

UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

FABRÍCIO ANTONIO BIERNASKI

**EFICIÊNCIA DA AMOSTRAGEM DE MATRIZES DE *Cedrela fissilis* VELL. PARA
MELHORAMENTO E CONSERVAÇÃO GENÉTICA BASEADO EM CARACTERES
JUVENIS**

CURITIBA
2010

FABRÍCIO ANTONIO BIERNASKI

EFICIÊNCIA DA AMOSTRAGEM DE MATRIZES DE *Cedrela fissilis* VELL. PARA MELHORAMENTO E CONSERVAÇÃO GENÉTICA BASEADO EM CARACTERES JUVENIS

Dissertação apresentada ao Curso de Pós-Graduação em Engenharia Florestal, Área de concentração em Silvicultura, Departamento de Ciências Florestais, Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Ciências Florestais.

Orientador: Prof. Dr. Antonio Rioyei Higa
Co-Orientadora: Dr^a. Luciana Duque Silva

CURITIBA
2010

Aos meus pais Inês e Tomaz
Minha família e amigos

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente à Deus, pelo dom da vida e pela saúde, permitindo a realização de mais essa importante etapa;

À Universidade Federal do Paraná e ao Programa de Pós-Graduação em Engenharia Florestal, por fornecer a estrutura para a realização do Mestrado;

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) por fornecer a bolsa de mestrado;

Ao meu orientador Prof. Dr. Antonio R. Higa, pela amizade e por seus ensinamentos;

À minha co-orientadora Dr^a. Luciana Duque Silva, pela amizade e pelas sugestões e auxílio na dissertação;

À empresa Battistella Florestal S/A por fornecer os materiais e recursos humanos necessários ao desenvolvimento da pesquisa;

À equipe técnica da Battistella Florestal: engenheiros florestais Vanderlei Franciscato e Fernanda Silveira e biólogo Adilson pela amizade e apoio na pesquisa;

À equipe de pesquisa de campo da Battistella Florestal: Adriano, Mauro, Grandão, Fábio e Gordinho, pela ajuda na instalação do experimento e coleta de dados;

À Prof. Dra. Christel Lingnau, pelo auxílio no processamento das imagens para cálculo das áreas foliares;

Aos pesquisadores Dr. Alexandre Sebbenn e Dr. Marcos Deon V. Resende, pelo esclarecimento de dúvidas nas estimativas de parâmetros genéticos;

À Floresteca S/A, representada pelo gerente de pesquisa Wirifran Andrade, por disponibilizar o período necessário para término e defesa da dissertação;

À minha mãe Inês, por seus conselhos sempre sábios e pelo exemplo de vida e ao meu pai Tomaz, pelo auxílio, amizade e força;

Ao meu querido afilhado Pedrinho, e sobrinha Kamilinha, que a partir de seus sorrisos me revitalizam;

Ao meu irmão Fábio e cunhada Elizete, pela amizade e apoio;

Ao meu avô João e tia Madalena, avó Lúcia e avô Silvestre, pelo exemplo de vida e pelo carinho;

À minha madrinha Lídia, pelo carinho, amizade e apoio;

Aos meus amigos de Campo Magro: Cláudio, Sílvia, Eliane, Claudinei, Wellington, Vanessa, Claudiane, Alexandre, Anderson, Rodrigo, Marcelo e Marquito, pelas boas festas;

Aos meus amigos Marcelo e Adriana, pela amizade, apoio e por sempre aceitar uma skol, e ao meu amigo moçambicano Claudio, pelo mesmo motivo;

À minha amiga Thaís, por sempre me contagiar com seu bom humor no Lamef;

Aos colegas de Lamef: Dona Carmen, Maria da Penha, Rafael, Adriane, Paula, Milena e Juliana, pela amizade e apoio;

Aos meus colegas Camila Ricari, Bárbara, Vanessa, Figura, Terumi e Lisâneas, pela amizade;

A todos que direta ou indiretamente auxiliaram para a realização deste trabalho, obrigado.

Eu lhes deixo a paz, eu lhes dou a minha paz

João 14, 27

RESUMO

A conservação da variabilidade genética local de espécies arbóreas nativas é importante para a manutenção do equilíbrio ecológico de uma região, assim como para possibilitar utilizações futuras, pelo melhoramento genético de caracteres de interesse. O cedro (*Cedrela fissilis* Vell.) é uma árvore que apresenta madeira de alta qualidade e de elevado valor, entretanto, a falta de material genético selecionado e de técnicas silviculturais adequadas são entraves à sua utilização em plantios comerciais. Atualmente a grande demanda de mudas é para restauração ambiental, sendo importante a utilização de material com alta variabilidade genética e representativo da região a ser restaurada. Este trabalho teve como objetivo avaliar a eficiência da amostragem de matrizes de *Cedrela fissilis* para uso futuro em programas de melhoramento e conservação genética da espécie. Para tanto, instalou-se um teste de progênies em viveiro a partir de sementes de 48 matrizes amostradas nos municípios de Rio Negrinho, Mafra e São Bento do Sul no Estado de Santa Catarina e em Lapa, Rio Negro, Campo do Tenente e Antonio Olinto no Estado do Paraná (33 matrizes distribuídas em três grupos espaciais e 15 dispersas na região). O delineamento utilizado no teste foi o de blocos ao acaso com oito repetições e 20 plantas por parcela. Coletou-se dados de: massa de 100 sementes por progênie; índice de velocidade de emergência (IVE); diâmetro do colo e altura das mudas (aos 61, 102 e 145 dias após a semeadura); sobrevivência; número de folhas por muda; massa seca da parte aérea e da raiz; e área foliar da terceira folha totalmente expandida a contar do ápice. A metodologia de máxima verossimilhança restrita foi utilizada, com auxílio do software SELEGEN, para analisar a existência de diferenças genéticas entre os três grupos de matrizes, assim como para realizar a estimativa de parâmetros genéticos e simulações de seleção genética. Verificou-se que os três grupos de matrizes delimitados espacialmente não apresentam diferenças genéticas significativas, sendo possível utilizar suas sementes para restauração florestal na região de abrangência do estudo, sem prejuízo ao “pool” gênico local da espécie, pois a área pertence a uma mesma zona de coleta e uso de sementes. Os caracteres juvenis de *Cedrela fissilis* avaliados em fase de viveiro apresentam elevado controle genético, podendo ser utilizados para avaliação da variabilidade genética de amostras de populações da espécie. A massa de sementes e o IVE influenciam no desenvolvimento inicial das mudas, porém com o passar do tempo essa influência desaparece. Por fim, conclui-se que a amostragem foi adequada para a captação de uma ampla variabilidade genética da área de abrangência de estudo, sendo possível utilizar o material genético amostrado em programas de conservação e melhoramento genético da espécie.

Palavras-chave: teste de progênies, zonas de coleta e uso de sementes, banco ativo de germoplasma.

ABSTRACT

Conservation of local genetic variability of native forest tree species is important for maintaining the ecological balance of a region, as well as for allowing its future use in tree genetic improvement programs. Red-cedar (*Cedrela fissilis* Vell.) is a forest tree species of high value-added wood. However, the lack of genetically selected material and adequate silvicultural techniques for the species is a deterrent to its use in commercial forest plantations. Currently, there exists a strong demand of red-cedar saplings for environmental restoration, requiring materials that are both of high genetic variability and representatives of the region to be restored. This work aimed to assess the efficiency of sampling *Cedrela fissilis* trees for genetic improvement and conservation programs. A progeny test was established in a nursery with seeds from 48 sampled trees collected in the municipalities of Rio Negrinho, Mafra and São Bento do Sul, state of Santa Catarina, and in the municipalities of Lapa, Rio Negro, Campo do Tenente and Antonio Olinto, state of Paraná (33 sampled trees distributed among three sites and 15 trees dispersed in the studied region). The experiment was established in a randomized complete-block design, with 8 blocks and 20 plants per plot. The weight of 100 seeds per sampled tree was obtained. The following data were obtained for the saplings: emergency velocity index; sapling base diameter and height (at the intervals of 61, 102 and 145 days after germination); sapling survival; number of leaves per sapling; dried weight of aboveground parts and roots; and the foliar area of the third fully expanded leaf counting from the apical meristem. The Maximum Restricted Likelihood Method (REML) was employed, using the software SELEGEN, to analyze genetic variation among groups of sampled trees, as well as to estimate genetic parameters and to perform gain simulations based on genetic selection. It was verified that the three groups of trees from different sites did not differ significantly, which makes it possible to use their seeds for the purpose of forest restoration in the studied region, without threatening the local gene pool of the species, because the area belongs to the same tree seed transfer zone. The characters evaluated in the nursery have a high genetic control and can be used to assess genetic variability of *Cedrela fissilis*'s populations samples. It was shown that both seed weight and emergency velocity index strongly influenced the initial development of saplings. Over time, however, this influence ceased. Finally, it is possible to conclude that the used sampling design was adequate to capture a wide genetic variability of the area of study, indicating that it is possible to use the genetic material sampled in programs of genetic conservation and improvement of the species.

Key-words: progeny test, tree seed transfer zones, active germoplasm bank.

LISTA DE FIGURAS

FIGURA 1 - Distribuição natural (coleta de material botânico) de <i>Cedrela fissilis</i>	15
FIGURA 2 - Aspecto das folhas, flores, frutos e sementes de <i>Cedrela fissilis</i> e <i>Cedrela odorata</i>	16
FIGURA 3 – Porcentagem média de variabilidade genética restante após 9 gerações em populações hipotéticas com variados tamanhos efetivos (N_e).....	29
FIGURA 4 – Localização geográfica da região de estudo, em que se realizou a amostragem de matrizes de <i>Cedrela fissilis</i>	34
FIGURA 5 - Distribuição espacial das matrizes de <i>Cedrela fissilis</i> amostradas, demonstrando os três grupos de matrizes delimitados espacialmente (destacados com círculos)	37
FIGURA 6 – Etapas de coleta e beneficiamento de sementes, instalação, condução e coleta de dados do teste de progênies de <i>Cedrela fissilis</i> em viveiro, na Battistella Florestal, Rio Negrinho-SC.....	39

LISTA DE GRÁFICOS

GRÁFICO 1 - Correlações fenotípicas entre massa de 100 sementes e altura e diâmetro do colo em três avaliações, para mudas de 48 progênies de <i>Cedrela fissilis</i>	65
GRÁFICO 2 - Correlações genéticas entre índice de velocidade de emergência (IVE) e altura e diâmetro do colo em três avaliações, para mudas de 48 progênies de <i>Cedrela fissilis</i>	66
GRÁFICO 3 – Correlações genéticas entre diâmetro do colo e altura em 48 progênies de <i>Cedrela fissilis</i> , em três avaliações	67
GRÁFICO 4 - Correlação genética entre altura da muda em três avaliações e correlação entre diâmetro de colo em três avaliações, para 48 progênies de <i>Cedrela fissilis</i>	68
GRÁFICO 5 - Valores de tamanho efetivo populacional (N_e) estimados para diferentes números de indivíduos por família, para 48 famílias amostradas	69

LISTA DE TABELAS

TABELA 1 - Altitude média das matrizes de <i>Cedrela fissilis</i> localizadas nos três grupos delimitados espacialmente	38
TABELA 2 - Dados meteorológicos do local de instalação do teste durante os meses de realização do experimento	40
TABELA 3 – Classificação dos coeficientes de correlação	53
TABELA 4 - Média fenotípica das variáveis primárias para os três grupos de <i>Cedrela fissilis</i> delimitados espacialmente e significância dos grupos por Análise de Deviance	56
TABELA 5 - Média fenotípica das variáveis secundárias para os três grupos de <i>Cedrela fissilis</i> delimitados espacialmente e significância dos grupos por Análise de Deviance	57
TABELA 6 - Estimativa de parâmetros genéticos para as variáveis primárias de 48 progênies de <i>Cedrela fissilis</i>	61
TABELA 7 - Estimativa de parâmetros genéticos para as variáveis secundárias de 48 progênies de <i>Cedrela fissilis</i>	62
TABELA 8 - Correlações genéticas (fenotípicas para o caractere massa de 100 sementes) entre os caracteres primários de teste de progênies de <i>Cedrela fissilis</i>	64
TABELA 9 – Simulação de seleção genética entre famílias para altura (esquerda – dados em cm) e diâmetro do colo (direita - dados em mm) aos 145 dias após a semeadura	71
TABELA 10 – Simulação de seleção genética individual de 50 genótipos superiores para altura (cm) aos 145 dias, com restrição de 5 indivíduos por família	73
TABELA 11 – Simulação de seleção genética individual de 50 genótipos superiores para diâmetro do colo (mm) aos 145 dias, com restrição de 5 indivíduos por família	75
TABELA 12 - Resumo das Análises de Deviance para os caracteres avaliados na avaliação dos grupos de matrizes.....	85
TABELA 13 – Resumo das Análises de Deviance para os caracteres avaliados na estimativa de parâmetros genéticos.....	85
TABELA 14 – Valores estimados de índice de velocidade de emergência (IVE) e massa de 100 sementes para 48 progênies de <i>Cedrela fissilis</i>	86

LISTA DE QUADROS

QUADRO 1 - Espécies produzidas por viveiros florestais, percentual de viveiros que as produzem e indicação de sua ocorrência natural nos biomas e regiões ecológicas do Estado de São Paulo.....	17
QUADRO 2 - Sumário dos fatores ecológicos que podem afetar a estrutura genética entre populações de espécies vegetais e seus efeitos preditos	22
QUADRO 3 - Caracterização das matrizes de <i>Cedrela fissilis</i> amostradas; localização geográfica; grupo espacial pertencente e data de coleta dos frutos	36
QUADRO 4 - Descrição dos dados primários coletados no teste de progênies de <i>Cedrela fissilis</i>	44
QUADRO 5 - Descrição dos dados secundários obtidos a partir dos dados primários do teste de progênies de <i>Cedrela fissilis</i>	46

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	12
1.1	OBJETIVO GERAL	13
1.2	OBJETIVOS ESPECÍFICOS	13
2	REVISÃO DE LITERATURA	14
2.1	<i>Cedrela fissilis</i>	14
2.1.1	Descrição da espécie	14
2.1.2	Importância de <i>Cedrela fissilis</i>	17
2.1.3	Aspectos ecológicos e silviculturais de <i>Cedrela fissilis</i>	18
2.1.4	Germinação de sementes e produção de mudas de <i>Cedrela fissilis</i>	19
2.2	DIFERENÇAS GENÉTICAS ENTRE POPULAÇÕES E ZONAS DE COLETA E USO DE SEMENTES	21
2.3	ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERES QUANTITATIVOS	23
2.4	CONSERVAÇÃO GENÉTICA	25
2.4.1	Conservação <i>ex situ</i>	25
2.4.1.1	Material genético para conservação <i>ex situ</i>	26
2.4.2	Pomares de sementes para restauração florestal	29
2.5	MELHORAMENTO GENÉTICO	30
2.5.1	Melhoramento genético florestal	30
2.5.2	Variabilidade genética e melhoramento genético de <i>Cedrela spp.</i>	31
3	MATERIAL E MÉTODOS	34
3.1	AMOSTRAGEM DE MATRIZES, COLETA E BENEFICIAMENTO DE SEMENTES	34
3.2	INSTALAÇÃO DE TESTE DE PROGÊNIES EM VIVEIRO	40
3.3	COLETA DE DADOS	41
3.3.1	Coleta de dados primários	42
3.3.2	Cálculo de dados secundários	44
3.4	ANÁLISE DE DADOS	46
3.4.1	Avaliação da diferença genética entre os três grupos de matrizes de <i>Cedrela fissilis</i> delimitados espacialmente	46
3.4.2	Estimativa de parâmetros genéticos	49
3.4.2.1	Estimativa de componentes de variância	49
3.4.2.2	Estimativa de correlações genéticas e fenotípicas	52
3.4.2.3	Estimativa do tamanho efetivo populacional (N_e)	53
3.4.2.4	Análise de Deviance	54
3.4.3	Simulação de seleção genética	54
3.4.3.1	Seleção entre famílias	54
3.4.3.2	Seleção entre e dentro de famílias	55
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	56

4.1	AVALIAÇÃO DA DIFERENÇA GENÉTICA ENTRE OS TRÊS GRUPOS DE MATRIZES DELIMITADOS ESPACIALMENTE	56
4.2	ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS	60
4.2.1	Componentes de variância	60
4.2.2	Correlações genéticas e fenotípicas.....	63
4.2.3	Tamanho efetivo populacional (N_e).....	69
4.3	SIMULAÇÃO DE SELEÇÃO GENÉTICA	70
4.3.1	Seleção entre famílias	70
4.3.2	Seleção entre e dentro de famílias	72
5	CONCLUSÕES	77
6	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	78
7	APÊNDICE	85

1 INTRODUÇÃO

O setor florestal brasileiro possui destaque internacional, principalmente pelos altos incrementos das plantações florestais. Entretanto, o mesmo está baseado em sua grande maioria em plantios de espécies exóticas, em especial dos gêneros *Pinus* e *Eucalyptus*. É de amplo conhecimento que o país possui altíssima diversidade de espécies arbóreas nativas, sendo notável o potencial de utilização de algumas dessas espécies para plantios com fins comerciais. Entretanto, a falta de material genético selecionado e de práticas silviculturais adequadas são os principais limitantes à utilização de espécies nativas em plantios para fins econômicos. O cedro (*Cedrela fissilis* Vell.) é uma das espécies com potencial, por ser uma madeira nobre de elevado valor comercial utilizada para fabricação de móveis finos.

Atualmente, a demanda por mudas de cedro é destinada para restauração florestal, sendo elemento integrante em parte expressiva de programas de recomposição, recomendado para reflorestamentos mistos de Áreas de Preservação Permanente e Reserva Legal (FLORESTAR ESTATÍSTICO, 2003; MARTINS, 2005; INSTITUTO AMBIENTAL DO PARANÁ, 2009). Entretanto, para a manutenção sustentável do ambiente restaurado é de extrema importância que seja utilizado material genético com ampla variabilidade, a fim de assegurar a perpetuação da espécie.

Como forma de suprir a demanda de sementes com qualidade genética adequada, com produção em quantidade e a baixo custo, pesquisadores defendem a implementação de pomares de sementes de espécies nativas para fins de restauração ambiental (HIGA e DUQUE SILVA, 2006). Os referidos pomares, além de servirem como fornecedores de sementes para restauração de áreas podem atender o preceito de conservação genética *ex situ*, assim como possibilitam o fornecimento de informações e material genético para viabilização de programas de melhoramento genético.

Contudo, ao se tratar de material genético para restauração florestal é necessária a utilização de sementes com ampla variabilidade genética, mantendo-se o “pool” gênico da espécie na região, a partir da utilização de sementes provenientes

de uma mesma zona de coleta e uso. Este fato é importante, pois a variação genética das espécies está associada a sua distribuição geográfica. A definição dos limites das zonas de coleta e uso de sementes devem ser realizadas a partir de dados experimentais que identifiquem a variação genética, ou pela análise de fatores ambientais que provavelmente tenham mais influências nas forças seletivas criadoras de tal variação genética (CUNNINGHAM, 1975).

Neste contexto, o material genético amostrado para a realização do presente estudo faz parte de um projeto de instalação de um banco ativo de germoplasma com finalidade de conservação *ex situ*, formação de pomar de sementes para restauração ambiental e seleção de material para uso em programas de melhoramento genético.

1.1 OBJETIVO GERAL

Avaliar a eficiência da amostragem de matrizes de *Cedrela fissilis* para uso futuro em programas de melhoramento e conservação genética.

1.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Avaliar a existência de diferenças genéticas entre três grupos de matrizes de *Cedrela fissilis* delimitados espacialmente, a partir de caracteres juvenis das progênies.
- Estimar parâmetros genéticos para caracteres juvenis de progênies de *Cedrela fissilis*.
- Simular a seleção genética de progênies de *Cedrela fissilis* a partir de caracteres juvenis.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 *Cedrela fissilis*

2.1.1 Descrição da espécie

O gênero *Cedrela* pertence a família Meliaceae, subfamília Swietenioideae e possui área de ocorrência natural na América Tropical (STYLES, 1981). Styles (1981) descreve as seguintes espécies do gênero: *Cedrela fissilis* Vellozo 1825, *Cedrela lilloi* C. de Candolle 1914, *Cedrela montana* Moritz 1858, *Cedrela oaxacensis* C. de Candolle & Rose 1899, *Cedrela odorata* Linnaeus 1759, *Cedrela salvadorensis* Standley 1929, e *Cedrela tonduzii* C. de Candolle 1905. O autor ainda faz comentários sobre espécies com classificação imperfeitamente conhecidas, sendo elas: *Cedrela angustifolia* Moçino & Sessé, 1824; *Cedrela discolor* S. F. Blake, 1920; *Cedrela imparipinnata* C. de Candolle, 1984; e *Cedrela weberbaueri* Harms, 1930.

A área de distribuição natural de *Cedrela fissilis* se estende desde o sul do Brasil (32° S) até a Costa Rica na América Central (12° N) (CARVALHO, 2003), conforme se pode observar na FIGURA 1. Apresenta vasta e expressiva dispersão por praticamente todas as florestas dos Estados do Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul (KLEIN, 1984).

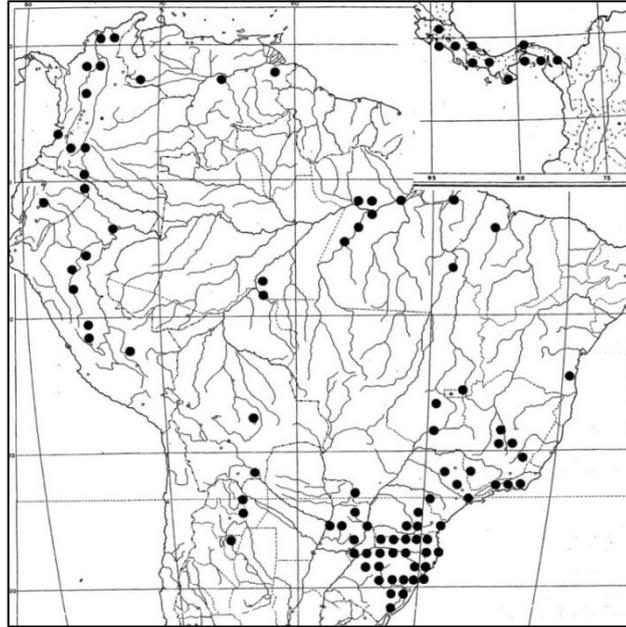


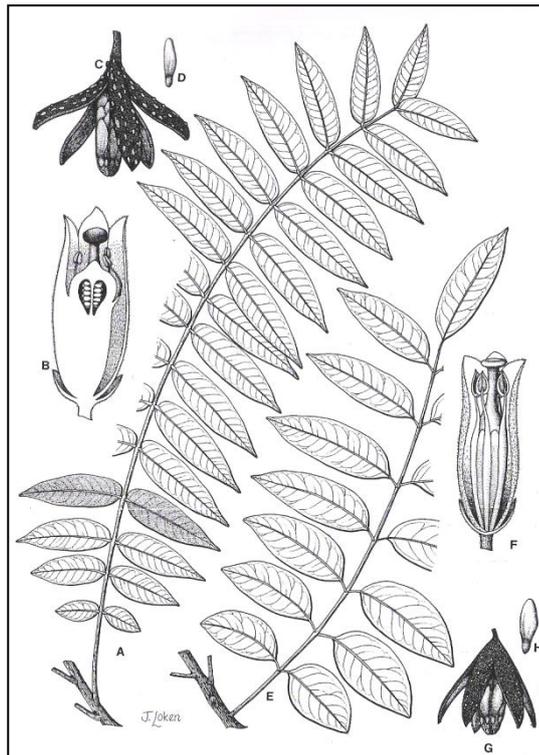
FIGURA 1 - Distribuição natural (coleta de material botânico) de *Cedrela fissilis*

FONTE: STYLES (1981, p. 364)

A descrição da espécie, segundo Klein (1984, p. 104), é a que segue:

“Árvore decidual de 25 a 30 metros de altura e diâmetro se 60-150 cm na altura do peito. Raminhos lisos, glabros ou com uma pubescência parda, com lenticelas pequenas, arredondadas até ovais, palidamente pardas e salientes. Folhas paripinadas, muitas vezes muito grandes, (20-)25-65(-120) cm de comprimento; pecíolo densamente tomentoso ou muito curtamente pubescente. Foliolos numerosos, geralmente sésseis, subsésseis ou mais raramente com pecíolos de até 6 mm de comprimento (8-)12-18(-24) pares, opostos ou subopostos, largamente lanceolados, oblongo-lanceolados até ovalado-lanceolados, base subaguda ou largamente arredondada, simétrica ou muito ligeiramente oblíqua, ápice curtamente acuminado ou agudo, face inferior geralmente densamente velutinoso-pilosa, às vezes somente com pêlos pilosos dispersos na nervura central e nervuras secundárias e com tufo de pêlos nas suas axilas, lâmina de outra forma mais ou menos glabra, muitas vezes quando seca pardo-escuro, face superior brilhante, glabra, (8)9-15(-21) cm de comprimento por (2,5-)3-5(-5,5) cm de largura. Inflorescência lateral ou subterminal, muito grande, 60-80(-95) cm de comprimento, tão comprida ou mais curta do que as folhas, tirsos terminais densos, muitas vezes congestos, brácteas caducas, flores unissexuais, com pecíolos curtos densamente tomentosos de 1-2 mm de comprimento. Cálice cupulado, superficial e regular ou irregularmente denteado, os dentes obtusos ou apiculados, às vezes com uma ou mais fendas longitudinais, densamente pubescente, 1,5-2,5(-3) mm de comprimento. Pétalos 5, livres, imbricados. Oblongos até elíptico-oblongos, carnosos, (7-)8-10(-12) mm de comprimento por 2-3 mm de largura, densamente tomentosos em ambas as faces, adnatos por uma Carina ao longo da $\frac{1}{2}$ inferior do comprimento do ginóforo. Estames 5, livres; filamentos 1,5-2,5 mm de comprimento, glabros, adnatos na base do delgado ginóforo; anteras nas flores masculinas grandes, amarelas, apiculadas, nas flores femininas delgadas, pardas ou enrugadas. Ovário nas flores femininas globoso ou ovóide, às vezes obscuramente 5-lobado, 5-locular, cada lóculo com 8-12(-14) óvulos; estilete curto, 1-1,5 mm de

comprimento; estigma discóide, glandular com 5 lobos estigmáticos. Pistilóides nas flores masculinas, delgado, angular, com desenvolvidos lóculos, mas óvulos muito pequenos; estilete colunar 2-3 mm de comprimento, glabro; ápice do estigma mais fino, faltando lobos estigmáticos pronunciados. Cápsula oblonga até obvoídea, muito raramente piriforme, pêndula, 5-valvar, valvas lenhosas, 4-6(-7) mm de grossura, pardo-escura ou pardo-negra, superfície áspera com lenticelas salientes arredondadas ou alongadas, pálido-pardas (4-)4,5-8,5(-11) cm de comprimento. Columela com 5 asas largas, salientes, estendendo-se até o ápice da cápsula; sementes escuras, castanho-pardas, 2,5-4,5 cm de comprimento incluindo as asas.” (FIGURA 2).



LEGENDA: A-D, *Cedrela fissilis*; A- folha, B- flor feminina; C-fruto; D- semente. E-H, *Cedrela odorata*; E- folha; F- flor masculina; G- fruto; H- semente.

FIGURA 2 - Aspecto das folhas, flores, frutos e sementes de *Cedrela fissilis* e *Cedrela odorata*

FONTE: Styles (1981 p. 362)

A espécie também apresenta comportamento caducifólio, possuindo tronco cilíndrico, longo, reto ou pouco tortuoso; com ramificação dicotômica ascendente formando copa alta muito típica; folhagem densa, verde escura na parte superior e mais clara na parte inferior (REITZ; KLEIN; REIS, 1978).

2.1.2 Importância de *Cedrela fissilis*

A madeira de *Cedrela fissilis* se assemelha com a do mogno (*Swietenia macrophylla*), apresentando uso extremamente diversificado devido as suas características. É empregada, por exemplo, na construção de instrumentos musicais, obras de entalhe, fabricação de móveis finos, acabamento interno decorativo de embarcações e na construção civil em geral (CARVALHO, 2003). A espécie apresentou importante papel na economia brasileira, estando entre as madeiras mais exportadas na década de 1970 (BRUCE, 1976).

Atualmente, *Cedrela fissilis* é amplamente recomendada para projetos de recomposição ambiental em sua área de ocorrência natural (KALIL FILHO *et al.*, 2002; MARTINS, 2005; INSTITUTO AMBIENTAL DO PARANÁ, 2009). A exemplo de sua grande utilização, Barbosa *et al.* (2003) afirmam que o cedro é a oitava espécie mais plantada em programas de restauração florestal em São Paulo, participando de 53% dos projetos de restauração naquele Estado. Segundo o Florestar Estatístico (2003), 93% dos viveiros do Estado de São Paulo produzem mudas de *Cedrela fissilis*, conforme pode ser verificado no QUADRO 1, sendo recomendado para plantios em todas regiões de Floresta Ombrófila Densa, Floresta Ombrófila Mista e Floresta Estacional Semidecidual.

QUADRO 1 - Espécies produzidas por viveiros florestais, percentual de viveiros que as produzem e indicação de sua ocorrência natural nos biomas e regiões ecológicas do Estado de São Paulo

ESPÉCIE	% de viveiros que produzem mudas em SP	BIOMAS/REGIÕES ECOLÓGICAS RECOMENDADAS PARA PLANTIO EM SÃO PAULO													
		FOD			FOM	FES				CER		RES		MBR	
		LS	LN	SE	SE	SE	CE	SO	NO	CER	SO	LS	LN	CE	SO
<i>Cedrela fissilis</i>	93%	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X			X	
<i>Cabralea canjarana</i>	27%	X	X	X	X	X	X	X			X	X	X	X	X
<i>Cedrela odorata</i>	20%	X		X										X	X

LEGENDA: **FOD** - Floresta Ombrófila Densa, **FOM** - Floresta Ombrófila Mista; **FES** - Floresta Estacional Semidecidual; **CER** - Cerrado; **RES** - Vegetação de Restinga; **MBR** - Mata de Brejo. Regiões Ecológicas: **LS** - Litoral Sul; **LN** - Litoral Norte; **SE** - Sudeste; **CE** - Centro; **SO** - Sudoeste; **NO** - Noroeste.

FONTE: Adaptado de Florestar Estatístico (2003 p. 86).

2.1.3 Aspectos ecológicos e silviculturais de *Cedrela fissilis*

O cedro é uma espécie parcialmente esciófila no estágio juvenil e heliófila no estágio adulto. Apresenta tolerância bastante variável a baixas temperaturas, de medianamente tolerante a tolerante, sendo que em florestas naturais árvores adultas toleram temperaturas de até -10,4°C (CARVALHO, 2003).

Diversos trabalhos demonstram a plasticidade do cedro em relação ao desenvolvimento em diferentes condições de luminosidade. Inoue (1978) afirma em seu trabalho que plantios sob cobertura fornecem um ambiente que propicia um crescimento maior em altura nas fases iniciais de desenvolvimento da espécie. Guariz *et al.*, (200_) verificaram que *Cedrela fissilis* apresenta plasticidade a gradientes de luz, sendo indicada para plantios sob intensidades luminosas reduzidas e também a céu aberto. Os autores ainda obtiveram maior crescimento em altura e menor crescimento em diâmetro ao aumentar-se o sombreamento, em viveiro. Entretanto, Santos *et al.* (2006), trabalhando com mudas de *Cedrela fissilis* em recipientes sob dossel de floresta e em área aberta, obtiveram crescimento em altura e diâmetro de colo mais rápido ao sol. Duz *et al.* (2004) também comentam sobre a plasticidade de *Cedrela fissilis*, através do aumento da capacidade fotossintética e diminuição da transpiração, quando em maior irradiância.

Diversas Meliáceas, entre elas todas as espécies de *Cedrela*, são atacadas por larvas perfuradoras das brotações apicais (*Hypsipyla* spp.), que limitam seu uso para plantios em sua área natural de dispersão (KLEIN, 1984). Uma extensa revisão sobre meios de controle de *Hypsipyla* spp. na silvicultura do mogno (*Swietenia macrophylla*) foi realizada por Mayhew e Newton (1998), sugerindo que é possível obter êxito na cultura de espécies atacadas pela praga: evitando que *Hypsipyla* spp. localize o hospedeiro; incrementando a tolerância das árvores ao ataque da broca; possibilitando a existência de inimigos naturais da *Hypsipyla* spp. nas áreas de cultivo e melhorando as possibilidades de recuperação de árvores atacadas.

A frequência de *Cedrela fissilis* em florestas nativas do sul do Brasil varia de uma a três árvores por hectare. Esta densidade reflete tanto o equilíbrio com a broca-do-cedro (*Hypsipyla grandella*) como a característica oportunística da espécie,

a qual demanda a formação de clareiras para desenvolver-se plenamente (CARVALHO, 2003).

O ataque da broca destrói a gema apical ocasionando um super brotamento, causando defeito no fuste. Quando livre do ataque, apresenta forma satisfatória e ramificação leve. A espécie apresenta desrama natural deficiente, necessitando de podas de condução periódicas e frequentes (CARVALHO, 2003).

Em relação a reprodução, *Cedrela fissilis* apresenta florescimento de setembro a dezembro em Santa Catarina (REITZ; KLEIN; REIS, 1978); e de setembro a janeiro, no Paraná (INOUE; RODERJAN; KUNIYOSHI, 1984), sendo que o processo reprodutivo inicia entre dez e quinze anos de idade em plantios (CARVALHO, 2003). Os frutos amadurecem depois da queda das folhas, ou seja, principalmente nos meses de julho a agosto, no Paraná e Santa Catarina. Uma árvore isolada pode apresentar cerca de 1500 frutos e cada fruto apresenta cerca de 30 sementes férteis (REITZ; KLEIN; REIS, 1978).

O sistema de cruzamento do cedro é predominantemente alógama, ou seja, tolera certa taxa de autofecundação (de 8% a 24%) (GANDARA, 1996; PÓVOA, 2002; KAGEYAMA *et al.*, 2003), possuindo flores com ambos os sexos, mas unissexuais por aborto de um dos sexos, se comportando como monóica (STYLES, 1972). A polinização é realizada por pequenos insetos, possivelmente mariposas (MORELLATO, 1991) e abelhas (STEINBACH; LONGO, 1992). Entretanto, segundo Reis (2009) ainda há dúvidas sobre o efetivo polinizador de *Cedrela fissilis* (informação pessoal)¹. O fluxo gênico direto via pólen pode ocorrer a longas distâncias, acima de 950 metros (GANDARA, 1996), e em relação às sementes, estas são aladas e dispersas pelo vento.

2.1.4 Germinação de sementes e produção de mudas de *Cedrela fissilis*

Cedrela fissilis apresenta germinação epígea, com início entre cinco a 75 dias após a sementeira, apresentando poder germinativo bastante variável, entre 35% a 95%, em média 60% (CARVALHO, 2003). Andrade e Pereira (1994), testando diferentes substratos e temperaturas na germinação e emergência de

¹ REIS, A. Minicurso de melhoramento florestal de espécies nativas, Universidade Federal do Paraná, 2009.

sementes de *Cedrela odorata*, obtiveram germinação média entre 60 a 69%, e índices de velocidade de emergência médios entre 3,62 a 4,47. Figliolia, Aguiar e Silva (2006) testaram a influência de diferentes temperaturas, quantidades de luz e umidade do substrato na germinação de sementes de *Cedrela fissilis*, não ocorrendo grandes mudanças com a variação dessas características, observando porcentagens de germinação entre 81% a 90% e índice de velocidade de germinação entre 1,27 a 1,48.

Cherobini, Muniz e Blume (2008) trabalharam com lotes de sementes de *Cedrela fissilis* dos municípios de Santa Cruz do Sul-RS; Rio do Sul-SC; e Iratí-PR. Os autores encontraram variações entre os lotes de sementes: índices de velocidade de germinação de 1,7, 1,2 e 0,5; porcentagens de emergência de 71%, 62% e 33% aos 30 dias; altura média de 19cm, 14 cm e 11 cm; diâmetro do colo de 2,1 cm, 1,7 cm e 1,5 cm; e peso seco total de 2,7 g, 1,4 g e 1,7 g para mudas das procedências RS, SC e PR respectivamente. Entretanto, não se mencionou a idade das mudas em que os dados foram coletados.

Em relação a produção de mudas, estas atingem porte adequado para plantio cerca de quatro meses após a semeadura (CARVALHO, 2003), sendo que diversos substratos, tipos e tamanhos de recipientes vêm sendo utilizados para produção de mudas de *Cedrela fissilis*. Leles *et al.* (2006) produziram mudas em tubetes de 115 cm³ com substrato confeccionado a partir de mistura de composto orgânico, moinha de carvão e vermiculita, na proporção volumétrica 7:2:1, com adubação aos 120 dias da semeadura com 0,4 g de N-P-K (20-05-20) por recipiente. Aos 180 dias da semeadura obtiveram os seguintes resultados médios: 23,27 cm de altura; 6,45 mm de diâmetro do colo; 2,09 g de peso seco aéreo; 1,56 g de peso seco de raiz; 3,65 g de peso total; 0,75 na relação peso seco de raiz/peso seco aéreo; e 369,47 cm² de área foliar total por planta. Ao serem transferidas para campo a céu aberto, com 100 g de N-P-K (06-30-6) por cova, as mudas apresentaram 83,33% de sobrevivência aos 30 dias; 20,17 mm de diâmetro e 56,36 cm de altura aos 180 dias de plantio. Ao se utilizar tubetes de 55 cm³ com substrato comercial a base de composto orgânico de casca de pinus (Plantmax®), Oliveira *et al.* (2008) obtiveram os seguintes resultados aos 90 dias: 12,30 cm de altura; 1,68 mm de diâmetro de colo; 1,25 g de massa seca de raiz; 2,66 g de massa seca total; e relação altura/ diâmetro do colo de 7,69 cm/mm.

2.2 DIFERENÇAS GENÉTICAS ENTRE POPULAÇÕES E ZONAS DE COLETA E USO DE SEMENTES

A variabilidade genética de uma espécie está distribuída entre e dentro de populações, sendo sua estrutura resultante da ação conjunta de mutação, migração, seleção e cruzamentos (LOVELESS; HAMRICK, 1984). Grupos de indivíduos estabelecidos em diferentes regiões com características ambientais próprias tendem a se diferenciarem geneticamente em forma de populações. Isso ocorre como reflexo da limitação de fluxo gênico e das distintas pressões de seleção sofridas por cada população (FREITAS; BEREL, 2003).

Com isso, verifica-se que a variação genética das espécies está associada com sua distribuição geográfica. Assim, para garantir a utilização adequada de sementes em programas de restauração florestal é importante estabelecer zonas de coleta e uso de sementes (ZCU), que são subdivisões regionais estabelecidas para identificar origens de sementes e controlar o movimento de sementes para plantio (CUNNINGHAM, 1975). Escolher a fonte adequada de sementes para reflorestar determinada região é importante por diversas razões: produção de uma floresta saudável e duradoura; limitar danos causados por desastres climáticos ou pragas; produção rápida de produtos e manutenção do “pool” gênico local. Esta preocupação teve início com o plantio de extensas áreas florestais nos Estados Unidos da América entre 1920 e 1940, sendo identificado que a sobrevivência e o crescimento das árvores não eram satisfatórios, dependendo da fonte de sementes utilizadas. Atualmente o país possui mapas de ZCU detalhados para as espécies arbóreas (RANDALL; BERRANG, 2002). No Brasil este conceito vem sendo muitas vezes desconsiderado em programas de restauração florestal (HIGA; DUQUE SILVA, 2006).

A definição dos limites das ZCU deve ser realizada a partir de dados experimentais que identifiquem a variação genética, ou pela análise de fatores ambientais que provavelmente tenham mais influências nas forças seletivas criadoras de tal variação genética (CUNNINGHAM, 1975).

Testes combinados de procedência e progênies são utilizados com a finalidade de identificação de variação genética entre e dentro de populações (ETTORI *et al.*, 1995; ETTORI *et al.*, 1996; SEBBENN; ZANATTO; MORAIS, 2002; SEBBENN *et al.*, 2003; ETTORI; SATO; SHIMIZU, 2004). Neste contexto, a avaliação da estrutura genética entre populações com auxílio de testes genéticos pode ser utilizada como parâmetro para definição das referidas zonas de coleta e uso de sementes (CUNNINGHAM, 1975).

Segundo Loveless e Hamrick (1984) os aspectos ecológicos das espécies também influenciam na variabilidade genética entre populações, por afetar seu fluxo gênico. Os autores realizaram vasto levantamento demonstrando a influência dos aspectos ecológicos na estrutura genética entre populações vegetais. Um resumo das inferências obtidas nesse estudo, para espécies vegetais em geral com determinadas características ecológicas, pode ser visualizado no QUADRO 2.

QUADRO 2 - Sumário dos fatores ecológicos que podem afetar a estrutura genética entre populações de espécies vegetais e seus efeitos preditos

Fator ecológico	Fator ecológico de determinada espécie*	Efeito predito na estrutura genética entre populações
Sistema de cruzamento	Alógama	Reduzida divergência devido ao fluxo de pólen
Morfologia floral	Monoica	Incremento de cruzamentos não correlacionados e o fluxo de pólen reduzem a diferenciação
Mecanismo de polinização	Entomofilia	Movimentação limitada de pólen e forrageamento local, especialmente por insetos pequenos, incrementa a diferenciação
Dispersão de sementes	Anemocórica	Pequenos montantes de migração a longa distância podem prevenir a diferenciação
Fenologia	Sazonal e sincrônica	Potencial para extensivo fluxo gênico reduz a probabilidade de divergência
Ciclo de vida	Longo	Reduz o efeito da deriva; incrementa chances de migração, e portanto dificulta da divergência
Cronologia reprodutiva	Policarpia (produção de sementes várias vezes antes da planta morrer)	Pode inibir a divergência; depende de outros fatores
Estágio sucessional	Tardio	Estável, estruturas de populações de vida longa promovem migração, reduz a deriva, e reduz a diferenciação
Distribuição geográfica	Distribuição ampla	O padrão na maioria das espécies de distribuição ampla é determinado por outros fatores
Densidade da população	Baixa	Baixa densidade pode promover fluxo de pólen a longas distâncias, incrementando a homogeneidade
Distribuição espacial da população	Uniforme	Promove migração e homogeneidade

LEGENDA: (*) fatores ecológicos característicos em *Cedrela fissilis*.

FONTE: Adaptado de Loveless e Hamrick (1984)

Com isso, dependendo do sistema reprodutivo da espécie a estrutura genética das populações será diferente, e a variabilidade é distribuída de forma

diferente entre os indivíduos que compõe a população. O tipo e comportamento do agente polinizador e dispersor de sementes também apresentam grande influência, devido ao fluxo gênico diferenciado. Espécies que apresentam agentes polinizadores que atingem grandes distâncias (como vento, aves ou morcegos) e/ou dispersores que distribuam as sementes por grandes extensões (como vento) possuem maior variabilidade genética dentro de populações, uma vez que o extenso fluxo gênico pode impossibilitar uma ampla diferenciação entre as populações (MORI, 2003).

2.3 ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERES QUANTITATIVOS

Caracteres quantitativos são, em geral, controlados por muitos genes e são muito influenciados pelo ambiente, apresentando variação contínua, ao passo que caracteres qualitativos apresentam herança monogênica (controlados por um ou poucos genes) e tem pouca ou nenhuma influência do ambiente (FALCONER, 1987).

A maioria dos caracteres de interesse econômico apresenta herança quantitativa (RESENDE, 2002). O estudo da variação e da herança destes caracteres se baseia na análise de gerações, separando indivíduos em classes e avaliando suas proporções nos cruzamentos. Contudo, como os caracteres quantitativos são altamente influenciados pelo ambiente a informação gerada por um único indivíduo tem pouca validade. Se o efeito do ambiente pode tanto aumentar como diminuir a manifestação fenotípica de um caráter, a média de um conjunto de indivíduos tende a cancelar o efeito do ambiente, sendo uma medida mais confiável. Assim, as características quantitativas são estudadas em nível de população, avaliando-se quais as frações da média e da variância são herdáveis (CRUZ, 2005).

O modelo básico utilizado em estudos genéticos de caracteres quantitativos é $P = G + E$, que define o valor fenotípico (P) medido nos indivíduos como resultado da ação do genótipo (G) ou valor genotípico sob influência do meio (E) (FALCONER, 1987).

No estudo genético de um caractere pretende-se determinar a fração herdável tanto do valor genotípico quanto da variância genotípica. Assim, com base nos valores das médias e das variâncias de um teste genético é possível obter estimativa de parâmetros genéticos úteis para avaliação da potencialidade de populações para fins de melhoramento, bem como estabelecer estratégias eficazes de seleção e conservação genética (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Os parâmetros mais importantes no melhoramento florestal são as variâncias genéticas e seus componentes aditivos e não aditivos, o coeficiente de herdabilidade (sentido amplo e restrito), as correlações genéticas entre características e associações entre idades para características (FIER, 2001).

A determinação de parâmetros genéticos para espécies florestais torna-se mais importante à medida que o ciclo da cultura aumenta. Vale ressaltar que os parâmetros genéticos somente são validados para a população, na idade observada e nas condições ambientais em que foram desenvolvidos os testes genéticos. Isto se deve porque os genes agem de forma diferente, respondendo aos efeitos da idade e do local (KIKUTI, 1988).

Dentre os principais procedimentos para a estimação dos parâmetros genéticos destaca-se a análise de variância (ANOVA), em que os componentes de variância são obtidos pela decomposição dos quadrados médios com base nas suas esperanças matemáticas, e o procedimento REML/BLUP - máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada (CRUZ; CARNEIRO, 2003). No melhoramento de plantas, o procedimento de máxima verossimilhança restrita, também conhecida genericamente como metodologia de modelos mistos, é atualmente o procedimento mais adequado por apresentar estimativas mais acuradas para dados desbalanceados, sendo o mais utilizado em programas de melhoramento genético de espécies perenes (RESENDE, 2006).

Na análise de modelos mistos com dados desbalanceados, os efeitos do modelo não são testados via teste de F tal como se faz no método da análise de variância. Para este caso, o teste de significância recomendado é o teste da razão de verossimilhança (LRT). Um quadro similar ao quadro da análise de variância é elaborado, sendo denominado de Análise de Deviance (ANADEV) e é estabelecido pelos seguintes passos: a) obtenção do logaritmo do ponto de máximo da função de verossimilhança residual (L) para modelos com e sem o efeito a ser testado; b)

obtenção da deviance $D = -2 \text{ Log } L$ para modelos com e sem o modelo a ser testado; c) cálculo da diferença entre as deviances para modelos sem e com o efeito a ser testado, obtendo a razão de verossimilhança (LR); d) teste, via LRT, da significância da diferença usando o teste qui-quadrado com 1 grau de liberdade (RESENDE, 2007).

2.4 CONSERVAÇÃO GENÉTICA

2.4.1 Conservação *ex situ*

A maior ameaça à diversidade biológica é a perda de habitat, sendo necessária a adoção de estratégias para a conservação das espécies (PRIMACK; RODRIGUES, 2001). A manutenção de habitat fragmentados também ameaça a diversidade genética das espécies, pela restrição do fluxo gênico entre os remanescentes florestais (OLIFIERS; CERQUEIRA, 2006).

Neste contexto, há a necessidade de conservação dos recursos fitogenéticos, que podem ser conservados em seu habitat natural (conservação *in situ*), em condições diferentes de sua área de ocorrência natural (*ex situ*) ou pela combinação entre conservação *in situ* e *ex situ* de forma complementar, dependendo das necessidades, possibilidades e da espécie em questão. A conservação *ex situ* pode ser realizada em forma de semente, no campo ou *in vitro*, dependendo da reprodução e ecologia da espécie. Para espécies com reprodução vegetativa utiliza-se a conservação em campo ou *in vitro*, e para espécies de reprodução por sementes há a possibilidade de armazenamento das sementes, porém estas devem apresentar comportamento de ortodoxa. Recomenda-se a conservação em campo para espécies perenes de sementes recalcitrantes, ou seja, em bancos ativos de germoplasma (SANTOS; BETTENCOURT 2001).

Merece destaque o Programa de Conservação de Recursos Genéticos de Essências Nativas Iniciado em 1979 pelo Instituto Florestal apoiado pela Embrapa Florestas. O objetivo do Programa era a manutenção *ex situ* da variabilidade

genética existente em populações naturais de espécies arbóreas nativas, através de população-base, que mantenham o contínuo potencial evolutivo das espécies, e permitam sua utilização para demandas sociais ou ambientais futuras. Outros objetivos eram estudos de parâmetros genéticos de caracteres de interesse econômico e seleção para programas de melhoramento e produção de sementes de qualidade, para comercialização para usos produtivos e restauração ambiental. O Programa apresentava em 2006 dezenas de experimentos envolvendo 22 espécies arbóreas nativas, em plantios puros e consorciados (ETTORI *et al.*, 2006). Os autores ressaltam a importância de considerar o objetivo do uso das sementes produzidas nas áreas experimentais, destacando que se o uso for para fins produtivos os povoamentos podem ser compostos por progênies de diferentes procedências, entretanto se o objetivo for a restauração florestal é necessário a manutenção da variabilidade genética local, pela coleta de sementes de progênies das respectivas áreas de ocorrência ecológica da espécie.

Quando considerado o potencial para seleção nos experimentos do Programa, a maioria das espécies apresentou alta variabilidade genética entre progênies dentro das procedências, sendo maior que entre procedências, destacando o potencial de seleção dentro de procedências para todas as espécies estudadas (ETTORI *et al.*, 2006).

2.4.1.1 Material genético para conservação *ex situ*

Segundo Sebbenn (2002) a recuperação de áreas depende do potencial genético do material utilizado no reflorestamento, ressaltando que há décadas testes de procedências e progênies demonstram que a capacidade de uma espécie em se adaptar em um ambiente depende de sua variabilidade genética.

Nesta mesma linha, diversos autores utilizaram a estimativa de parâmetros genéticos para avaliar a viabilidade de materiais genéticos de diversas espécies para seu uso na conservação *ex situ*.

Sebbenn *et al.* (2003) obtiveram, para cinco procedências de *Araucaria angustifolia* L., coeficientes de variação genética (CVg) médios dentro de

procedências de 10,9% para altura, 12,8% para DAP e 14,5% para volume, aos 18 anos. Os autores afirmam que a variação genética detectada entre procedências e progênes indicou que a amostragem realizada foi efetiva para o objetivo de conservação genética *ex situ*.

Analisando um teste de progênes de *Gallesia gorarema* Vell. Moq. composto por 58 progênes de 3 populações, Sebbenn, Zanatto e Morais (2002) obtiveram CVg de 5,4% para altura, 9,7% para DAP e 20,2% para volume, aos 10 anos. Os autores sugerem a realização de seleção dentro de parcelas, afirmando que, pelo cálculo do tamanho efetivo (N_e de 178,5 antes e 154,6 após a seleção), a amostragem foi suficiente para o objetivo de conservação *ex situ*, mesmo após desbaste dentro de famílias.

Ettori *et al.* (1996) afirmam ter encontrado CVg variando de zero a 4,19% para altura e de 2,69 a 9,37% para DAP, aos 11 anos em 34 progênes de duas procedências de *Tabebuia heptaphylla* (Vell.) Tol.. Os autores concluem que o material estudado apresenta baixa variabilidade genética, recomendando a complementação da conservação *ex situ* pela avaliação de outras populações da espécie.

Sebbenn *et al.* (1998), trabalhando com 33 progênes de *Myroxylon peruiferum* L. F. Allemão de quatro populações encontraram CVg para altura variando de 14,03%; 13,74%; 15,92%; 15,67%; 9,62%; 9,71%; e 7,49% para as idades de 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 11 anos respectivamente, e de 6,62% para DAP aos 11 anos. Os autores afirmam que o material apresenta variações genéticas significativas em todas as idades avaliadas, mostrando a adequação do material para conservação *ex situ* na região de ensaio, assim como para utilização como pomar de sementes para recuperação de áreas e reflorestamentos.

Teste de progênes com 20 famílias de *Anadenanthera falcata* (Benth.) Speg., apresentaram CVg aos 2 e 9 anos de 13,0% e 8,2% para altura e 13,0% e 11,7% para diâmetro de copa, respectivamente. Os autores concluem que, mesmo com apenas 20 progênes, a população instalada tem variação genética suficiente para proporcionar um programa de conservação genética *ex situ* (SEBBENN; VILAS BÔAS, 2004).

Coefficientes de variação genética para DAP e altura foram encontrados por Sebbenn e Ettori (2001) na ordem de 16,2% e 10,96% para *Peltophorum dubium*;

13,0% e 11,3% para *Myracrodun urundeuva*; 12,1% e 11,5% para *Esenbeckia leiocarpa*, respectivamente. No estudo a análise da variância detectou variabilidade genética entre progênies significativas pelo teste de F e o CVg foi alto para os caracteres de altura e DAP, nas três espécies, revelando potencial para conservação genética *ex situ* das populações.

A fim de conservar uma população há a necessidade de se manter um tamanho efetivo populacional (N_e) adequado, para viabilizar a perpetuação da espécie. O N_e diz respeito a representatividade genética de amostras retiradas de uma população, referindo-se ao tamanho genético que efetivamente compõe uma população reprodutiva, não sendo simplesmente o número de indivíduos amostrados (RESENDE, 2002).

Neste contexto, Frankel e Soulé (1981) citados por Povoá (2002)² sugerem um N_e de 50 para prevenir a perda de alelos raros em poucas gerações e N_e de 500 para conservação destes alelos a longo prazo. Para uma melhor compreensão, a FIGURA 3 permite a observação da perda da variabilidade genética em populações com diferentes N_e .

² FRANKEL, O. H.; SOULÉ, M. E. **Conservation and evolution**. Cambridge: Cambridge University Press, 1981. 327p.

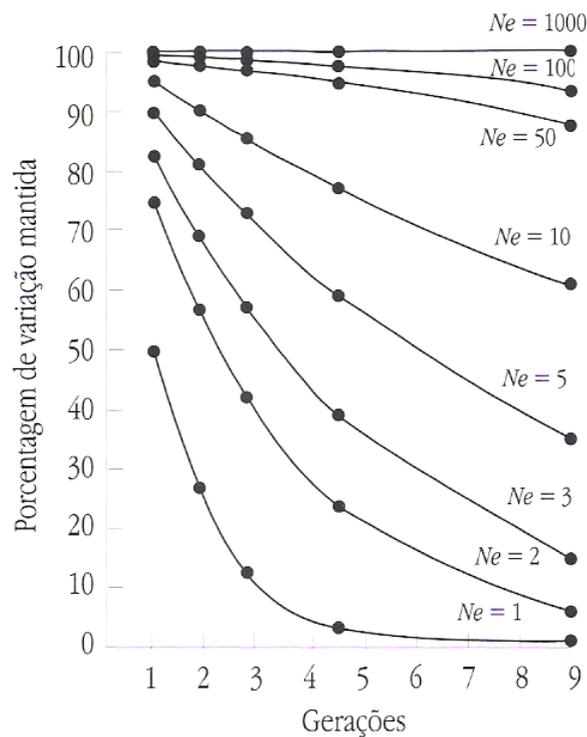


FIGURA 3 – Porcentagem média de variabilidade genética restante após 9 gerações em populações hipotéticas com variados tamanhos efetivos (N_e).

FONTE: Primack e Rodrigues (2001 p. 141)

2.4.2 Pomares de sementes para restauração florestal

Ettori *et al.* (2006) destacam a possibilidade de utilização de experimentos destinados a conservação *ex situ* como pomares de sementes através manutenção do número total de progênies, mas com seleção e desbaste dentro das parcelas, para evitar a endogamia e perda da qualidade genética das sementes. Desta forma, segundo os autores pode-se ampliar a oferta de sementes demandadas para recomposição de áreas.

Não existe consenso na comunidade científica em relação à instalação de áreas produtoras de sementes para espécies nativas. Todavia, esta é uma excelente alternativa para o atendimento da demanda por sementes de qualidade genética e em quantidade adequada. Esta opção é defendida pelo alto custo das sementes coletadas em matrizes marcadas em remanescentes florestais, por encontrarem-se

dispersas, necessitando de grandes deslocamentos, pouca produção de sementes, entre outros fatores. Outro aspecto que torna a instalação de pomares importante é o fato da maioria dos remanescentes de florestas nativas no centro-sul do país estarem localizadas em Áreas de Preservação Permanente e Unidades de Conservação, que apresentam uso controlado, inclusive para coleta de sementes (HIGA; DUQUE SILVA, 2006).

Sebbenn (2006) relaciona algumas recomendações gerais para coleta de sementes para restauração, que inclui: marcação de matrizes a uma distância mínima de 100 metros para evitar a coleta de sementes de indivíduos aparentados; utilizar sementes de no mínimo 45 matrizes para implementação de pomares de sementes, a fim de fundar populações com um mínimo de variabilidade genética e potencial evolutivo; e efetuar o controle gamético, pela coleta de grande quantidade de sementes por matriz e realização da mistura em quantidades iguais por matriz, maximizando o tamanho efetivo da amostra.

2.5 MELHORAMENTO GENÉTICO

2.5.1 Melhoramento genético florestal

A aplicação de técnicas de melhoramento genético vem proporcionando um contínuo aumento da produtividade dos povoamentos florestais, com a seleção de genótipos de rápido crescimento, boa forma, propriedades físicas e mecânicas apropriadas, resistência a pragas e doenças e boa capacidade de adaptação a diversos ambientes ou a ambientes específicos (MORI, 1988).

Os principais métodos de produção de material genético melhorado utilizado para espécies arbóreas são: Área de Coleta de Sementes (ACS), Área de Produção de Sementes (APS), Pomar de Sementes por Mudas (PSM) e Pomar Clonal de Sementes (PCS) (ZANI FILHO; BALLONI; KAGEYAMA, 1987). A Legislação Brasileira de Sementes e Mudas apresenta as seguintes definições para esses métodos: ACS – “população de espécie vegetal, nativa ou exótica, natural ou plantada, caracterizada, onde são coletadas sementes ou outro material de

propagação”; APS – “população vegetal, nativa ou exótica, natural ou plantada, selecionada, isolada contra pólen externo, onde são selecionadas matrizes, com desbaste dos indivíduos indesejáveis e manejo intensivo para produção de sementes, devendo ser informado o critério de seleção individual”; PSM – “plantação planejada, isolada contra pólen externo, estabelecida com indivíduos selecionados em teste de progênie de matrizes selecionadas e desbaste dos indivíduos não selecionados, onde se aplicam tratamentos culturais específicos para produção de sementes”; PCS: “plantação planejada, isolada contra pólen externo, estabelecida por meio de propagação vegetativa de indivíduos superiores, onde se aplicam tratamentos culturais específicos para produção de sementes” (BRASIL, 2007 p. 82, 83, 85).

A identificação dos genótipos superiores a fazer parte de um programa de melhoramento genético é realizada por meio de seleção genética para os caracteres de interesse a partir de parâmetros genéticos estimados (RESENDE, 2002). O processo de seleção pode ser realizado entre famílias e entre indivíduos dentro de famílias (KAGEYAMA *et al.*, 1977; SHIMIZU; SPIR, 1999).

2.5.2 Variabilidade genética e melhoramento genético de *Cedrela* spp.

Os primeiros registros de melhoramento genético do gênero *Cedrela* são encontrados em Cuba. Em 1967 a *Sección de Investigaciones Florestales*, iniciou trabalhos de melhoramento genético de *Cedrela odorata* mediante seleção massal, selecionando fenotipicamente seis Áreas de Produção de Sementes. Posteriormente a *Sección de Genética Del Centro de Investigación Forestal (CIF)* daquele país continuou os estudos genéticos. Em 1980 Cuba contava com 19 ha de Áreas de Produção de Sementes, haviam selecionado 220 árvores “plus” e estudaram 13 procedências, além de 15 ha de ensaios de progênies (BARROSO, 1987).

Também merece destaque a *Corporación Nacional de Investigación y Fomento Florestal* (CONIF) da Colômbia, que realizou um extenso trabalho de teste de procedências de *Cedrela odorata* naquele país, trabalhando com 29 procedências de oito países, espalhados em dezenas de experimentos pelo país. Como resultado geral, com os dados disponíveis na época, as procedências

nacionais ou locais da espécie superaram as demais procedências na maioria dos testes (MARROQUÍN, 1988).

O *Commonwealth Forestry Institute* da Universidade de Oxford, Inglaterra, coordenou um programa internacional de teste de procedência de *Cedrela* spp., que com auxílio de instituições florestais locais e da FAO (Organização das Nações Unidas para Agricultura e Alimentação), realizaram coleta de sementes em oito países (totalizando 14 procedências), distribuindo as mesmas para testes de procedências em 17 nações (BURLEY; LAMB, 1971). Em 1982 o Instituto Florestal de São Paulo instalou três testes de procedências no Estado de São Paulo com sementes de 18 origens de *Cedrela* spp. distribuídas pela *Commonwealth Forestry Institute* (VILA *et al.*, 1993).

Outras iniciativas no Brasil podem ser observadas no trabalho de Inoue (1973) que testou quatro procedências de *Cedrela fissilis* (Acesita-MG; Toledo-PR; Silvânia-GO; Santo Antonio da Platina-PR) em Santo Antonio da Platina-PR, realizando avaliações em campo até os 12 meses de idade, afirmando haver diferenças significativas entre as procedências para os caracteres estudados. Em análises na fase de viveiro, realizado em Curitiba-PR, Firkowski (1983) trabalhou com cinco procedências de *Cedrela fissilis* (Jaracatia-PR; Roncador-PR; Telêmaco Borba-PR; Pinhal-PR; Chapecó-SC) com avaliações em viveiro até 2 anos de idade. O autor afirma haver considerável magnitude de variância genética tanto entre progênies quanto entre procedências, para crescimento inicial em diâmetro do colo, altura e peso seco de mudas, sendo que as maiores variâncias genéticas foram encontradas entre procedências.

Monsalvo *et al.* (2003) estudaram 42 famílias de polinização aberta de *Cedrela odorata* em teste de progênies de cinco anos instalado em Veracruz, México. Os autores encontraram diferenças significativas para todas as características de crescimento avaliadas, encontrando altos níveis de herdabilidades a nível individual e a nível de famílias, sendo de ($h_i^2=0,65$; $h_f^2=0,62$) para altura, do fuste, ($h_i^2=0,38$; $h_f^2=0,59$) para DAP, e de ($h_i^2=0,54$; $h_f^2=0,59$) para volume. A partir de dois cenários de seleção, estimou-se um ganho esperado de até 50% em volume aos cinco anos de idade.

Navarro, Montagnini e Hernandez (2004) testaram 115 famílias de *Cedrela odorata* de 21 procedências na América Central, em consórcio com plantio de café.

Foram observadas diferenças significativas entre procedências e entre progênies para as características de crescimento estudadas. O crescimento das melhores famílias foi de 0,35 a 0,37 cm de diâmetro ao ano, com crescimento em altura de até 4 m ao ano. Três das procedências estudadas apresentaram desenvolvimento de pequeno número de brotações laterais após o ataque de *Hypsipyla grandella*, possibilitando a seleção para formação de fustes de qualidade superior.

Cornelius e Watt (2003) avaliaram a variação genética de um teste clonal de *Cedrela odorata*, em relação ao ataque de *Hypsipyla grandella*. Os autores encontraram variações significativas entre procedências e entre clones relacionadas a forma e ao crescimento, destacando o potencial para seleção genética.

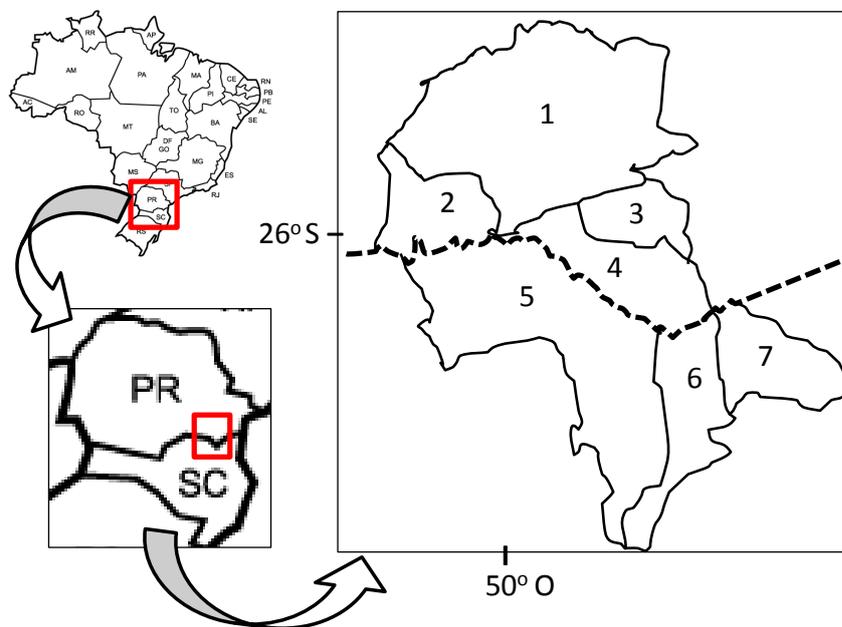
Newton *et al.* (1995) estudaram a variância genética na dominância apical de 30 famílias de polinização aberta de cinco procedências de *Cedrela odorata* na Costa Rica. Foram retiradas a parte apical a uma altura de 20 cm, de mudas com 19 semanas para a realização dos testes. Diferenças significativas foram encontradas entre procedências e entre progênies, demonstrando potencial para seleção de genótipos com dominância apical relativamente alta, podendo apresentar forma superior e maior tolerância ao ataque de *Hypsipyla grandella*.

Outros trabalhos foram realizados por Ward, Wightman e Santiago (2008) que estabeleceram testes genéticos em três localidades de Yucatan, México com progênies de *Cedrela odorata* da Península de Yucatan e por Choudhary, Thakur e Sehgal (2007), que pesquisaram o comportamento aos cinco meses em viveiro de 50 progênies de cedro australiano (*Toona ciliata*) de 10 locais do nordeste do Himalaia.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 AMOSTRAGEM DE MATRIZES, COLETA E BENEFICIAMENTO DE SEMENTES

Durante o mês de junho de 2008 realizou-se o processo de amostragem de matrizes em remanescentes florestais dos municípios de Rio Negrinho, Mafra e São Bento do Sul no Estado de Santa Catarina e nos municípios de Lapa, Rio Negro, Antonio Olinto e Campo do Tenente no Estado do Paraná (FIGURA 4).



LEGENDA: 1 - Lapa; 2 - Antonio Olinto; 3 - Campo do Tenente; 4 - Rio Negro; 5 - Mafra; 6 - Rio Negrinho; 7 - São Bento do Sul.

FIGURA 4 – Localização geográfica da região de estudo, em que se realizou a amostragem de matrizes de *Cedrela fissilis*

FONTE: O autor (2009)

A região de amostragem está inserida em área de Floresta Ombrofila Mista, sendo que os remanescentes florestais apresentavam tamanhos variados, em vegetação secundária nos estágios inicial e médio de regeneração. A paisagem da região é caracterizada por mosaicos de vegetação nativa perturbada e em estágios

diferenciados de regeneração, com uso do solo pela agricultura de pequeno e médio porte, assim como para reflorestamentos de pinus e eucaliptos.

As árvores amostradas apresentavam comportamento dominante, com diferentes níveis de concorrência, assim como árvores de bordadura e árvores livres de concorrência em campo aberto. Evitou-se a amostragem de árvores isoladas por grandes áreas de cultivos agrícolas, pastagens ou povoamentos florestais de espécies exóticas.

Ao todo foram coletadas sementes de 48 matrizes, tendo como critério de amostragem a sanidade da árvore, distância mínima de 100 metros entre matrizes, e produção de sementes no ano de coleta.

Como forma de caracterização das matrizes efetuou-se a mensuração do diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (Ht) e altura da primeira bifurcação (1ºbif). Também foram coletadas informações de localização geográfica de cada árvore com GPS Garmin 12CX, obtendo latitude, longitude e altitude. Para evitar tendências na experimentação, a numeração das matrizes foi aleatória, variando de 1 a 48. No QUADRO 3 são apresentadas essas informações individualizadas por matriz, bem como a data de coleta de frutos em cada uma delas.

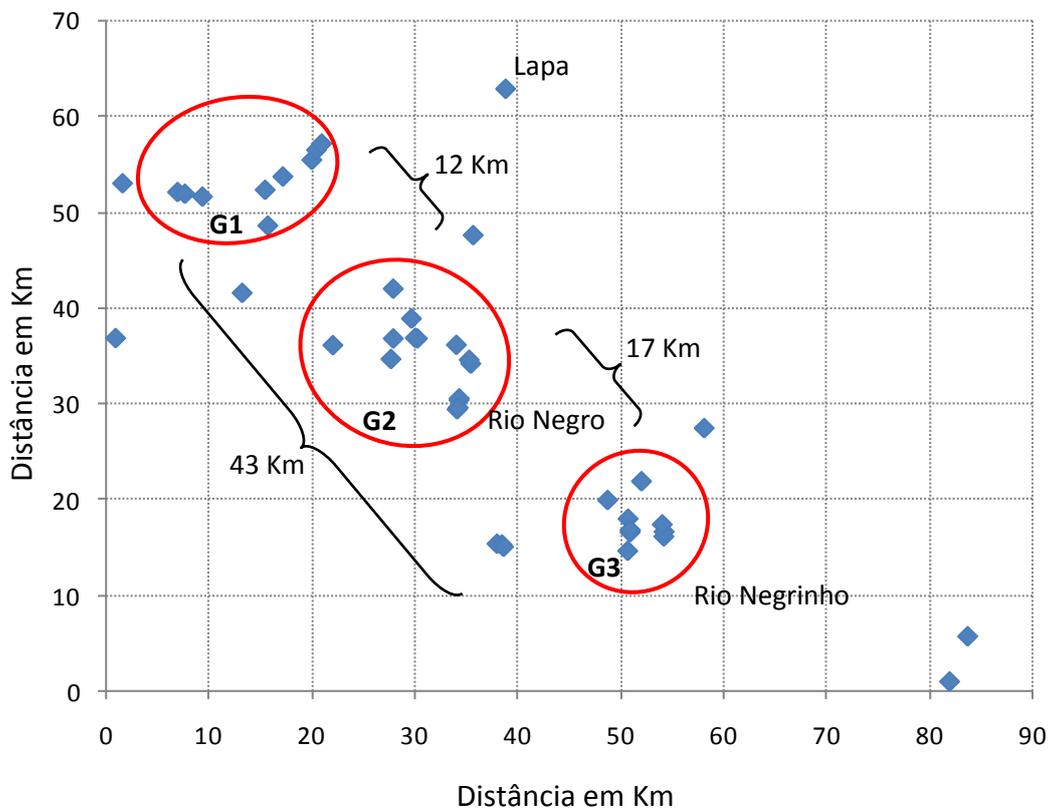
QUADRO 3 - Caracterização das matrizes de *Cedrela fissilis* amostradas; localização geográfica; grupo espacial pertencente e data de coleta dos frutos

Matriz	Grupo espacial	Ht (m)	DAP (cm)	1° bif. (m)	Latitude (S)	Longitude (W)	Altitude (m)	Data de coleta
1	3	17,0	44,9	2,0	26,1571	49,6396	865	31/05/2008
2	3	18,0	40,7	7,0	26,1909	49,5846	881	05/06/2008
3	2	16,8	44,2	11,8	25,9598	49,8498	811	13/06/2008
4*	**	-	-	-	-	-	-	-
5*	**	-	-	-	-	-	-	-
6	**	18,2	38,5	8,2	26,1993	49,7466	864	13/06/2008
7	1	15,0	46,8	3,5	25,8744	50,0355	929	17/06/2008
8	2	14,0	37,9	6,0	26,0261	49,8513	834	18/07/2008
9	2	11,8	22,6	4,9	26,0122	49,7880	887	13/06/2008
10	1	22,0	45,5	8,0	25,8390	49,9298	913	17/06/2008
11	2	18,0	48,1	4,0	26,0067	49,8493	880	13/06/2008
12	3	28,8	56,3	4,0	26,1391	49,6069	915	26/05/2008
13	1	15,0	26,4	1,0	25,8702	50,0596	936	17/06/2008
14	3	16,0	30,2	8,0	26,1864	49,5844	884	05/06/2008
15	**	17,3	40,7	8,0	26,3245	49,3050	568	06/06/2008
16	**	15,0	44,6	7,5	26,2817	49,2880	982	06/06/2008
17	**	10,0	26,4	5,0	25,7705	49,7428	864	17/06/2008
18	1	14,0	34,4	1,2	25,8718	50,0525	928	17/06/2008
19*	**	-	-	-	-	-	-	-
20	2	14,50	57,30	3,00	26,0134	49,9078	839	16/06/2008
21	2	16,00	35,70	8,00	26,0729	49,7867	830	19/06/2008
22	3	17,30	39,80	9,00	26,1796	49,5863	917	26/05/2008
23	3	20,00	55,10	6,00	26,1854	49,6171	870	26/05/2008
24	2	16,50	50,90	5,00	26,0642	49,7849	866	17/06/2008
25	3	12,00	38,50	2,50	26,2048	49,6195	849	05/06/2008
26	**	23,00	57,30	0,00	26,0082	50,1187	848	13/06/2008
27	**	12,50	31,20	3,50	26,0884	49,5467	929	19/06/2008
28	3	13,00	38,20	3,00	26,1873	49,6174	862	05/06/2008
29	2	14,50	30,60	8,00	26,0065	49,8259	909	16/06/2008
30*	**	-	-	-	-	-	-	-
31	1	17,0	47,7	7,0	25,8549	49,9578	916	17/06/2008
32	2	17,0	31,8	1,0	26,0060	49,8280	907	16/06/2008
33	3	16,5	59,5	8,0	26,1746	49,6195	891	05/06/2008
34	1	17,0	54,1	5,0	25,9012	49,9719	895	16/06/2008
35	2	13,0	29,9	3,5	25,9877	49,8318	855	16/06/2008
36	3	16,0	16,2	5,0	26,1852	49,6175	867	26/05/2008
37	2	16,0	60,5	1,9	26,0298	49,7738	884	19/06/2008
38	**	16,0	38,2	4,0	25,9648	49,9962	835	17/06/2008
39	2	14,0	36,9	5,0	26,0626	49,7848	891	19/06/2008
40	1	15,0	31,8	1,0	25,8678	49,9748	930	16/06/2008
41	**	18,0	29,6	10,0	26,1999	49,7418	850	16/06/2008
42	**	17,0	52,5	4,5	25,9087	49,7728	864	19/06/2008
43	1	14,0	42,0	1,0	25,8296	49,9254	918	17/06/2008
44	**	20,0	37,2	9,0	26,2021	49,7402	841	16/06/2008
45	**	13,0	60,0	2,0	25,8623	50,1130	908	16/06/2008
46	2	16,5	40,7	5,0	26,0262	49,7754	920	19/06/2008
47	1	22,0	60,2	0,0	25,8236	49,9204	881	13/06/2008
48	2	16,0	38,8	6,0	26,0713	49,7857	837	17/06/2008

LEGENDA: (*) matrizes da região sem dados individualizados (não utilizadas para estudos que necessitaram de localização geográfica); (**) matrizes não enquadradas nos três grupos espaciais; **Ht** – altura total; **DAP** – diâmetro à altura do peito; **1º bif.** – altura da primeira bifurcação.

FONTE: O autor (2009)

A amostragem foi realizada em diferentes remanescentes florestais de tal forma que possibilitasse a identificação de três grupos de matrizes por distância espacial (grupo 1 com 9 matrizes; grupo 2 com 14 matrizes; grupo 3 com 10 matrizes), a fim de verificar a existência de diferenças genéticas entre os mesmos. A formação dos três grupos foi efetuada com 33 matrizes, sendo que as demais (15 matrizes) se encontravam dispersas no restante da região de estudo. A distribuição espacial das matrizes amostradas, assim como a delimitação dos três grupos, pode ser visualizada na FIGURA 5.



LEGENDA: **G1** – grupo 1 com 9 matrizes; **G2** – grupo 2 com 14 matrizes; **G3** – grupo 3 com 10 matrizes. Total de 33 matrizes nos grupos espaciais, mais 15 matrizes dispersas na região.
OBS: devido a escala da figura alguns pontos ficaram sobrepostos.

FIGURA 5 - Distribuição espacial das matrizes de *Cedrela fissilis* amostradas, demonstrando os três grupos de matrizes delimitados espacialmente (destacados com círculos)

FONTE: O autor (2009)

Com isso, a formação dos grupos de matrizes foi definida a partir da distribuição espacial das mesmas, verificada com auxílio da plotagem das

coordenadas de latitude e longitude em mapa. Em relação à altitude, as matrizes do primeiro grupo encontravam-se a uma altitude média de 916 metros (variando de 881 m a 936 m), as matrizes do segundo grupo a uma altitude média de 868 metros (811 m a 920 m) e as do terceiro grupo a uma altitude média de 880 metros (849 m a 917 m) (TABELA 1).

TABELA 1 - Altitude média das matrizes de *Cedrela fissilis* localizadas nos três grupos delimitados espacialmente

	Matriz	Grupo	Altitude (m)	Matriz	Grupo	Altitude (m)	Matriz	Grupo	Altitude (m)
1	7	1	929	3	2	811	1	3	865
2	10	1	913	8	2	834	2	3	881
3	13	1	936	9	2	887	12	3	915
4	18	1	928	11	2	880	14	3	884
5	31	1	916	20	2	839	22	3	917
6	34	1	895	21	2	830	23	3	870
7	40	1	930	24	2	866	25	3	849
8	43	1	918	29	2	909	28	3	862
9	47	1	881	32	2	907	33	3	891
10				35	2	855	36	3	867
11				37	2	884			
12				39	2	891			
13				46	2	920			
14				48	2	837			
	Média		916			868			880

FONTE: O autor (2008)

Após a coleta dos frutos das árvores, os mesmos foram acondicionados em recipientes individualizados por matriz, com suas respectivas identificações, e mantidos em local arejado à sombra para pré-secagem. Em seguida, o material foi exposto ao sol para abertura dos frutos e liberação das sementes, as quais foram separadas das impurezas e armazenadas em câmara fria até o momento adequado para semeadura (FIGURA 6 A, B, C).



LEGENDA: **A** – coleta de frutos na árvore matriz; **B** – detalhe de frutos coletados; **C** – beneficiamento de sementes; **D** – instalação do teste de progênies em viveiro; **E** – teste de progênies sob estufa; **F** – fase de rustificação; **G** – medição de diâmetro de colo; **H** – medição de altura; **I** – coleta de amostra para avaliação de área foliar (terceira folha totalmente expandida a contar do ápice); **J** – coleta de amostras para análise da massa seca da parte aérea e da raiz; **K** – secagem das amostras em estufa; **L** – pesagem das amostras.

FIGURA 6 – Etapas de coleta e beneficiamento de sementes, instalação, condução e coleta de dados do teste de progênies de *Cedrela fissilis* em viveiro, na Battistella Florestal, Rio Negrinho-SC

FONTE: O autor (2009)

3.2 INSTALAÇÃO DE TESTE DE PROGÊNIES EM VIVEIRO

Nos dias 11 e 12 de setembro de 2008 realizou-se a semeadura das progênies, em forma de teste de progênies para avaliação do desenvolvimento inicial do material (FIGURA 6 D, E, F).

O experimento foi instalado no viveiro de mudas nativas da empresa Battistella Florestal, em Rio Negrinho, SC, localizado a 26° 16' 08" Latitude Sul e 49° 34' 51" Longitude Oeste, 867 metros de altitude. Os dados meteorológicos médios dos últimos 18 anos³ da área de estudo são os que seguem: precipitação média anual de 1734 mm; temperatura média de 18°C; temperatura máxima de 23°C; temperatura mínima de 13°C; com a ocorrência de até 10 geadas por ano. As informações meteorológicas para o período experimental do local de instalação do teste podem ser observadas na TABELA 2.

TABELA 2 - Dados meteorológicos do local de instalação do teste durante os meses de realização do experimento

Variável	Unidade	set/08	out/08	nov/08	dez/08	jan/09	fev/09
Temp. max.	°C	19,6	22,1	22,5	26,9	25,8	27,3
T. max. absoluta	°C	30,4	33,0	27,2	40,1	31,4	32,2
Temp. min.	°C	9,3	13,6	14,5	15,1	16,2	17,3
T. min. absoluta	°C	-0,6	8,8	11,0	6,6	10,6	13,2
Temp. média	°C	14,5	17,9	18,5	21,0	21,0	22,3
Precipitação	mm	99,2	429,5	157,5	44,4	225	129,9
Dias de chuvas	dias	9	18	17	12	18	16
Umidade relativa ar	%	78,6	84,0	85,1	73,6	80,8	83,9

FONTE: EPAGRI (2009)

Posteriormente o material foi transferido para campo para formação de um banco ativo de germoplasma, seguindo um delineamento de teste de progênies, para fornecimento de material e informações para futuros programas de melhoramento e conservação genética da espécie. Todavia, no presente trabalho foram levados em consideração somente os dados coletados em viveiro.

O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso, 48 tratamentos (progênies), 20 plantas por parcela linear, e oito repetições, com bordadura de duas

³ Dados da estação meteorológica da Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI) localizada na Battistella Florestal

plantas. A sementeira foi realizada em tubetes de 100 cm³, duas sementes por recipiente, com a utilização de substrato comercial Rohrbacher Florestal® (composto por casca de pinus, vermiculita, NPK e calcário), adicionando-se 250 g de adubo de liberação lenta Osmocote® 18:5:9 para cada saco de 25 Kg de substrato.

Após a sementeira, as mesas com os tubetes foram transferidas para uma estufa com cobertura plástica e sombrite de 50% na parte superior e lateral. O material recebeu irrigação por aspersão durante cinco a 20 minutos duas vezes ao dia, dependendo da fase de desenvolvimento das mudas e das condições climáticas.

Após 49 dias da instalação do experimento, realizou-se a repicagem do material permanecendo a primeira plântula germinada de cada tubete. Em seguida, antes das plantas entrarem em competição, efetuou-se a alternagem aumentando o espaçamento entre as mudas, permanecendo 50% da lotação inicial. Aos 81 dias após a sementeira realizou-se a segunda alternagem, permanecendo 25% da lotação inicial.

Passados 124 dias da sementeira, as mudas foram transferidas para área de pleno sol, fase de rustificação. Com a finalidade de proteção das mudas contra intempéries as mesmas foram cobertas por uma tela de proteção transparente. Nesta fase as mudas recebiam irrigação diária, duas vezes ao dia por 20 minutos de duração cada (FIGURA 6 F).

3.3 COLETA DE DADOS

No presente estudo optou-se por nomear os dados obtidos por mensuração direta de “dados primários” e os obtidos a partir destes de “dados secundários”. Segue abaixo a descrição da coleta de dados.

3.3.1 Coleta de dados primários

Inicialmente coletou-se dados da massa das sementes de cada matriz, a partir da estimativa da massa de 100 sementes. Foram coletadas 10 amostras de 10 sementes sem alas de cada tratamento, realizando-se a pesagem em balança analítica de precisão de 0,0001 g.

Após 19 dias da instalação do experimento, com o início do surgimento de plântulas, iniciou-se a avaliação da emergência do material, a qual foi verificada a cada dois dias a partir da contagem do número de plântulas emergidas por tratamento. Considerou-se plântula emergida as que se encontravam com os cotilédones dispostos totalmente fora do substrato do tubete. Esta avaliação foi realizada durante 28 dias.

A partir destas informações realizou-se o cálculo do Índice de Velocidade de Emergência (MAGUIRE, 1962) utilizando-se a seguinte relação:

$$IVE = \sum_i^j \frac{N_{ij}}{D_{ij}}$$

Em que:

IVE = índice de velocidade de emergência

N_{ij} = número de sementes emergidas no período

D_{ij} = dia da contagem

A avaliação do diâmetro do colo e altura das mudas foi realizada três vezes, em intervalos de aproximadamente 40 dias. A primeira avaliação foi aos 61 dias da instalação do experimento (40 dias após o início da emergência) com a medição dos oito blocos; a segunda aos 102 dias da instalação com a medição de quatro blocos; e a terceira aos 145 dias da instalação com a medição dos oito blocos. Para a medição de diâmetro do colo utilizou-se paquímetro digital de precisão 0,01 mm, e para medição da altura utilizou-se régua graduada (FIGURA 6 G, H).

A coleta de material para avaliação da massa seca da parte aérea e da massa seca do sistema radicial foi realizada aos 172 dias após a instalação do experimento. Para tanto, foram coletadas as quatro primeiras plantas de cada parcela em cinco blocos do experimento. Efetuou-se a retirada das mudas dos

tubetes, agitando levemente as mesmas para retirar o substrato das raízes. Em seguida, realizou-se a contagem do número de folhas de cada muda e a separação da parte aérea do sistema radicial, acondicionando cada uma separadamente em sacos de papel Kraft com identificação do bloco, tratamento e número da muda na parcela. Após a coleta o material foi armazenado em laboratório para pré-secagem. Posteriormente, efetuou-se a secagem em estufa a aproximadamente 110°C até peso constante. A secagem foi realizada por blocos, efetuando-se a pesagem de cada muda em balança analítica de precisão de 0,0001 g (FIGURA 6 J, K, L).

Para avaliação da área foliar, aos 175 dias efetuou-se a coleta da terceira folha totalmente expandida a contar da gema apical da muda, de cinco plantas por parcela em três blocos, sendo identificadas e acondicionadas em folhas de jornal para posterior avaliação da área foliar (FIGURA 6 I). Para medição da área foliar as amostras de folha foram digitalizadas em preto e branco, a uma resolução de 75 dpi. Posteriormente as imagens foram analisadas no programa ARCGIS9.1 no Laboratório de Geoprocessamento do Curso de Engenharia Florestal da UFPR.

O resumo dos dados coletados pode ser observado no QUADRO 4.

QUADRO 4 - Descrição dos dados primários coletados no teste de progênes de *Cedrela fissilis*

Variável	Descrição	Unidade	Momento da avaliação (dias após a semeadura)	Nº de blocos avaliados	Nº de mudas avaliadas por parcela
M100Sem	massa de 100 sementes	g	0	10 amostras por matriz	10 sementes por amostra
IVE	índice de velocidade de emergência de mudas, dados médios por parcela	Adimensional	19 - 47	8	20
%E	porcentagem de emergência, dados médios de parcela	%	47	8	20
A1	altura total da muda na primeira avaliação	cm	61	8	20
A2	altura total da muda na segunda avaliação	cm	102	4	20
A3	altura total da muda na terceira avaliação	cm	145	8	20
D1	diâmetro do colo da muda na primeira avaliação	mm	61	8	20
D2	diâmetro do colo da muda na segunda avaliação	mm	102	4	20
D3	diâmetro do colo da muda na terceira avaliação	mm	145	8	20
Sobreviv	sobrevivência na terceira avaliação	0-morta; 1-viva	145	8	20
AF	área foliar da terceira folha do ápice pra a base da muda	cm ²	175	3	5
NF	número total de folhas por muda	unidades	172	5	4
MSA	massa seca aérea por muda	g	172	5	4
MSR	massa seca do sistema radicial por muda	g	172	5	4

FONTE: O autor (2009)

3.3.2 Cálculo de dados secundários

A partir dos dados originais coletados, foram obtidos dados secundários, sendo eles:

Incrementos periódicos: devido a existência de diferenças no início e velocidade da emergência entre progênes, realizou-se cálculos de incrementos periódicos entre

os períodos de avaliação, no intuito de amenizar o efeito do processo de emergência nos dados utilizados para análise (QUADRO 5).

Relações entre altura e diâmetro do colo: a divisão entre a altura da muda e seu diâmetro do colo permite a obtenção de um índice de qualidade de mudas importante. Mudas que apresentam uma menor relação altura/diâmetro apresentam uma melhor qualidade, o que reflete diretamente no sucesso do estabelecimento da mesma em campo (QUADRO 5).

Demais dados secundários: a partir da massa seca aérea e massa seca de raiz de cada muda, obtidos separadamente, realizou-se o cálculo da massa seca total de cada muda. Também se efetuou o cálculo da relação entre massa seca aérea e massa seca de raiz, obtendo-se outro índice de qualidade de mudas, sendo que mudas com um menor índice demonstram um melhor desenvolvimento do sistema radicial, que apresenta implicações diretas na sobrevivência da mesma em campo (QUADRO 5).

QUADRO 5 - Descrição dos dados secundários obtidos a partir dos dados primários do teste de progênies de *Cedrela fissilis*

Variável	Descrição	Unidade	Momento da avaliação (dias após sementeira)	Nº de blocos avaliados	Nº de mudas avaliadas por parcela
A2-A1	incremento em altura entre a primeira e a segunda avaliação	cm	61 e 102	4	20
A3-A2	incremento em altura entre a segunda e a terceira avaliação	cm	102 e 145	4	20
A3-A1	incremento em altura entre a primeira e a terceira avaliação	cm	61 e 145	8	20
D2-D1	incremento em diâmetro do colo entre a primeira e a segunda avaliação	mm	61 e 102	4	20
D3-D2	incremento em diâmetro do colo entre a segunda e a terceira avaliação	mm	102 e 145	4	20
D3-D1	incremento em diâmetro do colo entre a primeira e a terceira avaliação	mm	61 e 145	8	20
A1/D1	relação entre altura e diâmetro do colo na primeira avaliação	cm/mm	61	8	20
A2/D2	relação entre altura e diâmetro do colo na segunda avaliação	cm/mm	102	4	20
A3/D3	relação entre altura e diâmetro do colo na terceira avaliação	cm/mm	145	8	20
MST	massa seca total da muda	g	172	5	4
MSA/MSR	relação entre massa seca da parte aérea e massa seca de raiz	g/g	172	5	4

FONTE: O autor (2009)

3.4 ANÁLISE DE DADOS

3.4.1 Avaliação da diferença genética entre os três grupos de matrizes de *Cedrela fissilis* delimitados espacialmente

Para esta avaliação realizou-se a análise dos dados com o software Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada (SELEGEN) (RESENDE, 2006). A

análise foi efetuada utilizando o modelo que considerou: “avaliação de indivíduos em progênies de polinização aberta de plantas com sistema reprodutivo misto - avaliação em um local no delineamento de blocos ao acaso, progênies de várias populações, várias plantas por parcela”. Utilizou-se um modelo de sistema misto de reprodução, baseado em Gandara (1996) e Póvoa (2002) que obtiveram resultados com marcadores moleculares que indicam que *Cedrela fissilis* é uma espécie com sistema misto de reprodução, predominantemente alógama.

Uma vez que não se realizou análises com marcadores moleculares, a taxa de autofecundação da população amostrada era desconhecida. Testaram-se então taxas de autofecundação de tal forma que as estimativas de herdabilidades individuais fossem inferiores às herdabilidades entre famílias (RESENDE, 2009; SEBBENN, 2009; PINA-RODRIGUES, 2010) (informação pessoal)⁴, utilizando-se assim uma taxa de autofecundação de 20% para todas as estimativas do presente trabalho.

O modelo estatístico considerado foi $y = Xm + Za + Wp + Tb + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), b é vetor dos efeitos de população (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos (RESENDE, 2006).

Associados a esse modelo, têm-se as seguintes distribuições e estruturas de médias e variâncias:

$$y|m, V \sim N(Xm, V)$$

$$a|A, \sigma_a^2 \sim N(0, A \sigma_a^2)$$

$$c|\sigma_c^2 \sim N(0, I \sigma_c^2)$$

$$b|\sigma_b^2 \sim N(0, I \sigma_b^2)$$

$$e|\sigma_e^2 \sim N(0, I \sigma_e^2)$$

As co-variâncias entre todos os efeitos aleatórios do modelo são consideradas nulas.

⁴ RESENDE, M. D. V.; SEBBENN, A. M.; PINA-RODRIGUES, F. C. M. Pesquisadores consultados pessoalmente sobre o assunto.

Assim:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ b \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xm \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad e \quad Var \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ b \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZG & WC & TB & R \\ GZ & G & 0 & 0 & 0 \\ CW' & 0 & C & 0 & 0 \\ BT' & 0 & 0 & B & 0 \\ R & 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

Em que:

$$G = A \sigma_a^2$$

$$C = I \sigma_c^2$$

$$B = I \sigma_b^2$$

$$R = I \sigma_e^2$$

$$V = ZA \sigma_a^2 Z' + WI \sigma_c^2 W' + T' I \sigma_b^2 T + I \sigma_e^2 = ZGZ' + WCW' + TBT' + R.$$

As equações de modelo misto para a predição BLUP dos valores genéticos individuais equivalem a:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'T \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W & Z'T \\ W'X & W'Z & W'W + \lambda_2 & W'T \\ T'X & T'Z & T'W & T'T + \lambda_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{c} \\ \hat{b} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ T'y \end{bmatrix}$$

Em que:

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1 - h^2 - c^2 - b^2}{h^2}; \quad \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_c^2} = \frac{1 - h^2 - c^2 - b^2}{c^2}$$

$$\lambda_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_b^2} = \frac{1 - h^2 - c^2 - b^2}{b^2}$$

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2 + \sigma_b^2}; \quad c^2 = \frac{\sigma_c^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2 + \sigma_b^2}; \quad b^2 = \frac{\sigma_b^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2 + \sigma_b^2}$$

Onde:

h^2 : herdabilidade individual no sentido restrito no bloco;

c^2 : correlação devido ao ambiente comum da parcela;

σ_a^2 : variância genética aditiva;

σ_c^2 : variância entre parcelas;

σ_e^2 : variância residual;

A: matriz de correlação genética aditiva entre os indivíduos em avaliação.

Desta forma, os componentes de variância estimados foram: V_g - variância genética entre famílias, cujos componentes da variância genética aditiva e variância genética de dominância dependem da taxa de autofecundação; V_{parc} - variância ambiental entre parcelas; V_{proc} - variância genética entre populações; V_e - variância residual; V_f - variância fenotípica individual; h_a^2 - herdabilidade individual total no sentido restrito; c_{parc}^2 - coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; c_{proc}^2 - coeficiente de determinação dos efeitos de populações; h_{ad}^2 - herdabilidade aditiva dentro de parcela; Média geral do experimento (RESENDE, 2006).

3.4.2 Estimativa de parâmetros genéticos

3.4.2.1 Estimativa de componentes de variância

Para a estimativa de parâmetros genéticos utilizou-se o software Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada (SELEGEN) (RESENDE, 2006). O modelo utilizado considerou: “avaliação de indivíduos em progênies de polinização aberta de plantas com sistema reprodutivo misto em um local no delineamento de blocos ao acaso, progênies de uma só população, várias plantas por parcela”. Para as estimativas considerou-se uma taxa de autofecundação de 20%, conforme descrito no item anterior. Utilizou-se para esta análise modelo considerando uma só população a partir dos resultados obtidos no tópico anterior.

O modelo estatístico foi $y = Xb + Za + Wc + e$, em que y é o vetor de dados, b é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), c é o vetor dos efeitos de parcela (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos

(aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Abaixo são descritas as distribuições e estruturas de médias e variâncias.

$$y|b, V \sim N(Xb, V)$$

$$a|A, \sigma_a^2 \sim N(0, A \sigma_a^2)$$

$$c|\sigma_c^2 \sim N(0, I \sigma_c^2)$$

$$e|\sigma_e^2 \sim N(0, I \sigma_e^2)$$

$$\text{Cov}(a, c') = 0; \quad \text{Cov}(a, e') = 0; \quad \text{Cov}(c, e') = 0$$

Ou seja,

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad e \quad \text{Var} \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZG & WC & R \\ GZ' & G & 0 & 0 \\ CW' & 0 & C & 0 \\ R & 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

Em que:

$$G = A \sigma_a^2$$

$$R = I \sigma_e^2$$

$$C = I \sigma_c^2$$

$$V = ZA \sigma_a^2 Z' + WI \sigma_c^2 W' + I \sigma_e^2 = ZGZ' + WCW' + R.$$

As equações do modelo misto são as que seguem,

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}$$

Em que,

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1-h^2-c^2}{h^2}; \quad \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_c^2} = \frac{1-h^2-c^2}{c^2}$$

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2} \quad c^2 = \sigma_c^2 / (\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2)$$

Onde:

h^2 : herdabilidade individual no sentido restrito no bloco;

c^2 : correlação devido ao ambiente comum da parcela;

σ_a^2 : variância genética aditiva;

σ_c^2 : variância entre parcelas;

σ_e^2 : variância residual;

A: matriz de correlação genética aditiva entre os indivíduos em avaliação.

Com isso, os componentes de variância estimados foram: V_g - variância genética entre famílias, cujos componentes da variância genética aditiva e variância genética de dominância dependem da taxa de autofecundação; V_{parc} - variância ambiental entre parcelas; V_e - variância residual; V_f - variância fenotípica individual; h^2_a - herdabilidade individual em sentido restrito; c^2_{parc} - coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; h^2_{mp} - herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa; Ac_{prog} - acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa; h^2_{ad} - herdabilidade aditiva dentro de parcela; Média geral do experimento (RESENDE, 2006).

Como as variáveis %E (porcentagem de emergência) e IVE (índice de velocidade de emergência) não apresentavam dados em nível de indivíduos, e sim em nível de médias por parcela, utilizou-se o modelo que considera: “avaliação de indivíduos em progênies de polinização aberta de plantas com sistema reprodutivo misto, em um local no delineamento de blocos ao acaso, progênies de uma só população, uma planta por parcela”. Para as estimativas utilizou-se uma taxa de autofecundação de 20%. Este modelo considera $y = Xr + Za + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

A descrição das equações do modelo anterior se aplica ao presente modelo, sendo empregado uma única planta por parcela. Os componentes de variância

estimados por este modelo foram: V_g - variância genética entre famílias, cujos componentes da variância genética aditiva e variância genética de dominância dependem da taxa de autofecundação; V_e - variância residual; V_f - variância fenotípica individual; h^2_a - herdabilidade individual no sentido restrito; h^2_{mp} - herdabilidade da média de progênie, assumindo sobrevivência completa; Ac_{prog} - acurácia da seleção de progênie, assumindo sobrevivência completa; h^2_{ad} - herdabilidade aditiva dentro de parcela; Média geral do experimento (RESENDE, 2006).

Os coeficientes de variação genéticos entre (CVg) e dentro (CVd) de progênies foram estimados pela esperança de quadrados médios a partir de dados médios de parcela de acordo com procedimentos descritos por Vencovsky e Barriga (1992). As expressões utilizadas são as que seguem.

$$CV_g = \frac{\sigma_p^2}{u} \cdot 100 \quad \text{e} \quad CV_d = \frac{\sigma_d^2}{u} \cdot 100$$

Em que σ_p^2 é a estimativa da variância genética entre progênies, σ_d^2 é a variância dentro de progênies e u é a média geral do caractere.

3.4.2.2 Estimativa de correlações genéticas e fenotípicas

As correlações genéticas foram calculadas a partir dos valores genéticos estimados pelo programa SELEGEN para cada variável de cada progênie, estimando em seguida o coeficiente de correlação de Pearson no programa Statgraphics plus 5.1 (STATGRAPHICS, 2001).

O coeficiente de correlação de Pearson é uma estatística que fornece uma mensuração normalizada livre de fatores de escala da associação linear entre duas variáveis, e é dada por:

$$r = \frac{\sum(xi - \bar{x})(yi - \bar{y})}{\sqrt{(\sum(xi - \bar{x})^2)(\sum(yi - \bar{y})^2)}}$$

Em que r é o coeficiente de correlação de Pearson entre as variáveis x e y .

O coeficiente varia de -1 a +1, sendo que correlações positivas indicam que as variáveis variam na mesma direção e correlações negativas indicam que as

variáveis variam em direções opostas. Variáveis estatisticamente independentes têm expectativa de correlação igual a zero (STATGRAPHICS, 2001).

Para avaliar a influência da massa das sementes nos caracteres analisados, optou-se por realizar a estimativa de correlações fenotípicas, uma vez que o caractere massa de sementes não apresentava estimativas de valores genéticos preditos, devido aos dados não provirem de teste genético. Para tanto, valores fenotípicos médios de todos os caracteres para todas as famílias foram utilizados para a estimativa do coeficiente de correlação de Pearson no programa Statgraphics plus 5.1.

Os valores de correlação foram interpretados de acordo com a TABELA 3, proposta por Santos (2007).

TABELA 3 – Classificação dos coeficientes de correlação

Coeficiente de correlação	Correlação
$r = 1$	Perfeita positiva
$0,8 \leq r < 1$	Forte positiva
$0,5 \leq r < 0,8$	Moderada positiva
$0,1 \leq r < 0,5$	Fraca positiva
$0 < r < 0,1$	Íntima positiva
0	Nula
$-0,1 < r < 0$	Íntima negativa
$-0,5 < r \leq -0,1$	Fraca negativa
$-0,8 < r \leq -0,5$	Moderada negativa
$-0,1 < r \leq -0,8$	Forte negativa
$r = -1$	Perfeita negativa

FONTE: Santos (2007)

3.4.2.3 Estimativa do tamanho efetivo populacional (N_e)

Segundo Resende (2002) a determinação do N_e em populações experimentais monóicas com sistema reprodutivo misto e variados números de indivíduos por família de polinização aberta é dada por:

$$Ne = \frac{2(2 - S)N_f k_f}{(1 + S)^2 \frac{\sigma_{k_f}^2}{k_f} + (1 + S)^2 k_f + (3 - 2S - S^2)}$$

Em que S refere-se a taxa de autofecundação; N_f é o número de famílias; k_f é o número total de indivíduos por família; e $\sigma_{k_f}^2$ é expresso por:

$$\sigma_{k_f}^2 = \left[\sum_{i=1}^{N_f} (k_{fi} - 2)^2 \right] / N_f$$

Estimativas do tamanho efetivo variando o número de plantas por família foram realizadas utilizando-se o software SELEGEN, a partir do modelo de otimização da seleção em função da endogamia e do tamanho efetivo.

3.4.2.4 Análise de Deviance

Com a finalidade de avaliar a significância estatística entre os tratamentos realizou-se a Análise de Deviance, com auxílio do software SELEGEN, a partir do procedimento descrito por Resende (2007).

3.4.3 Simulação de seleção genética

3.4.3.1 Seleção entre famílias

Com a finalidade de observar o potencial do material amostrado, considerando que o padrão de variabilidade genética se mantivesse até a idade adequada para seleção genética, realizou-se uma simulação de seleção entre famílias, a partir do ranking das mesmas. Para tanto se utilizou os parâmetros genéticos estimados a partir do software SELEGEN para os caracteres diâmetro do colo e altura das mudas mensuradas aos 145 dias (D3 e A3), estimando-se o ganho

genético com a seleção, de acordo com a expressão $a = D_s \times h^2$, em que $D_s = M_s - M_o$. Sendo: a = ganho genético; D_s = diferencial de seleção; h^2 = herdabilidade; M_s = média da população selecionada; M_o = média da população original.

3.4.3.2 Seleção entre e dentro de famílias

A partir das estimativas dos parâmetros genéticos efetuou-se um novo arquivo de dados, utilizando-se o modelo de otimização de seleção em função da endogamia e do N_e para a simulação de seleção entre e dentro de progênies. Selecionou-se os 50 indivíduos com maiores valores genéticos para diâmetro do colo e altura total das mudas, com a restrição de no máximo 5 indivíduos por família, efetuando-se o cálculo do ganho genético com a seleção, a exemplo do item anterior.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 AVALIAÇÃO DA DIFERENÇA GENÉTICA ENTRE OS TRÊS GRUPOS DE MATRIZES DELIMITADOS ESPACIALMENTE

Com base nos resultados da análise de dados verificou-se que entre as 13 variáveis primárias avaliadas, somente D1 foi estatisticamente significativa entre os grupos de matrizes pela Análise de Deviance (ANADEV) (TABELA 4).

TABELA 4 - Média fenotípica das variáveis primárias para os três grupos de *Cedrela fissilis* delimitados espacialmente e significância dos grupos por Análise de Deviance

Variável	A1	D1	A2	D2	A3	D3	Sobrev	AF	NF	MSA	MSR	IVE	%E
Média G1	6,92	1,68	12,44	3,88	19,33	5,99	98,82	43,35	8,50	1,97	1,43	6,66	93,92
Média G2	6,47	1,53	12,11	3,63	19,45	5,91	98,26	41,15	8,91	2,05	1,43	5,97	91,72
Média G3	6,97	1,58	12,32	3,67	20,32	5,79	97,81	38,19	9,10	2,06	1,44	7,35	90,81
c ² proc%	4,10	7,45	0,15	2,68	0,50	0,18	0,01	3,18	1,19	0,07	0,04	7,09	0,15
Sig Proc	ns	*	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns

LEGENDA: (*) estatisticamente significativo a 95% de probabilidade pela Análise de Deviance; **ns** - não significativo pela Análise de Deviance; **c²proc%** - coeficiente de determinação dos efeitos de grupos; **Sig Proc** - significância estatística dos efeitos dos grupos de matrizes pela Análise de Deviance; **A1** - altura total da muda aos 61 dias (cm); **A2** - altura total da muda aos 102 dias (cm); **A3** - altura total da muda aos 145 dias (cm); **D1** - diâmetro do colo da muda aos 61 dias (mm); **D2** - diâmetro do colo da muda aos 102 dias (mm); **D3** - diâmetro do colo da muda aos 145 dias (mm); **Sobreviv** - sobrevivência aos 145 dias (%); **AF** - área foliar da terceira folha do ápice pra a base da muda, aos 175 dias (cm²); **NF** - número total de folhas por muda aos 172 dias (unidade); **MSA** - massa seca aérea por muda aos 172 dias (g); **MSR** - massa seca do sistema radicial por muda aos 172 dias (g); **IVE** - índice de velocidade de emergência, dados médios por parcela; **%E** - porcentagem de emergência, dados médios de parcela (%).

FONTE: O autor (2009)

Entre as 11 variáveis secundárias, nenhuma apresentou significância pela ANADEV (TABELA 5). O fato da ANADEV não ser significativa indica que não foi possível detectar diferenças genéticas entre os três grupos de matrizes delimitados espacialmente. Os quadros da ANADEV podem ser visualizados na TABELA 12 e 13 do Apêndice.

TABELA 5 - Média fenotípica das variáveis secundárias para os três grupos de *Cedrela fissilis* delimitados espacialmente e significância dos grupos por Análise de Deviance

Variável	A1/D1	A2/D2	A3/D3	A2-A1	D2-D1	A3-A2	D3-D2	A3-A1	D3-D1	MST	MSA/MSR
Média G1	4,23	3,25	3,28	5,50	2,17	6,68	2,25	12,40	4,31	3,40	1,39
Média G2	4,29	3,39	3,34	5,73	2,09	7,15	2,37	12,98	4,38	3,47	1,48
Média G3	4,44	3,41	3,57	5,48	2,08	7,62	2,20	13,34	4,20	3,50	1,49
c ² proc%	0,12	0,92	2,31	0,14	5,22	2,98	1,51	0,20	0,53	0,02	0,11
Sig Proc	ns	ns	ns								

LEGENDA: **ns** - não significativo pela Análise de Deviance; **c²proc%** - coeficiente de determinação dos efeitos de grupos; **Sig Proc** - significância estatística dos efeitos dos grupos de matrizes pela Análise de Deviance; **A1/D1** - relação entre altura e diâmetro do colo aos 61 dias (cm/mm); **A2/D2** - relação entre altura e diâmetro do colo aos 102 dias (cm/mm); **A3/D3** - relação entre altura e diâmetro do colo aos 145 dias (cm/mm); **A2-A1** - incremento em altura entre 61 e 102 dias (cm); **D2-D1** - incremento em diâmetro do colo entre 61 e 102 dias (mm); **A3-A2** - incremento em altura entre 102 e 145 dias (cm); **D3-D2** - incremento em diâmetro do colo entre 102 e 145 dias (mm); **A3-A1** - incremento em altura entre 61 e 145 dias (cm); **D3-D1** - incremento em diâmetro do colo entre 61 e 145 dias (mm); **MST** - massa seca total por muda, aos 172 dias (g); **MSA/MSR** - relação entre massa seca aérea e massa seca de raiz por muda, aos 172 dias (g/g).

FONTE: O autor (2009)

O coeficiente de determinação dos efeitos de grupos (c²_{proc}%) determina o percentual médio de diferença entre os grupos. Para a maioria das variáveis (19 de 23) esse coeficiente ficou abaixo de 3%, e para a única variável que apresentou diferença significativa pela ANADEV (D1), o índice foi de 7,45%. Como somente uma variável apresentou diferença significativa entre os grupos pela ANADEV, é possível inferir que o fato possa ter ocorrido devido ao acaso.

Um dos prováveis motivos de não ser identificada diferenciação genética entre os grupos, pode estar relacionado a similaridades nas pressões de seleção sofridas pelos três grupos, uma vez que os mesmos encontram-se relativamente próximos (cerca de 12 Km entre os limites dos grupo 1 e grupo 2; 17 Km entre os limites dos grupo 2 e grupo 3; 43 Km entre os limites dos grupo 1 e grupo 3) (FIGURA 5), não representando um diferencial de latitude e longitude expressivo. A diferença de altitude entre os grupos também não foi muito expressiva, com uma altitude média de 916 m para o grupo 1, 868 m para o grupo 2 e 880 m para o grupo 3 (TABELA 1). Essas diferenças ambientais entre as localidades dos grupos de árvores provavelmente não foram suficientes para promover pressões de seleção diferenciadas, que possam favorecer genes específicos para cada grupo.

Outro ponto importante é a possibilidade das diferenças entre grupos não serem expressas nos caracteres juvenis avaliados. Todavia, diferenças significativas entre procedências de *Cedrela fissilis*, para caracteres juvenis coletados em viveiro, foram encontradas por Firkowski (1983). O autor encontrou diferenças significativas entre cinco procedências para diâmetro do colo e altura de mudas com um e dois anos de idade e para massa seca de mudas aos dois anos. A diferenciação entre procedências no referido estudo poderia ser explicada pela grande distância (acima de 200 Km) entre as populações amostradas (Jaracatia-PR, Roncador-PR, Pinhal-PR, Telêmaco Borba-PR e Chapecó-SC), pela grande variação de altitude (400 a 760 m), de Latitude (entre 23°00' a 26°40') e de Longitude (entre 53°20' e 50°35') existente entre as áreas amostradas. Estas áreas chegam a fazer parte de tipologias florestais distintas (Floresta Ombrofila Mista e Floresta Estacional Semidecidual), o que certamente provocou pressões de seleção diferenciadas e dificuldade de fluxo gênico entre as populações, promovendo tal diferenciação.

Outro aspecto a ser considerado é a possibilidade de trocas gênicas entre os grupos, que pode prevenir a diferenciação dos grupos de matrizes. No entanto, como os principais vetores de polinização são pequenos insetos como abelhas, provavelmente estes não tenham alcance de dezenas de quilômetros para possibilitar um fluxo gênico direto entre os três grupos de matrizes. Estudos com marcadores moleculares sugerem um fluxo gênico por polinização em *Cedrela fissilis* de aproximadamente 950 metros (GANDARA, 1996). A dispersão de sementes, que é realizada pelo vento, provavelmente também não seja tão eficiente para possibilitar um fluxo gênico direto entre os grupos.

Contudo, se considerarmos a situação durante a evolução da espécie há a possibilidade de trocas gênicas indiretas entre os grupos, podendo evitar a diferenciação genética entre os mesmos. O conceito de *stepping stone* (ilhas de conexão) poderia ser levado em conta neste caso. Bittencourt (2007) explica tal conceito como sendo o “balanço entre fluxo gênico em pequenas distâncias geográficas e deriva genética dentro das populações locais”. Este balanço poderia ocorrer a partir de fluxos gênicos indiretos passados de fragmento a fragmento.

A ecologia da espécie também colabora para a inexistência de diferenças significativas entre os grupos. Póvoa, (2002) verificou que em *Cedrela fissilis* a maior

parte da variabilidade genética encontrava-se dentro das populações e não entre elas, afirmando estar de acordo com a síndrome de dispersão de pólen e sementes.

Loveless e Hamrick (1984) realizaram extenso levantamento de trabalhos referentes a influência dos aspectos ecológicos das espécies na estrutura genética de populações, obtendo uma generalização de tais influências para espécies vegetais em geral. A partir das características ecológicas apresentadas por *Cedrela fissilis* é possível relacionar e destacar os aspectos a seguir: **sistema de cruzamento predominantemente alógamo**: espécies de polinização cruzada tendem a apresentar reduzida divergência genética entre populações devido ao fluxo de pólen; **espécie monóica**: o incremento de cruzamentos não correlacionados e o fluxo de pólen reduzem as possibilidades de diferenciação; **dispersão de sementes anemocórica**: pequenos montantes de migração a longa distância podem prevenir a diferenciação; **floração sazonal e sincrônica**: apresenta potencial para extensivo fluxo gênico, reduzindo a probabilidade de diferenciação; **ciclo de vida longo**: reduz efeito de deriva, incrementa chances de migração, dificultando a divergência; **estágio sucessional tardio**: estruturas de populações de vida longa promovem migração, reduz a deriva, reduzindo a diferenciação; **baixa densidade populacional**: baixas densidades podem promover fluxo de pólen a longas distâncias, incrementando a homogeneidade; **distribuição espacial uniforme**: promove migração e homogeneidade. Apenas a característica de **entomofilia** discorda com os resultados do presente trabalho, pois a possibilidade de movimentação limitada de pólen e o forrageamento local realizado por insetos pequenos tendem a diferenciação entre populações. Entretanto, é provável que os demais fatores em conjunto tenham atuado em maior intensidade para evitar a ocorrência de diferenciação entre os grupos de matrizes.

Por não haver diferenças significativas entre os grupos de matrizes delimitados espacialmente pode-se considerar a área de amostragem como uma única zona de coleta e uso de sementes. Com isso, é possível utilizar sementes coletadas das matrizes amostradas para a restauração florestal em toda área de abrangência da amostragem, sem afetar o “pool” gênico da espécie no local. Esta consideração também é válida para utilização de sementes do banco ativo de germoplasma instalado com as progênies das matrizes amostradas.

Levando em conta as possíveis similaridades nas características ambientais entre as localidades de amostragem, o presente resultado também concorda com os trabalhos de Cunningham (1975), que inicialmente estabeleceu zonas de coleta e uso de sementes a partir de informações topográficas e climáticas.

4.2 ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS

4.2.1 Componentes de variância

Com base nos resultados das análises de dados foi possível observar que o delineamento e controle experimental foram adequados, por apresentar acurácias altas (acima de 90% para a maioria das variáveis), uma vez que segundo Resende (2002), valores de acurácia a partir de 70% significam que os valores estimados são confiáveis quando comparados aos valores reais. Também se verificou alto controle genético dos caracteres avaliados, expresso pelos altos coeficientes de herdabilidade (TABELA 6 e 7).

TABELA 6 - Estimativa de parâmetros genéticos para as variáveis primárias de 48 progênies de *Cedrela fissilis*

Parâmetro	A1	D1	A2	D2	A3	D3	Sobrev	AF	NF	MSA	MSR	IVE ³	%E ³
h ² a	0,91	0,75	0,52	0,42	0,39	0,41	0,02	0,33	0,38	0,11	0,11	1	1
h ² ad	0,95	0,76	0,48	0,32	0,36	0,33	0,02	0,26	0,29	0,08	0,08	1	1
h ² mp	0,97	0,94	0,84	0,90	0,85	0,93	0,48	0,60	0,75	0,40	0,38	0,99	0,89
Acprog	0,98	0,97	0,92	0,95	0,92	0,96	0,69	0,77	0,87	0,64	0,62	0,99	0,94
CVd% ²	13,12	12,48	13,30	13,80	15,46	11,86	13,14	23,70	14,78	19,71	18,98	1	1
CVg% ²	9,53	7,95	6,87	5,87	6,97	5,07	1,29	9,08	5,96	4,16	4,05	24,12	5,83
Média	6,79	1,60	12,38	3,69	19,86	5,85	98,22	40,55	8,82	2,03	1,44	6,63	91,64
Sig Gen	**	**	**	**	**	**	**	**	**	*	*	**	**

LEGENDA: (*) - estatisticamente significativo a 95% de probabilidade pela Análise de Deviance; (**) - estatisticamente significativo a 99% de probabilidade pela Análise de Deviance; ns - estatisticamente não significativo pela Análise de Deviance; (1) - parâmetros não estimados por se tratar de dados médios por parcela; (2) - parâmetros estimados por esperança de quadrados médios; h²a - herdabilidade individual no sentido restrito; h²ad - herdabilidade aditiva dentro de parcela; h²mp - herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa; Acprog - acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa; CVd% - coeficiente de variação genética dentro de famílias; CVg% - coeficiente de variação genética entre famílias; Média - média do caractere; Sig Gen - significância estatística dos efeitos genéticos pela Análise de Deviance; A1 - altura total da muda aos 61 dias (cm); A2 - altura total da muda aos 102 dias (cm); A3 - altura total da muda aos 145 dias (cm); D1 - diâmetro do colo da muda aos 61 dias (mm); D2 - diâmetro do colo da muda aos 102 dias (mm); D3 - diâmetro do colo da muda aos 145 dias (mm); Sobreviv - sobrevivência aos 145 dias (%); AF - área foliar da terceira folha do ápice pra a base da muda, aos 175 dias (cm²); NF - número total de folhas por muda aos 172 dias (unidade); MSA - massa seca aérea por muda aos 172 dias (g); MSR - massa seca do sistema radicial por muda aos 172 dias (g); IVE - índice de velocidade de emergência, dados médios por parcela; %E - porcentagem de emergência, dados médios de parcela (%).

FONTE: O autor (2009)

TABELA 7 - Estimativa de parâmetros genéticos para as variáveis secundárias de 48 progênie de *Cedrela fissilis*

Parâmetro	A1/D1	A2/D2	A3/D3	A2-A1	D2-D1	A3-A2	D3-D2	A3-A1	D3-D1	MST	MSA/MSR
h ² a	0,31	0,65	0,57	0,41	0,24	0,42	0,24	0,36	0,36	0,09	0,20
h ² ad	0,34	0,58	0,54	0,35	0,18	0,37	0,17	0,33	0,29	0,06	0,15
h ² mp	0,73	0,91	0,92	0,83	0,81	0,80	0,81	0,84	0,91	0,35	0,54
Acprog	0,85	0,95	0,96	0,91	0,90	0,89	0,90	0,92	0,95	0,59	0,74
CVd% ²	14,63	14,79	17,79	23,62	21,09	30,96	24,02	22,21	15,50	17,02	20,48
CVg% ²	6,21	8,46	9,72	10,39	6,61	13,65	7,17	9,43	6,16	3,22	5,92
Média	4,30	3,40	3,45	5,65	2,08	7,25	2,26	13,06	4,25	3,47	1,45
Sig Gen	**	**	**	**	**	**	**	**	**	ns	**

LEGENDA: (*) - estatisticamente significativo a 95% de probabilidade pela análise de deviance; (**) - estatisticamente significativo a 99% de probabilidade pela análise de deviance; ns - estatisticamente não significativo pela análise de deviance; (?) - parâmetros estimados por esperança de quadrados médios; **h²a** - herdabilidade individual no sentido restrito; **h²ad** - herdabilidade aditiva dentro de parcela; **h²mp** - herdabilidade da média de progênie, assumindo sobrevivência completa; **Acprog** - acurácia da seleção de progênie, assumindo sobrevivência completa; **CVd%** - coeficiente de variação genética dentro de famílias; **CVg%** - coeficiente de variação genética entre famílias; **Média** - média do caractere; **Sig Gen** - significância estatística dos efeitos genéticos pela Análise de Deviance; **A1/D1** - relação entre altura e diâmetro do colo aos 61 dias (cm/mm); **A2/D2** - relação entre altura e diâmetro do colo aos 102 dias (cm/mm); **A3/D3** - relação entre altura e diâmetro do colo aos 145 dias (cm/mm); **A2-A1** - incremento em altura entre 61 e 102 dias (cm); **D2-D1** - incremento em diâmetro do colo entre 61 e 102 dias (mm); **A3-A2** - incremento em altura entre 102 e 145 dias (cm); **D3-D2** - incremento em diâmetro do colo entre 102 e 145 dias (mm); **A3-A1** - incremento em altura entre 61 e 145 dias (cm); **D3-D1** - incremento em diâmetro do colo entre 61 e 145 dias (mm); **MST** - massa seca total por muda aos 172 dias (g); **MSA/MSR** - relação entre massa seca aérea e massa seca de raiz por muda, aos 172 dias (g/g).

FONTE: O autor (2009)

Para a maioria dos caracteres avaliados os coeficientes de herdabilidade (herdabilidade individual no sentido restrito, herdabilidade aditiva dentro de parcela e herdabilidade da média de progênie) podem ser considerados altos (TABELA 6 e 7). Segundo Falconer (1987) caracteres quantitativos são altamente influenciados pelo ambiente, e quanto menor o efeito ambiental sobre o genótipo, maior será a herdabilidade, que representa a fração do caractere controlada geneticamente. Assim, estes altos coeficientes de herdabilidade indicam expressivo controle genético sobre os caracteres avaliados. Com isso, é possível inferir que os caracteres morfológicos juvenis de *Cedrela fissilis* podem ser utilizados para avaliação da variabilidade genética de populações amostradas da espécie. As altas herdabilidades também devem ser reflexo das pequenas variações ambientais do experimento em viveiro.

A maior parte de variabilidade genética encontra-se dentro de famílias, seguido pela variação entre famílias, para todos os caracteres avaliados, conforme pode-se observar ao comparar os coeficientes de variação genética entre e dentro de famílias (CVg% e CVd%). O CVd variou de 13,12% a 30,96% e o CVg da maioria das variáveis ficaram entre 4,05% e 13,65%, sendo que os extremos foram 1,29% para sobrevivência e 24,12% para o IVE (TABELA 6 e 7). Valores de coeficientes de variação genética dentro de famílias superiores a entre famílias são os resultados normalmente encontrados em teste de progênies, estando de acordo com levantamento realizado por Etori *et al.* (1996) de 29 testes de progênies de 13 espécies arbóreas nativas do Brasil entre um e nove anos de idade. A partir dos dados tabulados pelos autores é possível chegar aos seguintes valores médios: CVd de 22,3% e CVg de 4,1% para altura, CVd de 39,1% e CVg de 6,8% para DAP. Com isso, verifica-se que os resultados de CVg e CVd obtidos para *Cedrela fissilis* no presente trabalho estão de acordo com os valores de variação genética obtidos para espécies arbóreas nativas.

A Análise de Deviance foi significativa para praticamente todas as variáveis, e confirma que há diferenças genéticas significativas entre as progênies analisadas. Sebbenn *et al.* (1998) e Sebbenn e Etori (2001) consideram em seus trabalhos que o material genético é adequado para conservação genética *ex situ* da população ao encontrarem diferenças genéticas significativas para os caracteres analisados.

Deve-se lembrar que a avaliação do presente trabalho foi precoce, devendo ser acompanhado o desenvolvimento do material ao longo de seu desenvolvimento em campo. Se tal padrão da variação genética se mantiver com o passar dos anos até a fase adulta, pode-se considerar que o material genético amostrado apresenta boa variabilidade genética, sendo adequado para a utilização em programas de melhoramento genético e de restauração florestal.

4.2.2 Correlações genéticas e fenotípicas

Com a estimativa de correlações genéticas efetuou-se uma matriz de correlação entre todas as variáveis primárias. A matriz de correlações genéticas

(fenotípicas para o caractere massa de 100 sementes) entre os caracteres primários pode ser observada na TABELA 8.

TABELA 8 - Correlações genéticas (fenotípicas para o caractere massa de 100 sementes) entre os caracteres primários de teste de progênes de *Cedrela fissilis*

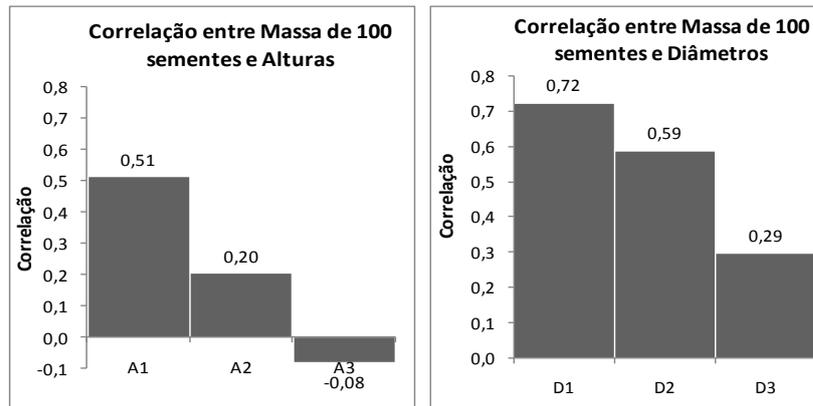
	A1	D1	A2	D2	A3	D3	Sobreviv	AF	MSA	MSR	NF	IVE	%E	M100Sem ¹
A1	1,00													
D1	0,73	1,00												
A2	0,71	0,34	1,00											
D2	0,49	0,76	0,22	1,00										
A3	0,45	0,00	0,71	-0,15	1,00									
D3	0,26	0,45	0,13	0,83	-0,18	1,00								
Sobreviv	0,13	0,00	0,09	0,12	0,07	0,09	1,00							
AF	0,12	0,16	0,09	0,22	-0,04	0,22	0,16	1,00						
MSA	0,19	0,11	0,34	0,09	0,45	0,14	0,00	0,23	1,00					
MSR	0,23	0,39	0,07	0,21	0,03	0,12	-0,10	0,18	0,37	1,00				
NF	0,20	0,01	0,05	-0,07	0,37	-0,07	0,02	-0,41	0,31	0,04	1,00			
IVE	0,57	0,38	0,28	0,15	0,27	0,05	0,25	0,15	0,14	0,08	0,28	1,00		
%E	0,28	0,24	0,00	0,42	-0,07	0,42	0,12	0,22	-0,05	0,10	0,05	0,43	1,00	
M100Sem ¹	0,51	0,72	0,20	0,59	-0,08	0,29	-0,12	0,03	0,01	0,38	-0,06	-0,16	0,11	1,00

LEGENDA: **A1** - altura total da muda aos 61 dias (cm); **D1** - diâmetro do colo da muda aos 61 dias (mm); **A2** - altura total da muda aos 102 dias (cm); **D2** - diâmetro do colo da muda aos 102 dias (mm); **A3** - altura total da muda aos 145 dias (cm); **D3** - diâmetro do colo da muda aos 145 dias (mm); **Sobreviv** - sobrevivência aos 145 dias (%); **AF** - área foliar da terceira folha do ápice pra a base da muda, aos 175 dias (cm²); **MSA** - massa seca aérea por muda aos 172 dias (g); **MSR**- massa seca do sistema radicial por muda aos 172 dias (g); **NF** - número total de folhas por muda aos 172 dias (unidade); **IVE** - índice de velocidade de emergência, dados médios por parcela; **%E** - porcentagem de emergência, dados médios de parcela (%); **M100sem** - massa de 100 sementes (g); **(¹)** - correlações fenotípicas; valores destacados em negrito apresentam correlação moderada positiva, de acordo com classificação proposta por Santos (2007).

FONTE: O autor (2009)

As variáveis sobrevivência, área foliar da terceira folha totalmente expandida (AF), massa seca da parte aérea (MSA), massa seca de raiz (MSR), número de folhas (NF) e porcentagem de emergência (%E) não apresentaram correlação com outros caracteres ou apresentaram correlações fracas, de acordo com a classificação proposta por Santos (2007).

Os valores estimados de correlação fenotípica dos caracteres de crescimento inicial em diâmetro do colo e altura apresentam certa tendência, que possibilitam inferir que estes foram influenciados pela massa das sementes das progênes. O diâmetro do colo foi mais influenciado que a altura, e estas correlações são moderadas na primeira avaliação, diminuindo com o tempo (GRÁFICO 1).



LEGENDA: **A1** - altura total da muda aos 61 dias; **A2** - altura total da muda aos 102 dias; **A3** - altura total da muda aos 145 dias; **D1** - diâmetro do colo da muda aos 61 dias; **D2** - diâmetro do colo da muda aos 102 dias; **D3** - diâmetro do colo aos 145 dias.

GRÁFICO 1 - Correlações fenotípicas entre massa de 100 sementes e altura e diâmetro do colo em três avaliações, para mudas de 48 progênes de *Cedrela fissilis*

FONTE: O autor (2009)

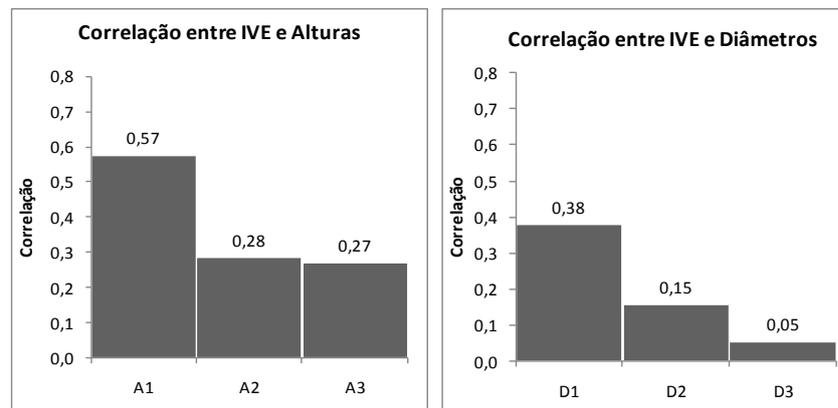
Resultados semelhantes foram encontrados por Salazar (1986) para *Pinus caribaea* var. *hondurensis*, verificando que a alta correlação entre a massa da semente e o crescimento das mudas desapareceu após o segundo mês em viveiro. Para *Pinus sylvestris* Castro (1999) também encontrou correlações positivas entre crescimento inicial das mudas e massa de sementes, entretanto, após uma estação de crescimento essa correlação desapareceu. Nesta mesma linha, Cancela (2007) obteve diferenças significativas, porém pequenas, para diâmetro e altura de mudas de *Pinus taeda* oriundas de sementes de diferentes tamanhos, sendo que após nove meses de plantio em campo essas diferenças não foram mais significativas.

Com isso, em estudos com fins de correlações silviculturais entre parâmetros genéticos estimados em fase juvenil com parâmetros estimados em campo, não se recomenda coleta de dados em período anterior a 145 dias após a semeadura, para estimativa de parâmetros genéticos de *Cedrela fissilis*, devido a efeitos residuais das reservas das sementes.

Contudo, ao levarmos em consideração o estudo da ecologia da espécie estes dados mostram-se de grande importância, principalmente no estabelecimento inicial das plântulas de regeneração natural. O desenvolvimento inicial diferenciado

entre plântulas de diferentes famílias pode favorecer o estabelecimento de determinadas famílias sob o dossel da floresta, podendo causar diversas conseqüências na estrutura genética das populações.

Com relação ao índice de velocidade de emergência (IVE), embora este não esteja correlacionado com a massa de sementes ($r = -0,16$), apresenta uma influência similar no desenvolvimento inicial das progênes, mas em menor escala (GRÁFICO 2).



LEGENDA: **IVE** – índice de velocidade de emergência; **A1** - altura total da muda aos 61 dias; **A2** - altura total da muda aos 102 dias; **A3** - altura total da muda aos 145 dias; **D1** - diâmetro do colo da muda aos 61 dias; **D2** - diâmetro do colo da muda aos 102 dias; **D3** - diâmetro do colo aos 145 dias.

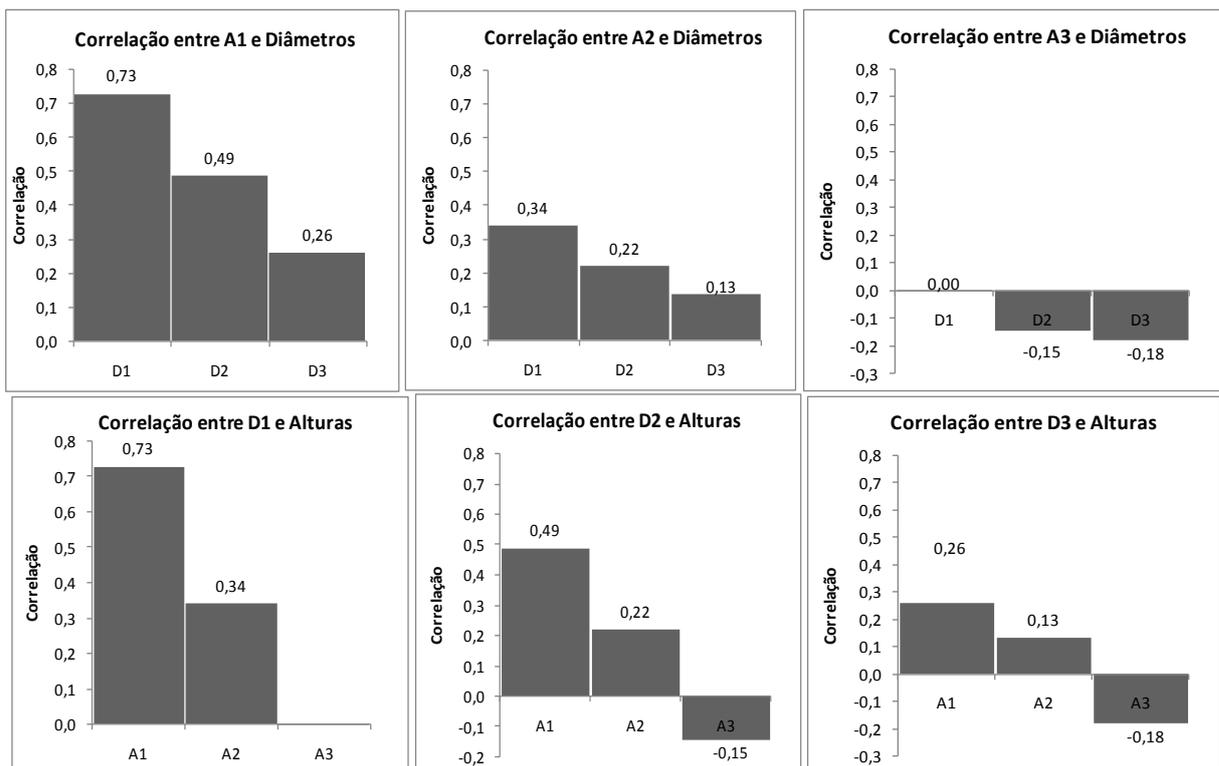
GRÁFICO 2 - Correlações genéticas entre índice de velocidade de emergência (IVE) e altura e diâmetro do colo em três avaliações, para mudas de 48 progênes de *Cedrela fissilis*.

FONTE: O autor (2009)

Assim, verifica-se que as progênes apresentam velocidades de emergência diferenciadas, fato que possivelmente não tem ligação com a quantidade de reservas das sementes (sem correlação com a massa de sementes), e sim relacionada a outros efeitos não mensurados no presente trabalho, que podem ser genéticos ou fisiológicos (como tipo de componentes existentes como reserva nas sementes e espessura de tegumento). Essa diferença na velocidade de emergência promove um desenvolvimento inicial diferenciado entre as progênes, o que é interpretado como efeito genético, mas que na verdade é um efeito secundário gerado pelo IVE. A influência do IVE no diâmetro do colo e altura diminui com o tempo, reforçando a advertência de não se coletar dados para análises genéticas

em período anterior a 145 dias da semeadura, para o caso de estudos que visem identificação de correlações genéticas juvenil/adulto para fins de melhoramento de *Cedrela fissilis*.

Em relação às correlações entre diâmetro do colo e altura, estas são moderadas positivas na primeira avaliação, decrescendo sistematicamente nas demais avaliações (GRÁFICO 3).



LEGENDA: **A1** - altura total da muda aos 61 dias; **A2** - altura total da muda aos 102 dias; **A3** - altura total da muda aos 145 dias; **D1** - diâmetro do colo da muda aos 61 dias; **D2** - diâmetro do colo da muda aos 102 dias; **D3** - diâmetro do colo aos 145 dias.

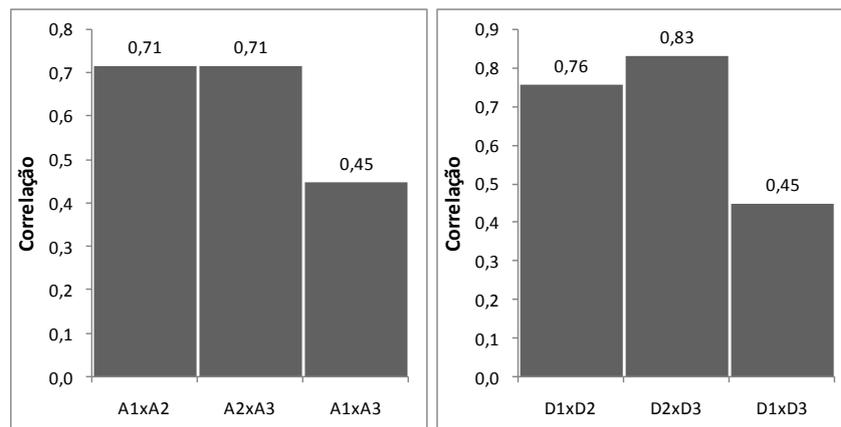
GRÁFICO 3 – Correlações genéticas entre diâmetro do colo e altura em 48 progênies de *Cedrela fissilis*, em três avaliações

FONTE: O autor (2009)

Isso é explicado pela morfologia característica das mudas de *Cedrela fissilis*, que aumenta com o tempo o diâmetro do colo, desproporcionalmente ao aumento da altura. Com isso, torna-se necessário a utilização desses dois caracteres nas estimativas dos parâmetros, não sendo possível a sumarização pelo uso de somente um deles.

Ainda que, como já discutido, não seja recomendada a coleta de dados antes de 145 dias para estimativa de parâmetros genéticos, estudos de outra natureza podem necessitar de tais avaliações. Assim, em avaliações aos 61 dias após a semeadura, não se faz necessário a medição de diâmetros, uma vez que estes são correlacionados com a altura ($r=0,73$) que é de fácil obtenção. Para avaliações mais tardias, faz-se necessário a coleta de diâmetros e alturas, por estes caracteres não serem correlacionados.

Para as correlações entre alturas e diâmetros nas diferentes avaliações, verificou-se que as correlações moderadas foram encontradas entre a primeira e a segunda avaliação, assim como entre a segunda e a terceira avaliação. Fracas correlações foram encontradas entre a primeira e a terceira avaliação (GRÁFICO 4). Estes resultados eram esperados, uma vez que avaliações mais próximas tendem a diferir menos entre si.



LEGENDA: **A1** - altura total da muda aos 61 dias; **A2** - altura total da muda aos 102 dias; **A3** - altura total da muda aos 145 dias; **D1** - diâmetro do colo da muda aos 61 dias; **D2** - diâmetro do colo da muda aos 102 dias; **D3** - diâmetro do colo aos 145 dias.

GRÁFICO 4 - Correlação genética entre altura da muda em três avaliações e correlação entre diâmetro de colo em três avaliações, para 48 progênies de *Cedrela fissilis*

FONTE: O autor (2009)

As correlações genéticas entre os caracteres avaliados em diferentes idades demonstram que as correlações tendem a diminuir com o tempo, ainda em viveiro. Ao se transferir o material para o campo, este deverá interagir com o ambiente de

forma diferente tendendo a diminuir ainda mais as correlações destas variáveis em idades mais avançadas. Esse fato indica a inviabilização de seleção precoce em fase de viveiro.

4.2.3 Tamanho efetivo populacional (N_e)

Os valores de tamanho efetivo estimados para diferentes números de indivíduos por família, para 48 famílias amostradas, podem ser visualizados no GRÁFICO 5.

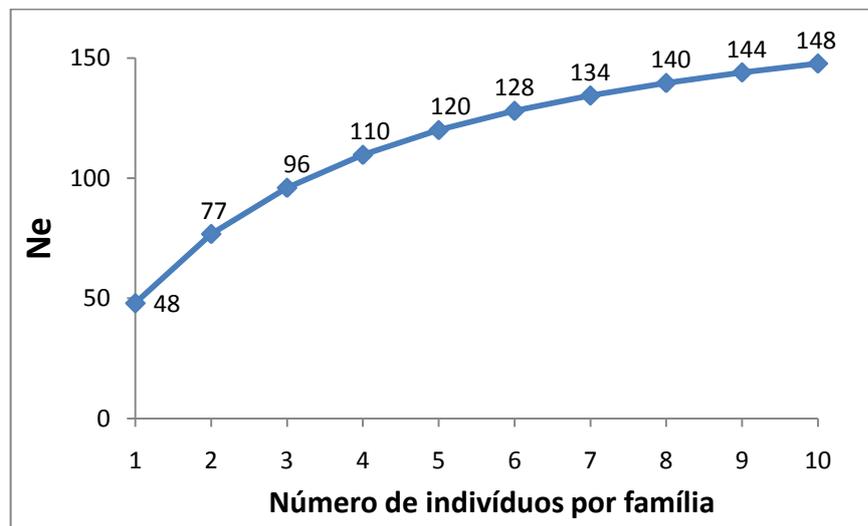


GRÁFICO 5 - Valores de tamanho efetivo populacional (N_e) estimados para diferentes números de indivíduos por família, para 48 famílias amostradas

FONTE: O autor (2009)

Segundo Resende (2002) ao se instalar bancos ativos de germoplasma com 10, 20 e 30 indivíduos por família obtém-se tamanhos efetivos da ordem de 90%, 95% e 96%, respectivamente, do N_e que seria obtido plantando infinitos indivíduos por família. Isso demonstra, segundo o autor, que o benefício de se utilizar um grande número de plantas por família em bancos de germoplasma é pequeno. Esse

comportamento pode ser verificado no GRÁFICO 5, que demonstra a tendência de estabilização do N_e com o aumento do número amostrado de plantas por família.

Segundo Primack e Rodrigues (2001) um tamanho efetivo da ordem de 100 garante a manutenção de cerca de 90% da variabilidade genética após a décima geração. Para o número de 48 matrizes amostradas, seria possível instalar um banco ativo de germoplasma com um N_e de 110 ao se utilizar um delineamento que mantenha quatro indivíduos de cada família (GRÁFICO 5) em diferentes repetições após desbastes sistemáticos sem seleção, atendendo ao preceito de conservação genética *ex situ* da população de *Cedrela fissilis* amostrada.

4.3 SIMULAÇÃO DE SELEÇÃO GENÉTICA

O melhoramento genético de uma espécie necessita de uma população base de alta variabilidade para se obter bons resultados. Assim, é possível utilizar o teste de progênies de *Cedrela fissilis* instalado em campo como população base para a realização de seleção genética e obtenção de material para o melhoramento, sem prejuízo das estratégias de conservação *ex situ* colocadas anteriormente. Assim, é possível realizar seleção entre e dentro de famílias a partir dos resultados do teste de progênies, transferindo o material selecionado para um Pomar Clonal de Sementes, para cruzamento e recombinação do material com altos valores genéticos para os caracteres a serem selecionados.

Com a ressalva de estarmos trabalhando com dados precoces, coletados em viveiro, foi realizada uma simulação de seleção, para se conhecer o ganho médio possível de se obter com um material que apresente a mesma variabilidade na idade adequada para seleção.

4.3.1 Seleção entre famílias

A partir dos resultados sumarizados na TABELA 9 é possível observar o ranking das famílias para as variáveis altura das mudas e diâmetro do colo aos 145 dias.

TABELA 9 – Simulação de seleção genética entre famílias para altura (esquerda – dados em cm) e diâmetro do colo (direita - dados em mm) aos 145 dias após a semeadura

Ordem	Família	a	Ganho	Nova Média	% de ganho em relação a média	Ordem	Família	a	Ganho	Nova Média	% de ganho em relação a média
1	39	2,58	2,58	22,44	13,00	1	24	0,48	0,48	6,33	8,19
2	16	2,36	2,47	22,33	12,44	2	38	0,46	0,47	6,32	8,05
3	37	2,22	2,39	22,24	12,01	3	10	0,46	0,47	6,32	8,00
4	4	2,21	2,34	22,20	11,80	4	20	0,45	0,46	6,32	7,92
5	2	1,91	2,26	22,11	11,36	5	43	0,41	0,45	6,30	7,74
6	46	1,77	2,17	22,03	10,95	6	12	0,40	0,44	6,30	7,59
7	41	1,51	2,08	21,94	10,47	7	6	0,37	0,43	6,28	7,40
8	26	1,16	1,96	21,82	9,89	8	1	0,35	0,42	6,27	7,22
9	25	1,05	1,86	21,72	9,38	9	18	0,28	0,41	6,26	6,96
10	42	1,01	1,78	21,63	8,95	10	32	0,26	0,39	6,24	6,71
11	44	0,98	1,70	21,56	8,59	11	8	0,23	0,38	6,23	6,45
12	30	0,87	1,64	21,49	8,24	12	14	0,22	0,36	6,22	6,23
13	13	0,78	1,57	21,43	7,90	13	21	0,21	0,35	6,20	6,03
14	12	0,76	1,51	21,37	7,61	14	40	0,21	0,34	6,19	5,85
15	14	0,66	1,45	21,31	7,33	15	34	0,17	0,33	6,18	5,66
16	36	0,65	1,40	21,26	7,07	16	31	0,17	0,32	6,17	5,49
17	20	0,57	1,35	21,21	6,82	17	30	0,11	0,31	6,16	5,28
18	1	0,53	1,31	21,17	6,59	18	7	0,11	0,30	6,15	5,09
19	27	0,52	1,27	21,12	6,38	19	41	0,08	0,29	6,14	4,89
20	24	0,38	1,22	21,08	6,16	20	11	0,07	0,28	6,13	4,71
21	22	0,26	1,18	21,03	5,93	21	9	0,04	0,26	6,12	4,52
22	15	0,24	1,13	20,99	5,71	22	29	0,03	0,25	6,11	4,33
23	11	0,03	1,09	20,94	5,47	23	35	0,02	0,24	6,10	4,16
24	31	-0,03	1,04	20,90	5,24	24	23	0,01	0,23	6,09	3,99
25	34	-0,04	1,00	20,85	5,02	25	4	0,01	0,22	6,08	3,84
26	9	-0,24	0,95	20,81	4,78	26	26	-0,01	0,22	6,07	3,69
27	19	-0,28	0,90	20,76	4,55	27	46	-0,03	0,21	6,06	3,53
28	33	-0,31	0,86	20,72	4,33	28	19	-0,03	0,20	6,05	3,39
29	43	-0,40	0,82	20,67	4,11	29	45	-0,10	0,19	6,04	3,21
30	40	-0,43	0,78	20,63	3,90	30	2	-0,11	0,18	6,03	3,04
31	10	-0,45	0,74	20,59	3,71	31	27	-0,13	0,17	6,02	2,87
32	6	-0,54	0,70	20,55	3,51	32	25	-0,14	0,16	6,01	2,71
33	23	-0,55	0,66	20,52	3,32	33	47	-0,15	0,15	6,00	2,54
34	7	-0,71	0,62	20,48	3,11	34	3	-0,17	0,14	5,99	2,38
35	5	-0,78	0,58	20,44	2,91	35	36	-0,18	0,13	5,98	2,23
36	21	-0,84	0,54	20,40	2,71	36	15	-0,19	0,12	5,97	2,08
37	38	-1,02	0,50	20,35	2,50	37	42	-0,20	0,11	5,96	1,93
38	28	-1,13	0,45	20,31	2,28	38	33	-0,21	0,10	5,96	1,78
39	18	-1,19	0,41	20,27	2,07	39	39	-0,25	0,10	5,95	1,63
40	17	-1,22	0,37	20,23	1,87	40	44	-0,28	0,09	5,94	1,47
41	29	-1,51	0,32	20,18	1,64	41	37	-0,29	0,08	5,93	1,31
42	47	-1,56	0,28	20,14	1,41	42	48	-0,30	0,07	5,92	1,16
43	48	-1,61	0,24	20,09	1,19	43	28	-0,31	0,06	5,91	1,01
44	45	-1,67	0,19	20,05	0,97	44	17	-0,32	0,05	5,90	0,86
45	8	-1,77	0,15	20,01	0,75	45	13	-0,47	0,04	5,89	0,67
46	32	-1,84	0,11	19,96	0,53	46	5	-0,54	0,03	5,88	0,45
47	3	-1,92	0,06	19,92	0,32	47	16	-0,59	0,01	5,86	0,23
48	35	-2,94	0,00	19,86	0,00	48	22	-0,62	0,00	5,85	0,00

LEGENDA: a - valor genético aditivo

FONTE: O autor (2009)

Percebe-se que as melhores famílias para o caractere diâmetro não são as mesmas que para altura. Isso era esperado, uma vez que estas variáveis em fase de

viveiro não são correlacionadas. A partir desses resultados concluímos que, se o presente material genético apresentar a mesma variabilidade na idade de seleção, é possível obter um ganho de 13% em altura se fosse utilizado apenas sementes da matriz 39 para os plantios comerciais, ou 8,2% em diâmetro ao utilizar sementes da matriz 24. Se a inexistência de correlação entre essas duas variáveis permanecesse na idade adulta far-se-ia necessário a utilização de uma metodologia de seleção que identificasse árvores com ambos os caracteres desejados.

4.3.2 Seleção entre e dentro de famílias

No melhoramento genético, podemos aumentar ainda mais o ganho genético da próxima geração realizando-se seleção dos indivíduos com melhores valores genéticos do teste de progênes. A partir dos dados de diâmetro do colo e altura da terceira medição, realizou-se uma simulação de seleção dos 50 indivíduos superiores para cada caractere, com a restrição de seleção de, no máximo, cinco indivíduos por família.

Ao considerarmos a altura, obteríamos um ganho de 21,66% neste caractere na próxima geração ao selecionar os 50 indivíduos superiores e instalar um PCS com estes indivíduos. Com a seleção destes indivíduos teríamos um pomar clonal com tamanho efetivo de 27,97, ou seja, esses 50 indivíduos representariam geneticamente 28 indivíduos não aparentados. Este tamanho efetivo seria adequado para a instalação de um pomar para produção de sementes, pois o coeficiente de endogamia ($F = 1/2N_e$) (RESENDE, 2009) seria igual a 0,018%, que indica que o ganho genético no pomar deveria ser descontado em apenas 0,018% devido a existência de endogamia (informação pessoal)⁵ (TABELA 10).

⁵ RESENDE, M. D. V. Palestra no Curso de Seleção Genética Computadorizada. Universidade Federal de Viçosa, 2009.

TABELA 10 – Simulação de seleção genética individual de 50 genótipos superiores para altura (cm) aos 145 dias, com restrição de 5 indivíduos por família

Ordem	Bloco	Família	Árvore	f	a	u+a	Ganho	Nova Média	Ne	% de ganho em relação a média
1	1	37	2	34	6,40	26,26	6,40	26,26	1,00	32,25
2	7	39	9	33	5,86	25,72	6,13	25,99	2,00	30,88
3	7	37	11	32	5,38	25,24	5,88	25,74	2,48	29,62
4	1	31	7	35	5,36	25,22	5,75	25,61	3,49	28,97
5	6	39	12	33	5,30	25,15	5,66	25,52	4,11	28,51
6	6	2	11	32	5,10	24,95	5,57	25,42	5,08	28,04
7	5	4	10	30	5,08	24,94	5,50	25,36	6,07	27,69
8	8	16	12	32	4,96	24,82	5,43	25,29	7,06	27,35
9	8	16	15	32	4,96	24,82	5,38	25,24	7,66	27,09
10	7	4	7	31	4,94	24,80	5,34	25,19	8,29	26,87
11	5	37	3	30	4,81	24,67	5,29	25,15	8,56	26,63
12	6	41	3	33	4,79	24,64	5,25	25,10	9,51	26,42
13	2	39	6	28	4,72	24,57	5,21	25,06	9,82	26,21
14	8	37	10	31	4,71	24,57	5,17	25,03	9,88	26,04
15	8	37	13	31	4,71	24,57	5,14	25,00	9,77	25,88
16	4	4	15	29	4,67	24,52	5,11	24,97	10,22	25,73
17	1	2	12	30	4,63	24,49	5,08	24,94	10,91	25,59
18	6	39	6	31	4,57	24,43	5,05	24,91	11,15	25,45
19	6	39	18	31	4,57	24,43	5,03	24,89	11,20	25,32
20	2	4	13	28	4,55	24,41	5,00	24,86	11,50	25,20
21	6	4	15	29	4,42	24,27	4,98	24,83	11,63	25,06
22	6	13	12	33	4,34	24,20	4,95	24,80	12,44	24,92
23	6	30	15	33	4,31	24,17	4,92	24,78	13,26	24,78
24	6	16	6	30	4,28	24,14	4,89	24,75	13,76	24,64
25	8	16	13	30	4,24	24,10	4,87	24,72	14,07	24,51
26	8	2	5	29	4,24	24,10	4,84	24,70	14,57	24,39
27	8	2	10	29	4,24	24,10	4,82	24,68	14,90	24,28
28	5	2	17	29	4,18	24,04	4,80	24,66	15,07	24,16
29	1	16	5	26	4,16	24,02	4,78	24,63	15,26	24,05
30	8	30	9	30	4,09	23,95	4,75	24,61	15,93	23,94
31	4	41	10	30	4,06	23,92	4,73	24,59	16,60	23,83
32	8	41	12	28	4,01	23,87	4,71	24,57	17,12	23,71
33	6	46	6	31	3,96	23,82	4,69	24,54	17,88	23,60
34	2	46	15	27	3,92	23,78	4,66	24,52	18,56	23,48
35	1	41	7	28	3,78	23,63	4,64	24,50	18,91	23,36
36	3	26	9	29	3,77	23,62	4,61	24,47	19,68	23,24
37	5	46	8	29	3,75	23,61	4,59	24,45	20,19	23,12
38	7	46	12	26	3,75	23,61	4,57	24,43	20,54	23,01
39	6	41	9	30	3,70	23,56	4,55	24,40	20,73	22,89
40	1	44	8	28	3,68	23,54	4,52	24,38	21,50	22,78
41	7	34	12	32	3,63	23,48	4,50	24,36	22,28	22,68
42	8	46	11	26	3,57	23,43	4,48	24,34	22,47	22,56
43	6	22	14	31	3,49	23,35	4,46	24,31	23,25	22,45
44	3	26	6	28	3,40	23,26	4,43	24,29	23,91	22,33
45	3	25	2	27	3,38	23,24	4,41	24,27	24,71	22,21
46	8	30	10	28	3,37	23,22	4,39	24,24	25,21	22,10
47	1	44	10	27	3,32	23,18	4,36	24,22	25,87	21,98
48	4	44	19	27	3,32	23,17	4,34	24,20	26,37	21,87
49	7	11	3	29	3,31	23,17	4,32	24,18	27,17	21,77
50	1	19	3	29	3,28	23,14	4,30	24,16	27,97	21,66

LEGENDA: f – fenótipo (cm); a – valor genético aditivo; u – média geral do caractere; Ne – tamanho efetivo

FONTE: O autor (2009)

Para a variável diâmetro do colo a situação é semelhante, obtendo-se um ganho de 16,83% na próxima geração ao selecionarmos e montarmos um PCS com os 50 indivíduos de maiores valores genéticos (TABELA 11).

TABELA 11 – Simulação de seleção genética individual de 50 genótipos superiores para diâmetro do colo (mm) aos 145 dias, com restrição de 5 indivíduos por família

Ordem	Bloco	Família	Árvore	f	a	u+a	Ganho	Nova média	Ne	% de ganho em relação a média
1	7	38	7	10,63	1,80	7,65	1,80	7,65	1,00	30,69
2	6	38	8	9,54	1,40	7,25	1,60	7,45	1,60	27,30
3	3	24	2	9,08	1,36	7,21	1,52	7,37	2,48	25,95
4	1	38	9	8,56	1,22	7,07	1,44	7,29	2,67	24,66
5	6	32	10	9,30	1,18	7,03	1,39	7,24	3,66	23,77
6	4	10	13	8,10	1,13	6,98	1,35	7,20	4,65	23,03
7	8	12	4	8,69	1,13	6,98	1,32	7,17	5,63	22,49
8	4	38	14	8,01	1,12	6,97	1,29	7,14	5,59	22,07
9	1	10	11	8,09	1,10	6,95	1,27	7,12	6,27	21,70
10	5	38	18	8,47	1,10	6,95	1,25	7,10	6,15	21,41
11	8	1	19	8,72	1,09	6,94	1,24	7,09	7,06	21,15
12	7	10	9	8,61	1,08	6,93	1,22	7,08	7,50	20,92
13	8	20	6	8,43	1,04	6,89	1,21	7,06	8,40	20,67
14	8	20	1	8,33	1,00	6,85	1,20	7,05	9,08	20,42
15	1	24	6	7,77	0,99	6,84	1,18	7,03	9,77	20,19
16	2	1	4	7,45	0,98	6,84	1,17	7,02	10,46	19,98
17	4	21	13	8,21	0,98	6,83	1,16	7,01	11,35	19,79
18	3	12	9	7,87	0,97	6,82	1,15	7,00	12,04	19,61
19	5	20	10	8,23	0,96	6,81	1,14	6,99	12,48	19,44
20	5	12	5	8,21	0,95	6,80	1,13	6,98	12,93	19,28
21	3	1	13	7,82	0,95	6,80	1,12	6,97	13,39	19,13
22	5	30	9	8,79	0,95	6,80	1,11	6,96	14,26	19,00
23	2	10	18	7,28	0,94	6,79	1,10	6,96	14,49	18,87
24	2	24	3	7,01	0,94	6,79	1,10	6,95	14,96	18,75
25	3	10	1	7,62	0,93	6,78	1,09	6,94	15,02	18,64
26	4	18	13	7,86	0,93	6,78	1,08	6,94	15,86	18,53
27	8	1	16	8,24	0,93	6,78	1,08	6,93	16,14	18,44
28	6	1	3	8,59	0,93	6,78	1,07	6,93	16,24	18,35
29	1	8	15	8,29	0,92	6,77	1,07	6,92	17,07	18,25
30	5	34	12	8,66	0,91	6,77	1,06	6,91	17,91	18,17
31	3	24	14	7,72	0,91	6,76	1,06	6,91	18,20	18,08
32	1	20	2	7,58	0,90	6,76	1,05	6,91	18,51	18,00
33	8	24	18	7,88	0,89	6,74	1,05	6,90	18,64	17,92
34	1	14	13	8,13	0,89	6,74	1,04	6,90	19,46	17,84
35	5	18	17	8,31	0,89	6,74	1,04	6,89	20,13	17,76
36	1	8	6	8,19	0,89	6,74	1,04	6,89	20,80	17,69
37	3	8	1	8,16	0,88	6,74	1,03	6,88	21,30	17,62
38	4	40	8	7,78	0,88	6,73	1,03	6,88	22,12	17,55
39	6	12	18	8,21	0,88	6,73	1,02	6,87	22,43	17,49
40	1	20	3	7,50	0,88	6,73	1,02	6,87	22,57	17,42
41	3	12	6	7,59	0,88	6,73	1,02	6,87	22,73	17,36
42	3	8	20	8,13	0,87	6,73	1,01	6,86	23,07	17,31
43	1	43	10	7,77	0,86	6,71	1,01	6,86	23,87	17,24
44	5	8	20	8,15	0,86	6,71	1,01	6,86	24,04	17,19
45	6	18	20	8,17	0,85	6,70	1,00	6,85	24,55	17,13
46	5	31	20	8,34	0,85	6,70	1,00	6,85	25,34	17,07
47	5	43	12	7,66	0,83	6,69	1,00	6,85	26,00	17,01
48	6	6	7	7,67	0,83	6,68	0,99	6,84	26,81	16,95
49	3	40	14	7,81	0,82	6,67	0,99	6,84	27,47	16,89
50	4	6	13	7,50	0,82	6,67	0,99	6,84	28,13	16,83

LEGENDA: f – fenótipo (cm); a – valor genético aditivo; u – média geral do caractere; Ne – tamanho efetivo

FONTE: O autor (2009)

O tamanho efetivo neste caso também seria adequado, apresentando um valor de 28,13. Como ocorrido na seleção entre famílias, os indivíduos selecionados para o caractere diâmetro são diferentes dos selecionados para altura, uma vez que estes caracteres não são correlacionados para esta idade em viveiro. Ao se desenvolverem em campo é esperado que as duas variáveis sejam correlacionadas, conforme verificado por Firkowski (1983), podendo-se fazer a seleção a partir de apenas uma delas.

Ocorrendo a manutenção do presente padrão de variabilidade genética na idade adequada de seleção, seria possível afirmar que o material genético amostrado possui variabilidade genética adequada para ser utilizado em programa de melhoramento genético da espécie, uma vez que expressivos ganhos genéticos seriam obtidos, comparativamente a outros trabalhos com espécies arbóreas (LINS *et al.*, 2001; SEBBENN *et al.*, 2003; MORAES NETO, 2008).

5 CONCLUSÕES

A partir da realização do presente estudo é possível chegar às seguintes conclusões:

- Os três grupos de matrizes delimitados espacialmente não apresentam diferenças genéticas significativas, sendo possível utilizar suas sementes para restauração florestal na região de abrangência do estudo, sem prejuízo ao “pool” gênico local da espécie, pois a área pertence a uma mesma zona de coleta e uso de sementes.
- Os caracteres juvenis de *Cedrela fissilis* avaliados em fase de viveiro apresentam elevado controle genético, podendo ser utilizados para avaliação da variabilidade genética de amostras de populações da espécie.
- A massa de sementes e o índice de velocidade de emergência influenciam no desenvolvimento inicial das mudas, porém com o passar do tempo essa influência desaparece.
- A amostragem foi adequada para a captação de uma ampla variabilidade genética da área de abrangência do estudo, sendo possível utilizar o material genético amostrado em programas de conservação e melhoramento genético da espécie.

6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ANDRADE, A. C. S. de; PEREIRA, T. S. Efeito do substrato e da temperatura na germinação e no vigor de sementes de cedro - *Cedrela odorata* L. (Meliaceae). **Revista Brasileira de Sementes**, v. 16, n.1, p. 34-40. 1994.

BARBOSA, L. M. *et al.* Recuperação florestal com espécies nativas no Estado de São Paulo: pesquisas apontam mudanças necessárias. **Florestar Estatístico-Artigos técnicos**. v. 6, n.14, jan. 2003.

BARROSO, A. B. **Silvicultura especial de arboles maderables tropicales**. La Habana: Editorial Científico-Técnica, 1987.

BITTENCOURT, J. V. M. Proposta para conservação genética da *Araucaria angustifolia*. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, n. 55, p.87-93, jul./dez. 2007.

BRASIL, MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO. **Legislação brasileira de sementes e mudas**: Lei 10.711, de 05 de agosto de 2003, Decreto nº 5.153, de 23 de julho de 2004 e outros. Brasília: Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento/ Secretaria de Defesa Agropecuária; Coordenação de Sementes e Mudas, 2007.

BRUCE, R. W. **Production and distribution of Amazon timbers**. Brasília: IBDF, 1976.

CANCELA, K. C. **Influência da família e do tamanho da semente de *Pinus taeda* L. nas propriedades tecnológicas do lote de sementes, performance da muda em viveiro e em campo**. 147 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) - Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2007.

CARVALHO, P. E. R. **Espécies Arbóreas Brasileiras**, Colombo: Embrapa Florestas, 2003.

CASTRO, J. Seed mass versus seedling performance in Scots pine: a maternally dependent trait. **New Phytol**, v. 144, p.153-161, 1999.

CHEROBINI, E. A. I.; MUNIZ, M. F. B.; BLUME, E. Avaliação da qualidade de sementes e mudas de cedro. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 18, n.1, p. 65-73, jan./mar. 2008.

CHOUDHARY, P.; THAKUR, V.; SEHGAL, R. N. Variability and genetic estimates in *Toona ciliata* open pollinated families at the nursery stage. **Journal of Research, SKUAST-J**, v. 6, n. 2, p.193-200, 2007.

CORNELIUS, J. P.; WATT, A. D. Genetic variation in a *Hypsipyla*-attacked clonal trial of *Cedrela odorata* under two pruning regimes. **Forest Ecology and Management**, v. 183, n. 1/3, p. 341-349, 2003.

CRUZ, C. D. **Princípios da genética quantitativa**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2005.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v. 2. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2003.

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

CUNNINGHAM, R. A. Provisional tree and shrub seed zones for the Great Plains. **Great Plains Agricultural Council Publication**. n. 71, p. 1-15, july. 1975.

DUZ, S. R. *et al.* Crescimento inicial de três espécies arbóreas da Floresta Atlântica em resposta à variação na quantidade de luz. **Revista Brasileira de Botânica**, v. 27, n.3, p.587-596, jun./set. 2004.

EPAGRI. Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina. **Dados meteorológicos da estação automática de Rio Negrinho-SC**, 2009.

ETTORI, *et al.*, Conservação *ex situ* dos recursos genéticos de espécies florestais nativas: situação atual no Instituto Florestal. In: HIGA, A. R.; DUQUE SILVA, L. **Pomar de sementes de espécies florestais nativas**, Curitiba: Fundação de Pesquisas Florestais do Paraná, 2006.

ETTORI, L. de C. *et al.* Conservação “*ex situ*” dos recursos genéticos de ipê-amarelo (*Tabebuia vellosi* Tol.) através de teste de procedência e progênes. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v.7, n.2, p.157-168, 1995.

ETTORI, L. de C. *et al.* Variabilidade genética em populações de ipê-roxo – *Tabebuia heptaphylla* (Vell.) Tol. Para conservação “*ex situ*”. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v.8, n.1, p.61-70, 1996.

ETTORI, L. de C.; SATO, A. S.; SHIMIZU, J. Y.; Variação genética em procedências e progênes mexicanas de *Pinus maximinoi*. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 16, n. 1, p. 1-9, jun. 2004.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de Martinho de Almeida e Silva e José Carlos Silva. Viçosa, UFV, 1987.

FIER, I. S. N, **Variação genética e métodos de melhoramento para *Pinus maximinoi* H. Moore em Telêmaco Borba (PR)**. 46 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) - Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2001.

FIGLIOLIA, M. B.; AGUIAR, I. B. de; SILVA, A. da. Germinação de sementes de *Lafoensia glyptocarpa* Koehne (mirindiba-rosa), *Myroxylon peruiferum* L.f. (cabreúva-vermelha) e *Cedrela fissilis* Vell. (cedro-rosa). **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 18, n. único, p. 49-58, dez. 2006.

FIRKOWSKI, C. **Avaliação da variação genética e fenotípica entre procedências e progênes de *Cedrela fissilis***. 138 f. Dissertação (Mestrado em Ciências

Florestais) – Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 1983.

FLORESTAR ESTATÍSTICO. **Estatísticas**, São Paulo, v. 6, n. 14, p. 40-95, 2003.

FREITAS, L. B. de.; BEREL, F. **Genética e evolução vegetal**. Porto Alegre: Ed. da UFRGS, 2003.

GANDARA, F. B. **Diversidade genética, taxa de cruzamento e estrutura espacial dos genótipos em uma população de *Cedrela fissilis* Vell. (Meliaceae)**. 81 f. Dissertação (Mestrado em Ciências) - Universidade Estadual de Campinas, Campinas, 1996.

GUARIZ, H. R. *et al.* Aspectos anatômicos e ecofisiológicos de *Cedrela fissilis* Vell. sob diferentes níveis de sombreamento. In: X ENCONTRO LATINO AMERICANO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA E IV ENCONTRO LATINO AMERICANO DE PÓS-GRADUAÇÃO. **Anais...** Vale do Paraíba: Universidade do Vale do Paraíba, 200_. p. 2794-2797.

HIGA, A. R., DUQUE SILVA, L. Apresentação. In: HIGA, A. R., DUQUE SILVA, L. **Pomar de sementes de espécies florestais nativas**. Curitiba: Fundação de Pesquisas Florestais do Paraná, 2006.

INOUE, M. T. Ensaio de procedência de cedrela em Santo Antonio da Plantina, PR. **Revista Floresta**, Curitiba, v. 4, n. 2, p. 49-57, 1973.

INOUE, M. T.; RODERJAN, C. V.; KUNIYOSHI, Y. S. **Projeto Madeira do Paraná**, Curitiba: Fundação de Pesquisas Florestais do Paraná, 1984.

INOUE, M., T. **Fundamentos ecofisiológicos para a silvicultura de *Cedrela* spp.** 91 f. Tese (Concurso de professor titular de silvicultura) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 1978.

INSTITUTO AMBIENTAL DO PARANÁ (IAP). **Espécies secundárias recomendadas para recuperação de ecossistemas florestais degradados**. Curitiba. Disponível em: <<http://www3.pr.gov.br/mataciliar/inftecnicas.php#marca2>>. Acesso em 22/06/2009.

KAGEYAMA *et al.* Diversidade genética em espécies arbóreas tropicais de diferentes estágios sucessionais por marcadores genéticos. **Scientia Florestalis**, n. 64, p. 93-107, dez. 2003.

KAGEYAMA; P. Y.; SPELTZ, R. M.; SILVA, A. P.; FERREIRA, M. Variação genética entre e dentro de progênies de *Pinus patula* schiede e Deppe na região de Telêmaco Borba - PR. **Instituto de Pesquisa e Estudos Florestais**, n.15, p.21-39, 1977.

KALIL FILHO N. A. *et al.* Espécies recomendadas para a restauração da Mata Atlântica. In: GALVÃO A.P.M. & MEDEIROS A.C.S. (eds). **Restauração da Mata Atlântica em áreas de sua primitiva ocorrência natural**. Embrapa, Colombo, 2002

KIKUTI, P. **Parâmetros genéticos em progênies de meios irmãos e clonais numa população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden na região de Telêmaco**

- Borba - PR.** 199 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 1988.
- KLEIN, R. M. **Meliaceas.** Itajaí: Herbario Barbosa Rodrigues, 1984.
- LELES, P. S. dos S. *et al.* Qualidade de mudas de quatro espécies florestais produzidas em diferentes tubetes. **Floresta e Ambiente**, v. 13, n.1, p. 69-78, 2006.
- LINS, V. S. *et al.* Variações e ganhos genéticos em progênies de *Grevillea robusta* A. Cunn. **Floresta e Ambiente**. v. 8, n.1, p.180 - 186, jan./dez. 2001.
- LOVELESS, M. D.; HAMRICK, J. L. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. **Ann. Rev. Ecol. Syst.** v. 15, p. 65-95, 1984.
- MAGUIRE, J.D. Speed of germination aid in selection and evaluation for seedling emergence and vigor. **Crop Science**, Madison, 2(2):176-177, 1962.
- MARROQUÍN, G. G. **Experiencias Colombianas con cedro (*Cedrela odorata* L.)**, Serie Documentación n. 12. Bogotá: Corporación Nacional de Investigación y Fomento Forestal, 1988.
- MARTINS, S. S. **Recomposição de matas ciliares no Estado do Paraná.** 2. ed. Maringá: Clichetec, 2005.
- MAYHEW, J. E.; NEWTON, A. C. **The silviculture of manogany.** Wallingford: CABI Publishing, 1998.
- MONSALVO, V. S. *et al.* Genetic parameters and response to selection for growth traits in *Cedrela odorata* L. **Revista Fitotecnia Mexicana**. v. 26, n. 1, p.19-27, 2003.
- MORAES NETO, S. P. de. Comparação entre dois métodos de seleção para *Pinus oocarpa*. Simpósio Internacional de Savanas Tropicais, 2. **Anais...** Brasília, out. 2008.
- MORELLATO, L. P. C. **Estudo da fenologia de árvores, arbustos e lianas de uma floresta semi-decídua no sudeste do Brasil.** 176 f. Tese (Doutorado em Biologia) – Universidade Estadual de Campinas, Campinas, 1991.
- MORI, E. S. Genética de populações arbóreas: orientações para seleção e marcação de matrizes. **I.F. Sér. Reg.**, São Paulo, n. 25, p. 35-44, ago. 2003.
- MORI, E. S. Pomares de sementes florestais. **Série Técnica IPEF.** Piracicaba v.5 n.16 p. 1 – 27, set. 1988.
- NAVARRO, C.; MONTAGNINI, F.; HERNANDEZ, G. Genetic variability of *Cedrela odorata* Linnaeus: results of early performance of provenances and families from Mesoamerica grown in association with coffee. **Forest Ecology and Management**, v.192, n. 2/3, p. 217-227, 2004.
- NEWTON, A. C. *et al.* Genetic variation in apical dominance of *Cedrela odorata* seedlings in response to decapitation. **Silvae Genetica**. v. 44, n. 2/3, p.146-150, 1995.

OLIFIERS, N.; CERQUEIRA, R. Fragmentação de habitat: efeitos históricos e ecológicos. In: **Biologia da conservação: essências**. ROCHA, C. F. D. *et al.*. São Carlos: RiMa, p. 261-316, 2006).

OLIVEIRA, R. B. de. *et al.* Produção de mudas de essências florestais em diferentes substratos e acompanhamento do desenvolvimento em campo. **Ciência Agrotec.**, Lavras, v. 32, n.1, p. 122-128, jan./fev. 2008.

PÓVOA, J, S. R. **Distribuição da variação genética de *Cedrela fissilis* vell., em fragmentos florestais, no sul de Minas Gerais, por meio de isoenzimas**. 105 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) - Universidade Federal de Lavras. Lavras, 2002.

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

RANDALL, W. K.; BERRANG, P. **Washington tree seed transfer zones**. Washington: Washington State Department of Natural Resources - Forest Service, 2002.

REITZ, R.; KLEIN, R. M.; REIS, A. **Projeto Madeira de Santa Catarina**. Itajaí: Herbário Barbosa Rodrigues, 1978.

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

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

RESENDE, M. D. V. de. **O Software Selegen-Remi/Blup**. Campo Grande: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa), 2006.

SALAZAR, R. Seed and seedling provenance variation under greenhouse conditions of *Pinus caribaea* var. *hondurensis* Barr et Golf. **Instituto de Pesquisa e Estudos Florestais**, n.32, p.25-32, abr.1986.

SANTOS, C. **Estatística Descritiva - Manual de Auto-aprendizagem**, Lisboa, Edições Silabo, 2007.

SANTOS, D. L. dos. *et al.* Morphological and physiological responses of *Cedrela fissilis* Vellozo (Meliaceae) seedlings to light. **Brazilian Archives of Biology and Technology**. v. 49, n. 1. p. 171-182, jan. 2006.

SANTOS, E.; BETTENCOURT, E. **Manual de apoio à formação e treino em conservação *ex situ* de recursos fitogenéticos**. Instituto Nacional de Investigação Agrária (INIA), Lisboa, Portugal e Instituto Internacional para os Recursos Fitogenéticos (IPGRI-SSA), Nairobi, Quênia, 2001. Tradução e adaptação do original: JARAMILLO, S.; M. BAENA. Material de apoyo a la capacitación em conservación *ex situ* de recursos fitogenéticos. Instituto Internacional para os Recursos Fitogenéticos, Cali, Colombia, 2000.

SEBBENN, A. M. *et al.* Variação genética entre e dentro de procedências e progênes de *Araucaria angustifolia* no sul do estado de São Paulo. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 15, n. 2, p. 109-124, dez. 2003.

SEBBENN, A. M. *et al.* Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva - *Myroxylon peruiferum* L. F. Allemão. **Scientia Florestalis**, n. 53, p. 31-38, jun. 1998.

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

SEBBENN, A. M. Sistemas de reprodução em espécies tropicais e suas implicações para seleção de árvores matrizes para reflorestamentos ambientais. In: HIGA, A. R. DUQUE SILVA, L. **Pomar de sementes de espécies florestais nativas**, Curitiba: FUPEF do Paraná, 2006.

SEBBENN, A. M. ZANATTO, A. C. S.; MORAIS, E. Conservação genética *ex situ* de *Gallesia gorarema* Vell. Moq. no Estado de São Paulo. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 14, n. 2, p.95-104, dez. 2002.

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

SEBBENN, A. M.; VILAS BÔAS, O. Conservação *ex situ* de angico – *Anadenanthera falcata* (Benth.) Speg., em Assis, Estado de São Paulo. **Pesquisas em conservação e recuperação ambiental no oeste paulista**, 2004.

SHIMIZU, J. Y.; SPIR, I. H. Z. Seleção de *Pinus elliottii* pelo valor genético para alta produção de resina. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 38, p. 103-117, jan./jun. 1999.

STATGRAPHICS. Software estatístico **Statgraphics plus 5.5**, 2001.

STEINBACH, F.; LONGO, A. N. Lista preliminar das espécies da flora apícola nativa da Fazenda Faxinal. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 4, pt. 1, p. 347-349, 1992. Edição de Anais do 2º Congresso Nacional sobre Essências Nativas, São Paulo, SP, mar. 1992.

STYLES, B. T. Swietenioideae, In: PENNINGTON, T.D.; STYLES, B.T.; TAYLOR, D.A.H. **Meliaceae**. New York: The New York Botanical Garden, 1981. p. 359-385.

STYLES, B. T. The flower biology of the Meliaceae and its bearing on tree breeding. **Silvae Genetica**, v. 21, n. 5, p. 175-182, 1972.

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

VILA *et al.* Ensaios com origens Centro e Sulamericanas de espécies de *Cedrela* spp. em três localidades do Estado de São Paulo. In: CONGRESSO FLORESTAL PANAMERICANO, 1., **Anais...** Sociedade Brasileira de Silvicultura 1993. p. 761.

WARD, S. E.; WIGHTMAN, K. E.; SANTIAGO, B. R. Early results from genetic trials on the growth of Spanish cedar and its susceptibility to the shoot borer moth in the Yucatan Peninsula, Mexico. **Forest Ecology and Management**. v. 255, n. 2, p. 356-364, 2008.

ZANI FILHO, J.; BALLONI, E. A.; KAGEYAMA, P. Y. Manejo de áreas produtoras de sementes visando a operacionalização de programas de melhoramento genético baseado em multipopulações. **Circular técnica n. 152**, set.1987.

7 APÊNDICE

TABELA 12 - Resumo das Análises de Deviance para os caracteres avaliados na avaliação dos grupos de matrizes

	A1	D1	A2	D2	A3	D3	A1/D1	A2/D2	A3/D3	A2-A1	D2-D1	A3-A2
DevPro	4275,23	-11324,73	5367,75	-622,72	17161,78	1799,48	1171,49	-715,72	488,26	4285,76	-1377,24	6798,62
DevC	4274,00	-11328,58	5367,75	-622,84	17161,71	1799,53	1171,47	-715,72	487,57	4285,77	-1377,67	6798,56
DevC-DevPro	1,23	3,85	0,00	0,12	0,07	-0,05	0,02	0,00	0,69	-0,01	0,43	0,06
Sig Proc	ns	*	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns

	D3-D2	A3-A1	D3-D1	Sobrev	AF	MSA	MSR	NF	MST	MSA/MSR	IVE	%E
DevPro	-616,59	16565,27	1286,84	-16233,88	2799,76	-583,94	-1022,30	1107,42	3,55	-902,43	127,34	1224,03
DevC	-616,63	16565,26	1286,71	-16233,88	2798,77	-583,92	-1022,31	1107,31	3,55	-902,41	126,80	1224,03
DevC-DevPro	0,04	0,01	0,13	0,00	0,99	-0,02	0,01	0,11	0,00	-0,02	0,54	0,00
Sig Proc	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns

LEGENDA: **DevPro** - Deviance calculado desconsiderando o efeito testado ($c^2_{pro}=0$); **DevC** - Deviance calculado considerando o efeito testado; **DevC-DevPro** - diferença entre as duas Deviance; **Sig Proc** - Significância do efeito testado, pelo teste do qui-quadrado. Valores de Qui-quadrado: Q^2 5% = 3,84; Q^2 1% = 6,63

FONTE: O autor (2009)

TABELA 13 – Resumo das Análises de Deviance para os caracteres avaliados na estimativa de parâmetros genéticos

	A1	D1	A2	D2	A3	D3	A1/D1	A2/D2	A3/D3	A2-A1	D2-D1	A3-A2
DevG	6806,13	-15953	7955,18	-985,42	25380,07	2719,41	1158,6	-968,27	1120,84	6323,78	-2163,35	9984,79
DevC	6400,55	-16234	7882,46	-1101,59	25270,25	2478,96	1111,61	-1089,05	913,68	6257,59	-2222,17	9931,01
DevC-DevG	405,58	280,98	72,72	116,17	109,82	240,45	46,99	120,78	207,16	66,19	58,82	53,78
Sig Gen	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**

	D3-D2	A3-A1	D3-D1	sobrev	IVE	%E	AF	MSA	MSR	NF	MST	MSA/MSR
DevG	-904,88	24508,07	1945,74	-23368,8	802,85	1923,94	4091,22	-672,2	-1378,75	1614,13	68,92	-1210,57
DevC	-962,02	24402,57	1755,14	-23379,4	161,17	1763,79	4077,38	-677,87	-1383,43	1567,7	65,91	-1224,03
DevC-DevG	57,14	105,5	190,6	10,6	641,68	160,15	13,84	5,67	4,68	46,43	3,01	13,46
Sig Gen	**	**	**	**	**	**	**	*	*	**	ns	**

LEGENDA: **DevG** - Deviance calculado desconsiderando o efeito testado ($h^2=0$); **DevC** - Deviance calculado considerando o efeito testado; **DevC-DevG** - diferença entre as duas Deviance; **Sig Gen** - Significância do efeito testado, pelo teste do qui-quadrado. Valores de Qui-quadrado: Q^2 5% = 3,84; Q^2 1% = 6,63

FONTE: O autor (2009)

TABELA 14 – Valores estimados de índice de velocidade de emergência (IVE) e massa de 100 sementes para 48 progênies de *Cedrela fissilis*

Progênie	IVE	M100Sem	Progênie	IVE	M100Sem
1	11,84	1,96	25	8,78	2,10
2	7,85	2,12	26	6,25	3,39
3	5,21	2,48	27	7,39	2,83
4	5,86	2,40	28	4,57	1,66
5	4,59	1,55	29	5,37	1,94
6	7,53	2,85	30	4,52	2,84
7	6,60	2,00	31	4,82	3,00
8	5,03	2,15	32	8,26	2,14
9	2,96	2,03	33	7,76	2,29
10	6,37	2,97	34	5,60	2,61
11	8,29	2,17	35	3,57	2,87
12	6,18	2,66	36	6,00	2,93
13	9,21	1,93	37	8,40	1,69
14	5,77	3,11	38	7,54	2,29
15	7,39	1,86	39	6,54	1,58
16	7,66	2,25	40	5,97	3,34
17	6,27	3,10	41	5,91	2,30
18	6,84	2,94	42	6,44	2,16
19	8,47	3,23	43	7,96	2,60
20	6,76	2,19	44	6,64	2,26
21	6,40	2,60	45	8,83	2,11
22	6,54	2,57	46	6,45	2,79
23	8,20	1,88	47	6,61	2,45
24	6,27	1,87	48	4,12	2,08

LEGENDA: **IVE** – índice de velocidade de emergência; **M100Sem** – massa de 100 sementes (g)

FONTE: O autor (2009)