



UNIVERSIDADE FEDERAL DE MATO GROSSO
FACULDADE DE ENGENHARIA FLORESTAL
**Programa de Pós-Graduação em Ciências Florestais e
Ambientais**

**AVALIAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA EM
PROGÊNIES DE *Myracrodruon urundeuva* (Fr. All) NA
BAIXADA CUIABANA.**

ERICA VITÓRIA ALMEIDA

CUIABÁ – MT
2011

ERICA VITÓRIA ALMEIDA

AVALIAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES DE
Myracrodruon urundeuva (Fr. All) **NA BAIXADA CUIABANA.**

Orientador: Prof. Dr. Reginaldo Brito da Costa

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Florestais e Ambientais, Faculdade de Engenharia Florestal - Universidade Federal de Mato Grosso, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Ciências Florestais e Ambientais.

CUIABÁ – MT

2011



FACULDADE DE ENGENHARIA FLORESTAL
Programa de Pós-graduação em Ciências Florestais e
Ambiental

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

Título: Avaliação da variabilidade genética em progênies de
***Myracrodruon urundeuva* (Fr. All) na Baixada Cuiabana**
Autora: Erica Vitória Almeida
Orientador: Prof. Dr. Reginaldo Brito da Costa

Aprovada em 16 de junho de 2011.

Comissão Examinadora:



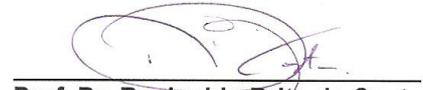
Prof. Dr. José Franklim Chichorro
UFES



Prof. Dr. Alberto Dorval
UFMT/FENF



Prof. Dr. Diégo Tyszká Martinez
UFMT/FENF



Prof. Dr. Reginaldo Brito da Costa
UFMT/FENF - Orientador

FICHA CATALOGRÁFICA

A447a Almeida, Erica Vitória.
Avaliação da variabilidade genética em progênies de *Myracrodruon urundeuva* (Fr. All) na baixada cuiabana / Erica Vitória Almeida. – 2011.
49 f.; il. color.

Orientador: Prof. Dr. Reginaldo Brito da Costa.
Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Mato Grosso, Faculdade de Engenharia Florestal, Pós-Graduação em Ciências Florestais e Ambientais, 2011.

Bibliografia: f. 43-49.

1. Aroeira – Melhoramento genético. 2. Aroeira – Parâmetros genéticos. I. Título.

CDU – 630*16

Ficha elaborada por: Rosângela Aparecida Vicente Sôhm – CRB-1/931

Dedico aos meus pais Miguel Cirino de Almeida e Maria José da Vitória Almeida, aos meus irmãos Maycon Vitória Almeida e Miguel Harafat Vitória Almeida e aos meus avós Domingos Brive da Vitória e Celina Lina da Vitória (in memoriam).

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela dádiva de vivenciar essa experiência;

Ao amigo e orientador, professor Dr. Reginaldo Brito da Costa, pela paciência e dedicação no decorrer do mestrado;

Ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Florestais e Ambientais pela oportunidade;

Ao CNPQ pela concessão da bolsa de estudo;

Ao professor Pedro Kaiser, pela cessão da área para implantação do experimento e pela dedicação e zelo com o mesmo;

A Faculdade de Engenharia Florestal;

Aos bolsistas PIBIC: Arthur Guilherme Schirmbeck Chaves, Luana Pâmella de Almeida Azevedo e VIC: Natasha Brianez Rodrigues e Ana Carla Almeida de Freitas e ao acadêmico de engenharia florestal: Alexandre Teixeira Lopes;

Aos amigos Kelly Dayanna Benedett Maas, Flávia Daniela Pereira Ramos, Lorena de Souza Tavares, Greyce Charllyne Benedet Maas, Renata Sales de Oliveira Cabral e Claudete Rodriguês da Silva por terem formado a minha família em Cuiabá.

Ao apoio emocional dos amigos Angelo Márcio Ramos e Anilton Andrade Ferreira;

Aos eternos amigos: Renata Ramos Martins, Thatyana Gonçalves Pereira, Maria Isabel Lemes, Mary Paro, Bruna Caroline Fontana e Fábio Mattos pelo carinho e estímulo;

Aos professores Dr. Alberto Dorval, Dr. Diego Tyszka Martinez e José Flanklin Chichorro, pelas valiosas sugestões feitas ao trabalho.

A todos, que de alguma forma contribuíram para realização desse estudo.

SUMÁRIO

Página

LISTA DE TABELAS	vii
LISTA DE FIGURAS	ix
RESUMO	x
ABSTRACT	xi
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	3
3. REVISÃO DE LITERATURA	4
3.1. A AROEIRA <i>Myracrodruon urundeuva</i> (Fr. All.).....	4
3.2. VARIAÇÃO BIOLÓGICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS.....	5
3.3. A FRAGMENTAÇÃO FLORESTAL E OS RECURSOS GENÉTICOS.....	6
3.4. CONSERVAÇÃO GENÉTICA	7
3.5. MELHORAMENTO GENÉTICO.....	8
3.6. GENÉTICA QUANTITATIVA.....	10
3.7. TESTES DE PROGÊNIES.....	12
3.8. MELHORAMENTO DE PLANTAS ALÓGAMAS POR SELEÇÃO.....	13
3.9. SOFTWARE SELEGEN REML/BLUP.....	14
4. METODOLOGIA	15
4.1. COLETA DE SEMENTES	15
4.2. EXPERIMENTO EM VIVEIRO	16
4.3. EXPERIMENTO NO CAMPO.....	17
4.4. MODELO ESTATÍSTICO APLICADO AO EXPERIMENTO E CÁLCULO DAS ESTIMATIVAS	20
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	22
5.1. AVALIAÇÕES EM VIVEIRO.....	22
6. CONCLUSÕES	42
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	43

LISTA DE TABELAS

TABELA 1. ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE AROEIRA (<i>Myracrodruon urundeuva</i>). FASE DE VIVEIRO, MUNICÍPIO DE CUIABÁ, MT, 2009.....	22
TABELA 2. VALORES FENOTÍPICOS, GENÉTICOS ADITIVOS, GANHOS GENÉTICOS PREDITOS, NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO E ACURÁCIA SELETIVA PARA OS DEZ MELHORES INDIVÍDUOS DE AROEIRA (<i>Myracrodruon urundeuva</i>) PARA O CARÁTER ALTURA. FASE DE VIVEIRO, MUNICÍPIO DE CUIABÁ, MT, 2009.....	24
TABELA 3. VALORES FENOTÍPICOS, GENÉTICOS ADITIVOS, GANHOS GENÉTICOS PREDITOS, NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO E ACURÁCIA SELETIVA PARA OS DEZ MELHORES INDIVÍDUOS DE AROEIRA (<i>Myracrodruon urundeuva</i>) PARA O CARÁTER DIÂMETRO. FASE DE VIVEIRO, MUNICÍPIO DE CUIABÁ, MT, 2009.....	26
TABELA 4. VALORES FENOTÍPICOS, GENÉTICOS ADITIVOS, GANHOS GENÉTICOS PREDITOS, NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO E ACURÁCIA SELETIVA PARA OS DEZ MELHORES INDIVÍDUOS PARA O CARÁTER NÚMERO DE LANÇAMENTOS FOLIARES EM PROGÊNIES DE AROEIRA (<i>Myracrodruon urundeuva</i>). FASE DE VIVEIRO, MUNICÍPIO DE CUIABÁ, MT, 2009.....	27
TABELA 5. ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE AROEIRA (<i>Myracrodruon urundeuva</i>). FASE DE CAMPO, MUNICÍPIO DE SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER, MT, 2010.....	29
TABELA 6. VALORES FENOTÍPICOS, GENÉTICOS PREDITOS, GANHO GENÉTICO E NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO SELECIONADA DOS DEZ MELHORES INDIVÍDUOS EM PROGÊNIES DE AROEIRA (<i>Myracrodruon urundeuva</i>). FASE DE CAMPO, MUNICÍPIO DE SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER, MT, 2010.....	32
TABELA 7. VALORES GENÉTICOS PREDITOS, GANHO GENÉTICO E NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO SELECIONADA DOS 20 MELHORES INDIVÍDUOS DE PROGÊNIES DE AROEIRA (<i>Myracrodruon urundeuva</i>). FASE DE CAMPO, MUNICÍPIO DE SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER, MT, 2010.....	34
TABELA 8. VALORES GENÉTICOS PREDITOS DA POPULAÇÃO SELECIONADA DOS 20 MELHORES INDIVÍDUOS DE PROGÊNIES DE	

AROEIRA (*Myracrodruon urundeuva*). FASE DE CAMPO, MUNICÍPIO DE SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER, MT, 2010..... 36

TABELA 9. PREDIÇÕES DE PROPAGAÇÃO SEXUADA E ASSEXUADA DA POPULAÇÃO SELECIONADA DOS 10 MELHORES INDIVÍDUOS DE PROGÊNIES DE AROEIRA (*Myracrodruon urundeuva*). FASE DE CAMPO, MUNICÍPIO DE SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER, MT, 2010..... 38

TABELA10. PREDIÇÕES DE PROPAGAÇÃO SEXUADA E ASSEXUADA DA POPULAÇÃO SELECIONADA DOS 10 MELHORES INDIVÍDUOS DE PROGÊNIES DE AROEIRA (*Myracrodruon urundeuva*). FASE DE CAMPO, MUNICÍPIO DE SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER, MT, 2010. 39

LISTA DE FIGURAS

FIGURA 1. A e B. DISPOSIÇÃO DOS BLOCOS DE AROEIRA EM VIVEIRO, MUNICÍPIO DE CUIABÁ-MT, 2008.....	17
FIGURA 2. LOCALIZAÇÃO DO MUNICÍPIO DE SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER- MT, 2010.	18
FIGURA 3. DEMARCAÇÃO DA ÁREA (A) e PLANTIO A CAMPO (B), MUNICÍPIO DE SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER-MT, 2009.....	19
FIGURA 4. MEDIÇÃO DA ALTURA TOTAL DAS MUDAS (A) E DO DIÂMETRO DO COLETO (B), MUNICÍPIO DE SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER-MT, 2010.	20

RESUMO

ALMEIDA, Erica Vitória. **Avaliação da variabilidade genética em progênies de *Myracrodruon urundeuva* (Fr. All) na baixada cuiabana.** 2011. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais e Ambientais) – Universidade Federal de Mato Grosso, Cuiabá-MT. Orientador: Prof. Dr. Reginaldo Brito da Costa.

Nesse trabalho objetivou-se estimar parâmetros e valores genéticos para os caracteres altura, diâmetro, número de lançamentos foliares e sobrevivência de progênies de meio irmãos de *Myracrodruon urundeuva* em teste de viveiro e a campo, na baixada cuiabana-MT. O teste foi estabelecido da seguinte forma: fase de viveiro – o delineamento foi o de blocos ao acaso, com trinta tratamentos (progênies), seis repetições (blocos) e seis plantas por parcela. O mesmo delineamento foi utilizado para a fase de campo. O teste de progênies foi instalado no viveiro da UFMT em Cuiabá sob delineamento experimental de blocos ao acaso, com trinta tratamentos (progênies), seis repetições (blocos) e seis plantas por parcela. Aos três meses de idade as progênies foram avaliadas quanto aos caracteres: a) altura total das mudas – em centímetros; b) diâmetro do coleto – em milímetros, e, c) número de lançamentos foliares. As variáveis foram analisadas usando-se a metodologia de modelo linear misto (univariado aditivo) através do *software* genético-estatístico Selegen – Reml/Blup. As herdabilidades individuais no sentido restrito para os caracteres estudados podem ser consideradas de média magnitude (0,20, 0,16 e 0,15) para altura, diâmetro e número de lançamentos foliares, respectivamente. Os coeficientes de variação genética individual ($CV_{gi}\%$) apresentaram valores expressivos para os caracteres em estudo (9,05%, 9,11% e 11,95%). A acurácia seletiva foi de 0,81, 0,77 e 0,76 para altura, diâmetro e número de lançamentos foliares respectivamente. Aos dois anos de idade, as progênies foram avaliadas quanto aos caracteres: a) altura total (cm); b) diâmetro (mm); c) número de lançamentos foliares e, d) sobrevivência. Os dados foram analisados através do *Software* genético-estatístico Selegen. As estimativas dos coeficientes de herdabilidades individuais (0,05, 0,02, 0,10 e 0,02) para os caracteres altura, diâmetro, número de lançamentos foliares e sobrevivência, respectivamente são considerados de baixa magnitude. Os ganhos genéticos estimados com seleção individual variaram de 8 a 14 cm para o caráter altura, 0,49 a 0,78 mm para diâmetro e 4 a 8 para número de lançamentos foliares. Os valores preditos poderão maximizar as possibilidades de progresso genético com seleção. Os resultados de ganhos genéticos associados às herdabilidades individuais e de média de famílias, estimulam a continuidade do programa de melhoramento genético da aroeira na baixada cuiabana, tendo em vista a possibilidade de maior expressão gênica do material genético na seqüência das avaliações de campo.

Palavras-chave: melhoramento genético, parâmetros genéticos, ganho com seleção.

ABSTRACT

ALMEIDA, Erica Vitória. **Evaluation of genetic variability in progenies *Myracrodruon urundeuva* (Fr. All) in a field test in the town of Santo Antonio do Leverger, MT.** 2011. Dissertation (M. Sc. In Forestry and Environmental Sciences) Federal University of Mato Grosso, Cuiabá, MT. Adviser: Teacher Dr. Reginaldo Brito da Costa.

This study aimed to estimate genetic parameters and values for height, diameter, number of leaf flushes and survival of half-sib progenies mastic in a field test in the town of Santo Antonio do Leverger, MT. The test was established as follows: a) the nursery - the design was randomized blocks with 30 treatments (progenies) and six replicates (blocks) and six plants per plot. The same design was used for the field phase. The progeny test was installed in the nursery UFMT in Cuiaba in randomized blocks, with 30 treatments (progenies), 6 replicates (blocks) and 6 plants per plot. At three months old progenies were evaluated for the characters: a) seedling height - in centimeters, b) stem diameter - in millimeters, and c) number of leaf flushes. The variables were analyzed using the method of mixed linear model (univariate additive) obtained through the Selegen REML/BLUP genetic statistical software. The individual narrow sense heritabilities for the traits studied can be considered of moderate magnitude (0.20, 0.16 and 0.15) for height, diameter and number of leaf flushes, respectively. The individual genetic variation coefficients of (CV_{gi}%) considered expressive (9.05%, 9.11% and 11.95%). The selective accuracy was (0.81, 0.77 and 0.76) for height, diameter and number of foliar shoots. At two years old, the progenies were evaluated for the characters: a) height (cm) b) Diameter (mm), c) number of foliar shoots and, d) survival. The genetic parameters were obtained through the Selegen REML/BLUP genetic statistical software. The heritability estimates of individual coefficients (0,05, 0,02 0,10 and 0,02) for height, diameter, number of leaf flushes and survival, respectively, values that are considered of low magnitude. The genetic gains with individual selection ranged from 8 to 14 cm tall for the character, from 0,49 to 0,78 mm in diameter, 4 to 8 for leaf number of launches. The predicted values can maximize the chances of genetic progress by selection. The results of genetic heritability associated with individual and average families, encourage the continuation of the breeding program of mastic in the marshland of Cuiabá in view the possibility of increased gene expression of genetic material in the sequence of field assessments.

Key-words: breeding, genetic parameters, selection gain

1. INTRODUÇÃO

A aroeira (*Myracrodruon urundeuva* Fr. All.) é uma espécie arbórea pertencente à família Anacardiaceae e sua madeira apresenta durabilidade secular decorrentes de características mecânicas e químicas (presença de alcoóis, fenóis, etc.). Sua excelente qualidade faz da espécie uma raridade em madeira, o que torna cada vez mais rápida sua devastação em todo país (RIBEIRO, 1989).

A espécie apresenta ampla distribuição geográfica, boa rebrota e sua propagação ocorre por sementes (CARVALHO, 1994). Entretanto, a despeito da ampla ocorrência dessa espécie no Brasil, a ação antrópica está provocando a eliminação de várias populações naturais. Estudos que comparam estrutura genética populacional de remanescentes florestais de diferentes tamanhos e graus de perturbação são fundamentais para o reconhecimento da perda genética real, fornecendo diretrizes para o uso racional dos recursos naturais, e para que estratégias de conservação sejam propostas, garantindo a sobrevivência desta espécie (MORAES, 1992; LACERDA et al., 1999).

Em 1992 essa espécie foi classificada pelo Instituto Brasileiro de Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis, como “vulnerável”, com probabilidade de passar para a categoria “em perigo de extinção” (IBAMA, 1992).

Atualmente consta na lista de espécies ameaçadas de extinção e merece atenção especial quanto ao desenvolvimento de técnicas de manejo sustentável, com retorno econômico e garantindo sua conservação. Está nítido que a sobrevivência dessa espécie depende tanto de medidas que coíbam a prática exploratória inadequada das populações naturais como também o maior conhecimento de sua genética populacional para a efetivação de ações conservacionistas e de

melhoramento genético. Assim, há necessidade de estudos que visem maior conhecimento a respeito da variabilidade genética da espécie, para que eficientes estratégias de conservação e melhoramento genético sejam implantadas.

Os testes de progênies, instrumentos dos mais importantes para o trabalho do melhorista, têm sido usados na estimação dos parâmetros genéticos de indivíduos, quando se busca avaliar os ganhos e selecionar os melhores genótipos (KRAS et al., 2007).

A utilização de métodos *ex situ* e *in situ* pode contribuir satisfatoriamente para a conservação genética das espécies, porém, essas técnicas estão longe de suprir todas as necessidades. Assim, a variabilidade genética de muitas espécies tem sido perdida por desmatamento, doenças ou pelo extrativismo indiscriminado, além de outras modificações mais lentas e sutis (AGUIAR et al., 2001).

Dessa forma, realizar testes de progênies para selecionar as melhores progênies e indivíduos poderá maximizar os ganhos genéticos com seleção para a aroeira. A realização da análise genética com seleção precoce e a continuidade das avaliações permitirão o melhor entendimento da variabilidade genética, uma vez que a geração dessas informações se constitui em uma relevante contribuição na elaboração de estratégias adequadas para o programa de melhoramento da espécie, suprimindo em parte a carência de informações sobre o assunto, na região de abrangência do Pantanal Matogrossense.

2. OBJETIVOS

Objetivo geral:

- Verificar a ocorrência de variabilidade genética em progênies de aroeira (*Myracrodruon urundeuva* Fr. All.) nativas do estado de Mato Grosso e realizar seleção precoce de progênies e indivíduos para estabelecimento do primeiro programa de melhoramento genético na baixada cuiabana.

Objetivos específicos:

- Avaliar a variabilidade genética dos caracteres altura, diâmetro do coleto e número de lançamentos foliares, no desenvolvimento inicial das progênies em viveiro (pré-melhoramento);

- Detectar a variabilidade genética das progênies estabelecidas no campo, com seleção precoce, quanto aos caracteres: altura total das plantas, diâmetro do coleto, número de lançamentos foliares e sobrevivência;

- Estimar parâmetros genéticos como suporte para melhor planejamento e condução do programa de melhoramento para a região, visando à transformação do teste de progênies em um futuro pomar de sementes por mudas;

- Selecionar as progênies quanto a sua propagação sexuada ou assexuada, para futuro estabelecimento de um pomar de sementes por mudas ou clonal;

- Estimar possíveis ganhos com a seleção com sobreposição de geração, verificando a superioridade das árvores matrizes em relação às suas progênies.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1. A AROEIRA *Myracrodruon urundeuva* (Fr. All.)

A espécie *Myracrodruon urundeuva* (Fr. All.) popularmente conhecida como aroeira, pertence à família Anacardiaceae. Suas árvores são caducifólias e o porte varia de acordo com a região onde são encontradas (ANDRADE et al., 2000). A espécie é dióica, alógama, anemocórica e a polinização é feita principalmente por insetos (CARVALHO, 1994).

A aroeira pode ser encontrada em diversos biomas do Brasil, com exceção da região amazônica e Estados mais ao Sul do país. Também há ocorrência de populações na Bolívia, Paraguai, Argentina e nas formações do Chaco (RIZZINI, 1971; LORENZI, 1992). Segundo Carvalho (1994) a planta é característica de solos secos e rochosos e ocorre em agrupamentos densos, tanto em formações abertas e secas, como em formações fechadas e úmidas.

As árvores possuem madeira de cor parda avermelhada, com sabor adstringente (ANDRADE et al., 2000). A exploração de sua madeira deve-se à excelente qualidade, marcada pela dureza e imputrescibilidade em contato com o solo (SANTIN e LEITÃO FILHO, 1991). Dessa forma, o seu uso ocorre em grande parte das construções rurais instaladas pelo país, bem como foi muito utilizada na rede de transmissão elétrica brasileira, antes do uso de postes de concreto. A utilização da espécie tem sido apontada por Andrade et al. (2000) para fabricação de antiinflamatórios, dessa forma ampliando o leque de alternativas de uso da mesma. A FAO (1986) descreve que a espécie foi muito explorada no passado para o uso na construção civil e na indústria moveleira. Devido as suas qualidades, a procura pela madeira levou à redução do tamanho das populações naturais e, em muitos casos, as dizimou totalmente.

A reprodução por cruzamentos, a ampla distribuição geográfica e a capacidade de adaptar-se a diversos ecossistemas evidenciam que a aroeira apresenta altos níveis de variabilidade genética (CARVALHO, 1994). Apesar de ser comumente encontrada em populações naturais e dominar áreas perturbadas, está em processo de erosão genética em seu habitat (FAO, 1986).

Em relação à variação genética da aroeira, Moraes (1992) ressalta que a maior parte encontra-se dentro das populações (97,26%) e apenas 2,74% entre populações. Assim, a variação genética dentro das populações de aroeira é muito importante e deve ser estudada, pois esse conhecimento fornece subsídios aos programas de melhoramento genético.

A redução no tamanho das populações pode ser revertida por práticas de reposição, quando for detectado que a população está em vias de extinção ou apresentar níveis altos de endogamia, parentesco e baixo tamanho efetivo populacional (SEBBENN e ETTORI, 2001). Em programas de melhoramento de espécies regionais, verifica-se a perda de variabilidade genética devido, principalmente, ao pouco interesse em conservar material que não apresente características desejáveis (PAIVA e VALOIS, 2001).

3.2. VARIAÇÃO BIOLÓGICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS

A variabilidade genética disponível é extremamente grande e tem possibilitado consideráveis avanços nos programas de melhoramento genético em andamento em todo o mundo. Estima-se que 300.000 espécies vegetais já foram descritas e que 3.000 foram utilizadas, de alguma forma, pelo homem. Destas, apenas cerca de 300 são empregadas na alimentação e não mais que 15 respondem por mais de 90% da dieta básica da população mundial, evidenciando o potencial de variabilidade a ser explorado. Deve-se considerar, ainda, a variabilidade

presente dentro de cada espécie que é, em última análise, aquela que interessa diretamente ao melhorista, em razão da especificidade de seu trabalho, na maioria dos casos (BUENO et al., 2006).

Bueno et al. (2006) afirmam que a caracterização da variação biológica é a base para o trabalho do geneticista ou melhorista de plantas. Para que se possam conhecer e compreender as bases hereditárias dos caracteres em plantas e animais, é necessário distinguir os dois componentes da variabilidade: o genético e o ambiental, e a proporção de seus efeitos. Métodos estatísticos apropriados são utilizados para isso, especialmente no estudo da variação dos caracteres quantitativos, relacionados a características de interesse agrônomo, florestal e econômico. O aprimoramento dos métodos genéticos estatísticos de análise tem contribuído significativamente no trabalho dos melhoristas.

O autor argumenta que a variação biológica total de um caráter é descrita estatisticamente pela variância fenotípica (V_F) que é subdividida em dois componentes: a variância genética (V_G) e a variância ambiental (V_A). Portanto, de uma maneira simplificada, tem-se: $V_F = V_G + V_A$. Embora interessem ao melhorista somente os efeitos genéticos, o que se observa é o efeito fenotípico; por isso é imprescindível tentar identificar as fontes de variação e avaliar os efeitos.

3.3. A FRAGMENTAÇÃO FLORESTAL E OS RECURSOS GENÉTICOS

Nos pequenos fragmentos florestais, as populações de árvores são constituídas por poucos indivíduos da mesma espécie (SCARIOT, 1999), com reduzidas taxas de retrocruzamento (BENITEZ-MALVIDO, 1998; SCARIOT, 1999), percentual considerável de endogamia e alta probabilidade de extinção das espécies no local. Estes pressupostos reduzem a variabilidade das populações, diminuindo as possibilidades de uso dos recursos genéticos (COSTA et al., 2000a), conduzindo a perdas

na qualidade de vida das comunidades do entorno e das perspectivas de uso sustentável dos remanescentes florestais.

Uma população local pode ser panmítica, significando que todos os seus membros se intrecruzam aleatoriamente, ou pode ser endogâmica, em função dos cruzamentos que ocorrem com seus parentes (COSTA et al., 2003).

Segundo Costa et al. (2003) a depressão endogâmica é o resultado do cruzamento entre indivíduos mais estreitamente relacionados do que se o cruzamento se fizesse ao acaso em uma unidade panmítica, ou seja, cruzamentos não aleatórios. Esta prática, envolvendo um número de gerações, origina o aparecimento de características recessivas. A endogamia em espécies nas quais predomina a polinização cruzada (alogamia), frequentemente produz depressão por consanguinidade ocasionando perda de vigor e fertilidade.

As estratégias de conservação e melhoramento genético devem ser repensadas para espécies que estão sofrendo decréscimo no número efetivo populacional (N_e). Para o melhoramento genético da seringueira (*Hevea brasiliensis*), Costa et al. (2000b) demonstraram que os ganhos genéticos com seleção são superestimados, com valores consideráveis quando não se leva em conta o sistema reprodutivo misto para a espécie.

3.4. CONSERVAÇÃO GENÉTICA

O crescimento populacional humano e a expansão da fronteira agrícola causaram, ao longo do tempo, uma redução nas populações naturais das espécies arbóreas, resultando em fragmentação florestal. A redução das populações naturais conduz a perda de genes adaptados a ambientes específicos de ocorrência das espécies arbóreas. Se a redução for contínua submete a perda por deriva genética, o que pode

causar a depressão por endogamia e, assim, reduzir a capacidade adaptativa, fertilidade, vigor, porte e produtividade (RITLAND, 1996).

Sendo assim a conservação genética de espécies arbóreas é fundamental para que as futuras gerações possam usufruir dos recursos fornecidos atualmente por essas espécies (FREITAS et al., 2007). A conservação genética pode ser feita de maneira *in situ*, quando o material genético é mantido no seu ambiente de origem, ou *ex situ*, quando é retirado e mantido fora do seu ambiente de origem (SANTOS, 2000).

Existem várias estratégias para conservação, sendo uma delas o teste de progênies. Segundo KAGEYAMA (1990) o uso de testes de progênies como estratégia de conservação genética *ex situ* é eficaz. Além disso, permite o contínuo potencial evolutivo das espécies e o resgate de material genético para o uso em futuros programas de melhoramento (ETTORI et al., 1999).

3.5. MELHORAMENTO GENÉTICO

O melhoramento de populações de plantas alógamas, como é o caso da aroeira, consiste no aumento da frequência de alelos favoráveis através de diferentes métodos de seleção com o objetivo de mudar a média da população e de se obter ganhos genéticos. A diferença entre as médias da população antes da seleção e após a seleção é chamada de diferencial de seleção. O ganho genético é definido como o produto entre o diferencial de seleção e a herdabilidade no sentido restrito (BUENO et al., 2006).

O uso de eficiente estratégia de melhoramento genético de espécies florestais depende, principalmente, da utilização de acurados métodos de seleção. Haja vista que, o método ideal de seleção depende dos seguintes fatores: herdabilidade do caráter desejado, número de famílias e indivíduos avaliados por experimento, heterogeneidade

ambiental na área do experimento, entre outros (RESENDE e BERTOLUCCI, 1995).

Para o melhoramento genético de uma espécie é necessário comparar os diferentes métodos e técnicas de seleção, tendo como base um conhecimento prévio da população a ser utilizada em termos de parâmetros genéticos e fenotípicos, como variâncias e herdabilidades (RESENDE et al., 1995).

É de fundamental importância conhecer o nível de variação genética e a distribuição, entre e dentro das populações de plantas, o que potencializa as escolhas das estratégias de melhoramento a serem adotadas, visando maximizar os ganhos genéticos através dos ciclos de seleção. Esse conhecimento também é importante para o manejo de populações naturais visando à conservação genética (DIAS e KAGEYMA, 1991) e utilização dessas áreas de conservação como fontes de sementes para programas de melhoramento genético.

Ao determinar o número adequado de indivíduos a ser selecionado deve-se levar em conta dois quesitos: a) a endogamia na geração de plantio, para composição da população de produção de sementes; b) a manutenção de um tamanho efetivo populacional adequado, para a composição da população de melhoramento. Visto que um programa de melhoramento genético deve ser bem definido, com atividades e resultados planejados para curto e longo prazo, objetivando a aquisição de material genético melhorado quanto à produtividade e qualidade da madeira para diferentes fins e resistência a pragas, doenças e condições ambientais adversas (RESENDE e BERTOLUCCI, 1995, ODA et al., 2007).

3.6. GENÉTICA QUANTITATIVA

Os caracteres quantitativos são a expressão de vários genes que condicionam a manifestação de um genótipo, através do fenótipo. Entretanto, possuem as mesmas propriedades gerais dos qualitativos e seguem as mesmas leis básicas da genética. Dessa forma, podem exibir os vários tipos de ação gênica conhecidos: ação aditiva (ausência de dominância), ação dominante e sobredominante (heterose) e epistática (interações não alélicas). Sendo comprovado que a maior ou menor predominância de uma ou outra na herança tem grande influência sobre o efeito da seleção no caráter em estudo (BUENO et al., 2006).

A expressão genética é resultado da soma dos efeitos genéticos aditivos de dominância e epistáticos, dos quais o parâmetro mais importante para o melhoramento genético é o que corresponde à variância genética aditiva, pois responde à seleção (VENCOVSKY, 1987).

A variância fenotípica é composta por variância genotípica, ambiental e genotípica-ambiental. A variância genotípica, por sua vez, pode ser decomposta em variância aditiva, de dominância e epistática (BUENO et al., 2006).

A variância genética aditiva é o componente mais importante, dentre os parâmetros genéticos, sendo a principal responsável pelo ganho genético obtido através de seleção. O conhecimento da variação total e a estimativa dos seus componentes possibilitam ao melhorista o conhecimento da estrutura genética do material em teste, a contribuição genética total para cada caráter, bem como o progresso da seleção por determinado método de melhoramento (FALCONER, 1981). A ação aditiva é a que proporciona melhor resposta a seleção, visto que a descendência é semelhante aos progenitores (genótipos) selecionados (PATERNIANI, 1966). Isso porque cada alelo contribui, individualmente, para o valor do fenótipo, sem dominância. Trata-se, pois, de efeito somatório dos alelos para produzir o efeito total. Enquanto na ação de

dominância, a aditividade ocorre apenas entre os efeitos dos alelos de genes distantes (BUENO et al., 2006).

A proporção da variabilidade referente à genética é chamada de herdabilidade, a qual pode ser no sentido amplo (a razão entre a variância genotípica e a fenotípica) e no sentido restrito (a razão entre a variância genética aditiva e a fenotípica). Essa última é mais útil e orienta o melhorista sobre a quantidade relativa da variância genética que pode ser utilizada no programa de melhoramento (BORÉM, 2009).

A herdabilidade do caráter preferencialmente deve ser alta, ou seja, a variação fenotípica deve expressar, em grande parte, o resultado da ação de genes, porém depende da idade do material genético em avaliação. Para progênies no pré-melhoramento e em idade precoce a campo, os genes podem não ter se expressado amplamente, gerando parâmetros e ganhos genéticos considerados baixos ou moderados, não devendo-se desconsiderar esses resultados, tendo em vista as correlações através dos anos incluindo a relação juvenil x adulta, que balizará a seleção precoce do programa de melhoramento estabelecido.

É válido ressaltar que a herdabilidade de um caráter não é uma medida fixa, podendo variar sob diferentes condições que podem envolver genótipo, idade, local e interação (genótipo x ambiente). De modo geral considera-se como alta uma herdabilidade igual ou maior do que 50% (BUENO et al., 2006), embora outros autores, como por exemplo, Garcia (1989), considerem alta herdabilidades acima de 30%.

O ganho genético a longo prazo depende, fundamentalmente, da variabilidade genética potencial, que é mantida por meio dos ciclos seletivos e é liberada através da recombinação, ao final de cada ciclo, e de uma alta herdabilidade do caráter (BERTI, 2010).

O maior interesse ao melhorista está na mudança média que a seleção provoca na população, essa mudança corresponde à diferença entre um valor fenotípico médio da descendência dos indivíduos

selecionados e a média da população antes da seleção, e constitui a resposta ou ganho que se pode obter (BUENO et al., 2006).

Ganhos genéticos de grande magnitude, a curto prazo, e manutenção de ampla variabilidade genética nos programas de melhoramento, podem ser obtidos separando-se as áreas produtoras de sementes, como os pomares de sementes, das populações selecionadas ou populações de melhoramento, formadas por centenas de árvores, que visam o melhoramento contínuo a longo prazo (SILVA, 2008).

Dados da literatura têm demonstrando a importância da acurácia para apontar o grau de confiabilidade dos resultados obtidos na avaliação genética (RESENDE et al., 1995; COSTA et al., 2000a). O termo acurácia refere-se à correlação entre o valor genético verdadeiro do indivíduo e o índice fenotípico utilizado para estimá-lo, dessa forma, cada método de seleção apresenta um estimador específico para a acurácia (RESENDE e HIGA, 1994, RESENDE et al., 1995).

3.7. TESTES DE PROGÊNIES

Para as avaliações genéticas de espécies perenes têm-se utilizado testes progênies que podem ser empregados tanto com o objetivo de conservação genética como de pré-melhoramento e melhoramento (VITTI et al., 1992).

Allard (1971) define o teste de progênies como avaliação do genótipo dos progenitores com base no fenótipo de seus descendentes. Sendo os testes de progênies uma das ferramentas mais úteis para o melhorista, podendo ser instalados a partir de sementes de polinizações livres (meio irmãos) ou polinização controlada (irmãos germanos). Seu uso é importante para a determinação do valor reprodutivo dos indivíduos selecionados, na estimativa de parâmetros genéticos, para a seleção de novos indivíduos superiores e como fonte de produção de sementes

através da sua transformação em pomar de sementes por mudas (KAGEYAMA e VENCOVSKY, 1983).

3.8. MELHORAMENTO DE PLANTAS ALÓGAMAS POR SELEÇÃO

As populações de plantas alógamas são constituídas por indivíduos genotipicamente diferentes entre si e que em geral apresentam alto nível de heterozigose. Uma planta diplóide heterozigota para n genes pode produzir $2n$ tipos de gametas, com diferentes combinações de alelos parentais. Assim, nessas populações ocorrem os mais variados tipos de genótipos (BUENO et al., 2006).

Uma população alógama é caracterizada pelo somatório dos seus genes em formas alélicas alternativas, ou conjunto gênico. Conforme Metter e Gregg (1973) citados por Canuto (2009), o conjunto gênico constitui toda a informação genética dos indivíduos que compõem a população. A combinação dos alelos dos diferentes genes é responsável pelo elevadíssimo número de genótipos que podem ocorrer na população.

As proporções dos diferentes alelos de um loco que ocorrem no conjunto gênico constituem as frequências alélicas (BUENO et al., 2006). O papel do melhorista é elevar a frequência de alelos favoráveis numa população com o objetivo de conseguir genótipos de melhor desempenho.

O melhoramento normalmente provoca um afinamento da base genética da população (BUENO et al., 2006). O que não chega a ser um fator limitante, pois a não fixação de alelos preserva alguma variabilidade, enquanto quebras de blocos gênicos e recombinações a ampliam. Dessa forma, uma população melhorada será constituída por vários genótipos e apresentará maior estabilidade fenotípica.

3.9. SOFTWARE SELEGEN REML/BLUP

O software Selegen REML/BLUP, adaptado da genética animal por Resende (2002b), foi desenvolvido como base para melhoramento genético florestal e tem potencialidades bastante amplas, pois permite trabalhar com vários sistemas reprodutivos e dezenas de métodos de seleção, além do delineamento de programas de melhoramento para a obtenção de máximos progressos genéticos imediatos, porém compatíveis com a manutenção de variabilidade genética suficiente para o melhoramento em longo prazo (MORAES et al., 2008) e, especialmente para dados desbalanceados.

A admissão de estratégias eficientes de melhoramento genético de espécies perenes depende, principalmente, do uso de acurados métodos de seleção, sendo muito importante um software que compare diferentes métodos de seleção em termos de acurácia, ganho genético, tamanho efetivo, variância de ganho genético, entre outros (RESENDE e OLIVEIRA, 1997).

4. METODOLOGIA

4.1. COLETA DE SEMENTES

A área de coleta constituiu de três fragmentos remanescentes de cerrado, com presença predominante de aroeira, localizados na fazenda experimental da Universidade Federal de Mato Grosso (UFMT), no município de Santo Antônio do Leverger, Mato Grosso, localizada na latitude 15° 51' 56" S e longitude 56° 04' 36" W, com altitude de 141 m. Segundo Dantas et al. (2009), o solo da área de coleta das sementes, caracteriza-se por apresentar sedimentos de textura arenosa ou areno-argilosa, tratando-se de áreas planas, com solos de moderada fertilidade natural.

O clima da região caracteriza-se, segundo a classificação climática de Köppen, como Aw (predominantemente do tipo tropical quente e sub-úmido), com temperatura média anual de 25°C e índice pluviométrico de 1560 mm.

Para coleta das sementes foi estabelecido à distância mínima de 50 m entre as matrizes, considerando-se a impossibilidade de se coletar indivíduos mais distantes entre si em função do tamanho do fragmento. As sementes foram coletadas de indivíduos fenotipicamente superiores aos demais, em relação ao tamanho da copa, altura e diâmetro.

Durante a coleta colocou-se lona na projeção da copa das árvores matrizes e utilizou-se corda e podão para facilitar a queda das sementes sobre a lona. A coleta aconteceu no mês de setembro de 2008 e o número de sementes coletadas foi em torno de 120 sementes por matriz, sendo armazenadas separadamente em sacos de papel, devidamente identificados com o número das árvores matrizes.

4.2. EXPERIMENTO EM VIVEIRO

As progênies foram estabelecidas no viveiro da Universidade Federal de Mato Grosso, localizado no município de Cuiabá - MT, na latitude 15 °35' 56" S e longitude 56° 06' 05" W, a 165 m de altitude, temperatura média anual de 26 °C, e índice pluviométrico de 1470 mm ao ano, sob delineamento de blocos ao acaso, com 30 tratamentos (progênies), seis repetições e seis plantas por parcela.

As sementes foram colocadas para germinar em tubetes (duas por recipiente) em outubro de 2008, sendo consideradas germinadas ao emitirem radícula e a avaliação do desenvolvimento das mudas ocorreu em fevereiro de 2009. As progênies foram avaliadas quanto aos caracteres: altura (cm), diâmetro (mm) e número de lançamentos foliares.

Na medição da altura utilizou-se régua graduada (cm) considerando-se desde a base do caule até as gemas apicais da planta. O diâmetro do coleto (mm) foi medido através do paquímetro digital.

A Figura 1, A e B é referente a disposição das progênies de aroeira durante a fase de viveiro.

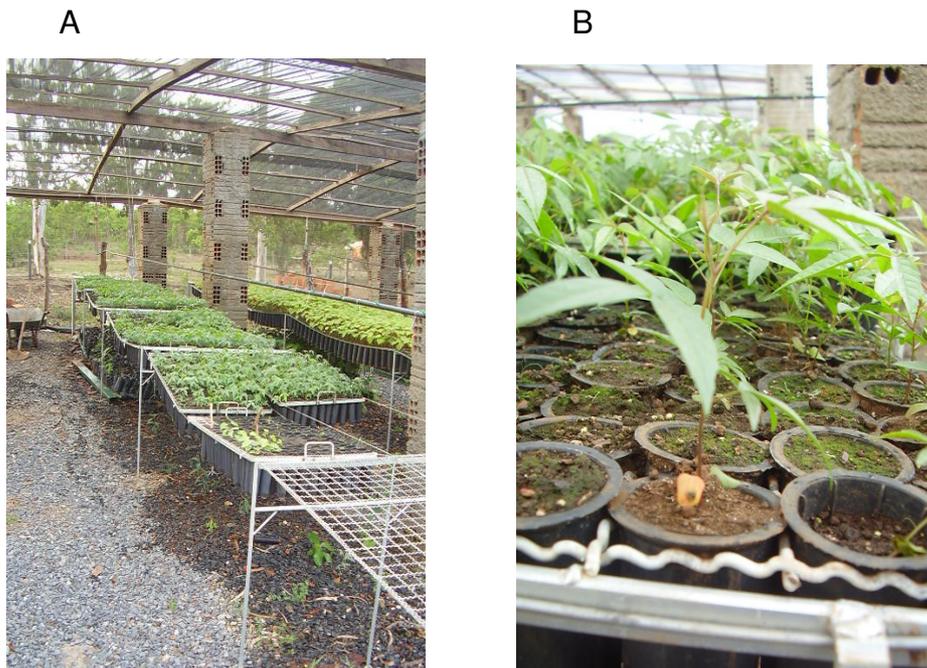


FIGURA 1. A e B. DISPOSIÇÃO DOS BLOCOS DE AROEIRA EM VIVEIRO, MUNICÍPIO DE CUIABÁ-MT, 2008.

4.3. EXPERIMENTO NO CAMPO

O teste de progênies foi estabelecido no município de Santo Antônio do Leverger – MT (Figura 3), localizado a 15° 47' 11" S e 56° 04' 17" W, a 179 m de altitude e temperatura média anual de 25,6 °C, na localidade denominada Morro Grande. Segundo a classificação de Köppen, o clima é do tipo Aw (subtipo savana), tropical quente e subúmido, característico da baixada cuiabana.

O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso, com 30 tratamentos (progênies), seis repetições (blocos) e seis plantas por parcela, com espaçamento de 3m x 2 m em linhas simples. Utilizou-se bordadura constituída de duas linhas com material genético da espécie.

Aos dois anos de idade (agosto de 2010), as progênies foram avaliadas quanto aos caracteres: altura total (cm), diâmetro a altura da base (mm), número de lançamentos foliares e sobrevivência. A avaliação

genética precoce foi realizada visando permitir a correlação dos parâmetros genéticos estimados com idades mais avançadas ao longo do programa de melhoramento.

Na Figura 2, pode ser visto o posicionamento do município de Santo Antônio do Leverger, local onde foi implantado o experimento a campo.

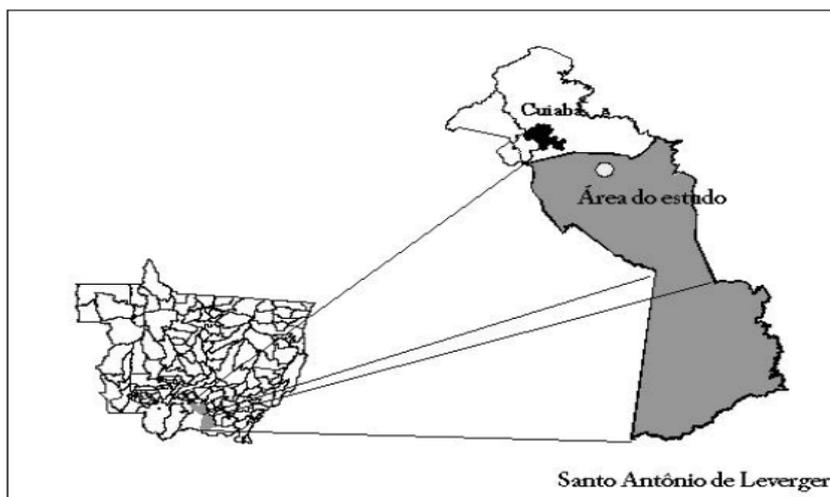


FIGURA 2. LOCALIZAÇÃO DO MUNICÍPIO DE SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER- MT, 2010.

A Figura 3, A e B ilustra a fase de implantação do experimento no campo.

A



B



FIGURA 3. DEMARCAÇÃO DA ÁREA (A) e PLANTIO A CAMPO (B), MUNICÍPIO DE SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER-MT, 2009.

O processo de monitoramento para seleção genética das progênes de aroeira se deu da seguinte forma: a altura foi medida através de fita métrica, contabilizando-se desde a base do caule até as gemas apicais da planta (Figura 4 A). O diâmetro do coleto foi medido com o uso de paquímetro digital, para assegurar a precisão necessária (Figura 4 B).



FIGURA 4. MEDIÇÃO DA ALTURA TOTAL DAS MUDAS (A) E DO DIÂMETRO DO COLETO (B), MUNICÍPIO DE SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER-MT, 2010.

4.4. MODELO ESTATÍSTICO APLICADO AO EXPERIMENTO E CÁLCULO DAS ESTIMATIVAS

As estimativas de parâmetros genéticos para a fase de viveiro e campo foram obtidas através do “software” genético-estatístico denominado Selegen – Reml/Blup, desenvolvido por Resende (2002b) para o melhoramento de plantas perenes. Expresso em termos matriciais o modelo estatístico é dado por $y = Xb + Za + Wc + e$, em que b é o vetor dos efeitos fixos de blocos, a é o vetor dos efeitos aleatórios genotípicos de matrizes, c é o vetor dos efeitos aleatórios de ambiente comum das parcelas sendo e vetor de erros aleatórios.

Os parâmetros genéticos utilizados foram obtidos por meio das seguintes expressões:

$$\hat{h}_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_{parc}^2 + \hat{\sigma}_e^2} \text{ (Herdabilidade individual no sentido restrito);}$$

$$\hat{c}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{parc}^2}{(\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_{parc}^2 + \hat{\sigma}_e^2)} \text{ (Correlação devida ao ambiente comum da parcela);}$$

$$\hat{h}_{mp}^2 = \frac{0,25 \hat{\sigma}_a^2}{0,25\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_{parc}^2 / b + \hat{\sigma}_e^2 / (nb)} \text{ (Herdabilidade média de progênie);}$$

$$\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_{parc}^2 + \hat{\sigma}_e^2 \text{ (Variância fenotípica individual);}$$

$$CV_{gi}(\%) = \sqrt{\frac{\hat{\sigma}_a^2}{\bar{X}}} \cdot 100 \text{ (Coeficiente de variação genética individual);}$$

$$CV_e(\%) = \frac{\sqrt{c^2 + \hat{\sigma}_{parc}^2 / n}}{\bar{X}} \cdot 100 \text{ (Coeficiente de variação ambiental dentro da parcela);}$$

$$\hat{r}_{gg} = \sqrt{\hat{h}_{mp}^2} \text{ (Acurácia seletiva)}$$

Em que:

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva;

$\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual dentro de parcelas (ambiental + não aditiva);

$\hat{\sigma}_{parc}^2$ = variância ambiental entre parcelas;

n = número de plantas por parcela;

b = número de blocos

\bar{X} = média

A adoção da metodologia Reml/Blup tem maximizado os ganhos genéticos com seleção (RESENDE, 2002b; COSTA et al., 2002; COSTA et al., 2005; MISSIO et al., 2005), por se tratar de um procedimento estimativo, especialmente para dados desbalanceados, predizendo valores genéticos dos indivíduos em testes de progênie.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. AVALIAÇÕES EM VIVEIRO

Os resultados referentes às estimativas dos parâmetros genéticos em progênies de aroeira para os caracteres altura, diâmetro e número de lançamentos foliares na fase de viveiro são apresentados na Tabela 1.

TABELA 1. ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE AROEIRA (*Myracrodruon urundeuva*). FASE DE VIVEIRO, MUNICÍPIO DE CUIABÁ, MT, 2009.

Estimativas	Altura (cm)	Diâmetro (mm)	Nº Lançamentos foliares
\hat{h}_a^2	0,207 ± 0,078	0,160 ± 0,069	0,156 ± 0,068
\hat{h}_{mp}^2	0,651	0,588	0,581
$\hat{\sigma}_a^2$	2,138	0,032	0,338
$\hat{\sigma}_{parc}^2$	0,108	0,002	0,022
$\hat{\sigma}_e^2$	8,102	0,163	1,805
$\hat{\sigma}_f^2$	10,351	0,197	2,166
Média geral	16,164	1,935	4,867
(CV _{gi} %)	9,053	9,191	11,946
(CV _e %)	8,132	9,417	12,424

Sendo: Herdabilidade individual no sentido restrito no bloco (\hat{h}_a^2), herdabilidade média de progênie (\hat{h}_{mp}^2), variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$), variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_{parc}^2$), variância residual dentro de parcela (ambiental + não aditiva, $\hat{\sigma}_e^2$), variância fenotípica individual ($\hat{\sigma}_f^2$), coeficiente de variação genética ($CV_{gi}\%$), coeficiente de variação ambiental dentro de parcelas ($CV_e\%$).

As herdabilidades individuais no sentido restrito para os caracteres estudados podem ser consideradas de moderadas magnitudes (0,20, 0,16 e 0,15) para altura, diâmetro e número de lançamentos foliares, respectivamente. Resultados mais expressivos foram obtidos para herdabilidade média de progênie, sendo 0,65, 0,58 e 0,58 para altura, diâmetro e número de lançamentos foliares, respectivamente, indicando que a seleção pode ser efetiva usando-se as informações tanto das famílias, quanto dos indivíduos. As informações de famílias obtidas são coerentes com os resultados observados na literatura relativa à erva-mate (SIMEÃO et al., 2002) e a outras espécies florestais (KAGEYAMA, 1980; STURION, 1993; CORNELLIUS, 1994; SAMPAIO, 1996).

Os coeficientes de variação genética individual ($CV_{gi}\%$), que expressam em percentagem a quantidade de variação genética existente, foram expressivos para os caracteres altura, diâmetro e número de lançamentos foliares, respectivamente (9,05%, 9,19% e 11,95%). Os resultados encontrados sugerem que, em futuras avaliações de campo, poderá haver maior expressão da variação genética para os caracteres estudados.

Os coeficientes de variação residual ($CV_e\%$) foram de 8,13% para altura, 9,42% para diâmetro e 12,42% para número de lançamentos foliares. Os valores para os respectivos caracteres são considerados baixos por Garcia (1989).

Na Tabela 2 são apresentados os valores fenotípicos, genéticos aditivos, ganhos genéticos preditos, nova média da população e

acurácia seletiva para os dez melhores indivíduos selecionados de aroeira (0,92% de seleção e 2,60 de intensidade de seleção) para o caráter altura.

TABELA 2. VALORES FENOTÍPICOS, GENÉTICOS ADITIVOS, GANHOS GENÉTICOS PREDITOS, NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO E ACURÁCIA SELETIVA PARA OS DEZ MELHORES INDIVÍDUOS DE AROEIRA (*Myracrodruon urundeuva*) PARA O CARÁTER ALTURA. FASE DE VIVEIRO, MUNICÍPIO DE CUIABÁ, MT, 2009.

Blocos	Progênie	Árvore	Valores fenotípicos (cm)	Valores genéticos aditivos $\hat{\mu} + \hat{a}$	Ganho genético preditos (%)	Nova Média (cm)
4	28	1	25,20	18,85	16,64	18,85
6	28	1	24,40	18,64	16,02	18,74
3	22	1	29,00	18,60	15,72	18,70
4	28	5	23,00	18,48	15,35	18,64
5	22	1	27,30	18,40	15,04	18,60
5	28	2	21,90	18,39	14,85	18,56
5	28	1	21,70	18,35	14,66	18,53
2	28	4	21,00	18,33	14,54	18,50
4	28	6	22,00	18,32	14,41	18,48
5	8	4	26,10	18,30	14,23	18,46
Acurácia Seletiva						0,81

Os ganhos genéticos estimados com a seleção dos dez melhores indivíduos, para o caráter altura, elevaram a nova média da população selecionada após um ciclo de seleção de 16,16 cm para, no mínimo, 18,46 cm, o equivalente a um aumento percentual em relação à média de 14,23%. Observa-se que os indivíduos das progênes 28, 22 e 8 apresentaram melhores desempenhos, mostrando-se promissores, em relação aos valores genéticos para o referido caráter.

Constata-se que dos dez indivíduos selecionados sete são da progênie 28, o que poderá gerar problemas de endogamia na população selecionada.

Na Tabela 3 são apresentados os valores fenotípicos, genéticos aditivos, ganhos genéticos preditos, nova média da população e acurácia seletiva dos dez melhores indivíduos selecionados de aroeira para o caráter diâmetro

TABELA 3. VALORES FENOTÍPICOS, GENÉTICOS ADITIVOS, GANHOS GENÉTICOS PREDITOS, NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO E ACURÁCIA SELETIVA PARA OS DEZ MELHORES INDIVÍDUOS DE AROEIRA (*Myracrodruon urundeuva*) PARA O CARÁTER DIÂMETRO. FASE DE VIVEIRO, MUNICÍPIO DE CUIABÁ, MT, 2009.

Blocos	Progênie	Árvore	Valores fenotípicos (mm)	Valores genéticos aditivos $\hat{\mu} + \hat{a}$	Ganho genético preditos (%)	Nova Média (mm)
5	28	1	3,30	2,23	15,16	2,23
1	29	5	3,90	2,22	14,97	2,22
3	28	4	3,50	2,21	14,61	2,22
2	13	4	3,20	2,20	14,35	2,21
5	28	2	3,46	2,19	14,17	2,21
5	8	1	3,30	2,19	14,09	2,21
3	7	2	3,70	2,18	13,89	2,20
3	18	2	3,50	2,18	13,73	2,20
6	19	3	3,80	2,16	13,47	2,19
2	13	1	2,90	2,16	13,26	2,19
Acurácia Seletiva						0,77

Os ganhos genéticos estimados com a seleção dos dez melhores indivíduos, para o caráter diâmetro, elevaram a nova média do melhor indivíduo selecionado após um ciclo de seleção de 1,93 mm para, no mínimo, 2,19 mm, o equivalente a um aumento percentual em relação a média de 13,26%.

De forma similar ao caráter altura, a progênie 28 se destacou acrescida das progênies 29 e 13 entre as dez melhores, que em idades

mais avançadas poderão confirmar o desempenho desses materiais para efeito de seleção, visando maximizar o ganho genético.

Na Tabela 4 são apresentados os valores fenotípicos, genéticos aditivos, ganhos genéticos preditos, nova média da população e acurácia seletiva para os dez melhores indivíduos de aroeira para o caráter número de lançamentos foliares.

TABELA 4. VALORES FENOTÍPICOS, GENÉTICOS ADITIVOS, GANHOS GENÉTICOS PREDITOS, NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO E ACURÁCIA SELETIVA PARA OS DEZ MELHORES INDIVÍDUOS PARA O CARÁTER NÚMERO DE LANÇAMENTOS FOLIARES EM PROGÊNIES DE AROEIRA (*Myracrodruon urundeuva*). FASE DE VIVEIRO, MUNICÍPIO DE CUIABÁ, MT, 2009.

Blocos	Progênie	Árvore	Valores fenotípicos	Valores genéticos aditivos $\hat{\mu} + \hat{\alpha}$	Ganho genético preditos (%)	Nova Média
1	12	2	12,00	5,80	19,18	5,80
6	5	1	9,00	5,69	17,99	5,74
6	19	1	9,00	5,64	17,27	5,70
5	19	4	9,00	5,63	16,88	5,69
3	6	5	10,00	5,59	16,45	5,67
3	4	4	8,00	5,58	16,16	5,65
5	4	2	8,00	5,58	15,93	5,64
5	4	6	8,00	5,58	15,75	5,63
1	5	1	8,00	5,57	15,60	5,63
4	2	6	8,00	5,57	15,50	5,62
Acurácia Seletiva						0,76

Constata-se que os ganhos genéticos estimados com a seleção individual para o caráter número de lançamentos foliares para os dez melhores indivíduos variaram de 15,50 a 19,18%, elevando a nova média da população, após um ciclo de seleção de 4,87 para no mínimo 5,62 o equivalente a um percentual expressivo na média de 15,35%.

Os valores de acurácia seletiva (0,81, 0,77 e 0,76) para altura, diâmetro e número de lançamentos foliares, respectivamente, são considerados elevados para as condições experimentais. Segundo Van Vleck et al. (1987), os valores preditos permitem indicar com mais segurança que o germoplasma em estudo maximizará as possibilidades de progresso genético com seleção. De maneira geral, os valores genéticos preditos não são iguais aos valores genéticos verdadeiros dos indivíduos. A proximidade entre estes dois valores pode ser avaliada com base na estatística denominada acurácia. A literatura prática pertinente ao assunto apresentada por Resende et al. (1995) tem demonstrado a importância da acurácia para apontar o grau de confiabilidade dos resultados obtidos na avaliação genética.

5.2. AVALIAÇÕES A CAMPO

Os resultados referentes às estimativas dos parâmetros genéticos para os caracteres altura, diâmetro, número de lançamentos foliares e sobrevivência das progênies na fase de campo são apresentados na Tabela 5.

TABELA 5. ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE AROEIRA (*Myracrodruon urundeuva*). FASE DE CAMPO, MUNICÍPIO DE SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER, MT, 2010.

Estimativas	Altura (cm)	Diâmetro (mm)	Nº lançamentos foliares	Sobrevivência
\hat{h}_a^2	0,054 ± 0,045	0,022 ± 0,029	0,099 ± 0,062	0,022 ± 0,026
\hat{h}_{mp}^2	0,190	0,088	0,303	0,125
$\hat{\sigma}_a^2$	56,427	0,600	7,416	0,004
$\hat{\sigma}_{parc}^2$	226,548	5,725	16,148	0,013
$\hat{\sigma}_e^2$	761,881	20,840	51,180	0,150
$\hat{\sigma}_f^2$	1044,857	27,166	74,745	0,167
Média geral	48,782	9,494	13,710	0,776
(CV _{gi} %)	15,398	8,160	19,864	7,860
Acprog	0,436	0,297	0,550	0,354

Sendo: Herdabilidade individual no sentido restrito no bloco (\hat{h}_a^2), herdabilidade média de progênie (\hat{h}_{mp}^2), variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$), variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_{parc}^2$), variância residual dentro de parcela (ambiental + não aditiva, $\hat{\sigma}_e^2$), variância fenotípica individual ($\hat{\sigma}_f^2$), coeficiente de variação genética (CV_{gi}%), Acurácia seletiva (Acprog).

As herdabilidades individuais no sentido restrito no bloco variaram de 0,02 para diâmetro e sobrevivência, até valores de 0,10 para

número de lançamentos foliares. Segundo Resende (2002a), valores de herdabilidades individuais menores que 0,15 são de baixa magnitude. Neste caso, as progênes podem não ter expressado o seu potencial genético, tendo em vista que a seleção foi precoce e ainda não teve início a competição lateral entre as árvores. Entretanto, esses valores são condizentes com os dados obtidos por Baleroni (2003), que encontrou valores de herdabilidades individuais de até 0,08 para a altura e 0,10 para o diâmetro. Porém, em futuras avaliações poderá haver maior expressão da variação genética, com perspectiva de aumento das herdabilidades individuais. A própria herdabilidade individual maior para o número de lançamentos foliares permite supor que, quando iniciar a competição lateral entre as árvores, as progênes e os indivíduos com mais folhas apresentarão melhor desenvolvimento, o que poderá aumentar a diferença no crescimento em altura e diâmetro das árvores, havendo maior amplitude dos dados e, conseqüentemente, chances de aumentar as herdabilidades.

As herdabilidades médias de progênes encontradas foram maiores que as herdabilidades individuais no sentido restrito, que são condizentes com os valores obtidos por Canuto (2009). Isso sugere que a seleção entre as 30 progênes pode ser efetiva e resultar em ganhos mais expressivos na seleção. Esses parâmetros variaram entre 0,09 para diâmetro a 0,30 para número de lançamentos foliares, sendo consideradas de baixas a moderadas magnitudes (CORNELLIUS, 1994), revelando certo controle genético nos caracteres estudados quanto à média de progênes. Os resultados das herdabilidades encontrados indicam que as possibilidades de ganhos genéticos são moderadas, pois o ganho depende da herdabilidade do caráter, da intensidade de seleção e, inversamente, do desvio fenotípico (DUDLEY e MOOLL, 1969).

A função mais importante da herdabilidade no estudo genético do caráter métrico é o seu papel preditivo expressando a confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genético, ou o grau de

correspondência entre o valor fenotípico e o valor genético (FALCONER, 1987; VENCOSKY e BARRIGA, 1992). É relevante enfatizar que o valor da herdabilidade poderá ser afetado se houver alteração em qualquer um dos componentes da variância.

Os coeficientes de variação genética individual ($CV_{gi}\%$), que expressam em percentagem da média geral a quantidade de variação genética existente entre indivíduos, variou de 7,86% para sobrevivência a 19,86% para o número de lançamentos foliares. Quanto maior a variação genética existente, maiores são as possibilidades de ganhos genéticos ao longo do programa de melhoramento. Os valores encontrados revelam que existe a possibilidade de uso do material para o melhoramento, mediante uso de métodos de seleção apropriados. Além disso, em avaliações com idades avançadas, poderá haver maior expressão de variação genética para os caracteres.

Na Tabela 6 são apresentados os valores fenotípicos, genéticos aditivos, ganhos genéticos preditos e nova média da população, dos dez melhores indivíduos de aroeira para o caráter altura, diâmetro, número de lançamentos foliares e sobrevivência.

TABELA 6. VALORES FENOTÍPICOS, GENÉTICOS PREDITOS, GANHO GENÉTICO E NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO SELECIONADA DOS DEZ MELHORES INDIVÍDUOS EM PROGÊNIES DE AROEIRA (*Myracrodruon urundeuva*). FASE DE CAMPO, MUNICÍPIO DE SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER, MT, 2010.

Bloco	Progênie	Árvore	Valores fenotípicos	Valores genéticos preditos ($\hat{\mu} + \hat{a}$)	Ganho genético preditos	Nova Média
Altura (cm)						
4	17	6	300,000	62,797	14,014	62,797
4	8	1	275,000	60,113	12,672	61,455
2	4	5	204,000	57,977	11,513	60,295
4	7	6	162,000	56,527	10,571	59,353
2	21	3	183,000	56,037	9,907	58,690
3	7	3	143,000	55,599	9,392	58,175
4	17	5	161,000	55,482	9,008	57,790
3	7	2	138,000	55,336	8,701	57,483
2	13	3	176,500	55,033	8,429	57,211
2	29	3	172,000	54,966	8,204	56,987
Diâmetro (mm)						
4	8	1	45,810	10,279	0,784	10,279
4	17	6	35,810	10,094	0,692	10,187
2	4	5	28,600	10,071	0,654	10,148
6	4	1	22,990	9,988	0,614	10,108
2	4	4	21,740	9,926	0,577	10,072
1	4	4	19,210	9,918	0,552	10,046
3	9	5	36,500	9,916	0,533	10,027
1	4	6	19,060	9,915	0,519	10,013
3	4	3	23,800	9,891	0,505	10,000
4	18	1	26,560	9,891	0,494	9,989
Número de Lançamentos Foliares						
4	8	1	96,000	21,679	7,969	21,679
4	17	6	62,000	18,865	6,562	20,272
2	4	5	53,000	17,964	5,793	19,503
4	7	6	52,000	17,612	5,320	19,030
4	2	5	52,000	16,995	4,913	18,623
3	7	3	43,000	16,799	4,609	18,319
4	17	5	39,000	16,610	4,365	18,075
3	19	3	42,000	16,523	4,171	17,881
3	9	5	52,000	16,359	4,002	17,712
3	13	5	40,000	16,350	3,866	17,576
Sobrevivência						
5	8	1	1,000	0,796	0,020	0,796
5	8	2	1,000	0,796	0,020	0,796
5	8	4	1,000	0,796	0,020	0,796
5	8	6	1,000	0,796	0,020	0,796
5	18	2	1,000	0,796	0,020	0,796
5	18	3	1,000	0,796	0,020	0,796
5	18	4	1,000	0,796	0,020	0,796
5	18	6	1,000	0,796	0,020	0,796
2	22	1	1,000	0,795	0,020	0,795
2	22	2	1,000	0,795	0,020	0,795

A seleção dos 10 melhores indivíduos para cada caráter avaliado, permitiu estimar ganhos mediante seleção e aumento expressivo da nova média da população de 28,19% para o número de lançamentos foliares. A altura teve estimativa de ganhos intermediários (16,81%) e o diâmetro teve a menor estimativa (5,21%). Neste sentido, apesar das baixas herdabilidades individuais, os ganhos estimados com seleção são consideráveis, em função da idade precoce da avaliação. Estas estimativas deverão ser confirmadas com o monitoramento em idades avançadas.

Na Tabela 7 são apresentados os valores genéticos preditos, ganho genético e nova média da população para altura e diâmetro das plantas por seleção com sobreposição de geração dos 20 melhores indivíduos de aroeira (1,85% de seleção e 2,42 de intensidade de seleção).

TABELA 7. VALORES GENÉTICOS PREDITOS, GANHO GENÉTICO E NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO SELECIONADA DOS 20 MELHORES INDIVÍDUOS DE PROGÊNIES DE AROEIRA (*Myracrodruon urundeuva*). FASE DE CAMPO, MUNICÍPIO DE SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER, MT, 2010.

Altura (cm)						Diâmetro das plantas (mm)					
Progênie	Bloco	Ind.	Valores genéticos preditos ($\hat{\mu} + \hat{a}$)	Ganho genético	Nova media	Progênie	Bloco	Ind.	Valores genéticos preditos ($\hat{\mu} + \hat{a}$)	Ganho genético	Nova média
17	4	6	62,796	14,014	62,796	8	4	1	10,278	0,784	10,278
8	4	1	60,112	12,672	61,454	17	4	6	10,094	0,692	10,186
4	2	5	57,976	11,512	60,295	4	2	5	10,070	0,653	10,148
7	4	6	56,526	10,570	59,353	4	6	1	9,988	0,613	10,108
7	0	0	56,044	9,908	58,691	4	0	0	9,945	0,581	10,075
21	2	3	56,036	9,466	58,249	4	2	4	9,925	0,556	10,050
7	3	3	55,598	9,087	57,870	4	1	4	9,918	0,537	10,031
17	4	5	55,481	8,789	57,571	9	3	5	9,915	0,522	10,017
7	3	2	55,335	8,540	57,323	4	1	6	9,914	0,511	10,005
13	2	3	55,032	8,311	57,094	4	3	3	9,891	0,499	9,994
17	0	0	55,022	8,123	56,906	18	4	1	9,890	0,490	9,984
29	2	3	54,965	7,961	56,744	7	3	3	9,887	0,482	9,976
20	2	3	54,856	7,816	56,599	7	4	6	9,863	0,473	9,968
4	1	4	54,708	7,681	56,464	13	3	5	9,853	0,465	9,959
7	2	1	54,548	7,553	56,336	7	3	4	9,848	0,458	9,952
7	3	5	54,283	7,425	56,208	8	6	3	9,844	0,451	9,945
3	4	5	54,245	7,310	56,092	7	2	1	9,844	0,445	9,939
2	5	1	54,177	7,203	55,986	7	0	0	9,832	0,439	9,933
2	4	5	54,117	7,105	55,887	11	2	1	9,831	0,434	9,928
4	3	3	54,077	7,014	55,797	17	0	0	9,831	0,429	9,923

A seleção com sobreposição de geração é realizada através de uma classificação simples por valores genéticos preditos das progênes e parentais, não levando em consideração se os materiais superiores a serem selecionados pertencem à geração atual ou anterior. Assim, os pomares formados através desse tipo de seleção são compostos de uma mistura de indivíduos selecionados no experimento com algum parental superior (Resende, 2002a).

Entre os 20 melhores indivíduos selecionados para composição do pomar de sementes com sobreposição de geração, alguns estão identificados pelo número 0 (zero) na coluna “indivíduos”, o que significa que os parentais (geração anterior) apresentaram melhor desempenho que os indivíduos da geração atual. Isso ocorreu, para o caráter altura, com dois indivíduos, relacionados com as progênes 7 e 17; para o caráter diâmetro, com três indivíduos, relacionados com as progênes 4, 7 e 17.

Na Tabela 8 são apresentados os valores genéticos preditos, ganho genético e nova média da população para número de lançamentos foliares e sobrevivência das plantas por seleção com sobreposição de geração dos 20 melhores indivíduos de aroeira.

TABELA 8. VALORES GENÉTICOS PREDITOS DA POPULAÇÃO SELECIONADA DOS 20 MELHORES INDIVÍDUOS DE PROGÊNIES DE AROEIRA (*Myracrodruon urundeuva*). FASE DE CAMPO, MUNICÍPIO DE SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER, MT, 2010.

Número de lançamentos foliares						Sobrevivência					
Progênie	Bloco	Ind.	Valores genéticos preditos ($\hat{\mu} + \hat{a}$)	Ganho genético (cm)	Nova média da população	Progênie	Bloco	Ind.	Valores genéticos preditos ($\hat{\mu} + \hat{a}$)	Ganho genético (mm)	Nova média da população
8	4	1	21,679	7,969	21,679	8	0	0	0,804	0,028	0,804
17	4	6	18,865	6,562	20,272	18	0	0	0,804	0,028	0,804
4	2	5	17,963	5,792	19,502	21	0	0	0,804	0,028	0,804
7	4	6	17,611	5,319	19,030	22	0	0	0,804	0,028	0,804
2	4	5	16,995	4,913	18,623	10	0	0	0,797	0,026	0,802
7	3	3	16,798	4,608	18,319	11	0	0	0,797	0,026	0,801
17	4	5	16,610	4,364	18,074	24	0	0	0,797	0,025	0,801
19	3	3	16,522	4,170	17,880	8	5	1	0,795	0,024	0,800
17	0	0	16,451	4,012	17,722	8	5	2	0,795	0,024	0,800
9	3	5	16,359	3,875	17,585	8	5	4	0,795	0,023	0,799
13	3	5	16,349	3,763	17,473	8	5	6	0,795	0,023	0,799
18	4	1	16,298	3,665	17,375	18	5	2	0,795	0,022	0,798
24	2	2	16,258	3,579	17,289	18	5	3	0,795	0,022	0,798
13	2	5	16,213	3,502	17,212	18	5	4	0,795	0,022	0,798
29	2	3	16,190	3,434	17,144	18	5	6	0,795	0,022	0,798
8	4	4	16,189	3,374	17,084	22	2	1	0,795	0,022	0,798
8	0	0	16,136	3,319	17,029	22	2	2	0,795	0,021	0,797
17	1	3	16,076	3,266	16,976	22	2	5	0,795	0,021	0,797
7	2	3	16,062	3,218	16,928	22	2	6	0,795	0,021	0,797
7	3	5	16,014	3,172	16,882	21	5	1	0,794	0,021	0,797

Para os caracteres número de lançamentos foliares, encontrou-se dois indivíduos, relacionados com as progênies 8 e 17 e para o caráter sobrevivência, os parentais 8, 10, 11, 18, 21, 22 e 24 se mostraram superiores à geração atual, também com dois indivíduos, relacionados com as progênies 24 e 21. Os resultados demonstram que, de maneira geral, os indivíduos da geração atual tendem a ser melhores do que aqueles provenientes da geração anterior, pois foram poucos os parentais superiores às suas progênies, o que era esperado. Isso indica existir nos

testes de progênies uma boa representatividade do potencial genético originado das matrizes.

Portanto, a seleção com base na sobreposição de geração tende a apresentar maior ganho genético, mantendo-se os parentais superiores aos indivíduos da geração atual na população de melhoramento. Estes resultados subsidiarão a seqüência das avaliações de campo ao longo do programa de melhoramento da aroeira.

Na Tabela 9 são apresentadas as predições de propagação sexuada e assexuada dos efeitos aditivos e genotípicos, valores genéticos aditivos preditos e genotípicos e ganho genético preditos dos dez melhores indivíduos para os caracteres altura e diâmetro.

TABELA 9. PREDIÇÕES DE PROPAGAÇÃO SEXUADA E ASSEXUADA DA POPULAÇÃO SELECIONADA DOS 10 MELHORES INDIVÍDUOS DE PROGÊNIES DE AROEIRA (*Myracrodruon urundeuva*). FASE DE CAMPO, MUNICÍPIO DE SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER, MT, 2010.

Propagação sexuada					Propagação assexuada				
Bloco	Genótipo	Indivíduo	Efeito aditivo (\hat{a})	valores genéticos Preditos ($\hat{\mu} + \hat{a}$)	Bloco	Genótipo	Indivíduo	Efeitos genotípicos (\hat{g})	Valores genotípicos ($\hat{\mu} + \hat{g}$)
Altura (cm)									
4	17	6	14,014	62,796	4	17	6	21,276	70,059
4	8	1	11,330	60,112	4	8	1	17,820	66,602
2	4	5	9,194	57,976	2	4	5	14,088	62,871
4	7	6	7,744	56,526	2	21	3	11,439	60,222
2	21	3	7,254	56,036	4	7	6	10,486	59,268
3	7	3	6,816	55,598	2	29	3	9,647	58,429
4	17	5	6,699	55,481	2	20	3	9,526	58,308
3	7	2	6,553	55,335	2	13	3	9,222	58,004
2	13	3	6,250	55,033	4	17	5	9,085	57,867
2	29	3	6,183	54,965	4	3	5	8,993	57,776
Diâmetro (mm)									
4	8	1	0,784	10,278	4	8	1	1,207	10,702
4	17	6	0,599	10,094	4	17	6	0,887	10,381
2	4	5	0,576	10,071	2	4	5	0,810	10,304
6	4	1	0,493	9,988	3	9	5	0,713	10,207
2	4	4	0,431	9,926	6	4	1	0,672	10,166
1	4	4	0,423	9,918	4	18	1	0,618	10,113
3	9	5	0,421	9,915	2	4	4	0,568	10,063
1	4	6	0,420	9,914	1	4	4	0,555	10,050
3	4	3	0,396	9,891	1	4	6	0,550	10,044
4	18	1	0,396	9,890	3	7	3	0,543	10,037

Na Tabela 10 são apresentadas as predições de propagação sexuada e assexuada dos efeitos aditivos e genotípicos, valores genéticos aditivos preditos e genotípicos e ganho genético preditos dos dez melhores indivíduos para os caracteres número de lançamentos foliares e sobrevivência.

TABELA10.PREDIÇÕES DE PROPAGAÇÃO SEXUADA E ASSEXUADA DA POPULAÇÃO SELECIONADA DOS 10 MELHORES INDIVÍDUOS DE PROGÊNIES DE AROEIRA (*Myracrodruon urundeuva*). FASE DE CAMPO, MUNICÍPIO DE SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER, MT, 2010.

Propagação sexuada					Propagação assexuada				
Bloco	Genótipo	Indivíduo	Efeito aditivo (\hat{a})	valores genéticos Preditos ($\hat{\mu} + \hat{a}$)	Bloco	Genótipo	Indivíduo	Efeitos genotípicos (\hat{g})	Valores genotípicos ($\hat{\mu} + \hat{g}$)
Número de Lançamentos Foliares									
4	8	1	7,969	21,679	4	8	1	12,473	26,183
4	17	6	5,155	18,865	4	17	6	7,678	21,388
2	4	5	4,253	17,963	2	4	5	6,421	20,131
4	7	6	3,901	17,611	4	7	6	5,772	19,482
4	2	5	3,285	16,995	4	2	5	5,161	18,871
3	7	3	3,088	16,798	3	9	5	4,630	18,340
4	17	5	2,900	16,610	3	7	3	4,417	18,127
3	19	3	2,812	16,522	3	19	3	4,202	17,912
3	9	5	2,649	16,359	2	24	2	4,187	17,897
3	13	5	2,639	16,350	4	18	1	4,088	17,798
Sobrevivência									
5	8	1	0,019	0,795	5	8	1	0,023	0,799
5	8	2	0,019	0,795	5	8	2	0,023	0,799
5	8	4	0,019	0,795	5	8	4	0,023	0,799
5	8	6	0,019	0,795	5	8	6	0,023	0,799
5	18	2	0,019	0,795	5	18	2	0,023	0,799
5	18	3	0,019	0,795	5	18	3	0,023	0,799
5	18	4	0,019	0,795	5	18	4	0,023	0,799
5	18	6	0,019	0,795	5	18	6	0,023	0,799
2	22	1	0,019	0,795	4	11	1	0,023	0,799
2	22	2	0,019	0,795	4	11	2	0,023	0,799

A seleção dos melhores indivíduos baseado na propagação assexuada ou sexuada está intimamente ligada aos objetivos do programa de melhoramento da espécie. Se o objetivo visa à transformação do teste de progênie em pomar de semente por mudas, o ideal será selecionar os indivíduos com base no efeito aditivo (\hat{a}). Por outro lado, se o objetivo é fornecer material para instalação de um pomar de semente clonal, então deve-se selecionar os indivíduos baseado no efeito genotípico (\hat{g}), visando maximizar o ganho genético com seleção

(CANUTO, 2009; COSTA et al., 2008). Os valores genéticos aditivos ($\hat{\mu} + \hat{a}$) e genotípicos ($\hat{\mu} + \hat{g}$) preditos dos dez melhores genótipos para a altura variaram de 54,96 a 62,79 e de 57,77 a 70,05, respectivamente. Para o diâmetro, tais valores variaram de 9,89 a 10,27 e de 10,03 a 10,70 e para o número de lançamentos foliares, os valores variaram de 16,35 a 21,67 e de 17,79 a 26,18, respectivamente. Simeão et al. (2002) enfatizam que os valores genéticos preditos em relação a todos os indivíduos candidatos, possibilitam estabelecer a melhor estratégia para o aumento da eficiência do melhoramento.

De maneira geral, os valores genotípicos encontrados foram maiores que os valores genéticos aditivos. Isso se deve ao fato de que, com reprodução assexuada, toda a variação genética (aditiva e dominante) é passada para os clones (clones são a mesma geração) a próxima geração, o que não ocorre com reprodução sexuada, em que apenas a variação genética aditiva é responsável pela semelhança entre parentes (FALCONER, 1981), ou seja, é a parte da variação fenotípica que efetivamente será passada para a próxima geração. Essa diferença é maior para o caráter altura, e menor para os caracteres número de lançamentos foliares e sobrevivência. Segundo Resende e Barbosa (2005) a estratégia de uso da propagação vegetativa maximiza a intensidade de seleção, capitaliza a heterozigose (e o efeito de dominância) e permite obter homogeneidade dos materiais genéticos.

A correspondência entre os melhores indivíduos para a propagação sexuada (ordenados por $\hat{\mu} + \hat{a}$) e assexuada (ordenados por $\hat{\mu} + \hat{g}$) não ocorreu de maneira homogênea e comum (Tabela 3). A correspondência entre sexuada e assexuada foi nove indivíduos para diâmetro, de oito indivíduos para altura e número de lançamentos foliares, porém, não na mesma ordem. Isso revela que as progênies não apresentam o mesmo desempenho quanto às duas formas de propagação, ou seja, se selecionadas com base nos valores genéticos

aditivos e genotípicos preditos não apresentariam o mesmo ganho se destinadas à formação de pomar de sementes por mudas ou clonal. Dados condizentes foram encontrados por Canuto (2009) para o caráter diâmetro em vários testes de progênies de aroeira e por Resende e Dias (2000) para o caráter número de frutos por planta, em progênies de cacau. Martins (1999) argumenta que a possibilidade de predição de ganhos a serem obtidos por estratégia adequada de melhoramento, constitui uma das mais importantes contribuições da genética quantitativa ao cultivo de plantas.

6. CONCLUSÕES

Em relação à fase de viveiro houve variabilidade genética e as herdabilidades individuais e de progênies obtidas, sugeriram o contínuo monitoramento das progênies no campo, com possibilidades de maximizar os ganhos com seleção na seqüência das avaliações do programa de melhoramento genético da espécie na baixada cuiabana.

Os coeficientes de variação genética individuais associados aos valores de acurácia seletiva encontrados reforçam a expressão da variação genética para os caracteres estudados na fase de viveiro.

Em relação à fase de campo, pode-se concluir que a variabilidade genética foi relativamente baixa, porém, a seleção dos 10 melhores indivíduos proporcionou ganhos consideráveis com a seleção precoce.

Os valores genéticos preditos com propagação sexuada e assexuada indicam maiores possibilidades de ganhos em crescimento com a implantação de plantios clonais.

A sobreposição de geração demonstrou que, em geral, os indivíduos da geração atual tendem a ser melhores do que aqueles provenientes da geração anterior. Contudo, deve-se considerar o genitor que apresente potencial acima dos demais para a composição do pomar.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGUIAR, A. V.; BORTOLOZO, F. R.; MORAES, M. L. T.; SÁ, M. E. Determinação de parâmetros genéticos em população de Gonçalves-Alves (*Astronium fraxinifolium*) através das características fisiológicas da semente. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 60, p. 89-97, 2001.

ALLARD, R. W. (Ed). **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Blücher, 1971. 381 p.

ANDRADE, M. W.; LUZ, J. M. Q.; LACERDA, A. S.; MELO, P. R. A. Micropropagação da aroeira (*Myracrodruon urundeuva* Fr. All). **Ciência Agrotécnica**, Lavras, v. 24, n.1, p. 174-180, 2000.

BALERONI, C. R. S. **Comportamento de populações de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All procedentes de áreas com perturbação antrópica**. 2003. 123 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia)-Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira-SP.

BENITEZ-MALVIDO, J. Impact of Forest fragmentation on seedling abundance in a tropical rain Forest. **Conservation Biology**, Cambridge, v. 12, n. 2, p. 380-389, 1998.

BERTI, C. L. F. **Variação genética, herdabilidades e ganhos na seleção para caracteres de crescimento e forma, em teste de progênies de polinização aberta de *Eucalyptus cloeziana*, aos 24 anos de idade em Luiz Antônio-SP**. 2010. 69 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia), Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira-SP.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 5. ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2009. 529 p.

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

CARVALHO, P. E. R. Espécies florestais brasileiras: recomendações silviculturais, potencialidade e uso da madeira. Colombo: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – **Centro Nacional de Pesquisas Florestais**, Brasília, 1994. 640 p.

CANUTO, D. S. O. **Diversidade Genética em Populações de *Myracrodruon urundeuva* (F. F. e M. F. Allemão) utilizando caracteres**

quantitativos. 2009. 112 f. Tese (Doutorado em Agronomia). Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira-SP.

CORNELLIUS, J. Heretabilities and additive genetic coefficients of variation in forest trees. **Canadian Journal of Forestry Research**, Ontario, v. 24, p. 371-379, 1994.

COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; ARAUJO, A. J.; GONÇALVES, P. S.; SILVA, M. A. Maximization of genetic gain in rubber tree (*Hevea*) breeding with effective size restriction. **Genetics and Molecular Biology**, v. 23, n. 2, p. 457-462, Ribeirão Preto, 2000a.

COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; CONTINI, A. Z.; REGO, F. L. H. ; ROA, R. A. R. ; MARTINS, W. J. Avaliação Genética de Indivíduos de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.) na Região de Caarapó, MS, pelo procedimento REML/BLUP. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 15, n. 4, p. 371-376, 2005.

COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; GONÇALVES, P. S.; ARRUDA, E. J.; OLIVEIRA, L. C. S.; BORTOLETTO, N. Prediction of genotypic values for yield in rubber tree-clone test trials using REML/BLUP Procedure. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v.2, n.4, p. 575-582, 2002.

COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; GONÇALVES, P. S.; CHICHORRO, J. F.; ROA, R. A. R. Variabilidade genética e seleção para caracteres de crescimento da seringueira. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 2, p. 299-305, 2008.

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

COSTA, R. B.; SCARIOT, A. Fragmentação Florestal e os Recursos Genéticos In: COSTA, R. B (Org.). **Fragmentação Florestal e Alternativas de Desenvolvimento Rural na Região Centro-Oeste**. Campo Grande: UCDB, 2003. p. 53-74.

DANTAS, M. E.; SHINZATO, E.; SCISLEWSKI, G.; THOMÉ FILHO, J. J.; ROCHA, G. A.; CASTRO JUNIOR, P. R. de. SALOMÃO, F. X. T. Diagnóstico Geoambiental da Região de Cuiabá / Várzea Grande e entorno (MT). **Arquivos do Ministério de Minas e Energia**. Serviço Geológico do Brasil. Disponível em:<http://www.cprm.gov.br/publique/media/SIG_CBG_resumo_exp.pdf>. Acesso em: 30 abr. 2009.

DIAS, L. A. S. D.; KAGEYAMA, P. Y. Variação genética em espécies arbóreas e conseqüências para o melhoramento florestal. **Agrotropica**, Itabuna. v. 3, n. 3, p. 119-127, 1991.

DUDLEY, J. W.; MOLL, R. H. Interpretation and use of estimation of heritability and genetic variance in plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 2, n. 3, p. 257-262, 1969.

ETTORI, F. C.; SIQUEIRA, A. C. M. F.; ZANATTO, A. C. S.; BOAS, O. V.; Variabilidade genética em duas populações de *Cordia trichotoma*. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 11, n. 2, p. 179-187, 1999.

FALCONER, D. S. **Introdução a genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 279p, 1981.

FALCONER, D. S. **Introdução a genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987.

FAO. **Databook on endangered tree and shrub species and provenances**. Roma, 1986. 524 p.

FREITAS, M. L. M.; AUKAR, A. P. A.; SEBBENN, A. M.; MORAES, M. L. T.; LEMOS, E. G. M. Variação genética em progênies de *Myracrodruon urundeuva* F. F. & M. F. Allemão em três sistemas de cultivo. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 30, n. 3, p. 319-329, 2007.

GARCIA, C. H. **Tabela para classificação do coeficiente de variação**. Piracicaba: Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais - (Circular Técnica, 171) IPEF, 10p, 1989.

INSTITUTO BRASILEIRO DO MEIO AMBIENTE E DOS RECURSOS NATURAIS RENOVÁVEIS – IBAMA. Lista oficial de espécies da flora brasileira ameaçadas de extinção. **Diário Oficial**, Brasília, 23 de jan. de 1992. p. 169-173.

KAGEYAMA, P. Y. Genetic structure of tropical tree species of Brazil. In: BAWA, K. S.; HADLEY, M. (Eds.). **Reproductive ecology of tropical forest plants**. Paris: UNESCO, 1990.

KAGEYAMA, P. Y. **Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden**. 1980. 125 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) Escola Superior de Agricultura Luis de Queiroz, Piracicaba-SP.

KAGEYAMA, P. Y.; VENCovsky, R. **Varição genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (HILL) MAIDEN.** IPEF, Piracicaba, n. 24, p. 9-26. 1983.

KRAS, S. M. et al. Vigor Juvenil em Progênies de Erva-Mate (*Ilex paraguariensis* A. St.-Hil.) Nativas do estado de Mato Grosso do Sul. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 17, n. 1, p. 33-41, 2007.

LACERDA, C. M. B.; KAGEYAMA, P. Y.; FERRAZ, E. M. Diversidade isoenzimática em *Myracrodruon urundeuva* em duas situações antrópicas no semi-árido. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 55, p. 89-95, 1999.

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

MARTINS, I. S. **Comparação entre métodos uni e multivariados aplicados na seleção em *Eucalyptus grandis*.** 1999. 94 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento), Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG.

MISSIO, R. F.; SILVA, A. M.; DIAS, L. A. S.; MORAES, M. L. T.; RESENDE, M. D. V. Estimates of genetic parameters and prediction of additive genetic values in *Pinus kesyra* progenies. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 5, p. 394-401, 2005.

MORAES, M. L. T.; MORI, E. S.; SILVA, A. M.; CANUTO, D. S. O.; SILVA, J. M.; GOMES, J. E.; AULES, D. S. Demonstração da utilização do software Selegen – “seleção genética computadorizada” para o melhoramento de espécies perenes. **Revista Científica Eletrônica de Engenharia Florestal**, Garça, n. 12. 2008.

MORAES, M. L. T. **Variabilidade genética por isoenzimas e caracteres quantitativos em duas populações naturais de aroeira *Myracrodruon urundeuva* F. F. & M. F. Allemão – Anarcadiaceae (Syn: *Astronium urundeuva* (Fr. Allemão) Engler).** 1992. 139 f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba-SP.

ODA, S.; MELLO, E. J.; SILVA, J. F.; SOUZA, I. C. G. Melhoramento Florestal. In: BORÉM, A. **Biociologia Florestal.** Viçosa: Editora UFV, p.123-142. 2007.

PAIVA, J. R.; VALOIS, A. C. C. Espécies selvagens e sua utilização no melhoramento. In: NASS, L. et al. (Eds.) **Recursos genéticos e melhoramento - plantas.** Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 79-99.

PATERNIANI, E. Heterosis in internacional crosses of corn (*Zea mays* L.) **Crop Science**, Madison, v. 3, n. 6, p. 504-507, Nov./Dec.1966.

RESENDE, M. D. V.; ARAUJO, A. J., SAMPAIO, P. T. B.; WIECHETECK, A. S. Acurácia seletiva, intervalos de confiança e variância de ganhos genéticos associados a 22 métodos de seleção em *Pinus caribaea* var. hondurensis. **Revista Floresta**, Curitiba, v. 24, n. 1/2, p. 35-45, 1995.

RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada. Colombo: Embrapa Floresta, 2005. 975p.

RESENDE, M. D. V.; BERTOLUCCI, F. L. G. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*, 1995, Hobart **Proceedings...** Hobart: CRCTHF-IUFRO CONFERENCE, 1995, p. 167-170.

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

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

RESENDE, M. D. V., HIGA, A. R. Maximização da eficiência da seleção em testes de progênies de *Eucalyptus* através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 28/29, p. 37-55, 1994.

RESENDE, M. D. V.; OLIVEIRA, E. B. Sistema "SELEGEN" – Seleção Genética Computadorizada para o Melhoramento de Espécies Perenes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 9, p. 931-939, set. 1997.

RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEN - REML/BLUP**, Colombo: EMBRAPA, 2002b.

RIBEIRO, J. H. Aroeira: durável além de uma vida. **Globo Rural**, Rio de Janeiro, v. 5, p. 85-90, 1989.

RITLAND, K. Inferring the genetic basis of inbreeding depression in plants. **Genome**, Ottawa, v.39, p.1-8, 1996.

RIZZINI, C. T. **Árvores e madeiras úteis do Brasil**: manual de dendrologia brasileira. São Paulo: Edgard Blücher, 1971. 294 p.

SANTIN, D. A.; LEITÃO FILHO, H. F. Restabelecimento e revisão taxonômica do gênero *Myracrodruon* Freire Allemão (Anacardiaceae). **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v. 14, p. 133-145, 1991.

SANTOS, I. R. I. Criopreservação: potencial e perspectivas para a conservação de germoplasma vegetal. **Revista Brasileira de Fisiologia Vegetal**, Campinas, v. 12, p. 70-84, 2000.

SAMPAIO, P. T. B. **Variação genética entre procedências e progênies de *Pinus oocarpa* Schiede, *Pinus caribaea* var. *hondurensis* Barr. & Golf. e *Pinus maximinoi*, H. E. Moore e métodos de seleção para melhoramento genético**. 1996. 169 f. Tese (Doutorado em Ciências Florestais)- Universidade Federal do Paraná, Curitiba-PR.

SCARIOT, A. Forest fragmentation effects on palm diversity in central Amazônia. **Journal of Ecology**, v. 87, p. 66-76, 1999.

SEBBENN, A. M.; ETTORI, L. C. Conservação genética *ex situ* de *Esenbeckia leiocarpa*, *Myracrodruon urundeuva* e *Peltophorum dubium* em teste de progênies misto. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 13, n. 22, p. 201-211, 2001.

SIMEÃO, R. M.; STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V. Avaliação Genética em erva-mate pelo procedimento BLUP individual multivariado sob interação genótipo x ambiente. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 11, p. 1589-1596, nov. 2002.

SILVA, L. D. **Melhoramento genético de *Eucalyptus berthamii* MAIDEN et Cambage visando a produção de madeira serrada em áreas de ocorrência de geadas severas**. 2008. 253 f. Tese (Doutorado em Engenharia Florestal) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba-PR.

STURION, J. A. **Variação genética de características de crescimento e de qualidade da madeira em progênies de *Eucalyptus viminalis***. 1993. 112 f. Tese (Doutorado em Ciências Florestais)- Universidade Federal do Paraná, Curitiba-PR.

VAN VLECK, L. D., POLLAK, E. J., OLTENACU, E. A. B. **Genetics for the animal sciences**. New York: W.H. Freeman and Company, 391 p, 1987.

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

VENCOVSKY, R. **Tamanho efetivo populacional na coleta e preservação de germoplasma de espécies alógamas**. IPEF, Pv. 35, p. 79-84, 1987.

VITTI, A. P.; KAGEYAMA, P. Y.; COSTA, L. G. S.; BILLA, A. D.; SEGUESSE, F.; SILVA, F. F. Estrutura Genética em populações de *Cecropia cinerea* e *Esenbeckia leiocarpa* plantadas segundo a sucessão secundária. In: Congresso Nacional sobre essências nativas. 4. 1992, São Paulo. **Resumos Técnicos**...São Paulo: Instituto Florestal, 1992. p. 1209-1212.