



*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária  
Centro Nacional de Pesquisas de Florestas  
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*

ISSN 1676-9449

Novembro, 2001

# *Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento 7*

## **Estimação de Parâmetros Genéticos e Predição de Valores Genotípicos para o Caráter Germinação em Leucena pelo Procedimento REML / BLUP**

Reginaldo Brito da Costa  
Marcos Deon Vilela de Resende  
Marcelo da Silva Ferreira  
Jaqueline da Silva Ferreira

Colombo, PR  
2001

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

### **Embrapa Florestas**

Estrada da Ribeira km 111 - CP 319

83411-000 - Colombo, PR - Brasil

Fone: (41) 666-1313

Fax: (41) 666-1276

Home page: [www.cnpf.embrapa.br](http://www.cnpf.embrapa.br)

E-mail (sac): [sac@cnpf.embrapa.br](mailto:sac@cnpf.embrapa.br)

### **Comitê de Publicações da Unidade**

Presidente: Moacir José Sales Medrado

Secretário-Executivo: Guiomar Moreira Braguinha

Membros: Antônio Carlos de S. Medeiros, Edilson B. de Oliveira, Erich G. Schaitza, Honorino R. Rodigheri, Jarbas Y. Shimizu, José Alfredo Sturion, Patrícia P. de Mattos, Sérgio Ahrens, Susete do Rocio C. Penteadó

Supervisor editorial: Moacir José Sales Medrado

Revisor de texto: Elly Claire Jansson Lopes

Normalização bibliográfica: Lidia Woronkoff

Tratamento de ilustrações: Cleide Fernandes de Oliveira

Foto(s) da capa: Reginaldo Brito da Costa

Editoração eletrônica: Cleide Fernandes de Oliveira

### **1ª edição**

1ª impressão: 500 exemplares - Ano 2001

### **Todos os direitos reservados.**

A reprodução não-autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei no 9.610).

CIP-Brasil. Catalogação na publicação.

Embrapa Florestas

---

Estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos para o caráter germinação em leucena pelo procedimento REML/BLUP por Reginaldo Brito da Costa [et al]. — Colombo : Embrapa Florestas, 2001.

20 p. (Embrapa. Florestas. Boletim de Pesquisa de Desenvolvimento, 7).

ISSN 1676-9449

1. Leucena-semente-germinação-parâmetro genético. 2. Leucena- germinação-modelo misto I. Título. II. Série.

---

CDD 576.5

© Embrapa 2001

# Sumário

Resumo .....	5
Abstract .....	6
1. Introdução .....	7
2. Metodologia .....	8
3. Resultados e Discussão .....	14
4. Conclusões .....	18
5. Referências Bibliográficas .....	18



# Estimação de Parâmetros Genéticos e Predição de Valores Genotípicos para o Caráter Germinação em *Leucena* pelo Procedimento REML / BLUP

---

*Reginaldo Brito da Costa*<sup>1</sup>

*Marcos Deon Vielela de Resende*<sup>2</sup>

*Marcelo da Silva Ferreira*<sup>3</sup>

*Jaqueline da Silva Ferreira*<sup>4</sup>

## Resumo

A *Leucaena leucocephala*, leguminosa arbórea de reconhecida importância econômica, apresenta sementes com dormência tegumentar. São escassas as informações sobre variabilidade genética da germinação em função da dormência. O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e valores genotípicos para o caráter germinação das sementes de *Leucena* pela metodologia de modelos mistos (procedimento REML/BLUP), sob dois tratamentos: água quente e ácido sulfúrico. As sementes foram coletadas de 30 matrizes no município de Campo Grande e seu entorno. Os testes de superação da dormência e germinação foram realizados no laboratório de sementes da UCDB. Os resultados demonstraram que existe baixa variabilidade genética entre matrizes para o caráter germinação das sementes. O melhor tratamento para a superação da dormência foi com água quente apresentando 74,42% de germinação contra 54,58% do tratamento com ácido sulfúrico.

Termos para indexação: *Leucaena leucocephala*; parâmetros genéticos; metodologia de modelos mistos; germinação de sementes.

---

<sup>1</sup> Engenheiro Florestal, Doutor, Universidade Católica Dom Bosco, rcosta@ucdb.br

<sup>2</sup> Engenheiro Florestal, Doutor, *Embrapa Florestas*, deon@cnpf.embrapa.br

<sup>3</sup> Acadêmico do curso de Zootecnia da Universidade Católica Dom Bosco

<sup>4</sup> Acadêmico do curso de Biologia da Universidade Católica Dom Bosco

# Genetic Parameters Estimation and Genotypic Values Prediction for the trait Germination in *Leucaena* by the REML / BLUP Procedure

---

## Abstract

*Leucaena leucocephala*, a legume tree of great economic importance, presents seeds dormancy. There is only scarce information about genetic variability of germination as a function of dormancy. This paper describes the estimation of genetic parameters and prediction of genotypic values for germination in *Leucaena leucocephala* by the mixed model methodology (REML/BLUP procedure), under two germination treatments: boiling water and sulphuric acid, both for 5 minutes. The seeds were obtained from 30 parents in the countryside of Campo Grande, Brazil. The tests of germination were carried out in the UCDB seeds laboratory, at 28 degrees of temperature, using towel paper as germination medium. The results showed low genetic variability among parents for germination. The best parents were labelled as numbers 19 and 29, in spite they weren't statistically different from the others. The best treatment for dormancy breakage was boiling water with 74.42% of germination against 54.58% of the sulphuric acid.

Key words: *Leucaena leucocephala*, genetic parameters, mixed model methodology, seeds germination.

# 1. Introdução

A leucena (*Leucaena leucocephala*) é reconhecida como uma importante espécie do grupo das leguminosas arbóreas, tendo em vista o seu rápido crescimento, usos múltiplos e facilidade para consórcio com culturas agrícolas, habilidade para fixar nitrogênio e melhorar a estrutura do solo, sistema radicular robusto, tolerância à seca e à salinidade. Hedge (1985) ressalta, além dessas características, o baixo custo operacional de implantação de povoamentos e a obtenção de retornos financeiros elevados e rápidos.

As diversas características apontam a leucena como uma das espécies de maior potencial para sistemas agroflorestais (SAFs) ou sistemas agrosilvopastoris. Brewbaker (1987) relata a utilização da espécie em sistemas agroflorestais, enfatizando o seu uso como madeira para várias finalidades, como melhoradora do solo e na alimentação animal.

A despeito da reconhecida importância e ampla utilização da espécie, ainda persiste uma carência de informações sobre os diversos aspectos do seu melhoramento genético. Neste contexto, as proposições apresentadas por Resende & Medrado (1994), abordando aspectos metodológicos do melhoramento da *Leucaena leucocephala*, considerando-a como uma espécie autógama, foram importantes.

As sementes da espécie apresentam dormência tegumentar, porém são escassas as informações sobre variabilidade genética no processo germinativo em função da dormência. A germinação das sementes é um fenômeno biológico que pode ser considerado como a retomada do crescimento do embrião (Carvalho & Nakagawa, 1988), com o subsequente rompimento do tegumento pela radícula. Portanto, a quebra da quiescência ou dormência, oriundas de causas genéticas ou ambientais é simplesmente o início das atividades metabólicas (Nassif et al., 2000)

No caso específico da *Leucaena leucocephala*, a peculiaridade de ter um sistema reprodutivo autógomo tem denotado à espécie uma variabilidade genética muito restrita (Hughes, 1989) porém, em termos do caráter germinação das sementes as informações são escassas.

A metodologia de modelos lineares mistos (REML/BLUP) para dados

desbalanceados, desenvolvida para o melhoramento de plantas perenes por Resende & Fernandes (1999) e Resende et al. (1999), avaliando-se individualmente os candidatos à seleção, tem conduzido à maximização do ganho genético com seleção, tornando-se muito interessante particularmente para a espécie em estudo, com variabilidade genética restrita. Tal metodologia vem sendo aplicada com sucesso ao melhoramento de várias espécies perenes como a seringueira (Costa et al., 1999; Costa et al., 2000; Kalil et al., 2000), cacau (Resende & Dias, 2000), acerola (Paiva et al., 2001), pupunha (Farias Neto e Resende, 2000), dentre outras.

O presente estudo objetiva estimar parâmetros genéticos e valores genotípicos para o caráter germinação das sementes de leucena (sob dois tratamentos de germinação) pela metodologia de modelos mistos (procedimento REML/BLUP), adaptada a espécies autógamas.

## 2. Metodologia

O ensaio para a superação da dormência e germinação das sementes de leucena, foi instalado na Base de Pesquisas da Universidade Católica Dom Bosco (UCDB) em Campo Grande, localizada na latitude 20°26'34''S, longitude 54°38'47''W e altitude de 480 m .

As sementes que constituem o material genético deste estudo foram coletadas de 30 matrizes de leucena no município de Campo Grande e seu entorno, provenientes de diferentes localidades em um raio médio de 100 km. Os testes de superação da dormência e germinação foram realizados no laboratório de sementes da base de pesquisa, em estufas para germinação do tipo mangelsdorf, submetidas a temperatura de 28°C. Utilizou-se como substrato papel toalha germitest. O delineamento experimental empregado foi o de blocos casualizados, representado por 2 tratamentos de germinação: imersão das sementes em água quente (5 minutos); imersão das sementes em ácido sulfúrico (5 minutos), com 40 plantas por parcela. A avaliação da germinação foi realizada diariamente no mesmo horário, durante 10 dias. As sementes foram consideradas germinadas quando a plântula apresentou-se totalmente formada e os resultados foram anotados individualmente para cada semente do teste.



O modelo linear misto (modelo univariado) utilizado no presente estudo, para a análise do experimento, segue a metodologia apresentada por Resende & Fernandes (1999) e Resende & Dias (2000):

**Modelo linear misto (modelo genotípico univariado)**

$$y = Xb + Zg + Wc + e, \text{ em que}$$

y, b, g, c e e: vetores de dados, dos efeitos de blocos ou tratamentos de germinação (fixos), dos efeitos genotípicos (aleatórios), de efeitos de parcela (aleatórios) e dos erros aleatórios, respectivamente.

X, Z e W: matrizes de incidência para b, g e c, respectivamente.

**Distribuições e estruturas de médias e variâncias**

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

$$g|\sigma_g^2 \sim N(0, I \sigma_g^2)$$

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

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

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

ou seja:

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

$$G = I \sigma_g^2$$

$$R = I \sigma_c^2$$

$$C = I \sigma_e^2$$

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

### Equações de modelo misto

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + I \lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I \lambda_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{g} \\ \hat{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

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

$$h_a^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2} = \text{herdabilidade individual no sentido amplo no bloco;}$$

$$c^2 = \sigma_c^2 / (\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2) = \text{correlação devida ao ambiente comum da parcela;}$$

$$\sigma_g^2 = \text{variância genotípica;}$$

$$\sigma_c^2 = \text{variância entre parcelas;}$$

$$\sigma_e^2 = \text{variância residual ( = ambiente dentro de parcelas).}$$

As soluções para as equações de modelo misto devem ser obtidas por métodos iterativos de resolução de sistemas de equações lineares, tais como método de Gauss Seidel. A solução direta via inversão da matriz dos coeficientes é impossível na prática.

### Estimadores iterativos dos componentes de variância por REML via algoritmo EM

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{b}' X'y - \hat{g}' Z'y - \hat{c}' W'y] / [N - r(x)]$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = [\hat{g}' \hat{g} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr } C^{22}] / q$$

$$\hat{\sigma}_c^2 = [\hat{c}'c + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr } C^{33}] / s, \text{ em que:}$$

$C^{22}$  e  $C^{33}$  advém de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} \end{bmatrix}$$

$C$  = matriz dos coeficientes das equações de modelo misto;

$\text{tr}$  = operador traço matricial;

$r(x)$  = posto da matriz  $X$ ;

$N, q, s$  = número total de dados, número de linhagens e número de parcelas, respectivamente.

### Sequência de Colunas no Arquivo de Dados para Análise no Software DFREML (Meyer, 1998)

**Indivíduo    Pai    Mãe    Bloco    Parcela    Variável 1    . . .    Variável n**

Neste caso, é necessário apenas um arquivo o qual funciona ao mesmo tempo como arquivo de pedigree e como arquivo de dados. Deve ser executado o subprograma DFPREP e em seguida o DFUNI.

A espécie *L. leucocephala* é autógama e alopoliplóide. Em termos citogenéticos e produtivos, o comportamento de indivíduos alopoliplóides é similar àquele apresentado por indivíduos diplóides. Isto ocorre porque os genomas em plantas alopoliplóides são diferentes, de forma que apenas bivalentes de cromossomos homólogos do mesmo genoma são formados. Assim, em termos de modelos genéticos em genética quantitativa, espécies poliplóides podem ser tratadas como diplóides (Wricke e Weber, 1986).

A interpretação do componente de variância  $\sigma_g^2$  pode ser realizada segundo dois modelos, ignorando a epistasia:

#### Modelo 1 (Cockerham, 1954)

$$\sigma_g^2 = (1 + F) \sigma_a^2 + (1 - F^2) \sigma_d^2$$

#### Modelo 2 (Cockerham, 1954)

$$\sigma_g^2 = (1 + F) \sigma_a^2 + (1 - F^2) \sigma_d^2 + 4FD_1 + FD_2 + F(1 - F) H, \text{ em que:}$$

F: coeficiente de endogamia da linhagem;

$\sigma_a^2$ : variância genética aditiva;

$\sigma_d^2$ : variância genética de dominância;

$D_1$  : covariância entre os efeitos aditivos dos alelos e os efeitos de dominância dos homozigotos (este componente assume valores negativos para frequências dos alelos favoráveis inferiores a 0,5);

$D_2$  : variância dos efeitos de dominância dos homozigotos;

H : soma de quadrados da depressão endogâmica de cada loco.

O modelo 2 é mais geral e válido para populações com quaisquer frequências

alélicas. Já o modelo 1 é válido para populações com frequências alélicas intermediárias (em torno de 0,5). Neste último caso  $D_1 = D_2 = 0$  e  $\sigma_d^2 = H$ , de forma que empregando-se a expressão do modelo 2, obtém-se a expressão do modelo 1.

No presente caso, pelo modelo 2, o conteúdo de  $\sigma_g^2$  equivale a  $\sigma_g^2 = 2\sigma_a^2 + 4D_1 + D_2$  e, pelo modelo 1, equivale a  $\sigma_g^2 = 2\sigma_a^2$ . Neste caso, as definições da herdabilidade individual no sentido amplo ( $h_a^2$ ) segundo os dois modelos equivalem a:

$$\hat{h}_{a1}^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2} = \frac{2\hat{\sigma}_a^2}{2\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2}; \text{ herdabilidade individual no sentido amplo,}$$

segundo o modelo 1;

$$\hat{h}_{a2}^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2} = \frac{2\hat{\sigma}_a^2 + 4\hat{D}_1 + \hat{D}_2}{2\hat{\sigma}_a^2 + 4\hat{D}_1 + \hat{D}_2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2} = \text{herdabilidade individual no sentido}$$

amplo, segundo o modelo 2;

Assumindo o modelo (1) ou, alternativamente, tomando-se  $4D_1 + D_2 = 0$ , pode-se obter uma estimativa para a herdabilidade individual no sentido restrito em uma população não endógama, através da expressão:

$$\hat{h}^2 = (1/2) \hat{h}_a^2$$

Estimativas da herdabilidade no sentido restrito ou herdabilidade dos efeitos aditivos são muito importantes no contexto da seleção recorrente.

As estimativas de  $h_a^2$  ao nível individual e  $c^2$  são relevantes para:

- (i) uso no procedimento de predição de valores genotípicos das linhagens em presença de dados desbalanceados (por exemplo, sobrevivência diferenciada das linhagens);
- (ii) uso no correto delineamento (número de repetições e de plantas por parcela) de experimentos visando a maximização da acurácia seletiva;
- (iii) cômputo da acurácia associada à avaliação de cada linhagem;
- (iv) cômputo do intervalo de confiança associado ao valor genotípico predito de cada linhagem.

A partir da  $h_a^2$  ao nível individual e do componente  $c^2$ , a “herdabilidade” ao nível de médias de linhagens para cada linhagem é dada por:

$$\hat{h}_{am_i}^2 = \frac{n_i b_i h_a^2}{1 + (n_i - 1)(h_a^2 + c^2) + (b_i - 1) n_i h_a^2} : \text{“herdabilidade” ao nível de}$$

médias para a linhagem  $i$ ;

$n_i$  e  $b_i$ : número de plantas por parcela e de blocos associados à avaliação da linhagem  $i$ .

Com números desiguais de plantas por parcela, a expressão de  $\hat{h}_{am_i}^2$  é dada por:

$$\hat{h}_{am_i}^2 = \frac{\sum_{j=1}^{b_i} n_j h_a^2}{1 + \left[ \left( \sum_{j=1}^{b_i} n_j / b_i - 1 \right) (h_a^2 + c^2) + (b_i - 1) \left( \sum_{j=1}^{b_i} n_j / b_i \right) h_a^2 \right]}$$

No presente caso, a acurácia na predição dos valores genotípicos das linhagens é dada por  $\hat{r}_{gg_i} = \left[ \hat{h}_{am_i}^2 \right]^{1/2}$

A variância do erro de predição dos valores genotípicos das linhagens é dada por  $\text{Var}(\hat{g}) = (1 - \hat{h}_{am_i}^2) \hat{\sigma}_g^2$  e o intervalo de confiança dos valores genotípicos preditos das linhagens é dado por  $\hat{g} \pm t \left[ (1 - \hat{h}_{am_i}^2) \hat{\sigma}_g^2 \right]^{1/2}$  em que  $t$  é o valor tabelado da distribuição  $t$  de Student associado a determinado grau de confiança ( $t = 1,96$  para um intervalo construído com 95% de confiança).

### 3. Resultados e Discussão

Os resultados referentes às estimativas dos parâmetros genéticos para o caráter germinação de sementes em leucena são apresentados na Tabela 1.

Verifica-se, de maneira geral, uma baixa variabilidade genética entre as matrizes (linhagens) avaliadas, conforme pode ser depreendido das estimativas dos coeficientes de variação genotípica e das herdabilidades individuais (Tabela 1). É importante ressaltar que os parâmetros estimados são válidos especificamente para a população estudada, envolvendo as 30 matrizes ou linhagens. Outros estudos com amostragens maiores são recomendados.

**TABELA 1.** Estimativas dos coeficientes de variação genotípica e das herdabilidades individuais, para o caráter Germinação de sementes em Leucena

Estimativas	Germinação
Herdabilidade individual no sentido amplo $\hat{h}_a^2$	0,015 ± 0,02
Herdabilidade individual no sentido restrito $\hat{h}^2$	0,0076
Herdabilidade ao nível de média de linhagens $\hat{h}_{am}^2 (+)$	0,1972
Acurácia da predição de valores genotípicos $\hat{r}_{gg} (+)$	0,444
Correlação devida ao ambiente comum da parcela $\hat{c}^2$	0,10
Variância genotípica $\hat{\sigma}_g^2$	0,0034
Variância fenotípica $\hat{\sigma}_y^2$	0,2252
Variância entre parcelas $\hat{\sigma}_c^2$	0,0227
Variância ambiental dentro de parcelas $\hat{\sigma}_e^2$	0,1991
Coefficiente de variação genotípica Cvg	9,04%

(+) Estimativas considerando o estande completo: n = 40 plantas por parcela e b = 2 blocos.

A baixa variabilidade genética constatada sugere que as 30 matrizes podem ser oriundas de uma ou poucas linhagens ou cultivares. Nesta linha de pensamento, Resende & Medrado (1994), propõem que o melhoramento genético da espécie em estudo, deve seguir estratégias diferenciadas daquelas amplamente empregadas no melhoramento de espécies florestais alógamas. Deverá diferir, também, segundo os mesmos autores, das estratégias - padrões empregadas no melhoramento de espécies autógamias

anuais. Isto é devido à possibilidade de fixação de genótipos superiores nas autógamias perenes em qualquer geração, através da propagação repetida dos mesmos via sementes ou estacas clonais. Em espécies autógamias anuais (que geralmente não permitem a propagação vegetativa), obrigatoriamente, deve-se caminhar para a homozigose total, como única forma de fixação de genótipos superiores.

Na Tabela 2 são apresentados os valores genotípicos (e seus intervalos de confiança) das matrizes para o caráter germinação.

Verifica-se que as matrizes 19 e 29 foram as superiores. Constata-se também que, ao considerar-se a sobreposição dos intervalos de confiança dos valores genotípicos preditos, todas as matrizes mostram-se estatisticamente iguais, a 95% de confiança (Tabela 2).

A acurácia ou correlação entre os valores genotípicos preditos e os verdadeiros equivaleu, em média, à 0,444 (Tabela 1), podendo ser classificada como baixa.

Por outro lado, os tratamentos de quebra de dormência diferiram significativamente a um nível de significância de 0,0002, apresentando um quadrado médio igual a 0,5900, um F de Snedecor calculado equivalendo a 21,32. O melhor tratamento foi o 2 (água quente), que apresentou 74,42% de germinação contra o tratamento 1 (ácido sulfúrico), que apresentou 54,58% de germinação.



**TABELA 2.** Valores genotípicos preditos ( $\hat{\mu} + \hat{g}$ ) e seus intervalos de confiança (95%) para o caráter germinação em 30 matrizes de Leucena.

Ordem	Matriz	$\hat{\mu} + \hat{g}$	IC
1	19	0,6873	0,5849 – 0,7897
2	29	0,6848	0,5824 – 0,7872
3	22	0,6703	0,5679 – 0,7727
4	17	0,6703	0,5679 – 0,7727
5	18	0,6678	0,5654 – 0,7702
6	21	0,6678	0,5654 – 0,7702
7	28	0,6654	0,5630 – 0,7678
8	30	0,6654	0,5630 – 0,7678
9	12	0,6630	0,5606 – 0,7654
10	6	0,6606	0,5582 – 0,7629
11	8	0,6606	0,5582 – 0,7629
12	20	0,6606	0,5582 – 0,7629
13	2	0,6557	0,5533 – 0,7581
14	1	0,6533	0,5509 – 0,7557
15	11	0,6508	0,5484 – 0,7532
16	5	0,6460	0,5436 – 0,7484
17	16	0,6460	0,5436 – 0,7484
18	14	0,6387	0,5363 – 0,7411
19	13	0,6363	0,5339 – 0,7387
20	15	0,6314	0,5290 – 0,7338
21	4	0,6290	0,5266 – 0,7314
22	7	0,6290	0,5266 – 0,7314
23	23	0,6290	0,5266 – 0,7314
24	26	0,6265	0,5241 – 0,7289
25	3	0,6241	0,5217 – 0,7265
26	25	0,6241	0,5217 – 0,7265
27	9	0,6168	0,5144 – 0,7192
28	27	0,6144	0,5120 – 0,7168
29	24	0,6023	0,4999 – 0,7046
30	10	0,5731	0,4707 – 0,6755

$\hat{\mu} = 0,645$  ou 64,5%: média geral.

## 4. Conclusões

- Existe uma baixa variabilidade genética entre as matrizes para o carácter germinação de sementes em leucena;
- as melhores matrizes (19 e 29), não diferiram estatisticamente das demais;
- a acurácia na avaliação dos valores genotípicos das matrizes para o carácter germinação equivaleu, em média, a 44%;
- os tratamentos de quebra de dormência diferiram significativamente a um nível de significância de 0,0002. O tratamento água quente apresentou o maior percentual germinativo (74,42%), comparando-se ao tratamento com ácido sulfúrico, que apresentou 54,58% de percentual germinativo.

## 5. Referências Bibliográficas

BREWBAKER, J. L. *Leucaena*: a multipurpose tree genus for tropical agroforestry. In: STEPLER, H. A.; NAIR, P. K. (Eds.). **Agroforestry: a decade of development**. Nairobi: ICRAF, 1987. p. 289-323.

CARVALHO, N. M.; NAKAGAWA, J. **Sementes**: ciência, tecnologia e produção. 3.ed. Campinas: Fundação Cargil, 1988, 424 p.

COSTA, R. B., RESENDE, M. D. V. de; ARAUJO, A. J.; GONÇALVES, P. de S. BLUP individual e índice multi-efeito aplicados ao melhoramento da seringueira. In: SIMPÓSIO DE RECURSOS GENÉTICOS PARA AMÉRICA LATINA E CARIBE, 2., 1999, Brasília. **Anais...** Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. 1 CD-ROM.

COSTA, R. B., RESENDE, M. D. V. de; GONÇALVES, P. de S. Selection and genetic gain in populations of *Hevea brasiliensis* with a mixed mating system. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 23, n. 3, p. 671-679, 2000.

FARIAS NETO, J. T.; RESENDE, M. D. V. de. Predição de valores genéticos e estimação de componentes de variância em pupunheira (*Bactris gasipaes*) pela metodologia BLUP/REML com ênfase na produtividade de palmito. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 23, n. 3, suppl., p. 533, 2000.

HEDGE, N. Leucaena for energy plantation. *BAIF Journal*, v. 5, p. 37-42, 1985.

HUGHES, C. E. New opportunities in *Leucaena* genetic improvement. In: GIBSON, G. L.; GRIFFIN, A. R.; MATHESON, A. C. (Eds.). *Breeding tropical trees: population structure and genetic improvement strategies in clonal and seedling forestry*. [S.l.: s.n.], 1989. p. 218-226.

KALIL FILHO, A. N.; RESENDE, M. D. V. de; KALIL, G. P. C. Componentes de variância e predição de valores genéticos em seringueira pela metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 35, n. 9, p. 1883-1887, 2000.

MEYER, K. *DFREML-Version 3.0β User Notes*. Armidale: Institute of Animal Genetics of Scotland / Animal Genetics and Breeding Unit of the University of New England, 1998. 31 p.

NASSIF, S. M. L.; VIEIRA, I. G.; FERNANDES, G. D. Germinação de sementes: fatores externos (ambientais) que influenciam na germinação. *IPEF On Line*, Piracicaba, p. 1-4, 2000. Disponível em: < <http://www.ipef.br/espécies/germinaçãoambiental> > .

PAIVA, J. R.; RESENDE, M. D. V. de; CORDEIRO, E. R. Avaliação do número de colheitas na produção de progênes de acerola, repetibilidade e herdabilidade de caracteres. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 23, n. 1, p. 102 -107, 2001.

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

RESENDE, M. D. V. de; FERNANDES, J. S. C.; SIMEÃO, R. M. BLUP individual multivariado em presença de interação genótipo x ambiente para delineamentos experimentais repetidos em vários ambientes. *Revista de Matemática e Estatística*, São Paulo, v. 17. p. 209-228, 1999.

RESENDE, M. D. V. de; MEDRADO, M. J. S. Aspectos metodológicos no melhoramento genético de *Leucena leucocephala*, uma espécie florestal autógama. In: CONGRESSO BRASILEIRO SOBRE SISTEMAS AGROFLORESTAIS, 1., 1994, Porto Velho. *Anais*. Colombo: EMBRAPA-CNPQ, 1994. p. 233-348. (EMBRAPA-CNPQ. Documentos, 27).

RESENDE, M. D. V. de; DIAS, L. A. S. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos aditivos e genotípicos em espécies frutíferas. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 22, n. 1, p. 44-58, 2000.

WRICKE, G.; WEBER, W. E. **Quantitative genetics and selection in plant breeding**. Berlin: Walter de Gruyter, 1986. 406 p.