

UNIVERSIDADE FEDERAL DO AMAZONAS
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS FLORESTAIS E
AMBIENTAIS

SISTEMA REPRODUTIVO E PARÂMETROS GENÉTICOS DE PROGÊNIES DE
Parkia multijuga Benth EM PLANTIO DE PRODUÇÃO NA AMAZÔNIA CENTRAL



MANAUS – AM

2019

ARIANE MENDES OLIVEIRA

SISTEMA REPRODUTIVO E PARÂMETROS GENÉTICOS DE PROGÊNIES DE
Parkia multijuga Benth EM PLANTIO DE PRODUÇÃO NA AMAZÔNIA CENTRAL

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Florestais e Ambientais da Universidade Federal do Amazonas para obtenção do título de Mestre em Ciências Florestais e Ambientais, Linha de Pesquisa Silvicultura de Florestas Tropicais.

Orientadora: Maria Teresa Gomes Lopes, Dra.
Coorientador: Santiago Linorio Ferreyra Ramos, Dr.
Marciel José Ferreira, Dr.

MANAUS – AM

2019

Ficha Catalográfica

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

Oliveira , Ariane Mendes
O48s Sistema reprodutivo e parâmetros genéticos de progênies de
Parkia multijuga Benth em plantio de produção na Amazônia
Central : Sistema reprodutivo e parâmetros genéticos de progênies
/ Ariane Mendes Oliveira . 2019
62 f.: il. color; 31 cm.

Orientadora: Maria Teresa Gomes Lopes
Coorientador: Santiago Linorio Ferreyra Ramos
Coorientador: Marciel José Ferreira
Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais e Ambientais) -
Universidade Federal do Amazonas.

1. Melhoramento florestal. 2. Marcador Microssatélite. 3.
Silvicultura de produção. 4. Genética florestal. I. Lopes, Maria
Teresa Gomes. II. Universidade Federal do Amazonas III. Título

ARIANE MENDES OLIVEIRA

SISTEMA REPRODUTIVO E PARÂMETROS
GENÉTICOS DE PROGÊNIES DE *Parkia multijuga* Benth
EM PLANTIO DE PRODUÇÃO NA AMAZÔNIA
CENTRAL

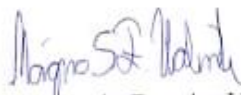
Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Florestais e Ambientais da Universidade Federal do Amazonas, como requisito para obtenção do título de Mestre em Ciências Florestais e Ambientais, área de concentração em Ciências Florestais e Ambientais.

Aprovada em 22 de Março de 2019

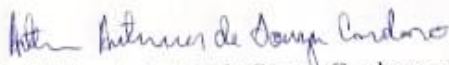
BANCA EXAMINADORA



Dra. Maria Teresa Gomes Lopes - Presidente
Universidade Federal do Amazonas - UFAM



Dr. Magno Sávio Ferreira Valente - Membro
Universidade Federal do Amazonas - UFAM



Dr. Arthur Antunes de Souza Cardoso - Membro
Universidade Federal do Amazonas - UFAM

*A minha doce filha Beatriz, é minha inspiração,
força e prazer, contribuiu de forma especial com muito
carinho e apoio para que eu chegasse até esta etapa da
minha vida.*

Sem você nenhuma conquista valeria a pena.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

À Deus, meu senhor e salvador, por me permitir chegar até aqui;

À minha família, em especial minha mãe Maria Raimunda Pinheiro Mendes, ao meu pai Francisco Normandes Oliveira dos Santos e ao meu irmão Adiel Mendes Oliveira, pelas orações, apoio, amor e incentivo;

À Universidade Federal do Amazonas, em especial ao Programa de Pós-graduação em Ciências Florestais e Ambientais (PPGCIFA);

À CAPES que concedeu a bolsa de pesquisa para a realização deste trabalho;

À professora Dr^a. Maria Teresa Gomes Lopes pela orientação, confiança, amizade, apoio e ensinamentos transmitidos;

Ao professor Dr. Magno Sávio Ferreira Valente pela orientação, sugestões e apoio.

Ao professor Dr. Santiago Linorio Ferreyra Ramos pela orientação, transmissão de conhecimentos e apoio.

Ao professor Dr. Marciel José Ferreira pela orientação, transmissão de conhecimentos e apoio.

Aos professores e colegas do programa de Pós-graduação em Ciências Florestais e Ambientais (PPG-CIFA);

Ao grupo de Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, com os quais aprendi e compartilhei conhecimento e experiências. Obrigada pelo incentivo, apoio, auxílio nas atividades de campo e de laboratório e companheirismo.

A todos que contribuíram de qualquer forma para este e outros trabalhos serem realizados.

AGRADEÇO!

SUMÁRIO

RESUMO	9
ABSTRACT	10
1. INTRODUÇÃO	11
2. OBJETIVOS.....	14
2.1 Geral.....	14
2.2 Específicos	14
3. REFERENCIAL TEÓRICO	15
3.1 <i>Parkia multijuga</i> Benth.....	15
3.1.1 Descrição botânica	15
3.1.2 Distribuição geográfica	16
3.1.3 Uso e importância.....	17
3.1.4 Biologia reprodutiva e fenologia.....	17
3.1.5 Características silviculturais.....	18
3.2 Sistema reprodutivo	18
3.3 Teste de progênie	20
3.4 Estimativa de parâmetros genéticos	21
4. MATERIAL E MÉTODOS	24
4.1 Área de estudo	24
4.2 Estudo do sistema reprodutivo.....	24
4.2.1 Amostragem	24
4.2.2 Extração de DNA	25
4.2.3 Quantificação do DNA.....	26
4.2.4 Amplificação dos locos microssatélites para <i>P. multijuga</i>	26
4.2.5 Estimativas de parâmetros de sistema reprodutivo	28
4.3 Parâmetros genéticos de <i>Parkia Multijuga</i>	29

4.3.1	Implantação do teste de progênie	29
4.3.2	Análises de crescimento	31
4.3.3	Estimativas de parâmetros genéticos.....	31
5.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	35
5.1	Estudo do Sistema Reprodutivo.....	35
5.2	Parâmetros Genéticos de <i>Parkia Multijuga</i>	38
6.	CONCLUSÕES.....	48
7.	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	49

RESUMO

Parkia multijuga é uma das espécies nativas arbóreas da Amazônia que possui características silviculturais potenciais para a composição de plantios de produção. A seleção de genótipos superiores em testes de progênes dessa espécie é uma alternativa promissora para obtenção de sementes visando produzir mudas para novos plantios. Os objetivos desse trabalho foram caracterizar o sistema reprodutivo e estimar variabilidade fenotípica de progênes da espécie visando identificar progênes superiores. O experimento na Fazenda Experimental da UFAM, Manaus. Para o estudo de sistema reprodutivo, foram amostradas 14 plantas de 13 progênes, totalizando 182 plantas. Foi coletado material vegetal (folhas) das 13 plantas mães e das 182 plantas, extraído DNA e analisados com 7 locos microssatélites. As estimativas de parâmetros genéticos foram obtidas de um ensaio experimental de campo com 14 progênes de *P. multijuga* implementado seguindo o delineamento de blocos casualizados. O monitoramento das plantas durante dois anos permitiu obter as estimativas de parâmetros genéticos como herdabilidade, acurácia e ganho de seleção para as características silviculturais altura, diâmetro do coleto, área de copa, taxa crescimento absoluto e taxa crescimento relativo. As análises foram realizadas a partir do modelo REML/BLUP no programa estatístico SELEGEM. As estimativas dos parâmetros do sistema de cruzamento obtidas nesse estudo indicam que *P. multijuga* é uma espécie alógama. As 13 progênes estudadas se destacaram por ser representada principalmente por meio-irmãos, mas os cruzamentos não foram aleatórios devido à ocorrência de algum acasalamento correlacionado, resultando em alguns irmãos completos dentro das progênes. Os valores elevados de acurácia indicam boa precisão experimental e mostram que a seleção dos genótipos superiores podem ser realizadas com segurança para os caracteres taxa de crescimento absoluto e relativo para altura de planta, diâmetro do coleto e área de copa avaliados em genótipos de *P. multijuga*. O período de 28 e 34 meses é o mais indicado para a realização de uma única avaliação pontual para altura de planta, diâmetro do coleto e área de copa de *P. multijuga* nas condições de plantio da Amazônia Central.

Palavras-chave: Melhoramento florestal, marcador microssatélite, silvicultura de produção, genética florestal.

ABSTRACT

Parkia multijuga is one of the native tree species of the Amazon rainforest with potential silvicultural characteristics for forest plantation. The selection of superior genotypes in progeny tests is a promising alternative for obtaining seeds to produce seedlings for new plantations. The objectives of this work were to characterize the reproductive system and to estimate phenotypic variability of the progenies of the *P. multijuga* to identify superior genotypes. The experiment was installed at the Experimental Farm of UFAM, Manaus. For the study of the reproductive system, 14 plants of 14 progenies were sampled, totaling 182 plants. Plant material (leaves) was collected from 13 mother plants and 182 plants. We extracted plant DNA and analyzed it with 7 microsatellite loci. The estimates of genetic parameters were obtained from 14 *P. multijuga* progenies in a randomized complete block design. The monitoring of the plants during two years allowed obtaining estimates of genetic parameters such as heritability, accuracy and selection gain for the silvicultural characteristics height, stem diameter, crown area and absolute and relative growth rate. The analyzes were performed using the REML/BLUP model in the statistical program SELEGEM. The estimates of the cross-system parameters obtained in this study indicate that the *P. multijuga* is an allogama species. The 13 progenies studied were mainly represented by half-siblings, but the crosses were not random due to the occurrence of some correlated mating, resulting in some complete siblings within the progenies. The high values of accuracy indicate good experimental accuracy and show that the selection of the superior genotypes can be safely performed for absolute growth rate and relative growth rate, stem diameter and crown area evaluated in *P. multijuga* genotypes. The period between 28 and 34 months is the most appropriate for a single evaluation to plant height, stem diameter and crown area of the *P. multijuga* under the planting conditions of Central Amazonia.

Key-words: Forest breeding, microsatellite marker, production forestry, forest genetics

1. INTRODUÇÃO

Considerado o maior bioma de floresta tropical do mundo, a Amazônia contém cerca de 50% da biodiversidade do planeta (Vasconcelos, 2015). Entretanto, este bioma vem sendo ameaçado por vários fatores, dentre os quais o principal é o desflorestamento causado por um conjunto de atividades antrópicas, tais como: a pecuária extensiva, a agricultura, a construção de estradas, hidrelétricas, mineração, atividades madeireiras e urbanização (Moreira, 2009).

Segundo dados divulgados pelo INPE (Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais), baseados em monitoramento via satélite, quanto ao desmatamento na Amazônia, indicam que a taxa de degradação das florestas foi de 7.989 km² no ano de 2016. Isso equivale a aproximadamente 76 mil hectares de áreas desflorestadas na Amazônia Legal (INPE, 2016). Do total de áreas desflorestadas, a pastagem nos diferentes estágios de regeneração, constitui a principal classe de uso do solo nessas áreas (Rivero *et al.*, 2009; Domingues e Bermann, 2012). Em contrapartida, iniciativas de reflorestamento para fins de produção são pouco representativas, conforme mostram os dados do Projeto TerraClass (INPE/CRA, 2016), o quantitativo destas áreas é cerca de 0,4% até o ano de 2014.

O Brasil tem aumentado a sua área de plantação florestal comercial. Contudo, a uma taxa geométrica média (T.G.M.) anual de 1,8%, inferior à taxa mundial (2,1%). Atualmente, o país ocupa a oitava posição, em termos de área de florestas plantadas, respondendo aproximadamente por 2,8 % dos plantios florestais do mundo (Payn *et al.*, 2015). Tais plantios, no Brasil, são constituídos predominantemente por espécies exóticas dos gêneros *Eucalyptus* e *Pinus* (IBÁ, 2016), principalmente devido a inexistência de sementes melhoradas geneticamente e ao pouco conhecimento tecnológico disponível a respeito da silvicultura de espécies nativas (Walters *et al.*, 2005).

Parkia multijuga Benth. é uma das espécies nativas arbóreas da Amazônia que possuem características silviculturais potenciais para a composição de plantios de produção. As árvores dessa espécie estão entre as mais altas da Floresta Amazônica, podendo atingir 40 m de altura e 100 cm de diâmetro. Pode ser utilizada na arborização urbana e, por apresentar crescimento rápido, é uma ótima alternativa para plantios em áreas degradadas, visando à recomposição da vegetação (Cruz e Pereira, 2015).

Na silvicultura de produção mais do que aumentar a área plantada, há preocupação em melhorar a uniformidade e produtividade das plantações, principalmente pela seleção de genótipos superiores e, também, pela adoção de sistemas de produção mais sustentáveis (Medeiros *et al.*, 2015). Nessa perspectiva, uma estratégia de eficiência comprovada para a seleção desses genótipos são os testes de progênies, onde estima-se a variabilidade genética e fenotípica de populações naturais (Santos *et al.*, 2014).

Segundo Degen e Sebbenn (2014) os testes de progênies têm vários objetivos, tais como: conservar a variabilidade genética de uma população natural, isto é, quando as árvores conservadas entrarem em fase reprodutiva, é possível realizar um corte seletivo entre e dentro de progênies e produzir sementes com alta variabilidade genética; formar pomares de sementes por mudas em diversos sítios viabilizando a formação de raças locais, e conseqüentemente aumentando a taxa de sobrevivência das espécies. Esses testes permitem obter as estimativas de parâmetros genéticos como componentes de variância entre e dentro de progênies, entre blocos e entre parcelas para o melhoramento de caracteres quantitativos. E a partir destes parâmetros é possível estimar os coeficientes de variação genético, a herdabilidade, a acurácia e os ganhos de seleção (Canuto *et al.*, 2015).

Informações sobre sistema de cruzamento conclusivos sobre alogamia ou autogamia em *P. multijuga* são inexistentes na literatura, porém são necessárias para a definição sobre modelos adequados nas análises de estimativas de parâmetros genéticos de caracteres quantitativos. As estimativas dos parâmetros do sistema misto de cruzamento, taxa de cruzamento (t) e taxa de autofecundação (s) são necessárias para definição de estratégias adequadas na obtenção de variedades melhoradas e para que definindo o tipo de variedade a ser recomendada para cultivo (Shaw e Allad, 1982) e ainda é fundamental para estabelecer estratégias de conservação do seu germoplasma e do uso dos métodos de melhoramento adequados de uma espécie vegetal.

Os estudos de sistema reprodutivo podem ser feitos a partir da análise de marcadores genéticos, como os microssatélites. As principais vantagens do uso de marcadores microssatélites estão relacionadas ao fato de serem codominantes (Ouborg *et al.*, 2010), multialélicos (Caixeta *et al.*, 2009) e permitirem a análise ainda no estágio de plântula. A análise de sistema reprodutivo (mating system) baseado em dados de marcadores microssatélites foram realizados em diversas espécies vegetais, como tucumã-do-Amazonas (*Astrocaryum aculeatum*) (Ramos *et al.*, 2011), Cupuassu

(*Theobroma grandiflorum*) (Alves *et al.*, 2013) e andiroba (*Carapa guianensis*) (Campos *et al.*, 2013).

O uso de marcadores moleculares e o conhecimento prévio do sistema de reprodução podem permitir também avanços no entendimento da estrutura genética e medir o grau de polimorfismos das populações naturais de espécies arbóreas, bem como auxiliar na construção de indicadores para monitorar as ações na floresta tropical (manejo, restauração de áreas degradadas, corredores de fluxo gênico, tamanhos mínimos de reservas e número de matrizes para a coleta de sementes) (Kageyama *et al.*, 2003). Os SSRs são ainda automatizáveis em sistemas multiplex, o que permite avaliar rapidamente um grande número de indivíduos para um grande número de locos a curto prazo (Azevedo, 2007). Segundo Chaves (2015), com o intuito de conhecer a biologia reprodutiva do gênero *Parkia*, sugere-se estudos genéticos, como os testes de paternidades, uma vez que não houve até o momento, nenhum trabalho mais aprofundado sobre a forma de reprodução da espécie em estudo.

Para contribuir com a seleção de genótipos superiores em plantio de produção de espécies nativas da região amazônica, investigamos qual o tipo de sistema reprodutivo que *P. multijuga* possui e qual o nível de variabilidade fenotípica presente nas progênies em plantio de produção. Para tanto, análises genéticas e fenotípicas foram realizadas em 14 progênies de *P. multijuga* plantadas em área alterada.

2. OBJETIVOS

2.1 Geral

- Caracterizar o sistema reprodutivo e estimar a variabilidade fenotípica para caracteres silviculturais em progênies de *P. multijuga* em plantio de produção.

2.2 Específicos

- Estimar a taxa de cruzamento de progênies de *P. multijuga*;
- Estimar parâmetros genéticos visando a seleção de genótipos superiores;

3. REFERENCIAL TEÓRICO

3.1 *Parkia multijuga* Benth.

Parkia multijuga é uma espécie nativa, conhecida popularmente como faveira e paricá-de-terra-firme no Amazonas; faveira-arara-tucupi no Pará; e pinho-cuiabano em Rondônia. Pertence à família Fabaceae, sub-família Mimosoideae. O gênero *Parkia* é um gênero Pantropical e destaca-se por apresentar uma grande diversidade na Amazônia, com árvores de grande porte que ocorrem na floresta de terra-firme, várzea sazonal, floresta secundária, e no norte da América do Sul onde existem 17 espécies (Hopkins, 1986; Nascimento *et al.*, 2009).

3.1.1 Descrição botânica

É uma espécie arbórea, de comportamento sempre-verde ou perenifólio de mudança foliar (Figura 1A). As árvores adultas estão entre as mais altas da Floresta Amazônica, e atingem aproximadamente 40 m de altura e 100 cm de DAP (diâmetro à altura do peito). Possui o tronco reto ou um pouco inclinado (cilíndrico), copa globosa e densa. E os ramos são semi-erguidos. Folhas alternas, até 70 cm de comprimento (Figura 1B e C); pecíolo com uma glândula ou raramente duas, orbicular, na base; pinas 12-35 pares, opostos ou subopostos; folíolos cerca de 30-36 pares, opostos, oblongos, 5-12,5 x 1,5-3 mm, ápice arredondado (Carvalho, 2009; Hopkins, 1986). Apresenta inflorescência do tipo panícula, com suas flores dispostas em capítulos, contendo brácteas em sua base. O capítulo apresenta em média 421 flores (± 59 ; N=50), distribuídas em flores estaminadas em maior número e flores hermafroditas localizadas no ápice (Figura 1D e E). O cálice é gamossépalo e pentalobado, e a corola gamopétala e pentalobada. O androceu é diplostêmone composto de 10 estames e filetes medindo em média 1,72 cm de comprimento ($\pm 0,19$; N=50). As anteras apresentam deiscência longitudinal, dorsifixas, com média de 0,09 cm de comprimento ($\pm 0,01$; N=50) onde são alojados uma média de 18 políades ($\pm 3,6$, N=50). No ápice de cada antera corre um apêndice glandular (Chaves, 2015).

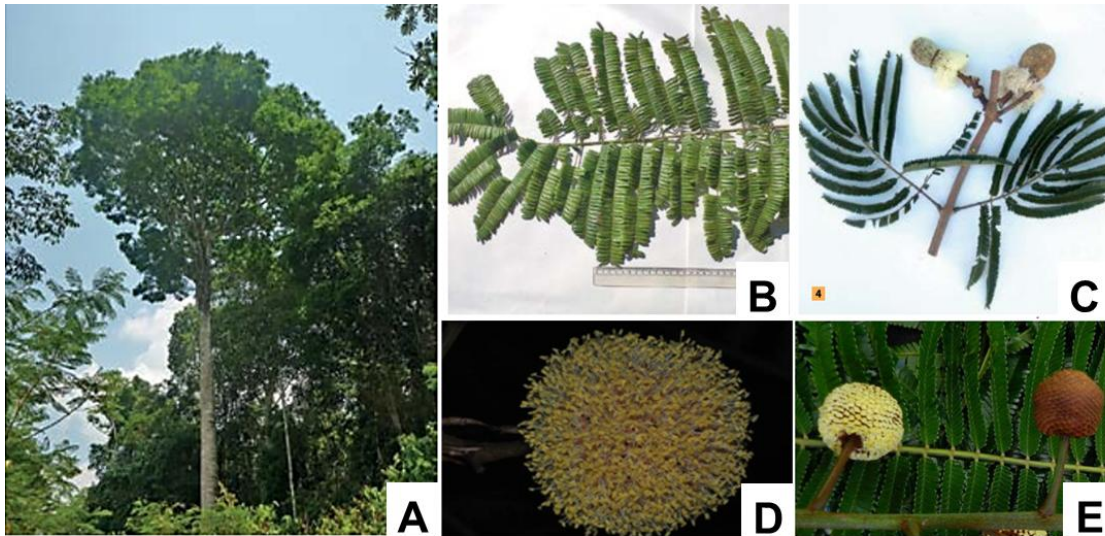


Figura 1. A- Árvore adulta, B, C- Folhas alternas e D, E- Flores amarelas e antese noturna da espécie *P. multijuga*. (Fonte: Carrero, 2014).

3.1.2 Distribuição geográfica

A espécie *Parkia multijuga* ocorre na Colômbia, no Equador e no Peru. No Brasil, essa espécie ocorre nos Estados do Amazonas, Mato Grosso, Pará e Rondônia (Figura 2). O tipo de vegetação de ocorrência é em Floresta de Igapó e Floresta de Terra Firme, e cresce exclusivamente em solos argilosos e aluviais (Hopkins, 1986; Carvalho, 2009).

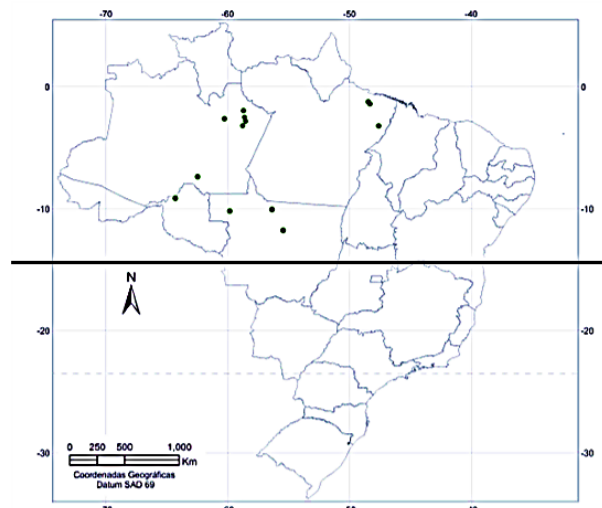


Figura. 2. Locais de ocorrência natural de *Parkia multijuga* no Brasil. (Fonte: Carvalho, 2009)

3.1.3 Uso e importância

A madeira dessa espécie tem potencial para a produção de papel e celulose, e produz lenha de boa qualidade para energia. A madeira pode ser usada em molduras, acabamentos, divisórias, compensados, móveis, caixotaria, engradados, brinquedos e outros. Adquire grande importância junto ao setor madeireiro, por ser leve e de fácil laminação (Carvalho, 2009). As sementes são utilizadas em artesanato (Castro, 2002).

No setor paisagístico a árvore é extremamente ornamental, principalmente pela folhagem brilhante e pelo porte elegante; pode ser empregada principalmente na arborização de grandes avenidas e praças públicas. A espécie possui relevante finalidade ambiental, pois é empregada para recuperação de áreas degradadas de preservação permanente, principalmente por seu rápido crescimento visando à recomposição da vegetação (Lorenzi, 1992; Carvalho, 2009). Segundo Costa *et al.* (2014), *P. multijuga* acumula grandes quantidades de biomassa e nutrientes em raízes e folhas, ou seja, uma característica favorável para o desempenho em sítios com baixa disponibilidade de recursos, sendo, portanto, potencialmente indicada para programas de reflorestamento em áreas alteradas na região amazônica.

3.1.4 Biologia reprodutiva e fenologia

A floração ocorre em agosto, no Acre; em setembro, em Rondônia; de setembro a abril, no Amazonas, e de setembro a maio, no Pará. O polinizador de *Parkia multijuga* ainda é desconhecido. Contudo, segundo Chaves (2015) a polinização foi considerada generalista, por receber visitas de espécie de coleópteros e micro insetos noturnos. A frutificação de frutos maduros ocorre de agosto a fevereiro, no Pará; de novembro a dezembro, em Mato Grosso e em fevereiro, no Acre. Os frutos são em forma de legume lenhoso, indeiscente, plano, curvado, medindo de 20 a 25 cm de comprimento por 7 a 10 cm de largura, estipitado, escuro no amadurecimento, sustentado num pedúnculo erguido (Figura 3A e B). Em cada fruto há cerca de 14 sementes. As sementes são cuneadas, cor-de-vinho, medindo de 3,4 a 5,2 cm de comprimento por 1,2 a 1,8 cm de largura (Figura 3C). Contudo, apresenta uma forma tri-dimensional, de difícil caracterização (Carvalho, 2009). As sementes de *P. multijuga* apresentam dormência

física, imposta pelo tegumento duro e impermeável à água (Hopkins,1986). Entretanto, tem 76 a 96 % de sobrevivência em condições de floresta primária, secundária e área sem vegetação, mas, a taxa de germinação da semente é inferior a 50 % (Camargo *et al.*, 2002). Conforme destacam Bianchetti *et al.* (1998), a imersão das sementes durante 16 minutos em ácido sulfúrico (6% p.a.) é suficiente para superar a dormência.

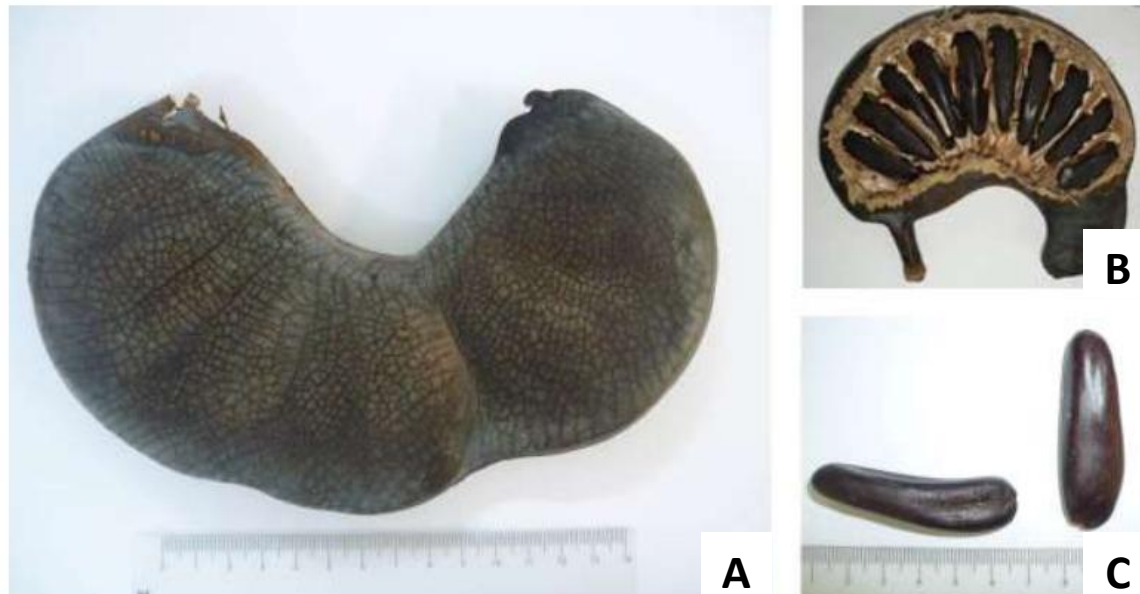


Figura 3. A,B- Aspectos do fruto em forma de legume, C- Sementes de *P. multijuga*. (Fonte: Chevreuil, 2014).

3.1.5 Características silviculturais

Parkia multijuga é uma espécie heliófita ou esciófita, que não tolera baixas temperaturas. É principalmente plantada em sistema de plantio misto à pleno sol. Há poucos dados de crescimento em plantios para essa espécie (Carvalho, 2009). Segundo Ferreira *et al.* (2016) é recomendado o plantio da espécie a pleno sol, com 150 g de Ouro-mag por cova, em sulcos com 50 cm de largura x 50 cm de profundidade ou plantios em covas de 0,20 x 0,20 x 0,20 m e espaçamentos de 4 x 3 m ou 3 x 3 m.

3.2 Sistema reprodutivo

O estudo sobre o sistema reprodutivo permite entender como os genes se combinarão para formar as gerações descendentes, possibilitando traçar estratégias para a seleção de genótipos superiores e para a manutenção da variabilidade genética visando

usos futuros e baseados no conhecimento da coancestria média entre plantas dentro de progênies de polinização aberta (Alves *et al.*, 2003; Mori *et al.*, 2013).

O sistema reprodutivo é fundamental para a conservação genética, a implantação de programas de melhoramento e o manejo sustentável de espécies florestais. Apresenta grande variação entre espécies e entre e dentro de populações devido ao fato de seu controle estar sobre influência genética e ambiental, o que explica a variação observada da taxa de cruzamento entre plantas de uma mesma espécie, quando comparados diferentes locais ou anos, podendo as sementes incluir diferentes graus de parentescos, como meios-irmãos, irmãos completos e irmãos de autofecundação (Sebbenn, 2003).

Atualmente, uma das formas de conhecimento do sistema reprodutivo de uma espécie é por meio da estimativa da taxa de cruzamento obtida a partir de marcadores genéticos usando espécies arbóreas tropicais. Dentre esses, os microsatélites ou SSR consistem de sequências curtas de 1 a 6 nucleotídeos repetidas na mesma ordem, encontrados frequentemente e aleatoriamente em todos os DNAs nucleares eucarióticos examinados (Tautz & Renz, 1984; Gupta *et al.*, 1996; Oliveira *et al.*, 2006). São considerados marcadores ideais para estudos genéticos em plantas, como sistema reprodutivo, por possuírem uma série de características desejáveis como: distribuição ao acaso e ocorrência em grande quantidade em genomas de eucariotos; codominância dos alelos, ou seja, ambos os alelos de um indivíduo heterozigoto são visualizados no gel; facilidade de detecção via Reação da Polimerase em Cadeia (PCR) e alta diversidade alélica (Dayanandan *et al.*, 1997; Chase *et al.*, 1996; Rossetto *et al.*, 1999).

Marcadores SSR (*Sequence Simple Repeats*) têm sido utilizados com sucesso para estimar a taxa de cruzamento de diferentes espécies e populações, como em *Caryocar brasiliense* (Collevatti *et al.*, 2001), *Theobroma grandiflorum* (Alves *et al.*, 2003), *Euterpe edulis* (Seoane *et al.*, 2005), *Solanum lycocarpum* (Martins *et al.*, 2006), *Hymenaea courbaril* (Lacerda *et al.*, 2008 e Feres *et al.*, 2009), *Copaifera langsdorffii* (Manoel, 2011) e *Tabebuia roseo-alba* (Feres, 2009).

O sistema de reprodução pode ser caracterizado pelos modelos de cruzamentos mistos (Ritland e Jain, 1981) e cruzamentos correlacionados (Ritland, 1989). Posteriormente, parâmetros do sistema de reprodução como taxa de autofecundação, taxa de cruzamento e correlação de paternidade podem ser utilizados para estimar a coancestria e o tamanho efetivo dentro de progênies. Os dois últimos parâmetros são

fundamentais na determinação do número de árvores matrizes para a coleta de sementes em programas de melhoramentos e conservação genética, bem como para recuperação ambiental (Mori *et al.*, 2013).

3.3 Teste de progênie

A aplicação dos ensaios de progênie, tanto a partir de sementes livres, quanto de cruzamentos controlados, representa um dos mecanismos mais vantajosos para o melhoramento florestal (Kageyama, 1980). A existência da variação genética entre e dentro de espécies florestais, tanto em procedência quanto em progênie, tem várias funções, constituindo uma proteção contra as mudanças climáticas, servindo também de base para a seleção e o cruzamento (Torggler, 1987; Silva, 2003).

Uma das melhores maneiras de se avaliar o valor genotípico dos pais (matrizes) é cultivar sua progênie de forma que seja possível uma avaliação de seus valores como reprodutores (teste de progênie). Além da determinação do valor dos pais, o teste de progênie tem, em longo prazo, um uso de igual ou até mesmo de maior importância, que é seu emprego como fonte de material genético. O método para seleção consiste em separar os melhores indivíduos e mantê-los no plantio das futuras gerações. A vantagem do teste de progênie livre em comparação aos testes de progênie de polinização controlada são os custos menores, além de atenderem aos objetivos de determinação da capacidade geral de combinação (Degen e Sebbenn, 2014).

Os testes de progênie são importantes para conservação das espécies e cumprem várias finalidades: conservar a variabilidade genética de uma população natural; viabilizar a caracterização genética da espécie; e formar pomares de sementes por mudas em diversos sítios, viabilizando a formação de raças locais, conseqüentemente aumentando a taxa de sobrevivência das espécies. Esses testes constituem-se em um sistema de plantio, onde cada planta mantém sua referência de origem da população e possui repetições suficientes para se estimar os parâmetros genéticos, assim esse material genético conservado e melhorado (Canuto *et al.*, 2015).

Com o uso dos testes de progênie é possível estimar parâmetros genéticos e determinar caracteres que são de grande importância a fim de definir qual a melhor estratégia para o melhoramento genético, além de possibilitar o estudo genético da

população. Desta forma, pode-se identificar os genótipos superiores, seja para conservação ou para fins de seleção, na busca em analisar a grandeza e a natureza da variância genética disponível, empregando modelos de seleção adequados (Costa *et al.*, 2006).

3.4 Estimativa de parâmetros genéticos

Um dos princípios do melhoramento se dá por meio do conhecimento da variabilidade genética existente em uma população, sendo assim a estimativa de parâmetros genéticos se torna essencial uma vez que descrevem o grau de variação entre as progênies, a natureza do controle genético dos caracteres e os ganhos esperados com a seleção. No caso de plantas perenes, a obtenção destas estimativas é ainda mais importante do que em plantas anuais, porque devido ao longo ciclo dessas espécies, a decisão dos melhorista deve ser a mais acertada possível (Bison, 2004; Freitas *et al.*, 2006).

Segundo Cornacchia (1994) e Sobierajski *et al.* (2006), as características quantitativas, como crescimento, adaptação, qualidade da madeira e forma, frequentemente, são utilizadas como bons indicadores para a determinação da variação entre e dentro de procedências, pois são herdadas pela ação de muitos genes de efeito aditivo, de forma que cada um contribui para a herança dos caracteres. E podem ser aplicados porque os indivíduos diferem fenotipicamente entre si, mesmo quando comparados dentro de progênies.

Dentre os parâmetros genéticos quantitativos de maior importância e que geralmente são objetos de estudos em testes de progênies, se destacam as variâncias genéticas aditiva e não-aditiva, as correlações, as herdabilidades e repetibilidade das plantas no estágio juvenil e adultos. Tais caracteres quantitativos são a expressão de vários genes que condicionam a manifestação de um genótipo, através do fenótipo (Bueno *et al.*, 2006; Cruz & Carneiro, 2009).

O coeficiente de variação genética, o coeficiente de herdabilidade (sentido restrito e amplo) e o ganho genético entre progênies e dentro de progênies, obtidos a partir dos testes de progênies, permitem avaliar a variabilidade genética que infere sobre o sistema de cruzamento das espécies, proporção de variância genética em relação à variância fenotípica e como foi mantida por meio dos ciclos seletivos e liberada através

da recombinação, ao final de cada ciclo. Estes parâmetros são muito utilizados para estudos genéticos iniciais com espécies nativas (Kageyama, 1990; Resende, 1999).

Outro aspecto, é o coeficiente de repetibilidade de uma característica que possibilita estabelecer o número de observações fenotípicas que devem ser realizadas em cada indivíduo para prever o seu valor real com certo grau de confiabilidade e a seleção fenotípica entre genótipos seja eficiente, ou seja, consuma menos tempo e tenha menor custo de mão-de-obra. Tal estimativa é possível de ser obtida quando as medições são realizadas repetidas vezes em um mesmo indivíduo. No melhoramento de plantas perenes, o estudo de repetibilidade é imprescindível, pois representa o máximo valor que a herdabilidade de um caráter, no sentido amplo, pode atingir. O conhecimento do coeficiente de repetibilidade permite, portanto, que a fase de avaliação seja executada com eficiência (Resende, 2002; Cruz *et al.*, 2004; Cruz *et al.* 2012).

Segundo Bueno *et al.* (2001), a adequada predição dos valores genotípicos para diferentes caracteres possibilita estimar as correlações genéticas entre eles, que pode proporcionar a utilização da seleção indireta. A correlação fenotípica mede o grau de associação de dois caracteres provenientes dos efeitos genético e ambiental, enquanto a correlação genética mede a associação entre os valores genéticos de dois caracteres (Falconer e Mackay, 1996). Tais estimativas de correlações fenotípicas e genéticas tornam-se importantes nos programas de melhoramento, pois comprovam que, via seleção preditiva, uma alteração significativa em um caráter pode promover alterações em outros caracteres correlacionados a ele (Resende, 2002).

Dentre os métodos usados para estimar parâmetros genéticos no melhoramento de espécies arbóreas, existe o dos mínimos quadrados e máxima verossimilhança, com base em modelos mistos do tipo REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada). Sendo este de fundamental importância para a predição de valores genéticos aditivos e genotípicos de indivíduos com potencial para seleção, tanto em nível intrapopulacional como interpopulacional (Resende, 2000). O procedimento REML/BLUP está sendo aplicado com sucesso no melhoramento de espécies florestais no Brasil, como a *Myracrodruon urundeuva* (Guerra *et al.*, 2009), *Eucalyptus grandis* (Brizolla, 2009), *Mimosa scabrella* (Nascimento, 2010), *Hevea* spp. (Verardi, 2010), *Dipteryx alata* (Gomes, 2011), *Eucalyptus urophylla* (Souza *et al.*, 2011), *Dipteryx alata* Vogel. (Zaruma, 2014) e *Tectona grandis* (Costa *et al.*, 2015).

As vantagens principais no uso de modelos REML/BLUP são: permite comparar indivíduos ou variedades por meio do tempo (gerações, anos) e espaço (locais, blocos); simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos; lida com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos); pode ser aplicado a dados desbalanceados e a delineamentos não ortogonais (Resende, 2002).

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Área de estudo

Progênes de *P. multijuga*, oriundas de uma população base de Apuí, estão mantidas desde julho de 2015 a campo na Fazenda Experimental da Universidade Federal do Amazonas (FAEXP-UFAM) localizada a 38 km da rodoviária BR-174 da cidade de Manaus, Amazonas, Brasil. A localização geográfica da área experimental desta pesquisa apresenta latitudes de 02° 37' 17,1'' S e 02° 39' 41,4'' S, com longitudes de -60° 03' 29,1'' W e -60° 07' 57,5'' W) com tipo de clima de Am - tropical monsoon (Peel, Finlayson and McMahon, 2007). A precipitação anual média é de 2.497 mm, com umidade relativa do ar de 85%, temperatura média do ar de 26 °C e 50 m de altitude (Souza *et al.*,2003). As plantas de *P. multijuga* estão distribuídas em delineamento de blocos casualizados, com 14 famílias de progênes distribuídas aleatoriamente em cada um dos seis blocos com três plantas por parcelas, totalizando 252 plantas em espaçamento 3 x 3 m, especificamente, com 18 plantas por progênes.

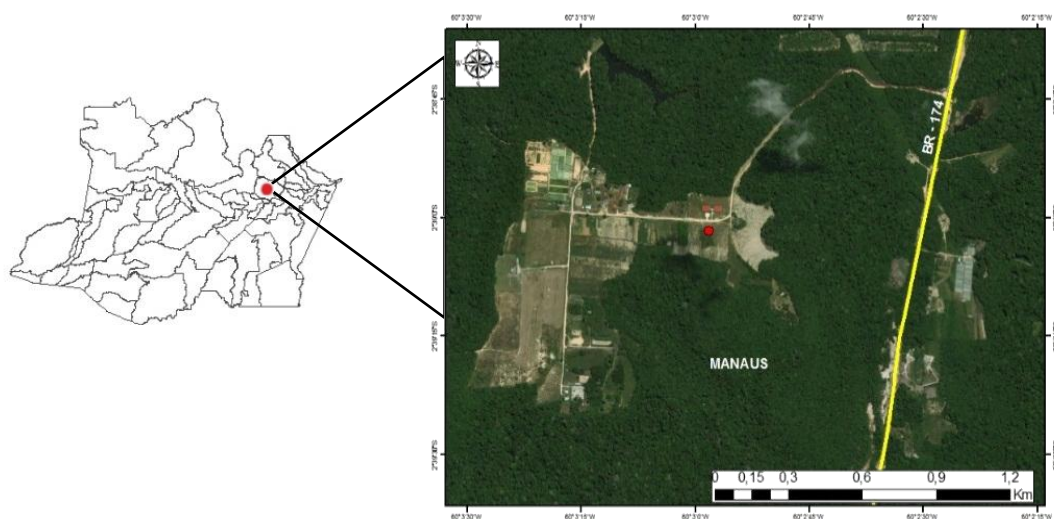


Figura 4. Mapa de localização da Fazenda Experimental da UFAM.

4.2 Estudo do sistema reprodutivo

4.2.1 Amostragem

Na amostragem, foram amostradas 14 plantas de 13 progênies, totalizando 182 plantas. Foi coletado material vegetal (folhas) das 13 plantas mães e das 182 plantas. Logo foram encaminhadas ao laboratório de Genética e Melhoramento de Plantas do Departamento de Agronomia da Universidade Federal do Amazonas (UFAM) para os trabalhos de extração do DNA genômico.

A coleta do material vegetal consistiu em armazenar este folíolo individualmente em um saco plástico tipo *zip lock* previamente identificado, contendo sílica gel, até que as amostras puderam ser conservadas a -20° C no Laboratório.

Estas coletas foram executadas dentro das normas da Resolução 21, do CGEN, pois se caracteriza como pesquisa científica sobre as relações de diversidade genética e fluxo gênico em áreas geográficas do estado de Amazonas com a espécie *P. multijuga*. Paralelamente foi solicitado o cadastro da espécie *P. multijuga*, da equipe e da instituição executora, no SisGen (Sistema Nacional de Gestão do Patrimônio Genético e do Conhecimento Tradicional Associado, Decreto nº 8.772, de 11 de maio de 2016, que regulamenta a Lei nº 13.123, de 20 de maio de 2015), o qual aguarda retorno do cadastro.

4.2.2 Extração de DNA

O DNA genômico total foi extraído a partir de amostras das folhas usando o método CTAB (Doyle e Doyle, 1987) modificados para adição de acetato de sódio. De cada uma das folhas coletadas foi retirado 60 mg de tecido foliar, fragmentado em pedaços bem pequenos, e colocados em um microtubo de 2 ml, onde foi adicionado 800 µL de Nitrogênio líquido, e foram macerados com auxílio de um bastão de porcelana. O produto resultante da maceração de cada uma das amostras foi depositado em tubo *Eppendorf* de 1,5 mL de capacidade, previamente identificado. Em seguida, em cada amostra foram acrescentados 800 µL do tampão (pré - aquecido a 65°C durante 15 min e com a adição de 2g de Polivinilpirrolidona – PVP), 2 µL de 2-β-mercaptoetanol 1%, 50 µL de proteinase K e estas foram colocadas em banho-maria a uma temperatura de 55°C, durante 30 minutos, sendo homogeneizadas a cada 10 minutos. Em seguida, foram colocadas para esfriar e, logo após, foi adicionado 600 µL de Clorofórmio com Álcool Isoamílico, na proporção 24:1 (CIA). Depois, os tubos foram centrifugados a uma velocidade de 13.000 rpm por 10 minutos. Posteriormente, foi pipetada toda a fase

aquosa de cada uma das amostras, e transferida para um novo microtubo de 1,5 mL. Nesse tubo foi adicionado 600 μ L de Isopropanol gelado (- 20°C) para permitir a precipitação do DNA. O material foi incubado por 12 horas (*overnight*) a -20°C. Posteriormente, os tubos foram centrifugados a 12.000 rpm por 10 minutos, permitindo identificar o pellet no fundo do tubo. Logo foi eliminado o Isopropanol. Na sequência foram acrescentados por duas vezes 1000 μ L de etanol absoluto a 70% no *pellet* de cada amostra por um minutos. Logo, se acrescentou uma única vez 1000 μ L de etanol absoluto a 95% por um minutos, retirando-se em seguida o máximo possível deste etanol. Em seguida, os tubos *Eppendorf* com o *pellet* foram colocados para secar na bancada a temperatura ambiente por 20 minutos. Posteriormente, foi adicionado 50 μ L de solução tampão TE (Tris-HCl e EDTA) acrescido de RNase na concentração de 2 μ g/mL. As amostras foram incubadas por 30 min a 37°C e vortexadas de 30 em 30 minutos para a digestão do RNase. O material final foi armazenado a - 20°C.

4.2.3 Quantificação do DNA

A concentração e a qualidade do DNA extraído foram verificadas utilizando o espectrofotômetro NanoDrop® 8000 para avaliação da razão entre os comprimentos de onda A260/A280, que representa a quantidade de ácidos nucleicos pela quantidade de proteína na amostra. Foram consideradas adequadas amostras com A260/A280 entre 1,80 e 2,10, indicando haver baixa quantidade de proteínas e RNA nas amostras. Com base na concentração obtida pelo equipamento e por comparação visual em gel de agarose 1,5 % (p/v) com o corante Gel Red + Azul (3 μ L) para a visualização das bandas de DNA. A corrida de eletroforese foi realizada a uma voltagem de 110 V durante o período de 60 minutos. O gel foi fotografado e avaliado com auxílio de um fotodocumentador. Após a quantificação do DNA concentrado, foi necessário diluir o DNA a uma concentração de 10 ng/ μ L com água milli-Q. O material final foi armazenado a -20 °C.

4.2.4 Amplificação dos locos microssatélites para *P. multijuga*

Foram utilizados nesse estudo 7 locos de microssatélite polimórficos (Tabela 1) desenvolvidos para *P. multijuga* e já testados para a *P. multijuga* (Luettmann *et al.*,

2010). Estes iniciadores contendo os fragmentos de microssatélites foram amplificados pela reação em cadeia da polimerase (PCR) em um volume total de 10 µL, contendo 10 ng de DNA genômico, 1X buffer, 210 µM de cada dNTP, 1,5mM de MgCl₂, 0,16 µM de *primer forward* e calda M13 (FAM ou NED) (Schuelke, 2000), 0,32 µM de *primer reverse*, 1,05 U de *Taq* DNA polymerase (Invitrogen, Carlsbad, California, USA) e 3,49 µL de água ultra pura. Estas amplificações via PCR foram desenvolvidas em duas etapas, a primeira etapa é específica para os iniciadores e a segunda para realizar a ligação do M13. A primeira etapa iniciou estabilizando a temperatura a 68°C por 2 minutos e a 92°C por 30 segundos, e em seguida foram realizados 30 ciclos do processo de desnaturação a 92°C por 30 segundos, seguido do anelamento por 35 segundos e a extensão a 68°C ou 72°C por 35 segundos. Na segunda etapa do M13 foram realizados 15 ciclos do processo de desnaturação a 92°C por 20 segundos, seguido do anelamento a 53°C por 30 segundos e da extensão a 72°C por 30 segundos, finalizando com uma extensão a 72°C por 15 minutos seguida de 68°C por 30 minutos (Ramos *et al.*, 2011a, 2012). As amostras foram amplificadas usando o termociclador *Veriti* (Applied Biosystems, Foster City, California, USA).

Tabela 1 – Sequências dos *primers* microssatélites de *P. multijuga* utilizados nesta pesquisa.

Locus	Repeat motif	Sequência Primer (5' - 3')	Ta °C	N (bp)	Número de Acesso GenBank
Parpan 4	(GT) 13 (GA) 15	F: TAMRA-TTGATGGGAGTGGGAAAAAG R: CAGGAGGTGGTCTCTTCAGG	54	148-210	GU735074
Parpan 5	(CA) 17	F: FAM-CTCAATAAGATACCCTTACATTGC R: TTGAATCGAGGAATGAGATTATTG	60	166-200	GU735075
Parpan 11	(TG) 5 CA(TG) 16	F: HEX-ACGTAGGGAATAGGGCCATC R: CTACGTACGAGCCGACACTC	58,5	94-214	GU735077
Parpan 13	(GT) 17 TT(GT) 8	F: TAMRA-CCTCCCTCGCTTCACAATC R: CACATGCAAATGAAAATGGTG	58,5	86-194	GU735078
Parpan 14	(GT) 20	F: HEX-ACATCAAAATGGTCGCTCAAC R: CAAATGTTCTTGTATGGAGCAAG	60	76-116	GU735079
Parpan 15	(AC) 24	F: HEX-TGGCCTCACTGCATACTGAC R: TGGGATGAACAAAACCTGTGC	55	104-152	GU735080
Parpan 21	(GT) 1	F: HEX-TGCTTTGTGCGACTTGAATC R: CATTGTTTCAGCATATAGGCATACAG	58	153-185	GU735081

Ta = Temperatura de anelamento; N = Tamanho dos fragmentos amplificados.

Fonte: Luettmann *et al.*, 2010.

Do produto obtido das PCRs, 2 μ L foi utilizado para realizar a eletroforese por 40 minutos em corrente 90V. Esta permitirá visualizar o grau de intensidade das PCRs no gel de agarose a 1,5% de acordo com as recomendações do equipamento de eletroforese capilar. Os produtos da PCR de boa qualidade foram submetidos à eletroforese capilar no Analisador automático de DNA ABI 3130XL Genetic Analyzer (Applied Biosystems, Foster City, California, USA), para desta forma determinar os tamanhos dos alelos com o auxílio do marcador com tamanhos de fragmentos conhecidos, ET-550 ROX *size standard* (GE Healthcare, Amersham, Buckinghamshire, UK). As genotipagens foram observadas e analisadas com o auxílio do programa GENEMAPPER v4.0 *software* (Applied Biosystems, Foster City, California, USA).

4.2.5 Estimativas de parâmetros de sistema reprodutivo

Para o estudo do sistema reprodutivo de *P. multijuga* foi utilizado o programa MLTR “*Multilocus Mating System Program*” (Ritland, 2004) de acordo aos modelos que estimam as taxas de cruzamentos mistos e correlacionados (Ritland, 2002), baseado nas probabilidades de Máximas Esperanças “EM” (Ritland, 2002; 2004). Os índices estimados foram : i) taxa de cruzamento *multilocus* (\hat{t}_m); ii) taxa de cruzamento *unilocus* (\hat{t}_s); iii) taxa de endogamia biparental ou acasalamento entre parentes ($\hat{t}_m - \hat{t}_s$); iv) correlação de paternidade *multilocus* ($\hat{r}_{p(m)}$); v) correlação de autofecundação (\hat{r}_s); vi) índice de fixação materna (\hat{F}_m). A taxa de cruzamento *multilocus* (\hat{t}_m) de cada família foi estimada pelo método de Momentos “MME” (Ritland, 2002). O 95% do intervalo de confiança (IC) de cada índices foi calculado a partir de 1000 replicações bootstrap, onde as unidades de amostragem foram representadas por plantas dentro de progênies para a análise individual e por progênies para análise populacional. A média do tamanho efetivo de doadores de pólen por planta mãe, foi estimado pelo $\hat{N}_{e(p)} = 1/r_{p(m)}$ (Ritland, 1989) e as médias das proporções entre dois irmãos de autofecundação (*self-sibs* = \hat{P}_{ss}), meio-irmãos (*half-sibs* = \hat{P}_{hs}), irmãos completos (*full-sibs* = \hat{P}_{fs}), e meios-irmãos (*self-half-sibs* = \hat{P}_{shs}) dentro das famílias foram estimadas como: $\hat{P}_{ss} = \hat{s}^2$; $\hat{P}_{hs} = \hat{t}_m^2(1 - \hat{r}_{p(m)})$; $\hat{P}_{fs} = \hat{t}_m^2\hat{r}_{p(m)}$ and $\hat{P}_{shs} = 2\hat{s}\hat{t}_m$ (Sebbenn 2006, Feres *et al.* 2012).

O coeficiente de coancestria dentro de famílias (θ) foi estimado $\theta = 0.125(1 + \hat{F}_m)[4\hat{s} + (\hat{t}_m^2 + \hat{t}_m\hat{s}\hat{r}_s)(1 + \hat{r}_{p(m)})]$. Onde, s é a taxa de autofecundação ($\hat{s} = 1 - \hat{t}_m$) e a variância do tamanho efetivo dentro da família (\hat{N}_e), segundo Cockerham (1969), assume uma população de referência idealizada (tamanho infinito, acasalamento aleatório, sem seleção, mutação ou migração): $\hat{N}_e = 0.5 / \{\theta[(n - 1/n)] + [(1 + \hat{F}_o)/2n]\}$, onde n é o número de filhos analisados dentro das famílias (usamos a média de 182 plantas, $n = 14$) e \hat{F}_o é o nível de endogamia dentro das famílias (Sebbenn 2006). O número de árvores-mãe (m) para coleta de sementes, visando reter o tamanho efetivo de referência de 150 (Nunney e Campbell, 1993) foi calculado utilizando $m = N_{e(reference)} / N_e = 150 / N_e$; $m = \hat{N}_{(e)reference} / \hat{N}_e = 150 / \hat{N}_e$ (Sebbenn 2006); considerando que não existe parentesco das árvores-mãe, sem interações entre as árvores-mãe amostradas e, sem sobreposição dos pools de pólen e sem pólen dos mesmos pais recebidos pelas árvores-mãe (Sebbenn 2006).

4.3 Parâmetros genéticos de *Parkia Multijuga*

4.3.1 Implantação do teste de progênie

O teste de progênies de *P. multijuga*, oriundas de uma população base não avaliada, foi implantado em julho de 2015. Trinta dias anteriormente ao plantio, foi realizada a correção do solo em cada cova com a incorporação de 206 g de calcário dolomítico. O plantio foi realizado em covas de 40 cm de diâmetro e 50 cm de profundidade, abertas com perfurador mecânico acoplado a um trator. O preparo do solo envolveu ainda a subsolagem em área total até uma profundidade de aproximadamente 40 cm. O delineamento foi o de blocos casualizados, com 14 progênies distribuídas aleatoriamente em cada um dos seis blocos com três plantas por parcelas, totalizando 252 plantas em espaçamento 3 x 3 m (Figura 5A e B). Os blocos foram divididos por linhas de bordadura que separaram as parcelas úteis entre os diferentes blocos (Figura 6).



Figura 5. **A** - Plantio de progênies de *P. multijuga* no campo, **B** – Planta de *P. multijuga*. (Fonte: Arquivo pessoal).

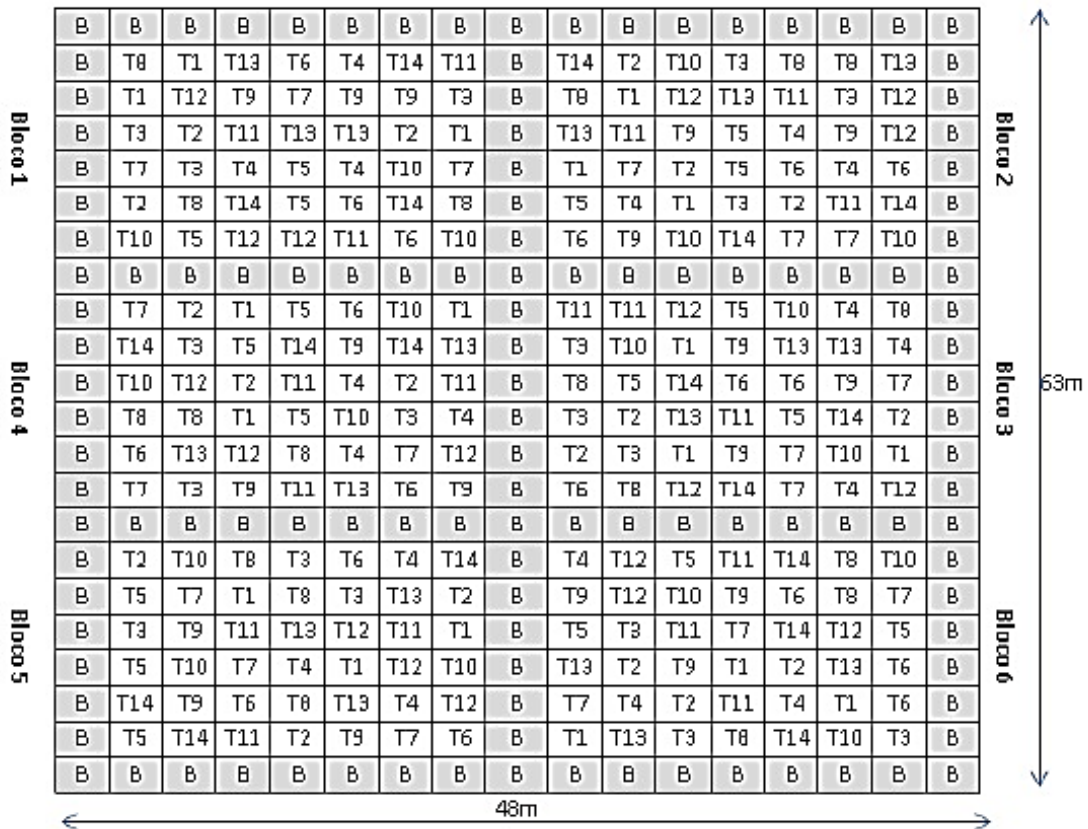


Figura 6. Croqui do desenho experimental. T – 14 Progênies e B – bordadura.

4.3.2 Análises de crescimento

A mensuração dos caracteres quantitativos altura (m), diâmetro do coleto (mm) e área de copa (cm²) foi feita com o auxílio de régua hipsométrica graduada em centímetros, paquímetro digital e régua graduada em centímetros, respectivamente. Nos primeiros dois anos foram realizadas quatro avaliações. No presente estudo, outras duas avaliações complementares foram realizadas em intervalos semestrais durante o período entre julho de 2017 a julho de 2018.

Para a ocasião desse estudo, foram analisados os valores absolutos de altura, diâmetro do coleto e área de copa aos 34 meses, assim como, as taxas de crescimento absoluto e relativo entre o décimo e o trigésimo quarto mês, compreendendo assim o período de 2 (dois) anos de monitoramento. As equações para o cálculo de crescimento absoluto e relativo, conforme Hunt (1990), estão descritas na Tabela 2.

Tabela 2. Fórmulas utilizadas para os cálculos das taxas de crescimento absoluto e relativo em altura, diâmetro e área de copa.

Variável	Equação	Unidade
Taxa de crescimento relativo em altura (TCR-H)	*TCR-H: $(\ln A_2 - \ln A_1) / (t_2 - t_1)$	cm cm ⁻¹ mês ⁻¹
Taxa de crescimento relativo em diâmetro do coleto (TCR-Co)	TCR-Co: $(\ln D_2 - \ln D_1) / (t_2 - t_1)$	mm mm ⁻¹ mês ⁻¹
Taxa de crescimento relativo em área de copa (TCR-Ac)	TCR-Ac: $(\ln A_{c2} - \ln A_{c1}) / (t_2 - t_1)$	cm ² cm ⁻² mês ⁻¹
Taxa de crescimento absoluto em altura (TCA-H)	TCA-H: $A_2 - A_1 / t_2 - t_1$	cm mês ⁻¹
Taxa de crescimento absoluto em diâmetro do coleto (TCA-Co)	TCA-Co: $D_2 - D_1 / t_2 - t_1$	mm mês ⁻¹
Taxa de crescimento absoluto em área de copa (TCA-Ac)	TCA-Ac: $A_{c2} - A_{c1} / t_2 - t_1$	cm ² mês ⁻¹

* A₂: altura final; A₁: altura inicial, D₂: diâmetro final; D₁: diâmetro inicial; A_{c2}: área de copa final; A_{c1}: área de copa inicial; T₂: tempo final do experimento e T₁: tempo inicial do experimento.

4.3.3 Estimativas de parâmetros genéticos

As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas através do método REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor

predição linear não viciada), utilizando-se o *software* genético-estatístico SELEGEN-REML/BLUP, desenvolvido por Resende (2007a).

Análises individuais

Para cada uma das progênies, as variáveis quantitativas foram analisadas pela metodologia do modelo linear misto (aditivo univariado) – REML/BLUP, aplicando-se aos testes de progênies de polinização aberta (assumindo progênies de meios-irmãos), delineamento em blocos ao acaso, várias plantas por parcela, seguindo o procedimento proposto por Resende (2002b e 2007b):

$$y = Xr + Za + Wp + \varepsilon$$

em que:

“y” é o vetor de dados, “r” é o vetor dos efeitos de repetições (assumidos como fixos) somados a média geral, “a” é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), “p” é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios), “ε” é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos (Modelo 93).

Análise conjunta

Para a análise conjunta considerando todas as avaliações, o modelo estatístico usado foi:

$$y = Xm + Za + Wp + Qi + Ts + e,$$

em que y é o vetor de dados; m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios); p é vetor dos efeitos de parcela (aleatórios); i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x medições (aleatórios); s é o vetor dos efeitos permanentes (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios); X é a matriz de incidência dos efeitos fixos; Z é a matriz de incidência dos efeitos genéticos individuais; W é a matriz de incidência dos efeitos de parcela; Q é a matriz de incidência dos efeitos da interação genótipos x medições; T é a

matriz de incidência dos efeitos permanentes. O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições e ajusta, simultaneamente, para os efeitos de repetições, medição e interação repetições x medições. Foi aplicado o “modelo 62” do programa SELEGEN ao teste de progênie de polinização aberta, assumindo progênies de meios-irmãos.

A estimação dos efeitos fixos (melhor estimador linear não tendencioso - BLUE) e aleatórios (melhor predição linear não viciada - BLUP) do modelo foi realizada via resolução de sistema de equações de Henderson (1975). Os componentes de variância genotípica entre progênies ($\hat{\sigma}_g^2$), variância aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$), variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_c^2$), variância da interação genótipos x medições ($\hat{\sigma}_{gm}^2$), variância dos efeitos permanentes ($\hat{\sigma}_{perm}^2$), variância residual temporária ($\hat{\sigma}_e^2$) e variância fenotípica individual ($\hat{\sigma}_f^2$) foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) via algoritmo EM (Esperança – Maximização), conforme descrito por Resende (2002b). Os componentes de variância tiveram suas significâncias verificadas pelo teste da razão da verossimilhança (LRT) conforme descrito por Resende (2007b).

Também foram estimados os seguintes parâmetros:

- i. Herdabilidade no sentido amplo em nível individual (\hat{h}_g^2):

$$\hat{h}_g^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2};$$

- ii. Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (\hat{C}_{parc}^2):

$$\hat{C}_{parc}^2 = \frac{\hat{\sigma}_c^2}{\hat{\sigma}_f^2};$$

- iii. Coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x medições (\hat{C}_{gm}^2):

$$\hat{C}_{gm}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{gm}^2}{\hat{\sigma}_f^2};$$

- iv. Coeficiente de determinação dos efeitos permanentes (\hat{C}_{perm}^2):

$$\hat{C}_{perm}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{perm}^2}{\hat{\sigma}_f^2};$$

v. Correlação genotípica através das medições ($\hat{r}g_{med}^2$):

$$\hat{r}g_{med}^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_{gm}^2};$$

vi. Repetibilidade individual (\hat{r}):

$$\hat{r} = \frac{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_{perm}^2}{\hat{\sigma}_f^2};$$

vii. Acurácia seletiva (Acm):

$$Acm = \sqrt{\hat{h}_g^2}$$

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Estudo do Sistema Reprodutivo

Os sete *locus* de microssatélites utilizados para estimar os índices do sistema reprodutivo indicam que as árvores mãe não apresentam nenhum nível de endogamia, porque o índice de fixação materno (\hat{F}_m) não foi diferente de zero. Resultado similar foi encontrado em *Malpighia emarginata* (Lopes *et al.* 2002). A taxa de cruzamento *multilocus* (\hat{t}_m) e a taxa de cruzamento *unilocus* (\hat{t}_s), apresentaram 1,000 e 0,991 respectivamente (Tabela 3), indicando que as progênes foram originadas por cruzamentos entre os indivíduos da população e ela é uma espécie alógama. Comportamentos similares foi identificado em *Astrocaryum aculeatum* (Ramos *et al.* 2011a). A diferença entre as taxas de cruzamentos entre *multilocus* e *unilocus* ($\hat{t}_m - \hat{t}_s = 0,009$) evidencia uma baixa presença de acasalamento entre parentes das plantas amostradas. A autofecundação ($\hat{s} = 1 - \hat{t}_m$) foi zero (0,000).

A estimativa da taxa de correlação da autofecundação ($\hat{r}_s = 0,112$) entre as progênes foi baixo. Indicando que existe baixa variação em \hat{t}_m entre as árvores mãe. Nesse sentido, o \hat{t}_m entre as árvores mães foi em todas igual a 0,998, com exceção da família 1 que apresentou 0,773 (Tabela 4), mostrando que algumas plantas foram originadas por endogamia. Este resultado também sugere que a espécie pode ser auto-incompatível (Seoane *et al.* 2005). A variação individual na taxa de cruzamento da família 1, pode ser atribuída à assincronia de floração.

A correlação da paternidade ($\hat{r}_{p(m)} = 0,198$) de *P. multijuga* foi moderada. O número de doadores de pólen ($\hat{N}_{e(p)}$) apresentou o valor de 5,051 indivíduos que contribuíram com o pólen no evento de reprodução de uma planta-mãe (Tabela 3). Valores altos de $\hat{N}_{e(p)}$ também foram reportados em *A. aculeatum* com 5,7 doadores de pólen (Ramos *et al.* 2011a) e em *Euterpe edulis* entre 4.5 a 9 doadores (Seoane *et al.* 2005). Esses resultados também mostram que as famílias são compostas principalmente por meio-irmãos (80,2%). O que indica que estes cruzamentos correlacionados podem ser causados pelo comportamento de polinizadores que visitam sistematicamente árvores próximas (Guidice-Neto *et al.* 2005). Assim os cruzamentos não aleatórios também foram evidenciados pela variação entre famílias para o acasalamento entre

parentes. Nas famílias os cruzamentos não aleatórios também foram evidenciados pela variação entre famílias para acasalamento entre parentes ($\hat{t}_m - \hat{t}_s$: entre 0,013 - 0,131), taxas de correlação de paternidade ($\hat{r}_{p(m)}$: 0,030 - 0,452) e número efetivo de doadores de pólen ($\hat{N}_{e(p)}$: 2,21 – 33,33) (Tabela 4).

O coeficiente de coancestria dentro de progênes ($\theta = 0,150$) foi maior que o esperado em progênes de meios-irmãos (0,125). Assim, estimativas de variância genética aditiva e herdabilidade devem ser calculadas usando um coeficiente de parentesco de 0,300 (2θ) em vez de 0,25.

Tabela 3. Sistema de reprodução em nível de população de *Parkia multijuga*.

Parâmetros	Médias (99% IC)	
Índice de fixação materno: \hat{F}_m	0,000	(0 – 0)
Taxa de cruzamento multilocus: \hat{t}_m	1,000	(1,0 – 1,0)
Taxa de cruzamento unilocus: \hat{t}_s	0,991	(0,992 – 0,987)
Acasalamento entre parentes: $\hat{t}_m - \hat{t}_s$	0,009	(0,008 – 0,013)
Taxa de correlação da autofecundação: \hat{r}_s	0,112	(0,112 – 0,112)
Correlação da paternidade: $\hat{r}_{p(m)}$	0,198	(0,201 – 0,184)
Número de doadores de pólen: $\hat{N}_{e(p)}$	5,051	(5,0 – 5,4)
Frequência de irmãos de autofecundação: \hat{P}_{ss}	0,000	(0 – 0)
Frequências de meios irmãos de autofecundação: \hat{P}_{shs}	0,000	(0 – 0)
Frequência de meios irmãos: \hat{P}_{hs}	0,802	(0,799 – 0,816)
Frequência de irmãos completos: \hat{P}_{fs}	0,198	(0,201 – 0,184)
Coeficiente de coancestria dentro de progênes: θ	0,150	(0,150 – 0,148)
Tamanho efetivo da variância: \hat{N}_e	2,861	(2,888 – 2,855)
Número de árvores matrizes para coleta de sementes: \hat{m}	52,000	(53 – 52)

O resultado do coeficiente de coancestria θ permitiu estimar o tamanho efetivo da variância ($\hat{N}_e = 2,861$), que apresentou ser menor ao esperado no sistema de cruzamento aberto ou panmítico (Guidice - Neto *et al.* 2005). Considerando que em amostras infinitas, o tamanho efetivo da variância varia de 1 a 4, onde o valor 1 indica progênes geradas de autofecundação, dois irmãos completos e 4 progênes de meios-

irmãos (Guidice -Neto *et al.* 2005). O \hat{N}_e estimado, permite identificar que no mínimo devem ser coletadas sementes de 52 (\hat{m}) árvores de *P. multijuga* para manter o tamanho efetivo da população de referência, constituída por 150 em amostras de progênies. Assim, estas análises através dos resultados nos mostram a importância de estimar o tamanho das amostras para utilizar em programas de reprodução, conservação genética e coleta de sementes, abordando a recuperação ambiental, bem como para o monitoramento da diversidade genética em populações manipuladas (Guidice -Neto *et al.* 2005).

Tabela 4. Sistema reprodutivo ao nível de famílias por mãe doadora de sementes

Mães	<i>n</i>	\hat{t}_m (SD)	$\hat{t}_m - \hat{t}_s$ (SD)	$\hat{r}_{p(m)}$ (SD)	$\hat{N}_{e(p)}$
Família 1	14	0,773 (0,123)	0,095 (0,091)	0,452 (0,111)	2,21
Família 2	14	0,998 (0,005)	0,026 (0,003)	0,059 (0,039)	16,95
Família 3	14	0,998 (0,005)	0,037 (0,006)	0,098 (0,060)	10,20
Família 4	14	0,998 (0,005)	0,052 (0,012)	0,330 (0,157)	3,03
Família 5	14	0,998 (0,005)	0,021 (0,002)	0,032 (0,017)	31,25
Família 6	14	0,998 (0,005)	0,016 (0,002)	0,328 (0,149)	3,05
Família 7	14	0,998 (0,005)	0,048 (0,013)	0,111 (0,093)	9,01
Família 8	14	0,998 (0,005)	0,073 (0,019)	0,166 (0,082)	6,02
Família 9	14	0,998 (0,005)	0,037 (0,008)	0,030 (0,016)	33,33
Família 10	14	0,998 (0,005)	0,081 (0,018)	0,169 (0,099)	5,92
Família 11	14	0,998 (0,005)	0,131 (0,035)	0,149 (0,065)	6,71
Família 12	14	0,998 (0,005)	0,013 (0,001)	0,105 (0,059)	9,52
Família 13	14	0,998 (0,005)	0,052 (0,011)	0,156 (0,095)	6,41

n: tamanho da amostra; \hat{t}_m : taxa de cruzamento multilocus; $\hat{t}_m - \hat{t}_s$: acasalamento entre parentes; $\hat{r}_{p(m)}$: correlação da paternidade; $\hat{N}_{e(p)}$: número de doadores de pólen; $\hat{\theta}$: coeficiente de coancestria dentro de progênies; \hat{N}_e : tamanho efetivo da variância; SD: desvio padrão, obtidos a partir de 1000 reamostragens de bootstraps.

5.2 Parâmetros Genéticos de *Parkia Multijuga*

As estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres avaliados (Tabela 5), são de magnitudes diferentes, considerando as respectivas escalas, podendo-se inferir que o controle genético dos mesmos é diferente. Este fato é confirmado pelos valores distantes de herdabilidade de média de progênes (h^2mp), variando de 0,06 para TCR-Diâmetro do coleto a 0,78 para TCR-Altura (Tabela 5). No entanto, herdabilidade individual no sentido restrito (h^2a) variaram de 0,01 (para TCR-Diâmetro do coleto) a 0,68 (TCR-Altura), evidenciando maior eficiência de seleção com base no valor genético de famílias em detrimento do valor individual, como relatado em outros estudos com espécies de *Eucalyptus* (Pupin *et al.*, 2015).

As magnitudes das herdabilidades médias de progênes (h^2mp) de valor mediano evidenciam a existência de maior variabilidade entre as progênes de *P. multijuga* para TCA e TCR para altura de planta com maior probabilidade de sucesso na seleção de genótipos e famílias superiores comparado aos demais caracteres (Tabela 5). Os coeficientes de variação experimental ($CV_e \%$) variaram de 8,29 (TCR – área da copa) a 26,82 (TCA – área da copa), porém, ainda estão adequados para condições de campo como encontrado em espécies florestais (Moraes *et al.*, 2015). Além disso, os coeficientes de determinação dos efeitos de parcelas (c^2parc) para todos os caracteres foram baixos (de 0,0073 a 0,0629), evidenciando baixa influência ambiental dentro das parcelas e elevada precisão experimental (Sturion e Resende, 2011).

Tomando-se por base a herdabilidade da média de progênes (h^2mp) e acurácia de seleção de genótipos (r^2aa) para inferir sobre melhores parâmetros visando a seleção, pode-se considerar que estes parâmetros são os melhores, por serem medianos a altos para as características avaliadas, exceto para TCR - Diâmetro do coleto e TCR - área da copa (Almeida Filho *et al.*, 2014). As acurácias (Tabela 5) observadas são superiores a 72,8%, indicando boa precisão experimental, o que possibilita a seleção dos genótipos superiores com segurança (Resende e Duarte, 2007) para os referidos caracteres.

Tabela 5. Estimativa de parâmetros genéticos da taxa de crescimento absoluto (TCA) e relativo (TCR) para altura de planta, diâmetro do coleto e área de copa avaliados em genótipos de *P. multijuga*.

Parâmetros genéticos	Altura		Diâmetro do coleto		Área da copa	
	TCA	TCR	TCA	TCR	TCA	TCR
\hat{h}_a^2	0.6528 +- 0.2897	0.6842 +- 0.2965	0.2660 +- 0.1849	0.0159 +- 0.0453	0.3613 +- 0.2155	0.0480 +- 0.0785
\hat{h}_{aj}^2	0.6713	0.6902	0.2839	0.0171	0.3640	0.0483
\hat{c}_{parc}^2	0.0275	0.0087	0.0629	0.0654	0.0075	0.0073
\hat{h}_{mp}^2	0.7671	0.7844	0.5305	0.0600	0.6375	0.1772
\hat{r}_{aa}	0.8759	0.8857	0.7284	0.2449	0.7984	0.4210
\hat{h}_{ad}^2	0.6050	0.6256	0.2292	0.0129	0.3004	0.0367
$CV_{gi}(\%)$	37.7044	26.4984	16.0252	2.8755	29.0353	3.1449
$CV_{gp}(\%)$	18.8522	13.2492	8.0126	1.4378	14.5177	1.5724
$CV_e(\%)$	25.4430	17.0143	18.4627	13.9408	26.8176	8.2989
CV_r	0.7410	0.7787	0.4340	0.1031	0.5413	0.1895
\hat{m}	5.7268	0.0446	1.9809	0.0534	832.5132	0.1845
LRT	15.18**	17.93**	3.54 ^{ns}	0.00 ^{ns}	7.48**	0.28 ^{ns}

\hat{h}_a^2 = herdabilidade individual no sentido restrito; \hat{h}_{aj}^2 = herdabilidade individual no sentido restrito ajustada para os efeitos de parcela; \hat{c}_{parc}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; \hat{h}_{mp}^2 = herdabilidade da média de progênies; \hat{r}_{aa} = acurácia da seleção de progênies; \hat{h}_{ad}^2 = herdabilidade aditiva dentro de parcela; $CV_{gi}(\%)$ = coeficiente de variação genética individual; $CV_{gp}(\%)$ = coeficiente de variação genotípica entre progênies; $CV_e(\%)$ = coeficiente de variação residual; CV_r = coeficiente de variação relativa; \hat{m} = média geral e; LRT = teste da razão de verossimilhança (^{ns}, **, * não significativo, significativo a 1% e 5%, respectivamente, pelo teste de qui-quadrado a um grau de liberdade).).

Embora TCA e TCR sejam mais adequadas para representar altura de planta, diâmetro do coleto e área de copa em plantas em desenvolvimento, para obtê-las é necessário dispor da informação de avaliações durante um período de condução do experimento. Em termos práticos, a execução dessas avaliações torna-se oneroso o trabalho devido a necessidade de maior mão de obra e tempo para obtenção das informações. Por isso, é importante comparar os resultados das avaliações pontuais com TCA e TCR e verificar quão eficientes estas podem ser como critério de definição de um período de avaliação dos caracteres tendo como referência a avaliação de TCA e TCR. Para tanto, procedeu-se uma análise de correlação entre avaliação pontuais e suas respectivas TCA e TCR (Tabela 6). Em geral, estas variáveis apresentaram maiores valores de correlação para as avaliações de 28 e 34 meses considerando todas avaliações e as taxas de crescimento absoluto e relativo. As avaliações realizadas aos 28 meses

apresentaram maior correlação entre as taxas de crescimento com altura de planta, mas pequena diferença para 34 meses. As avaliações realizadas aos 34 meses apresentaram maior correlação entre as taxas de crescimento com diâmetro do coleto ou área da copa. Este resultado, de certa forma, era esperado, pois TCA e TCR são calculadas em função de avaliações do tempo inicial e final do experimento. Portanto, a partir dos resultados das correlações é possível estabelecer que o período de 28 e 34 meses seria o mais eficiente entre todos os demais períodos analisados para que seja realizada uma única avaliação pontual para altura de planta, diâmetro do coleto e área de copa de *P. multijuga* nas condições de plantio da Amazônia Central. Tal fato pode ser ainda confirmado na análise da Figura 7, em que as mais altas estimativas foram encontradas entre 28 e 34 meses, em geral, para herdabilidade individual no sentido restrito (h²_a), herdabilidade da média de progênies (h²_{mp}), acurácia da seleção de progênies (Acprog) e coeficiente de variação relativa.

Tabela 6. Coeficientes de correlação entre avaliações e taxa de crescimento absoluto (TCA) e relativo (TCR) para altura de planta, diâmetro do coleto e área de copa avaliados em genótipos de *P. multijuga*.

Avaliações	Altura		Diâmetro do coleto		Área da copa	
	TCA	TCR	TCA	TCR	TCA	TCR
10 meses	0.2913	-0.1122	0.3050	-0.3571	0.5219	-0.2462
16 meses	0.7499**	0.4414	0.6669**	0.3774	0.7069**	0.0941
22 meses	0.8197**	0.6536*	0.7919**	0.5537*	0.7848**	0.3626
28 meses	0.8922**	0.6712**	0.9080**	0.5590*	0.8898**	0.4015
34 meses	0.8783**	0.6555*	0.9536**	0.7329**	0.9067**	0.4921

** * Significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste t, respectivamente.

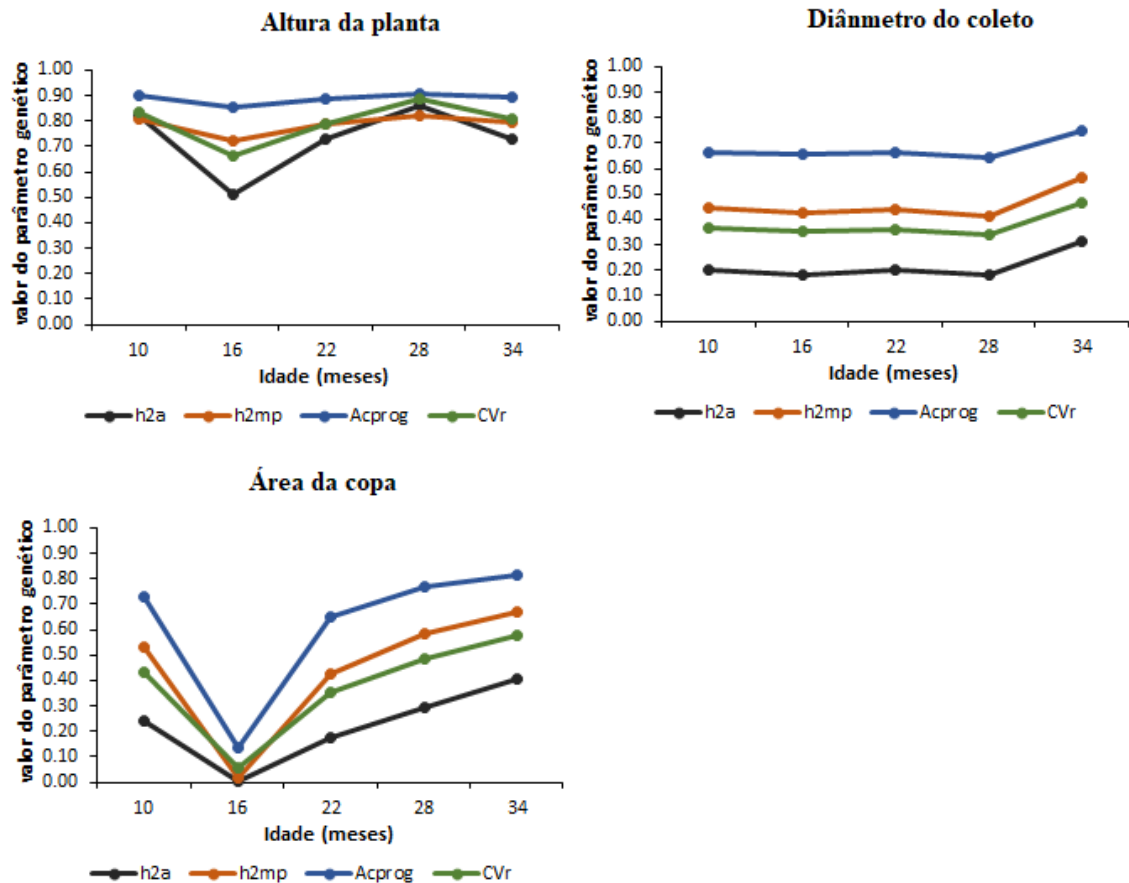


Figura 7. Estimativas de herdabilidade individual no sentido restrito (h2a), herdabilidade da média de progênies (h2mp), acurácia da seleção de progênies (Acprog) e coeficiente de variação relativa em um teste de progênies de *P. multijuga* para diferentes idades de plantas.

Ressalta-se que TCA e TCR foram calculadas em função das avaliações pontuais de crescimento a partir da avaliação inicial (10 meses) até a última avaliação que foi realizada (34 meses) e as plantas ainda estavam em crescimento vegetativo na última avaliação, sendo esses caracteres cumulativos, a partir da análise da Figura 8, pode-se constatar que os pontos médios que ligam as retas e curvas entre as avaliações de 28 e 34 meses são os maiores valores médios de altura de planta, diâmetro do coleto e área de copa avaliados em *P. multijuga* e as retas e curvas que os representam são ascendentes.

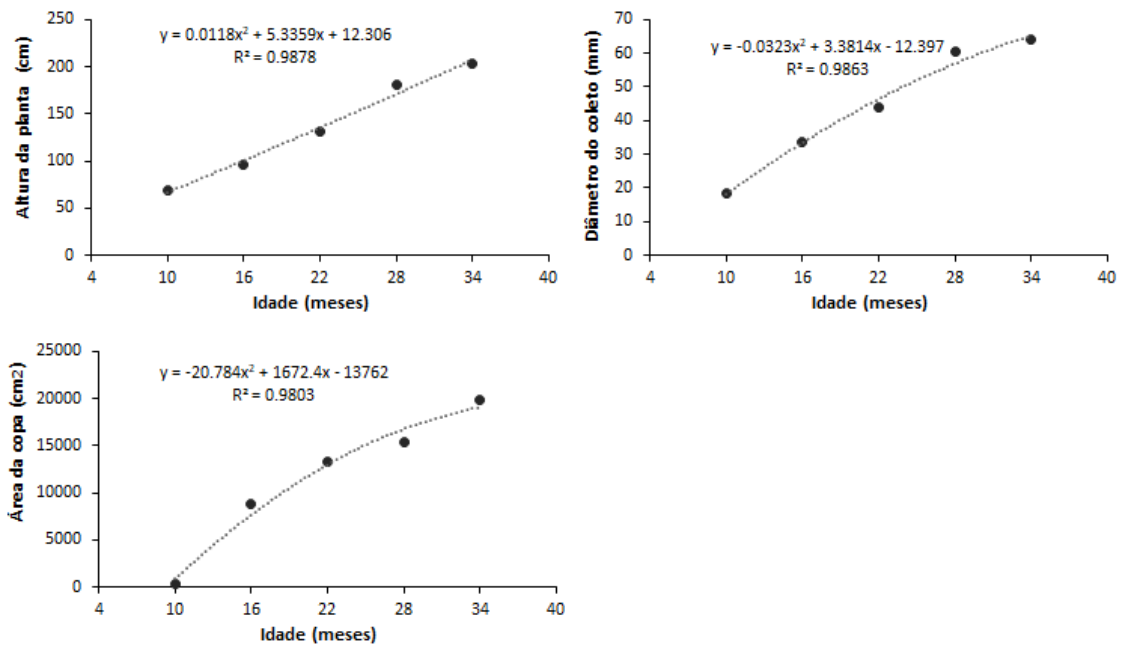


Figura 8. Valores médios de altura de planta (cm), diâmetro do coleto (mm) e área de em um teste de progênies de *P. multijuga* para diferentes idades de plantas.

Os 20 melhores indivíduos foram selecionados para taxa de crescimento absoluto em altura de planta (Tabela 7). É importante notar que as famílias mais promissoras pela ordem do maior número de indivíduos selecionados foram 7, 6, 1, 3, 10, 11, 12 e 14 (Tabela 7). O maior número de genótipos (6), entre aqueles que mais se destacaram, foram encontrados no bloco 6. Em nível de indivíduo pode-se perceber que os ganhos preditos foram menores que os obtidos para média das progênies (Tabela 7). Por conseguinte, houve um incremento grande (3,2), passou de uma média geral de 5,7 para a taxa de crescimento absoluto em altura de planta, com uma nova média de 9,2.

Tabela 7. Seleção via BLUP individual dos 20 genótipos superiores para taxa de crescimento absoluto em altura de planta avaliados em genótipos de *P. multijuga*.

Ordem	Bloco	Família	Árvore	f	a	u+a	Ganho	Nova Média	Ne
1	6	6	2	17.8261	6.4288	12.1556	6.4288	13.1556	1.0
2	6	12	3	16.1739	5.1104	10.8372	5.7696	11.4964	2.0
3	4	6	1	11.2174	4.0888	9.8156	5.2094	10.9361	2.5
4	6	11	3	14.0000	3.8239	9.5507	4.8630	10.5898	3.5
5	6	1	2	14.1739	3.7843	9.5110	4.6473	10.3740	4.5
6	2	7	3	10.5652	3.5635	9.2903	4.4666	10.1934	5.5
7	2	7	2	10.5217	3.5372	9.2640	4.3339	10.0606	6.1
8	2	10	2	11.2609	3.5050	9.2318	4.2303	9.9570	7.1
9	6	1	1	13.6522	3.4686	9.1954	4.1456	9.8724	7.7
10	1	7	2	9.2174	3.1607	8.8875	4.0471	9.7739	7.9
11	1	7	3	9.1739	3.1344	8.8612	3.9642	9.6909	7.9
12	3	7	1	9.9565	3.1219	8.8487	3.8940	9.6207	7.7
13	4	14	3	10.5652	3.0892	8.8159	3.8321	9.5588	8.7
14	1	11	2	9.6087	2.9526	8.6794	3.7693	9.4960	9.3
15	1	3	3	9.7826	2.9219	8.6486	3.7128	9.4395	10.2
16	5	1	3	9.6087	2.9157	8.6424	3.6629	9.3897	10.7
17	3	12	3	10.3043	2.8677	8.5944	3.6162	9.3429	11.4
18	2	10	3	10.1304	2.8211	8.5478	3.5720	9.2988	12.0
19	3	10	1	10.3478	2.7692	8.4960	3.5297	9.2565	12.5
20	6	6	1	11.1739	2.4041	8.1309	3.4735	9.2002	12.9

f: valor fenotípico individual ou medição de campo; a: efeito genético aditivo predito; u + a: valor genético aditivo predito; Ne: tamanho efetivo populacional.

Os 20 melhores indivíduos foram selecionados para taxa de crescimento absoluto em diâmetro do coleto (Tabela 8). É importante notar que as famílias mais promissoras pela ordem do maior número de indivíduos selecionados foram 7, 6, 11 e 1 (Tabela 8). Ressalta-se que 12 indivíduos foram selecionados da família 7. O maior número genótipos (4), entre aqueles que mais se destacaram, foram encontrados nos blocos 1, 2 e 5. Em nível de indivíduo pode-se perceber que os ganhos preditos foram bem menores que os obtidos para média das progênes (Tabela 8). Por conseguinte, houve um incremento de 0,34, passou de uma média geral de 1,98 para a taxa de crescimento absoluto em diâmetro do coleto, com uma nova média de 2,32.

Tabela 8. Seleção via BLUP individual dos 20 genótipos superiores para taxa de crescimento absoluto em diâmetro do coleto avaliados em genótipos de *P. multijuga*.

Ordem	Bloco	Família	Árvore	f	a	u+a	Ganho	Nova Média	Ne
1	1	7	2	3.3557	0.4973	2.4783	0.4973	2.4783	1.0
2	4	11	2	3.5589	0.4572	2.4382	0.4773	2.4582	2.0
3	2	7	2	3.2270	0.4348	2.4157	0.4631	2.4440	2.5
4	5	11	1	3.2443	0.3995	2.3805	0.4472	2.4282	3.2
5	3	7	1	2.9517	0.3919	2.3728	0.4362	2.4171	3.5
6	1	7	3	2.7839	0.3663	2.3472	0.4245	2.4054	3.6
7	4	6	1	2.8583	0.3545	2.3354	0.4145	2.3954	4.4
8	5	6	2	2.6915	0.3530	2.3340	0.4068	2.3878	5.2
9	2	7	3	2.8609	0.3509	2.3318	0.4006	2.3815	5.1
10	5	7	1	2.4302	0.3409	2.3219	0.3946	2.3756	5.0
11	5	7	3	2.3459	0.3216	2.3025	0.3880	2.3689	4.9
12	6	7	1	2.9087	0.2982	2.2792	0.3805	2.3615	4.8
13	1	11	2	2.9698	0.2940	2.2749	0.3739	2.3548	5.4
14	2	7	1	2.6070	0.2927	2.2736	0.3681	2.3490	5.2
15	4	7	2	2.2174	0.2894	2.2703	0.3628	2.3438	5.1
16	1	7	1	2.4161	0.2820	2.2630	0.3578	2.3387	5.0
17	6	6	1	3.1057	0.2779	2.2588	0.3531	2.3340	5.5
18	3	7	2	2.4543	0.2779	2.2588	0.3489	2.3298	5.3
19	6	6	2	3.0628	0.2681	2.2490	0.3447	2.3256	5.8
20	2	9	3	3.0465	0.2679	2.2488	0.3408	2.3217	6.3

f: valor fenotípico individual ou medição de campo; a: efeito genético aditivo predito; u + a: valor genético aditivo predito; Ne: tamanho efetivo populacional.

Os 20 melhores indivíduos foram selecionados para taxa de crescimento absoluto em área de copa (Tabela 9). É importante notar que as famílias mais promissoras pela ordem do maior número de indivíduos selecionados foram 7, 11, 1, 2, 6, 4 e 12 (Tabela 9). Ressalta-se que 6 indivíduos foram selecionados da família 7 e 5 da família 11. O maior número genótipos (5), entre aqueles que mais se destacaram, foram encontrados no blocos 2. Em nível de indivíduo pode-se perceber que os ganhos preditos foram bem menores que os obtidos para média das progênies (Tabela 7). Por conseguinte, em geral, houve incremento, na taxa de crescimento absoluto em área de copa na nova média.

Tabela 9. Seleção via BLUP individual dos 20 genótipos superiores para taxa de crescimento absoluto em área de copa avaliados em genótipos de *P. multijuga*.

Ordem	Bloco	Família	Árvore	F	A	u+a	Ganho	Nova Média	Ne
1	3	7	1	2654.3297	635.0539	1467.5671	635.0539	1467.5671	1.0
2	2	7	2	2481.9414	621.6211	1454.1343	628.3375	1460.8507	1.6
3	5	11	1	2289.1910	603.0143	1435.5275	619.8964	1452.4096	2.5
4	4	6	1	2566.6532	573.7599	1406.2731	608.3623	1440.8755	3.5
5	1	11	2	1643.7282	381.6589	1214.1721	563.0216	1395.5348	4.1
6	6	11	3	1871.8066	375.7796	1208.2928	531.8146	1364.3278	4.4
7	6	1	3	2043.2389	348.2255	1180.7387	505.5876	1338.1008	5.3
8	4	2	2	1953.4145	306.0794	1138.5926	480.6491	1313.1623	6.3
9	5	7	3	1192.8876	278.3253	1110.8385	458.1686	1290.6819	6.6
10	1	11	3	1291.0790	275.7391	1108.2523	439.9257	1272.4389	6.7
11	3	11	2	1417.8255	262.5730	1095.0862	423.8027	1256.3159	6.6
12	5	1	3	1355.5237	245.6645	1078.1777	408.9579	1241.4711	7.3
13	2	1	2	1481.8250	244.2545	1076.7678	396.2884	1228.8016	7.8
14	2	6	1	1396.7128	223.4961	1056.0093	383.9461	1216.4593	8.5
15	2	7	3	1151.1571	221.9139	1054.4271	373.1439	1205.6571	8.8
16	6	7	1	1320.5773	214.3446	1046.8578	363.2190	1195.7322	8.9
17	5	7	1	923.9943	197.5619	1030.0751	353.4744	1185.9876	8.9
18	3	12	1	1564.9091	187.7948	1020.3081	344.2700	1176.7832	9.6
19	2	4	2	1539.9058	187.3424	1019.8556	336.0107	1168.5239	10.4
20	5	2	1	1421.4068	186.2722	1018.7854	328.5237	1161.0370	11.1

f: valor fenotípico individual ou medição de campo; a: efeito genético aditivo predito; u + a: valor genético aditivo predito; Ne: tamanho efetivo populacional.

Verifica-se pela análise de deviance que os efeitos de progênes, da interação progênes x medições e de ambiente permanente foram significativos (Tabela 10). A variância dos efeitos permanentes foi a que mais contribuiu para a variação fenotípica.

Tabela 10. Análise de deviance (ANADEV) e teste da razão de verossimilhança (LTR) referente à análise conjunta das medições em *P. multijuga*.

Efeito	Altura		Diâmetro do coleto		Área de copa	
	Deviance ⁺	LTR (x ²)	Deviance	LTR (x ²)	Deviance	LTR (x ²)
Progênes	9750.60	13.87**	6857.81	3.13 ^{ns}	21632.94	4.55*
Parcela	9739.31	2.58 ^{ns}	6860.46	5.78*	21629.92	1.53 ^{ns}
Progênes x medição	9790.87	54.14**	6859.06	4.38*	21638.50	10.11*
Ambiente permanente	9895.34	158.61**	7059.31	204.63**	21730.48	102.09**
Modelo completo	9736.73	-	6854.68	-	21628.39	-

⁺Deviance do modelo ajustado sem o referido efeito; Qui-quadrado (x²) tabelado de 6,63 e 3,84 para os níveis de significância 1% e 5%, respectivamente.

De acordo com a predição feita pelo Blup para 10 avaliações, houve um aumento significativo da determinação genética de 0,4396 para 0,8248, de 0,4819 para 0,8481 e de 0,3313 para 0,7483 até a sexta avaliação para altura de plantas, diâmetro do coleto e área de copa, respectivamente. Esses valores proporcionaram maiores incrementos na acurácia e eficiência (Tabela 11). A partir da sexta avaliação os incrementos foram pequenos (Figura 9).

Tabela 11. Eficiência das medidas repetidas preditas pelo BLUP para altura de plantas, diâmetro do coleto e área de copa avaliados diferentes idades de *P. multijuga*.

Altura de plantas					Diâmetro do coleto					Área de copa				
n	\hat{h}_g^2	\hat{r}	Acm	Ef	n	\hat{h}_g^2	\hat{r}	Acm	Ef	n	\hat{h}_g^2	\hat{r}	Acm	Ef
1	0.1188	0.4396	0.3446	1.00	1	0.0438	0.4819	0.2093	1.00	1	0.0432	0.3313	0.2078	1.00
2	0.1650	0.6107	0.4062	1.18	2	0.0591	0.6504	0.2432	1.16	2	0.0649	0.4977	0.2547	1.23
3	0.1896	0.7018	0.4354	1.26	3	0.0669	0.7362	0.2587	1.24	3	0.0779	0.5978	0.2791	1.34
4	0.2049	0.7583	0.4526	1.31	4	0.0717	0.7882	0.2677	1.28	4	0.0866	0.6646	0.2943	1.42
5	0.2153	0.7968	0.4640	1.35	5	0.0748	0.8230	0.2736	1.31	5	0.0928	0.7124	0.3047	1.47
6	0.2228	0.8248	0.4721	1.37	6	0.0771	0.8481	0.2777	1.33	6	0.0975	0.7483	0.3123	1.50
7	0.2286	0.8459	0.4781	1.39	7	0.0788	0.8669	0.2808	1.34	7	0.1011	0.7762	0.3180	1.53
8	0.2330	0.8626	0.4827	1.40	8	0.0802	0.8815	0.2831	1.35	8	0.1041	0.7985	0.3226	1.55
9	0.2367	0.8759	0.4865	1.41	9	0.0812	0.8933	0.2850	1.36	9	0.1064	0.8168	0.3262	1.57
10	0.2396	0.8869	0.4895	1.42	10	0.0821	0.9029	0.2865	1.37	10	0.1084	0.8320	0.3293	1.58

Herdabilidade individual entre progênies (\hat{h}_g^2); coeficiente de repetibilidade (\hat{r}); acurácia dos valores fenotípicos permanentes baseados em n avaliações (Acm) e; eficiência das n avaliações, comparadas com a situação em que apenas uma avaliação é realizada (Ef).

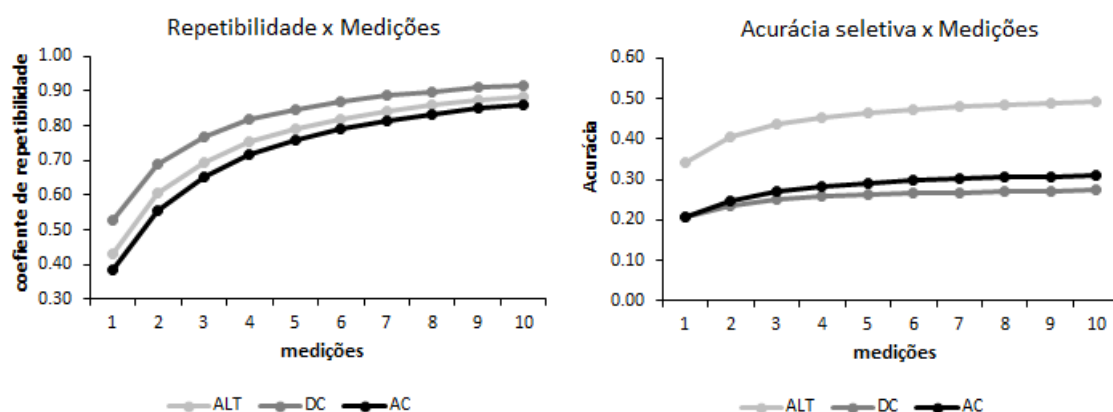


Figura 9. Estimativas do coeficiente de repetibilidade e acurácia seletiva para diferentes medições de altura de plantas, diâmetro do coleto e área de copa avaliados em *P. multijuga*.

O método da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG), que se baseia em valores genotípicos preditos, via modelos mistos, agrupa, em uma única estatística, a estabilidade, facilitando, de modo singular, a seleção de genótipos superiores. Considerando a análise houve coincidência de progênies, no ordenamento entre as selecionadas, apenas a progênie 8 apresenta coincidência para os caracteres altura de planta, diâmetro do coleto e área de copa com base no ranqueamento. Isso indica que essa progênie apresenta estabilidade, no entanto a progênie no ranqueamento é o pior genótipo analisado (Tabela 12). A manutenção do ordenamento dos genótipos para essas metodologias também ocorreu em trabalhos com cajueiro (Maia *et al.* 2009), café (Rodrigues *et al.* 2014) e algodão (Carvalho *et al.* 2016).

Tabela 12. Ranking das melhores progênies de *P. multijuga* com base na média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) obtidos a partir da análise de altura de planta, diâmetro do coleto e área de copa.

Ordem	Altura de planta	Diâmetro do coleto	Área de copa
1	6	9	7
2	7	7	11
3	10	6	6
4	9	11	9
5	12	3	1
6	3	1	14
7	2	14	5
8	5	10	3
9	1	12	4
10	4	4	13
11	11	13	12
12	14	5	10
13	13	2	2
14	8	8	8

6. CONCLUSÕES

As estimativas dos parâmetros e o sistema de cruzamento indicam que *P. multijuga* é uma espécie alógama e representada principalmente por meios-irmãos.

Os valores elevados de acurácia indicam boa precisão experimental e mostram que a seleção dos genótipos superiores pode ser realizada com segurança para os caracteres taxa de crescimento absoluto e relativo para altura de planta, diâmetro do coleto e área de copa avaliados em genótipos de *P. multijuga*.

O período de 28 e 34 meses é o mais adequado para a realização de uma única avaliação pontual para altura de planta, diâmetro do coleto e área de copa de *P. multijuga* nas condições de plantio da Amazônia Central por estas avaliações apresentarem maior correlação com a respectiva taxa de crescimento absoluto e relativo.

São necessárias pelo menos seis avaliações para avaliar altura de planta, diâmetro do coleto e área de copa *P. multijuga* nas condições de plantio da Amazônia Central.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, A.G.; PRIOLLI, R.H.G.; AZEVEDO-FILHO, J.A.; NUCCI, S.M.; ZUCCHI, M.I.; COELHO R.M.; COLOMBO, C.A. The genetic structure and mating system of *Acrocomia aculeata* (Arecaceae). **Genetics and Molecular Biology**, v. 35, p. 119-121, 2012.

ALMEIDA FILHO, J. E. de; TARDIN, F. D.; RESENDE, M. D. V. de; SILVA, F. F. e; GRANATO, I. S. C.; MENEZES, C. B. de. Genetic evaluation of grain sorghum hybrids in Brazilian environments using the REML/BLUP procedure. **Scientia Agricola**, v. 71, n. 2, p. 146-150, Mar./Apr. 2014.

ALVES, P. F. **Variação genética para caracteres silviculturais e marcador molecular em uma população base de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh.** Dissertação. Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. 2009. 59 f.

ALVES, R. M.; ARTERO, A. S.; SEBBENN, A. M.; FIGUEIRA, A. Mating system in a natural population of *Theobroma grandiflorum* (Willd. ex Spreng.) Schum., by microsatellite markers. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 26, n. 3, p. 373-379, 2003.

AZEVEDO, V.C.R. **Desenvolvimento e aplicações de microssatélites, análise de cpDNA e modelagem computacional para estudos da estrutura e dinâmica genética de maçaranduba – *Manilkara huberi* (Ducke) Chev. Sapotaceae.** 1992. 215f. Tese (Doutorado em Biologia Molecular) – Instituto de Biologia, Universidade de Brasília, Brasília, 2007.

BIANCHETTI, A.; TEIXEIRA, C.A.D.; MARTINS, E.P. Comunicação Técnica: Escarificação ácida para superar a dormência de sementes de pinho-cuiabano (*Parkia multijuga* Benth.). **Revista Brasileira de Sementes**, v. 20, p. 215-218, 1998.

BISON, O. **Melhoramento de *Eucalyptus* visando à obtenção de clones para a indústria de celulose.** Tese (Doutorado) - Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Universidade Federal de Lavras. Lavras – MG. 2004. 169 f.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. Melhoria de Plantas. Viçosa: UFV, v. 6. ed. 529, 2009.

BRIZOLLA, T. F. **Variabilidade genética de progênies de polinização aberta de *Eucalyptus grandis* W Hill ex Maiden, correlações juvenil-adulto e entre caracteres** Dissertação. Faculdade de Ciências Agronômicas da Unesp –Botucatu - SP. 2009. 58 f.

BUENO, L. C. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. Melhoria Genética de Plantas: princípios e procedimentos. Lavras: UFLA, 2. ed., p. 319, 2006.

BUENO, L.C.; MENDES, A.N.G.; CARVALHO, S.P. Melhoria genética de plantas: princípios e procedimentos. Lavras: UFLA, p. 282, 2001.

CAIXETA, E.T.; OLIVEIRA, A.C.B.; BRITO, G.G.; SAKIYAMA, N. **Tipos de marcadores moleculares.** In: BORÉM, A.; CAIXETA, E.T. (eds). Marcadores Moleculares. Viçosa - MG, 2nd ed., p. 54-66, 2009.

CAMARGO, J. L. C.; FERRAZ, I. D. K.; IMAKAWA, A. M. Rehabilitation of Degraded Areas of Central Amazonia Using Direct Sowing of Forest Tree Seeds. Restoration **Ecology**, v. 10, n. 4, p. 636-644, 2002.

CAMPOS, T., CUNHA, M. O., DE SOUSA, A. C. B., TEIXEIRA, R. B., RAPOSO, A., SEBBENN, A. M., WADT, L. H. O. Mating system parameters in a high density population of andirobas in the Amazon forest. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.48, n.5, p. 504-509, 2013.

CANUTO, D. S. O.; ZARUMA, D.U.G.; MORAES, M.A.; SILVA, A.M.; MORAES, M.L.T.; FREITAS, M.L.M. Caracterização genética de um teste de progênies de *Dipteryx alata* Vog. proveniente de remanescente florestal da Estação Ecológica de Paulo de Faria, SP, Brasil. **Hoehnea** **42(4)**, p. 641-648, 2015.

CARRERO, G. C.; PEREIRA, R.S.; JACAÚNA, M.A.; JUNIOR, M.J.V.L. Árvores do Sul do Amazonas: guia de espécies de interesse econômico e ecológico. Manaus: **IDESAM**, p. 116, 2014.

CARVALHO, L.P.; FARIAS, F.J.C.; MORELLO, C.L.; TEODORO, P.E. Uso da metodologia REML/BLUP para seleção de genótipos de algodoeiro com maior adaptabilidade e estabilidade produtiva. **Bragantia**, Campinas, v. 75, n. 3, p. 314-321, 2016.

- CARVALHO, P. E. R. **Faveira-Benguê (*Parkia multijuga*)**. Colombo, PR: Embrapa, 2009, p. 6. (Embrapa Florestas. Comunicado Técnico, 227).
- CASTRO, A. C. **Las 25 alternativas forestales nacidas del Putumayo**. Colombia, 2002.
- CHAUVEL, A. Os latossolos amarelos, álicos, argilosos dentro dos ecossistemas das bacias experimentais do INPA e da região vizinha. **Acta Amazônica**, v. 12, p. 47-60, 1982.
- CHAVES, S. R. **Biologia floral e polinização de *Parkia ulei* (Harms) Kuhl. e *Parkia multijuga* Benth. (Fabaceae-Mimosoideae)**. Dissertação. Programa de Pós-Graduação em Botânica do INPA. Manaus. 2015. 67 f.
- CHEVREUIL, L. R. **Purificação, caracterização química e atividade de proteases e inibidores de proteases durante a germinação e em eventos pré e pós-germinativos de sementes de *Parkia multijuga***. Tese (Doutorado). INPA, Manaus, 2013.119 f.
- CLEMENTE, M. S. **Análise da variação genética de populações de *Vochysia pyramidalis* e *V. tucanorum* por AFLP e da composição de ácidos graxos de sementes**. Dissertação. Universidade de São Paulo, 2010. 105 p.
- COCKERHAM, C.C. Variance of gene frequency. **Evolution**, Oxford, v.23, n.6, p. 72-84, Mar. 1969.
- CORNACCHIA, G. **Variabilidade genética em procedências de *P. caribea* var. *Hondurensis* Barr. & Golf., *P. oocarpa* Schiede e *P. tecunumanii* (Schw.) eguiluz na região oeste do Estado da BA**. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1994. 155 f.
- COSTA, K. C. P.; FERRAZ, J.B.S.; BASTOS, R.P.; REIS, T.S.; FERREIRA, M.J.; GUIMARÃES, G.P. Estoques de biomassa e nutrientes em três espécies de *Parkia* em plantios jovens sobre área degradada na Amazônia Central. **FLORESTA**, Curitiba, PR, v. 44, n. 4, p. 637 - 646, out. / dez. 2014.
- COSTA, R.B. RESENDE, M.D.V.; GONÇALVES, P.S.; REGO, F.L.H.; CONTINI, A.Z.; ROA, R.A.R. Genetic evaluation of *Hevea Brasiliensis*. **Floresta & Ambiente**, v. 12,p. 08–14, 2006.

- COSTA, R.B.; MARTINEZ, D.T.; CHICHORRO, J.F.; BAUER, M.O.; CEZANA, D.P.; SOUZA, T.R. Desempenho de progênies no pré-melhoramento de *Tectona grandis* L.f no Estado do Espírito Santo. **Sci. For.**, Piracicaba, v. 43, n. 105, p. 211-216, mar. 2015.
- CRESTE, S.; TULMANN NETO, A.; FIGUEIRA, A. Detection of single sequence repeat polymorphisms in denaturing polyacrylamide sequencing gels by silver staining. **Plant Molecular Biology Reporter**, v.19, p. 299-306, 2001.
- CRUZ, C. D; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético (2). Viçosa, **UFV**. 2009.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: **UFV**, p. 585, 2003.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. Modelos biométricos aplicadas ao melhoramento genético. 3 ed. **Universidade Federal de Viçosa**, Viçosa, 2004.
- CRUZ, E. D.; PEREIRA, A. G. **Germinação de Sementes de Espécies Amazônicas: Fava-Arara-Tucupi (*Parkia multijuga* Benth.)**. Belém, PA: Embrapa, 2015. 6 p. (Embrapa-PA. Comunicado Técnico, 265).
- DEGEN, B.; SEBBENN A. M. Genetics and Tropical Forests. Tropical Forestry Handbook. **Springer-Verlag** Berlin Heidelberg, 2014.
- DOMINGUES, M. S.; BERMANN, C. O arco de desflorestamento na Amazônia: da pecuária à soja. **Ambiente & Sociedade**. São Paulo v. XV, n. 2. p. 1-22, mai.-ago. 2012.
- DOYLE, J.J.; DOYLE, J.L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. **Phytochemical Bulletin**, v. 19, p. 11–15, 1987.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. Introduction to quantitative genetics. London: **Longman Malaysia**, p. 463, 1996.
- FALUSH, D.; STEPHENS, M.; PRITCHARD, J. K. Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. **Genetics**, Austin, v. 164, n. 4, p. 1567-1587, 2003.

FERREIRA, M. E. **Técnicas e estratégias para a caracterização molecular e uso de recursos genéticos.** In: GARRAY, Irene; DIAS, Bráulio Ferreira de Souza. (Ed.). Conservação da Biodiversidade em ecossistemas tropicais: avanços conceituais e revisão de novas metodologias de avaliação e monitoramento. Petrópolis: Vozes, 2001.

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. 3.ed. Brasília: **EMBRAPA-CENARGEN**, p. 220, 1998.

FERREIRA, M.J; JUNIOR, M.J.V.L; GUEDES, A.V.; AGUIA, G.P.; SOUSA, S.A. Área de coleta de sementes. In: Junior, M.J.V. Manejo de sementes para o cultivo de espécies florestais da Amazônia. São Paulo: **Editora Brasil Seikyo**; Manaus, AM: **Universidade Federal do Amazonas – UFAM**. Cap. 16, p.226, 2016.

FREITAS, M.L.M.; SEBBENN, A.M.; MORAIS, E.; ZANATTO, A.C.S.; VERARDI, C.K.; PINHEIRO, A.N. Parâmetros genéticos em progênies de polinização aberta de *Cordia trichotoma* (Vell.) ex Steud. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 18, n. único, p. 95-102, 2006.

GAIOTTO, F. A.; BRAMUCCI, M.; GRATTAPAGLIA, D. Estimation of outcrossing rate in a breeding population of *Eucalyptus urophylla* with dominant RAPD and AFLP markers. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.95, n.5/6, p.842-849, 1997.

GIUDICE NETO, J.D.; SEBBENN, A.M.; KAGEYAMA, P.Y. Sistema de reprodução em *Caesalpinia echinata* Lam. implantada em arboreto experimental. **Revista Brasileira de Botânica**, v.28, n.2, p.409-418, 2005.

GOMES, J. E. **Variabilidade genética e correlações juvenil – adulto de baru (*Dipteryx alata* vog.) no Município de Brasilândia – MG.** Tese. Faculdade de Ciências Agrônomicas da UNESP – Campus de Botucatu – SP. 2011. 101 f.

GUERRA, C. R. S. B.; MORAES, M.L.T.; SILVA, C.L.S.P.; CANUTO, D.S.O.; ANDRADE, J.A.C.; FREITAS, M.L.M.; SEBBENN, A.M. Estratégias de seleção dentro de progênies em duas populações de *Myracrodruon urundeuva* Fr. **All. Sci. For.**, Piracicaba – SP. v. 37, n. 81, p. 079-087, mar. 2009.

GUIMARÃES, C. T.; MAGALHÃES, J. V.; LANZA, M. A.; SCHUSTER, I. Marcadores moleculares e suas aplicações no melhoramento genético. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v.30, n.253, p.xx-xx, nov./dez. 2009.

HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, Arlington, v. 31, n. 2, p. 423-447, 1975.

HOPKINS, H.C. *Parkia* (**Leguminosae: Mimosoideae**). Flora Neotrópica. New York Botanical Garden. New York, Monografia 43, p. 93-98, 1986.

INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES. **Associação que representa os segmentos de painéis e pisos de madeira, celulose, papel e florestas energéticas**. Brasília: IBÁ, p. 46-50, 2016.

INSTITUTO NACIONAL DE PESQUISAS DE ESPACIAIS – INPE. **PRODES estima 7.989 km² de desmatamento por corte raso na Amazônia em 2016**. Disponível em: <http://www.inpe.br/noticias/noticia.php?Cod_Noticia=4344> Acesso em 7 de setembro de 2017. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. IBGE. (2015). Produção da Extração vegetal e Silvicultura. Rio de Janeiro. v.30 p. 11.

INSTITUTO NACIONAL DE PESQUISAS DE ESPACIAIS/CENTRO REGIONAL DA AMAZÔNIA (INPE/CRA); Embrapa Amazônia Oriental; Embrapa Informática Agropecuária. Maio de 2016. TerraClass 2004 a 2014: **Avaliação da dinâmica do uso e cobertura da terra no período de 10 anos nas áreas desflorestadas da Amazônia Legal Brasileira**. (1 folder).

KAGEYAMA, P. Y.; SEBBENN, A.M.;RIBAS, L.A.; GANDARA, F.B.; CASTELLEN, M.; PERECIM, M.A.; VENCOVSKY, R. Diversidade genética em espécies arbóreas tropicais de diferentes estágios sucessionais por marcadores genéticos. **Scientia Forestalis**, n. 64, p. 93-107, dez. 2003.

KAGEYAMA, P.Y. **Genetic structure of tropical tree species of Brazil**. In: Bawa, K.S.; Hadley, M. (Ed.) Reproductive ecology of tropical forest plants. Paris: UNESCO. p.383 – 392, 1990.

KAGEYAMA, P.Y. **Variações genéticas em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Escola Superior de Agricultura Luís de Queiroz, Piracicaba, 1980. 125 f.

KALIA, R.K.; RAI, M.K.; KALIA, S.; SINGH, R.; DHAWAN, A. K. Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants. **Euphytica**, v. 177, p. 309–334, Apr. 2011.

KIRST, M.; CORDEIRO, C.M.; REZENDE, G.D.S.P.; GRATTAPAGLIA, D. Power of microsatellite markers for fingerprinting and parentage analysis in *Eucalyptus grandis* breeding populations. **Heredity**, Lund, v.96, n.2, p.161-166, 2005.

LOPES, R.; LOPES, M. T. G.; FIGUEIRA, A. V. D. O.; CAMARGO, L. E. A.; FUNGARO, M. H. P.; CARNEIRO, M. S.; VIEIRA, M. L. C. Marcadores moleculares dominantes (RAPD e AFLP): Aspectos técnicos e interpretação genética. **Biociência e Desenvolvimento**, Brasília, v. 29, p. 64-68, 2003.

LOPES, R.; PAIVA, J. R. Aceroleira. In: BRUCKNER, C. H. (Org.). Melhoramento de fruteiras tropicais. Viçosa: **UFV**, v. 1, p. 63-99, 2002.

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

LUETTMANN, K.; MICHALCZYK, I. M.; MENGEL, C.; ZIEGENHAGEN, B.; HEYMANN, E. W.; SABOYA, P.P.P.; BIALOZYT, R. Characterization of Nuclear Microsatellite Loci in the Neotropical Tree *Parkia Panurensis* (Fabaceae). **American Journal of Botany**, p.e34–e36. May. 2010.

LUIZÃO, R.C.C.; LUIZÃO, F.J.; PAIVA, R.Q.; MONTEIRO, T.F.; SOUSA, L.S.; KRUIJT, B. Variation of carbon and nitrogen cycling processes along a topographic gradient in a central Amazonian forest. **Global Change Biology**, v. 10, p. 592-600, 2004.

MAIA, M.C.C.; RESENDE, M.D.V.; PAIVA, J.R.; CAVALCANTI, J.J.V.; BARROS, L.M. Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 39, n. 1, p. 43-50, jan./mar. 2009.

MEDEIROS, R. A.; PAIVA, H.N.; LEITE, H.G.; NETO, S.N.O.; VENDRÚSCOLO, D.G.S.; SILVA, F.T. Análise Silvicultural e Econômica de Plantios Clonais e Seminais

de *Tectona grandis* L.f. em Sistema Taungya. **Revista Árvore**, Viçosa-MG, v.39, n.5, p.893-903, 2015.

MEDINA MACEDO, L.; LACERDA, A.E.B. ; SEBBENN, A.M. ; RIBEIRO, J.Z.; SOCCOL, C. R. ; BITTENCOURT, J. V. M. . Using genetic diversity and mating system parameters estimated from genetic markers to determine strategies for the conservation of *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Kuntze (Araucariaceae). **Conservation Genetics** , v. 17, p. 1-10, 2015.

MORAES, C.B.; CARVALHO, E.V.; ZIMBACK, L.; LUZ, O.S.L.; PIERONI, G.B.; MORI, E.S.; LEAL, T.C.A.B. Variabilidade Genética em progênies de Meios-Irmãos de eucaliptos para tolerância ao frio. **Revista Árvore**, Viçosa-MG, v.39, n.6, p. 1047-1054, 2015.

MOREIRA, H. M. **A importância da Amazônia na definição da posição brasileira no regime internacional de mudanças climáticas**. Dissertação. Programa de Pós-Graduação em Relações Internacionais “San Tiago Dantas” (UNESOP, UNICAMP, PUC-SP). São Paulo, 2009. 21 f.

MORI, E. S.; SEBBENN, A. M.; TAMBARUSSI, E. V.; GURIES, R. P. Sistema de reprodução em populações naturais de *Peltophorum dubium*. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 41, n. 99, p. 307-317, 2013.

NASCIMENTO, A. G. **Parâmetros genéticos obtidos por modelos mistos em progênies e procedências da *Mimosa scabrella* Bentham (bracatinga)**. Dissertação. Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – Piracicaba – SP. 2010. 108 f.

NASCIMENTO, I. L.; ALVES, E. U; BRUNO, R. L. A; GONÇALVES, E. P.; COLARES, P. N. Q.; MEDEIROS, M. S. Superação da dormência em sementes de faveira (*Parkia platycephala* Benth.). **Revista Árvore**, Viçosa, v. 33, n. 1, p. 35-45, 2009.

NEI, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. **Genetics**, Bethesda, v.89, p.583-590, 1978.

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

OKSANEN, J.; BLANCHET, F.G.; KINDT, R.; LEGENDRE, P.; MINCHIN, P.R.; O'HARA, R. B.; SIMPSON, G.L.; SOLYMOS, P.; STEVENS, M.H.R.; WAGNER, H. **Vegan: Community Ecology Package. R package version 2.0-10. 2013.** There is no corresponding record for this reference, 2015.

OLIVEIRA, P. R. D.; SCOTTON, D.C.; NISHIMURA, D.S.; FIGUEIRA, A. Análise da diversidade genética por AFLP e identificação de marcadores associados à resistência a doenças em videira. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 27 n. 3, 2005.

OUBORG, N.J.; PERTOLDI, C.; LOESCHCKE, V.; BIJLSMA, R.; HEDRICK, P.W. Conservation genetics in transition to conservation genomics. **Trends in Genetics**, Oxford, v. 26, p. 177–187, Apr. 2010.

PAIVA, J. R.; KAGEYAMA, P. Y.; VENCOVSKY, R. Genetics of rubber tree (*Hevea brasiliensis* (Willd. ex Adr. de Juss.) Mull Arg.). 2. Mating system. **Silvae Genética**, v. 43, n.5/6, p.373-376, 1994.

PASTEUR, N.; PASTEUR, G.; BONHOME, F. Practical isozyme genetics. New York: **Haisted Press**, p. 215, 1988.

PAYN, T.; CARNUS, J-M.; FREER-SMITH, P.; KIMBERLEY, M.; KOLLERT, W.; LIU, S.; ORAZIO, C.; RODRIGUEZ, L.; SILVA, L.N.; WINGFIELD, M.J. Changes in planted forests and future global implications. **Forest Ecology and Management** (352), p. 57–67, 2015.

PICANÇO-RODRIGUES, D.; ASTOLFI-FILHO, S.; LEMES, M.R.; GRIBEL, R.; SEBBENN, A.M.; CLEMENT, C.R. Conservation implications of the mating system of the *Pampa Hermosa* landrace of peach palm analyzed with microsatellite markers. **Genetics and Molecular Biology**, v. 38, p. 59–66, 2015.

PUPIN, S.; ARAÚJO, A. V.; ZARUMA, D. U. G.; MIRANDA, A. C.; SILVA, P. H. M.; MARINO, C. L.; SEBBENN, A. M.; MORAES, M. L. T. Produtividade, estabilidade e adaptabilidade em progênies de polinização aberta de *Eucalyptus urophylla* ST Blake. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 43, n. 105, p. 127-134, 2015.

RAMOS, S.L.F.; DEQUIGIOVANNI, G.; SEBBENN, A.M.; LOPES, M.T.G.; MACÊDO, J.L.V. de; VEASEY, E.A.; ALVES-PEREIRA, A.; SILVA, P.P. da; GARCIA, J.N.; KAGEYAMA, P.Y. Paternity analysis, pollen flow, and spatial genetic

structure of a natural population of *Euterpe precatoria* in the Brazilian Amazon. **Ecology and Evolution**, v. 1, p. 1-15, 2018.

RAMOS, S.L.F.; LOPES, M.T.G.; LOPES, R.; CUNHA, R.N.V. da; MACÊDO, J.L.V. de; CONTIM, L.A.S.; CLEMENT, C.R.; RODRIGUES, D.P.; BERNARDES, L.G. Determination of the mating system of Tucumã palm using microsatellite markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 11, p. 181–185, June 2011a

RAMOS, S.L.F.; MACÊDO, J.L.V. de; MARTINS, C.C.; LOPES, R.; LOPES, M.T.G. Tratamentos pré-germinativos e procedência de sementes do tucumã-do-Amazonas para a produção de mudas. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 33, p. 962-969, Sep. 2011b.

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

RESENDE, M. D. V. **Software SELEGENREML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Curitiba: EMBRAPA Florestas, p. 359, 2007b.

RESENDE, M. D. V.; DIAS, L. A. S. Aplicação de metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos em espécies frutíferas. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 22, n. 1, p. 44-52, 2000.

RESENDE, M.D.V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. EMBRAPA Florestal, Colombo. 2007 a.

RESENDE, M.D.V. **Predição de valores genéticos, componentes de variância, delineamentos de cruzamento e estrutura de populações no melhoramento florestal**. Tese (Doutorado em Genética) – Setor de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 1999. 420 f.

RESENDE, M.D.V. SELEGEN-REML/BLUP. **Seleção genética computadorizada: manual do usuário**. Colombo: EMBRAPA–CNPQ, p. 67, 2002a.

RESENDE, M.D.V.; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesq Agropec Trop**, v. 37, n. 3, p. 182-194, set. 2007.

RITLAND, K. Correlated matings in the partial selfer *Mimulus guttatus*. **Evolution**, Lancaster, v. 43, n. 4, p. 848-859, 1989.

RITLAND, K. Extensions of models for the estimation of mating systems using n independent loci. **Heredity**, n.88, p.221-228, 2002.

RITLAND, K. **Mark – Marker Inferred Relatedness and Quantitative Inheritance Program, v. 2.0, 2004**. Free program distributed by the author over the internet from <http://genetics.forestry.ubc.ca/ritland/programs.html>.

RITLAND, K.; JAIN, S. A model for the estimation of outcrossing rate and gene frequencies using independent loci. **Heredity**, Edinburgh, v. 47, p. 35-52, 1981.

RIVERO, S.; ALMEIDA, O. ÁVILA, S.; OLIVEIRA, W. Pecuária e desmatamento: uma análise das principais causas diretas do desmatamento na Amazônia. **Nova economia**, v. 19.1, p. 41-66, 2009.

RODRIGUES, N.A.; REIS, E.A.; TAVARES, M. Influências dos fatores climáticos no custo de produção do café arábica. **Custos e @gronegocio on line** - v. 10, n. 3 – Jul/Set - 2014.

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

SANTOS, C. A. F.; OLIVEIRA, V. R. de; RODRIGUES, M. A.; RIBEIRO, H. L. C.; DRUMOND, M. A. Estimativas de polinização cruzada em população de *Spondias tuberosa* arruda (anacardiaceae) usando marcador AFLP. **Revista Árvore**, Viçosa-MG, v.35, n.3, Edição Especial, p.691-697, 2011.

SANTOS, L. S.; CABRAL, G. P.; COSTA, R. R. G. F. Variabilidade Genética entre e dentro de Progênies de Ipê Rosa (*Handroanthus avellanadae* (Lorentz ex Griseb.) Mattos (Bignoniaceae). **Gl. Sci Technol**, Rio Verde, v. 07, n. 02, p. 98 – 105, maio/ago. 2014.

SARTORETTO, L. M.; FARIAS, P. C. M. Diversidade genética e técnicas biotecnológicas. **Unoesc & Ciências – ACET**, Joaçaba, v. 1, n. 2, p. 155-162, jul./dez. 2010.

SCHUELKE, M. An economic method for the fluorescent labeling of PCR fragments. **Nature Biotechnology**, New York, v.18, p. 233–234, Feb. 2000.

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

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

SEOANE, C.E.S.; SEBBENN, A.M.; KAGEYAMA, P.Y. Sistema de reprodução em duas populações naturais de *Euterpe edulis* Mart. sob condições de fragmentação florestal. **Scientia Forestalis**, São Paulo-Brasil, v. 69, p. 13-24, 2005.

SHARMA, S. S. ; ISLAM, M. A. ; NEGI, M. S. ; TRIPATHI, S. B. Estimation of outcrossing rates in biodiesel species *Pongamia pinnata* based on AFLP and microsatellite markers. **National Academy Science Letters**, v. 40, n. 2, p. 105-108, 2017.

SHAW, D.V.; ALLARD, R.W. Isozyme heterozygosity in adult and open-pollinated embryo samples of Douglas-fir. **Silva feen**, v. 16, p. 115-121, 1982.

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

SILVA, J. C.; OLIVEIRA, J. T. S. Avaliação das propriedades higroscópicas da madeira de *Eucalyptus saligna* Sm. em diferentes condições de umidade relativa do ar. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 27, n. 2, p. 233-239, 2003.

SOBIERAJSKI, G. R.; KAGEYAMA, P. Y.; SEBBENN, A. M. Estimates of genetic parameters in *Mimosa scabrella* populations by random and mixed reproduction models. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 6, p. 47-54, 2006.

SOUZA, C. S.; FREITAS, M.L.M.; MORAES, M.L.T.; SEBBENN, A.M. Estimativas de parâmetros genéticos para caracteres quantitativos em progênies de polinização

aberta de *Eucalyptus urophylla*. **FLORESTA**, Curitiba, PR, v. 41, n. 4, p. 847 - 856, out./dez. 2011.

SOUZA, C.S.; AGUIAR, A.V.; SILVA, A.M.; MORAES, M.L.T. Variação genética em progênes de Gonçalo-alves (*Astronium fraxinifolium*) em dois sistemas de plantio. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v.15, n.2, p.137-145, 2003.

SOUZA, L.S.A.; SILVA, J.F.; SOUZA, M.D.B. Composição Florística de plantas daninhas em Agrossistemas de Cupuaçuzeiro (*Theobroma grandiflorum*) e Pupunheira (*Bactris gasipaes*). **Planta Daninha**, Viçosa-MG, v.21, n.2, p.249-255, 2003.

STURION, J.A.; RESENDE, M.D.V. **Número necessário de safras para avaliar com eficiência o peso de biomassa foliar em erva-mate**. Colombo : Embrapa Florestas, 2011. (Documentos / Embrapa Florestas, 213).

TORGGLER, M. G. F. **Variação genética entre progênes dentro de procedências de *Eucalyptus saligna* Smith**. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 1987. 198 f.

VALENTE, M. S. F.; LOPES, M.T.G.; CHAVES, F.C.M.; PANTOJA, M.C.; SOUSA, F.M.G.; CHAGAS, E.A. Molecular genetic diversity and mating system in sacha inchi progenies. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 47, n. 4, p. 480-487, 2017.

VASCONCELOS, P. G. A. **Determinantes do desmatamento na Amazônia Brasileira**. Dissertação. Programa de pós-graduação em ciências florestais (UnB). Brasília, 2015. 60 f.

VERARDI, C. K. **Estimativas de parâmetros genéticos e de estabilidade em progênes de Seringueira (*Hevea* spp.)**. Dissertação. Instituto Agrônomo Pós-Graduação em Agricultura tropical e subtropical. Campinas - SP. 2010. 78 f.

VOS, P.; HOGERS, R.; BLEEKER, M.; REIJANS, M.; VAN DE LEE, T.; HORNES, M.; FRIJTERS, A.; POT, J.; PELEMAN, J.; KUIPER, M.; ZABEAU, M. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. **Nucleic Acids Research**, v.23, n.21, p.4407-4414, 1995.

WALTERS, B.B.; SABOGAL, C.; SNOOK, L. K.; ALMEIDA, E. Constraints and opportunities for better silvicultural practice in tropical forestry: an interdisciplinary approach. **Forest Ecology and Management** (209), p. 3–18, 2005.

WEIR, R. J. Progeny testing. In: Tree improvement short course. N. C. State University. Industry Cooperative program, **School of Forest Resources**: Raleigh, p. 102-103, 1977.

ZARUMA, D. U. G. **Variações genéticas para caracteres silviculturais em progênies e procedências de *Dipteryx alata* Vogel**. Dissertação. Faculdade de Ciências Agronômicas da UNESP – Campus de Botucatu – SP. 2014. 53 f.