes se comparados aos agrupamentos gerados pelos dados moleculares.

3.2.5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Cruz, C. D. (2006), Programa Genes - Estatística Experimental e Matrizes. 1. ed. Viçosa: Editora UFV, v. 1. p 285.

Cruz, C. D., Carneiro, P. C. S. (2003), Modelos biométricos aplicados ao Melhoramento genético. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa. V. 2, p.585.

Doyle, J. J.; Doyle, J. L.(1987), A rapid DNA isolation procedure from small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemistry Bulletin*, v. 19, p. 11-15.

Estopa, R.A (2003), Diversidade genética em populações naturais de candeia (*Eremanthus erythropappus* (DC) Mac Leish”). Lavras: UFLA, p 46.

Ferreira, M. E. & Grattapaglia, D. (1995), Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. 2a. ed. Brasília, EMBRAPA/CENARGEN, p 220.

Gandara, F. B. Diversidade genética, taxa de cruzamento e estrutura espacial dos genótipos em uma população de *Cedrela fissilis* Vell. (Meliaceae). (1996), Dissertação (Mestrado em Ciências) – Universidade de Campinas, Campinas, SP, 96p.

Gotmisky, S. A.; Kokaeva. Z. G., Bobrova. V. K. (1999), Use of molecular marker for the analysis of plant genome. *Res. Journal. Genetics*. v. 11, p. 1538- 49.

Grattapaglia, D.; Ferreira, M. E. (1988), Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. 3a edição. Brasília: EMBRAPACERNAGEM.

Hadrys, H.; Balick, M.; Schierwater, B. (1992), Applications of random amplified polymorphic DNA (RAPD) in molecular ecology. *Molecular Ecology*. p 55-63.

Oliveira, A. F. (2000), Estrutura genética de populações naturais de *Copaifera langsdorffii* Desf. a partir de isoenzimas. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG. p 114.

Newton, A. C.; Allnutt, T. R. ; Gillies, A. C. M.; Lowe, A.J.; Ennos, R. A. (1999), Molecular phylogeography, intraspecific variation and the conservation of tree species. *Trends Ecol Evol* 14: p 140–145.

Trindade, M.G.; Chaves, L.J.; Coelho, A.S.G., Zucchi, M.I. (2001), Determinação do número de marcadores RAPD para estudos de estrutura genética em *Eugenia dysenterica* utilizando o método *bootstrap*/(compact disc). In: Congresso Brasileiro de Melhoramento de Pintas, 1, Goiânia: Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas.

Willians, J. G. K.; Kublelic; A . R.; Livak, K. J.; Rafalky, J. A; Tingey, S.V. (1990), DNA poloymorphisms amplified gy arbitrary primers are useful a genetic marker. *Nucleics Acids Research*, vol. 18, p.6531-6355.

Willians, J. G. K., Hanafey, M.K., Rafalski, J.A., Tingey, S.V. (1993), Genetic analysis using random amplified polimorphic DNA markers. *Metho. Enz*, v.218, p.704 - 40.

Zucchi, M. I.; Brondani, R. P. V.; Pinheiro, J. B.; Chaves, L. J.; Coelho, A. S. G.; Vencovsky, R. (2002), Estrutura genética e fluxo gênico em *Eugenia dysenterica* DC. utilizando marcadores microssatélites. In: Congresso Nacional de Genética, 48, Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética.

4. RESUMO E CONCLUSÃO

A ampliação dos conhecimentos sobre o Cedro australiano (*Toona ciliata*), pelo método REML/ BLUP aplicado via programa SELEGEN permitiu a seleção de genótipos individualmente, utilizando a estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos, sendo os ensaios conduzidos em propriedades particulares localizadas em Santa Maria Madalena e Trajano de Moraes, RJ. Os resultados gerados de três avaliações – cujas mensurações foram realizadas via análise digital de imagem – , apresentaram elevada acurácia para os caracteres altura de planta, diâmetro à altura do peito, volume cilíndrico, diâmetro do colo, diâmetro da copa e distância entre nós. Dos 90 genótipos avaliados 38 apresentaram valores genotípicos preditos para o diâmetro à altura do peito superior à média geral desse caráter, 33 para o volume e 49 para altura, permitindo ganhos da ordem de até 24,9 % na média para o volume cilíndrico. O procedimento utilizado mostrou-se adequado à estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos em nível de indivíduos, podendo ser de grande utilidade prática em programas de melhoramento genético de *Toona ciliata*.

O estudo de diversidade genética entre os 90 genótipos de cedro australiano, empregando-se análises moleculares e morfoagronômicas, utilizando 12 iniciadores para obter bandas RAPD, geraram um total de 91 marcas totais, sendo 9 marcas monomórficas e 82 marcas polimórficas, ou seja, 90,10% de bandas polimórficas, com uma média de 7,58 bandas por 'primer'. Os marcadores

RAPD mostraram-se como uma ferramenta eficiente para a caracterização molecular. Os resultados mostraram também que os marcadores moleculares RAPD, juntamente com análise dos dados morfoagronômicos, utilizando-se o método hierárquico UPGMA, foram eficazes em revelar a existência de diversidade genética entre os 90 genótipos de cedro australiano. Na interpretação das análises moleculares, foi utilizado o complemento aritmético do Índice de Jaccard. Com base nas análises de agrupamento hierárquicas UPGMA, vizinho mais próximo e o método de otimização de Tocher, essa diversidade pôde ser observada pela presença de genótipos similares e divergentes.

A análise digital das imagens apresentou-se adequada para a mensuração dos dados, sendo uma boa alternativa para baratear a coleta de dados, permitindo obtenção de resultados com rapidez e precisão.

A análise do experimento mostrou-se adequada para a avaliação de *Toona ciliata*, possibilitando obter estimativas de componentes de variância e a predição de valores genotípicos visando à seleção.

Os valores de herdabilidade, obtidos a partir dos componentes de variância pelo método proposto, foram de 0,244188 para DAP, 0,206068 para altura e 0,269556 para VC. Os valores foram considerados compatíveis aos encontrados em literatura para características de crescimento. Aliados aos valores de estabilidade de valores genéticos, as herdabilidades mostram um bom potencial para seleção dentro do experimento e com boas perspectivas de avanço genético.

A seleção dos melhores genótipos pelo método REML/BLUP mostrou-se eficiente resultando em aumento de até 21,4 % na média para o caráter VC em relação à média do experimento. Do total de 90 genótipos, foram selecionados para VC 14 indivíduos procedentes de Triunfo com destaque para os 3, 9 e 15, 15 de Trajano em que se sobressaíram 31, 36 e 55 e, 16 de Alto Imbé em destaque 61, 62 e 66.

A estatística da Média Harmônica dos Valores Genéticos (MHVG), preditos produziram bons resultados para as coincidências de indivíduos comuns nos ordenamentos gerados pelo procedimento REML/BLUP, por meio do programa computacional SELEGEN, podendo ser usadas vantajosamente.

A seleção dos melhores genótipos pelo método REML/BLUP, associados aos marcadores moleculares, mostram que os indivíduos 9, 10, 61, 3, agrupados

no grupo 1, os indivíduos 31, 34, 48, agrupados no grupo 3, e o 36 do grupo 6 podem ser cruzados mantendo variabilidade.

Há grande divergência genética entre os indivíduos avaliados. O indivíduo 1 (*Cedrela fissilis*) nativo é o mais divergente.

Os indivíduos no dendrograma gerado pelos dados morfoagronômicos se agruparam de forma semelhante ao molecular. A maior divergência foi observada entre os genótipos 23 e 24, a menor entre os indivíduos 16 e 22.

As distâncias genéticas classificaram, pelos dados moleculares, os indivíduos em oito grupos distintos, sendo que 60% dos genótipos que têm sua procedência o Espírito Santo são encontrados no grupo 1.

As distâncias genéticas classificaram, pelos dados morfoagronômicos, os indivíduos em seis grupos distintos, sendo 80% dos genótipos que têm sua procedência o Espírito Santo são encontrados no grupo 1.

Os fragmentos polimórficos utilizados no estudo podem ser considerados suficientes para a avaliação da diversidade genética na espécie.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Ares, A., Fownes, J.H., (2000), Productivity, nutrient and water-use efficiency of *Eucalyptus saligna* and *Toona ciliata* in Hawaii. *Forest Ecology and Management*, v.139, p.227-236.

Assis, G. M. L. et al. (2008), Seleção de genótipos de amendoim forrageiro para cobertura do solo e produção de biomassa aérea no período de estabelecimento utilizando-se metodologia de modelos mistos. *R. Bras. Zootec.* [online]. vol.37, n.11, p. 1905-1911.

Botstein, D., White, R. L., Skolnick, M., Davis, R. W.,(1980), Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. *American Journal of Human Genetic* , v.32, p.314-331.

Cruz, C. D., Carneiro, P. C. S. (2003), Modelos biométricos aplicados ao Melhoramento genético. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa. V. 2, p.585.

Cruz, C. D., Regazzi, A.J. (1997) ,Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, p. 390.

Dahlberg, J. A.; Zhang. X., Hart. G. E., Mullet. J. E. (2002), Comparative assesment of variation Sorghum germplasm accessions using seed morphology and RAPD measurements. *Crop Science*. V. 42, p. 291-296.

De Farias Neto, J. T., Resende, M. D. V. (2001), Aplicação da metodologia de modelos mistos (reml/blup) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes*). *Rev. Bras. Frutic., Jaboticabal*, SP. V. 23, p. 320-324.

DUDA, L. L.; RESENDE, M. D. V. de.; CANDIDO, H. C. S. Avaliação genética e seleção em *Eucalyptus grandis* na região de Arapoti-PR. *Revista Árvore*, v. 21, n. 4, p. 537-545, 1997

Dudley. J.W., Moll, R. H. (1969), Interpretation and use of estimation of heritability and genetic variance in plant breeding. *Crop Science*, Madison. V.2, p. 257-262.

Edmonds, J.M. (1993), The potential value of *Toona* species (Meliaceae) as multipurpose and plantation trees in southeast Asia, *Commonwealth Forest. Rev.* 72 (1993), p. 181–186.

Falconer, D. S., (1987), Introdução à genética quantitativa. Tradução por M.A. Silva; J.C.Silva. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, Imprensa Universitária, p. 279.

Garcia, C. H., Nogueira, M. C. S. N. (2005), Utilização da metodologia REML/BLUP na seleção de clones de eucalipto. *Scientia Forestalis*. V.68, p. 107-112.

Gotmisky, S. A.; Kokaeva. Z. G., Bobrova. V. K. (1999), Use of molecular marker for the analysis of plant genome. *Res. Journal. Genetics*. v. 11, p. 1538- 49.

Gouvêa, C. F. , Dornelas. M. C. , Rodrigo, A. P. M.,(2008), Floral Development in the Tribe Cedreleae (Meliaceae, Sub-family Swietenioideae): Cedrela and Toona. *Annals of Botany*, v. 101, p. 39-48.

Gouvêa, C. F. (2007), Estudo do desenvolvimento floral em espécies arbóreas da família Meliaceae . Universidade de São Paulo. Tese de doutorado.

Grattapaglia, D., Ferreira, M. E.,(1998), Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. Brasília: EMBRAPACERNAGEM, 3ª edição.

Greilhuber, J., Ehrendorfer, F. (1988), Karyological approaches to plant taxonomy. *ISI Atlas of Science: Animal and Plant Sciences*, 1, p 289–297.

Grijpma, P., Ramalho, R. (1969), Toona-SPP Possible Alternatives for the Problem of the Borer *Hypsipyla-Grandella* on Meliaceae-D in Latin America. *Turrialba* 19, p 531-547.

Henderson, C. R., O. Kempthorne, S. R. Searle; C. M. von Krosigk. (1959) "The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling." *Biometrics*: 192-218.

Holdridge, L. R., Poveda, L. J. (1975), *Arboles de Costa Rica*. San José, Costa Rica: Centro Científico Tropical.

Ishii, T., Nakamo, T., Maeda, N., Kamijima.,(1996), Phylogenetic relationships in A-genome species of rice as revealed by RAPD analysis. *Genes Gene Syst*, aug v. 71, p. 196-201.

Judd, W.S., Campbell, C.S., Kellog, E.A., Stevens, P.F. (1999), *Plant systematics: a phylogenetic approach*. Sunderland, Sinauer Associates, p 464.

Kokaeva, Z. G., Bobrova, V. K. Petrova, T. V. (1998) Genetic polymorphism of pea varieties, lines, and mutant revealed by RAPD analysis, *Genetika (Moscow)*, v.34, p.771-777.

Kageyama, P. Y. et al. (1977), Variação genética entre procedências de *Pinus oocarpa* Schiede na região de Agudos-SP. IPEF, Piracicaba. V.14, p. 77-119.

Kongkiatngam, P., Waterway, M. J., Fortin, M. G. (1995), Genetic variation within between two cultivars of red clover (*Trifolium pratense* L.): comparisons of morphological, isozyme and RAPD markers. *Euphitica*. V.84, p. 237-246.

Haines, R. (1994), *Biotechnology in Forest Tree Improvement*. FAO, p 230.

Henderson, C.R. (1949), Estimates of changes in herd environment. *Journal of Dairy Science*, Champaign, (Abstr.), v.32, p.706.

Henderson. C. R. (1973), Sire evaluation and genetic trends. In: *Animal Breeding and Genetics Symposium in Honor of J. Lush*. *American Society of Animal Science, Champaign*, v.3, p.10-41.

Lorenzi, H., Souza H. M. de, Torres, M. A. V., Bacher L. B. (2003), *Árvores Exóticas no Brasil: madeireiras, ornamentais e aromáticas*. Nova Odessa – SP: Instituto Plantarum, p. 385.

Martins. I. S. et al. ,(2003), Eficiência da seleção direta e indireta e índices de seleção em *Eucalyptus grandis*. *Revista Árvore*. v.27, p.327-333.

Melo. J. , A. F. de. (2003), Variabilidade genética em populações naturais de pequiheiro (*Caryocar brasiliense* Camb) caracterizada por meio de isoenzimas. Universidade Federal de Lavras. p 82.

Mehra, P. N., K. S. Bawa. (1969), Chromosomal evolution in tropical hardwoods. *Evolution* 23: p 466-481.

Mora, A. L.(2002), Aumento da produção de sementes geneticamente melhoradas de *Acacia mearnsii* DeWild. (Acácia-negra) no Rio Grande do Sul. 140 f. Tese (Doutorado em Ciências Florestais) – Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

Muellner, A.N., R. Samuel, S.A. Johnson, M. Cheek, T.D. Pennington & M.W. Chase.(2003), Molecular phylogenetics of Meliaceae based on nuclear and plastid DNA sequences. *Amer. J. Bot.* 90: p 471–480.

Mroginski, Erika. Rey, Hebey. Mroginski, Luis. A. *In vitro* plantlet regeneration from Australian Red Cedar (*Toona ciliata*, *Meliaceae*) *New Forests*, v. 25: p.177–184.

Nass, L.L.; Valois, A.C.C.; Melo, I.S.; Valadares-Ingliš, M.C.(2001), Recursos genéticos e melhoramento: plantas. Rondonópolis: Fundação MT. p. 29-56.

Novy, R. C., Kobak, C., Goffreda, J., Vorsa, N. (1994), RAPDs identify varietal misclassification and regional divergence in cranberry (*Vaccinium macrocarpon* Ait.) Pursh. *Theor. Appl. Genet.* vol. 88, p. 1004-10.

Oiano, J. N. (2000), Estudo Fitoquímico da *Toona ciliata*: Uma contribuição à quimiosistemática do gênero e a ecologia da interação *Hypsipyla*- *Meleaceae*. Tese (Doutorado em Química) – São Carlos – SP, Universidade Federal de São Carlos – UFSCar, p. 287.

Oliveira, V. R., Drumond, M. A., Resende, M. D. V., Nascimento, C. E. S., Santos, C. A. F. (2004), Variabilidade genética de procedências e progênies de umbuzeiro via metodologia de modelos lineares mistos (reml/blup), *Rev. Bras. Frutic.*, Jaboticabal – SP. v.26, p. 53-56.

Oliveira, A. F.,(2000), Estrutura genética de populações naturais de *Copaifera langsdorffii* Desf. A partir de isoenzimas, tese mestrado,UFLA, Lavras,p.114.

Otarola, A.; Whitmore, J.L.; Salazar, R. (1976). Analisis de 12 plantaciones de *Toona ciliata* en Turrialba. Turrialba. v.26(1),p. 80-85.

Paiva, J. R., Resende, M. D. V., Cordeiro, E. R. (2002), Índice multi-efeitos (BLUP) e estimativas de parâmetros genéticos aplicados ao melhoramento da acerola. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 37, n. 6, p. 799 – 807.

Paula, J. R. , Silva, M. F. das G. F. da , Vieira, I. J. C. , Rodrigues Filho, E. , B. J. ; Pinheiro, A. L. , Vilela, E. F.(1997) . Sesquiterpenes, Triterpenoids, Limonoids And Flavonoids Of *Cedrela Odorata* Graft And Speculations On The Induced Resistance Against *Hypsipyla Grandella*. *Phytochemistry*, INGLATERRA, v. 44, p. 1449-1454.

Pennington TD, Styles BT.(1975), A generic monograph of the Meliaceae. *Blumea* v.22, p.419–540.

Pedrozo, C. A. Benites, F. R. G., Barbosa, M. H. P., Resende, M. D. V., Da Silva, F. L. (2009), Eficiência de Índices de Seleção Utilizando a Metodologia REML/BLUP no Melhoramento da Cana-de-açúcar *Scientia Agraria, Curitiba*, v.10, n.1, p.031-036.

Pinheiro, A. L., Lani, L. L., COUTO, L. (2003) Cultura do Cedro Australiano para Produção de Madeira Serrada. Viçosa – UFV: p.42.

Pires, I. E. (1996) Eficiência da seleção combinada no melhoramento genético de *Eucalyptus* spp. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) –Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. p.116.

Póvoa, J.S.R.(2002), Distribuição da variação genética de *Cedrela fissilis* Vell., em fragmentos florestais, no Sul de Minas Gerais por meio de isoenzimas. p.95. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

Qian, W., GE, S., HONG, D. Y. (2001), Genetic variation within and among populations of a wild rice *Oryza granulata* from China detected by RAPD and ISSR markers. *Theor. Appl. Genet.*.v.102, p. 440-49.

Rafalski, J. A., Tingey, S. V. (1993) Genetic diagnostics in plant-breeding- RAPDs. Microsatellites and machines. *Trends genet.* v. 9, p. 275-80.

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

Resende, M. D. V. (2002a) SELEGEN-REML/BLUP -Seleção genética computadorizada: manual do usuário. Colombo: Embrapa – CNPF, p. 67.

Resende, M. D. V. et al. (1998), Efeito do tamanho amostral na estimativa da herdabilidade em espécies perenes. *Floresta.* v.28, p. 51-63.

Resende, M. D. V.; HIGA, A. R. (1990), Estratégias de melhoramento para eucaliptos visando a seleção de híbridos. *Boletim de Pesquisa Florestal.* v. 21, p. 49-60.

Resende, M. D. V. et al. (1990), Acurácia seletiva, intervalos de confiança e variâncias de ganhos genéticos associados a 22 métodos de seleção em *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. *Boletim de Pesquisa Florestal.* v.21, p. 1-18.

Resende, M. D. V. (2002b), Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. *Embrapa Informação e Tecnológica*, Brasília, p. 975.

Resende, M. D.V., Bertolucci, F. L. G. (1995), Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: IUFRO Conference "Eucalypt Plantations: Improving Fibre Yield and Quality",

Hobart, 1995. Proceedings... Hobart: CRC for Temperate Hardwood Forestry: p.167-170.

Resende, R. M. S., Simões, R. M., Fernandes, J. S. C. (2000), Blup individual com medidas repetidas aplicado ao melhoramento de espécies perenes. *Ciênc. agrotec., Lavras*. v. 24, p.986-997.

Resende, M. D. V. de., Sturion, J. A., Carvalho, A. P. de., Simeão, R. M., Fernandes, J. S. C.(2000), Programa de melhoramento da erva-mate coordenado pela Embrapa: resultados da avaliação genética de populações, progênies, indivíduos e clones. *Colombo: Embrapa Florestas*, (Embrapa Florestas. Circular Técnica, 43). p. 66.

Resende, M. D. V. de., Moraes, M. L. T., Paiva, J. R.(1996a), Comparação de métodos de avaliação genética e seleção no melhoramento da seringueira. *Floresta*. Curitiba, v. 26, p.25-47.

Resende, R. M. S. (2001), Avaliação genética de populações e progênies de erva-mate (*Ilex paraguariensis* Saint Hilaire) em três locais no estado do Paraná. Tese (Doutorado em Genética) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba, p. 156.

Rocha, M. G. B., Pires, I. E., Rocha, R. B., Xavier, A., Cruz, C. D., ED (2007) Seleção de genitores de *Eucalyptus grandis* e de *Eucalyptus urophylla* para produção de híbridos interespecíficos utilizando REML/BLUP e informação de divergênciagenética. *Rev.Árvore*.v.31, Viçosa.

Rohlf, F. J. (2001) NTSYS-pc: Numerical taxonomy and multivariate analysis system. New York: Exeter software.

Sambrook, J., Fritsch, E. F., Maniatis, T., (1989), Molecular cloning: laboratory manual. Cold Spring Harbor, NY, p. 123.

Sampaio P. T. B., Resende M. D. V., Araújo, A. J. (2002), Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus oocarpa* Schiede. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. v.37, p. 625-636.

Santos, G. A., Xavier, A., Cruz, C. D., (2006), Desempenho silvicultural de progênies de *Eucalyptus grandis* em relação às árvores matrizes. *Scientia Forestalis*, p.67-76.

Sakyama, N. S.(1993), Marcadores moleculares e as hortaliças. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v.20, p.1203-1211.

Silva, A. T. (1999), Estudo da divergência genética em acessos de arroz através de marcadores morfológicos e moleculares (RAPD). Lavras: UFLA, p. 185 .

Sing, A. K., Singh, S. B., Singh, S. M. (1996.) Genetic divergence in scented and fine genotypes of rice (*Oryza sativa* L.). *Annals of Agriculturae Research*. v.17, p.163-66.

Schifino-Wittmann, M. T., Dall’Agnol, M.(2001), Gametas não reduzidos no melhoramento de plantas. *Ciência Rural*, Santa Maria, RS, v. 31, n. 1, p. 169-175.

Souza, Jonicélia Cristina Araújo Vieira De.(2007), Propagação vegetativa de cedro australiano (*Toona ciliata* M. Roem) por miniestaquia. Tese de mestrado.

Thomas, M. R., Matsumoto, S., Cain, P. SCOTT, N.S. (1993), Repetitive DNA of grapevine: class present and sequences suitable for cultivar identification. *Theor. Appl. Genet.* v.86, p. 173- 80.

Verma, S.K., Khanna, V., Singh, N. (1999), Random amplified polymorphic DNA analysis of Indian scented basmate rice (*Oryza sativa* L.) germoplasma for identification variability and duplicate accessions, if any. *Electrophoresis*. v.20, p.1786-9.

Virk, S.P., Brian, V.F.L., Michael, T.J., Newbury, J.H. (1994), Use of RAPD for the study of diversity with plant germoplasm collections. *Heredity*.v. 74, p. 170-179.

Wei, X., Borralho, N.M.G., Dieters, M.J., Matheson, A.C., Nikles, D.G., Harwood, C.E., Walker, S.M., (1996), A simple model to describe age trends in heritability in short rotation tree species. In: QFRI-IUFRO CONFERENCE, 1996, Caloundra, Queensland. Proceedings. Gympie: Queensland Forestry Research Institute, p.178-181.

Welsh, J., McClelland, M.(1990), Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. *Nucleic Acids Research*, Oxford, v.18, p.6531-6535.

White, T. L.; Hodge, G. (1989), Prediction breeding values with application in forest tree improvement. London: kluwer, p. 367.

Willians, J. G. K., Kublecllic, A . R., Livak, K. J., Rafalki, J. A, Tingey, S.V. (1990) DNA poloymorphisms amplified gy arbitrary primers are useful a genetic marker. *Nucleics Acids Research*. v.18, p. 6531-6355.

Willians, J. G. K., Hanafe, M. K., Rafalski, J. A., Tingey, S. V. (1993) Genetic analysis using random amplified polimorphic DNA markers. *Metho. Enz*: 218, 704 - 40.

Xavier, R. G. (2000), Estudo da ocupação nodular de Rizóbio em genótipos de Caupi (*Vigna unguiculata* L. walp) agrupados pela técnica de RAPD. Seropédica: Departamento de Solos. Dissertação de Mestrado, UFRRJ, p. 123.

Yang, X. and Queiroz, C. (1993), Identification and classification of celery cultivars with RAPD markers. *Theor. Appl. Genet.* v. 86, p. 205-212.

Zeng, Y., L. I, Z., Yang, Z., Wang, X., Shen, S., Zhang, H. (2001), Ecological and genetic diversity of rice germoplasm in Yunnan, China. *Plant Gen. Res. Newsletter*. v.125, p. 24-28.