

# PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE POLINIZAÇÃO ABERTA DE *Cordia trichotoma* (Vell.) ex Steud.\*

Miguel Luiz Menezes FREITAS\*\*  
Alexandre Magno SEBBENN\*\*  
Eurípedes MORAIS\*\*  
Antonio Carlos Scatena ZANATTO\*\*  
Cecília Khusala VERARDI\*\*\*  
Alessandra Nicolau PINHEIRO\*\*

## RESUMO

O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos para caracteres de crescimento e forma, em um teste de 22 progênies de polinização aberta de *Cordia trichotoma*, procedentes de Bauru-SP, aos 19 anos de idade, implantado em Luiz Antonio-SP. A análise de variância detectou diferenças significativas entre progênies para o caráter DAP, forma e volume. As diferenças entre a maior e a menor média de crescimento em DAP, altura, forma, volume real e sobrevivência entre progênies foram, respectivamente, de 87,3%; 42,4%; 77,6%; 156,6% e 61,2%. O coeficiente de variação genética para DAP e volume foi alto (> 10%). Os valores dos coeficientes de herdabilidade, em nível de plantas individuais ( $h_i^2$ ) e dentro de progênies ( $h_d^2$ ), foram baixos (< 0,2) para os caracteres altura e forma, mas expressivos (variando de 0,29 a 0,65) para DAP e volume, indicando a possibilidade de se obterem progressos genéticos com a seleção massal no experimento e dentro de progênies. A estimativa do coeficiente de herdabilidade, em nível de média de progênies ( $h_m^2$ ), foi baixa para altura (0,12) e alta para os demais caracteres, variando de 0,46 (forma) a 0,77 (DAP), indicando a possibilidade de se capitalizarem ganhos consideráveis com a seleção das melhores progênies. Os ganhos esperados com a seleção, dentro de progênies, para DAP, altura, forma do fuste e volume foram, respectivamente, 17,43%; 1,02%; 2,66% e 17,72%. Esses ganhos são preditos para plantios de *C. trichotoma*, aos 19 anos de idade, em ambientes com características similares aos de Luiz Antonio-SP.

Palavras-chave: conservação genética; espécies nativas; louro-pardo; genética quantitativa.

## ABSTRACT

The aim of this work was to estimate the genetic parameters for grown and stem form traits in 22 open-pollinated families of *Cordia trichotoma*, originated from Bauru, São Paulo State, Brazil, 19 years old, implanted in Luiz Antonio, São Paulo State, Brazil. The variance analysis detected significant difference among families to DBH, stem form and volume. The difference between the highest and the lowest average values of families grown from DBH, height, form, volume and survival rate was 87.3%, 42.4%, 77.6%, 156.6%, and 61.2%, respectively. The coefficient of genetic variance for DBH and volume was high (> 10%). The values of individual narrow sense ( $h_i^2$ ) and within families ( $h_d^2$ ) heritability coefficients were low (< 0.2) for height and stem form traits, but these values were high for DBH and volume traits (varying from 0.29 to 0.65), indicating possibilities to obtain genetic gains on selection at traits and between families. The estimates of mean heritability ( $h_m^2$ ) were low for plant height (0.12), but high for the other traits, varying from 0.46 (form) to 0.77 (DBH) and indicating the possibility to obtain considerable gains on selection of the best families. The expected genetic gains with selection within families to DBH, height, stem form and volume were 17.43%, 1.02%, 2.66%, and 18.72%, respectively. The expected were predicted for *Cordia trichotoma* plantations 19 years old, growing under similar environmental conditions to the Luiz Antonio, SP.

Key words: genetic conservation; native species; louro-pardo; quantitative genetic.

(\*) Aceito para a publicação em setembro de 2006.

(\*\*) Instituto Florestal, Caixa Postal 1322, 01059-970, São Paulo, SP, Brasil.

(\*\*\*) UNESP-FCAV, Av. Brasil, 56, 13850-000, Ilha Solteira, SP, Brasil.

## 1 INTRODUÇÃO

O uso indiscriminado de espécies arbóreas nativas vem ocorrendo desde o período Colonial, quando algumas empresas têxteis utilizavam madeira nobre para gerar energia em seus fornos. Infelizmente, nos dias de hoje, essa prática continua sendo empregada, porém, o Instituto Florestal de São Paulo, cumprindo seu papel de Instituto de Pesquisa, desenvolve, desde 1982, um programa de conservação *ex situ* de espécies arbóreas nativas, com o intuito de preservar os recursos genéticos de tais espécies para uso futuro em programas de melhoramento florestal e produção de sementes para a recuperação de áreas alteradas e degradadas.

Um exemplo de espécie inserida nesse programa é *Cordia trichotoma* (Vell.) Arrab. ex Steud., pertencente à família Boraginaceae, também conhecida popularmente como louro-pardo. A espécie é de ampla ocorrência no Brasil, sendo encontrada desde o Estado do Ceará até o Rio Grande do Sul, em formações de Floresta Pluvial Atlântica, Semidecídua e no Cerrado. Sua madeira é empregada em movelaria, em barcações, tonéis, caixilhos, etc. A árvore é amplamente empregada em paisagismo e em reflorestamentos heterogêneos destinados à recomposição de áreas degradadas (Lorenzi, 1992). Muitos locais de ocorrência natural da espécie foram convertidos em áreas de agricultura, silvicultura de espécies exóticas, áreas urbanas, etc., sendo que atualmente restam apenas pequenas populações ou árvores isoladas em pequenos fragmentos ou campos e pastagens.

*C. trichotoma* é uma espécie extremamente variável, sobretudo na densidade do indumento das folhas, havendo formas quase glabras e formas pilosas, estas com tonalidade fulva. As flores são polígamas, masculinas e hermafroditas, brancas no início e depois pardas, permanecendo presas na planta, perfumadas, com até dois centímetros de comprimento, em panículas terminais multiflorais, com até vinte centímetros de comprimento. O fruto é do tipo aquênio, com perianto marcescente, adnato ao cálice, de oito a treze centímetros de comprimento por três a quatro centímetros de largura. Floresce nos meses de fevereiro a abril, aparecendo as abundantes flores brancas reunidas em grandes e densas inflorescências. A maturação dos frutos verifica-se de maio a julho (Carvalho, 1994; Pedrosa & Mattos, 1987; Reitz *et al.*, 1983).

Na descrição morfológica de Reitz *et al.* (1983), *C. trichotoma* é uma árvore decidual de 25 até 35 metros de altura e de até 100 centímetros de diâmetro à altura do peito. O tronco é caracterizado como sendo geralmente bastante reto e cilíndrico; comprimento do fuste de 10 a 15 metros, casca cinza-clara com sulcos longitudinais, lembrando os do cedro, porém mais delicados e mais numerosos. De acordo com Carvalho (1994), a dispersão das sementes é anemocórica e as sementes, envolvidas pelo cálice persistente, voam longe graças à coroa marcescente, dando-lhe aspecto característico. Segundo o autor, trata-se de uma espécie heliófita, porém, quando jovem, suporta meia sombra.

O conhecimento da variabilidade genética existente em uma população é a base para o melhoramento (Sebbenn *et al.*, 1994) e, por isso, é fundamental a estimativa de parâmetros genéticos que descrevam os níveis de variação genética entre progênies, a magnitude do controle genético dos caracteres e os ganhos esperados com a seleção. Destaca-se, entre os parâmetros genéticos quantitativos, o coeficiente de herdabilidade, que expressa a herança genética presente na variação fenotípica. Esse coeficiente, segundo Falconer (1972), Zobel & Talbert (1984) e Vencovsky & Barriga (1992), é um parâmetro próprio de uma população em um determinado ambiente, não sendo propriedade de um caráter de uma espécie, podendo, dessa forma, variar em diferentes idades e ambientes. A utilização dessa estimativa em idades precoces serve apenas como indicativa de comportamento, sendo ideal a sua estimativa em idades de uso (Sebbenn *et al.*, 1998).

Contudo, considerando a grande diversidade de espécies arbóreas nativas existentes no Brasil, muito pouco se conhece sobre o comportamento desses parâmetros em tais espécies. Assim, objetivou-se neste estudo avaliar a quantidade e os padrões de variação genética, o controle genético e os possíveis ganhos esperados com a seleção dentro de progênies para caracteres de crescimento e forma, em um teste de progênies de *C. trichotoma*, implantado em Luiz Antonio, Estado de São Paulo, para fins de conservação genética, produção de sementes para revegetação ou restauração e melhoramento genético.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1 Amostragem e Delineamento Experimental

Sementes de polinização aberta foram coletadas, em 1985, de 22 árvores, espaçadas por pelo menos 100 metros entre si, em uma população natural de *Cordia trichotoma*, em Bauru-SP, localizadas pelas coordenadas aproximadas de 22° 23' S e 48° 50' W. Na coleta das sementes a identidade das progênies foi preservada. As sementes foram germinadas em substrato, embalados em sacos de polietileno e, em 1986, as mudas foram transplantadas para o campo.

O teste de progênies foi instalado na Estação Experimental de Luiz Antonio-SP, do Instituto Florestal de São Paulo, localizada pelas coordenadas 21° 40' S, 47° 49' W, a uma altitude de 550 m. O clima local é tropical (Cwa, segundo a classificação de Köppen), com temperatura média anual do mês mais quente de 22,7° C e do mês mais frio de 17,2° C, inverno seco e precipitação média anual de 1.280 mm. O relevo local é plano, com declividade em torno de 5% e solo do tipo Latossolo Roxo. Adotou-se o delineamento em blocos casualizados, com 22 progênies, seis repetições e cinco plantas por parcela. O espaçamento utilizado foi 3,0 x 3,0 metros e adotou-se uma bordadura externa de duas linhas.

O ensaio foi mensurado aos 19 anos de idade para o diâmetro à altura do peito (DAP) (cm), altura total (h) (m) e forma do fuste (variando de 1 – fuste muito tortuoso e bifurcado, a 5 – fuste reto sem bifurcação e danos). Os valores da forma do fuste foram transformados por raiz quadrada, para análise de variância. O volume cilíndrico individual foi calculado conforme Sebbenn *et al.* (1994) pela expressão  $V_c = [\pi(DAP^2)/4]h$ , sendo o DAP e a altura individuais.

### 2.2 Estimativa de Componentes de Variância

As análises de variância, em nível de plantas individuais, para o teste *F* foram feitas com o procedimento GLM e para a estimativa de componentes de variância pelo procedimento VARCOMP, utilizando o método de REML (*Restricted Maximun Likelihood*), ambos os procedimentos implementados no programa estatístico SAS (S.A.S., 1999). A escolha do método REML para estimar os componentes da variância deve-se ao desbalanceamento experimental em termos do número desigual de árvores sobreviventes por parcelas. Os valores perdidos foram estimados e os componentes da variância foram ajustados para estes. Para análise de variância e estimativa de componentes de variância adotou-se o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = m + t_i + b_j + e_{ij} + d_{ijk}$$

em que:  $Y_{ijk}$  = performance média do  $k$ -ésimo indivíduo, do  $j$ -ésimo bloco, da  $i$ -ésima progênie;  $m$  = média geral da variável em análise;  $t_i$  = efeito da  $i$ -ésima progênie ( $i = 1, 2, \dots, I$ );  $b_j$  = efeito do  $j$ -ésimo bloco ( $j = 1, 2, \dots, J$ );  $e_{ij}$  = efeito da interação entre a  $i$ -ésima progênie do  $j$ -ésimo bloco, ou efeito ambiental da  $ij$ -ésima parcela;  $d_{ijk}$  = efeito do  $k$ -ésimo indivíduo dentro da  $ij$ -ésima parcela. Todos os efeitos do modelo, com exceção de blocos, foram assumidos como aleatórios, sendo  $K$  o número de árvores por progênies,  $J$  o número de blocos,  $I$  o número de progênies e  $\bar{K}$  a média harmônica do número de árvores por parcela. O esquema da análise de variância encontra-se na TABELA 1.

TABELA 1 – Esquema da análise de variância utilizado para cada caráter em nível de plantas individuais.

FV	GL	QM	E(QM)
Blocos	$J-1$	QM <sub>1</sub>	–
Progênies	$I-1$	QM <sub>2</sub>	$\sigma_d^2 + K_2 \sigma_e^2 + K_3 \sigma_p^2$
Resíduo	$(J-1)(I-1)$	QM <sub>3</sub>	$\sigma_d^2 + K_2 \sigma_e^2$
Dentro de progênies	$JI \sum_{i=1}^p (K_1 - 1)$	QM <sub>4</sub>	$\sigma_d^2$

Em que:  $J$  = número de blocos;  $I$  = número de progênies;  $\bar{K}$  = número de plantas por parcela,  $K_1$ ,  $K_2$ ,  $K_3$  obtidos com base no procedimento Varcomp do SAS, e  $p$  = número de parcelas.

A partir das análises de variância foram estimados os componentes:  $\sigma_p^2$  = variância genética entre progênies;  $\sigma_e^2$  = variância devida à interação entre progênies e repetições;  $\sigma_d^2$  = variância fenotípica dentro de progênies;  $\sigma_F^2$  = variância fenotípica total;  $\sigma_A^2$  = variância genética aditiva entre progênies. A variância genética fenotípica foi estimada por  $\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2$ ; a variância genética aditiva foi calculada com base na expressão:  $\hat{\sigma}_A^2 = \hat{\sigma}_p^2 / \hat{r}_{xy}$ , sendo  $r_{xy}$  a estimativa do coeficiente de parentesco ou co-variância genética aditiva entre plantas dentro de progênies. Como não existem estimativas do coeficiente de parentesco entre plantas dentro de progênies de polinização aberta da espécie, assumiu-se que as progênies eram meios-irmãos.

### 2.3 Estimativa de Herdabilidade e Coeficiente de Variação Genética

As definições e cálculos dos coeficientes de herdabilidade, coeficientes de variação e medidas de correlações entre caracteres e idades seguem Namkoong (1979):

*Herdabilidade em nível de plantas individuais* ( $\hat{h}_i^2$ ):

$$\hat{h}_i^2 = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2};$$

*Herdabilidade média entre progênies* ( $\hat{h}_m^2$ ):

$$\hat{h}_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_p^2}{\hat{\sigma}_p^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{J} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{K_3}};$$

*Herdabilidade dentro de progênies* ( $\hat{h}_d^2$ ):

$$\hat{h}_d^2 = \frac{(1 - \hat{r}_{xy}) \hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_d^2}, \text{ e}$$

*Coeficiente de variação genética* ( $CV_g$ ):

$$CV_g = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_p^2}}{\hat{m}} \cdot 100,$$

sendo  $\hat{m}$  a estimativa da média do caráter.

### 2.4 Resposta à Seleção

Como este ensaio teve como principal objetivo a conservação *ex situ* da espécie, o esquema de seleção proposto objetivou apenas a seleção dentro de progênies, de forma a reduzir o parentesco dentro das parcelas e, com isso, produzir sementes para reflorestamentos ambientais com certo grau de melhoramento, mas ampla base genética. A resposta esperada na seleção foi estimada para as intensidades de seleção de 20% das árvores dentro das progênies (1:5;  $i_d = 1,369$ ), pela expressão:

$$\hat{R}_d = i_d \hat{h}_d^2 \hat{\sigma}_d.$$

A resposta à seleção em porcentagem [ $R_d$  (%)] foi estimada por:

$$\hat{R}_d (\%) = \frac{\hat{R}_d}{\hat{m}} \cdot 100,$$

em que  $\hat{m}$  é a média do caráter.

## 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 3.1 Experimentação e Variação entre Progênies

Pela análise de variância foram detectadas diferenças significativas a 1% de probabilidade entre progênies para os caracteres DAP, forma e volume (TABELA 2), indicando que existe diferença genética entre as progênies e a possibilidade de obterem-se ganhos genéticos com a seleção entre progênies. Isso difere do observado por Ettori *et al.* (1999) para DAP e altura, com resultados obtidos nesse ensaio até a idade de 11 anos.

O coeficiente de variação experimental foi baixo para altura total (10,08%), médio para forma (18,39%) e DAP (20,82%) e alto para volume (37,61%) (TABELA 2).

TABELA 2 – Resultados da análise de variância (graus de liberdade e quadrados médios) para os caracteres DAP, altura, forma do fuste (Forma) e volume real, em progênies de *C. trichotoma*, aos 19 anos de idade, implantado em Luiz Antonio–SP.

Fonte de Variação	GL	QM			
		DAP (cm)	Altura (m)	Forma Transformada	Volume (m <sup>3</sup> /árvore)
Blocos	5	47,3232	104,1977	0,4400	0,0350
Progênies	21	99,4270	21,5917	0,2212	0,0255
Resíduos	104	22,6124	17,8874	0,1174	0,0088
Dentro de progênies	390	24,1115	8,8826	0,0764	0,0071
$CV_{exp}$ (%)		20,82	10,08	18,39	37,61

(\*)  $P \leq 0,05$ .(\*\*)  $P \leq 0,01$ .

### 3.2 Médias de Crescimento e Forma

Existem grandes diferenças entre progênies para os caracteres de crescimento (TABELA 3). A diferença entre as progênies de menor e maior crescimento para DAP foi de 87,3%, para altura 42,4%, para forma 77,6%, para volume 156,6% e para sobrevivência de 61,2%. Isso demonstra a grande variação fenotípica existente no experimento e a possibilidade de explorar parte dessa variação pela seleção e produzir sementes melhoradas para caracteres de crescimento e forma.

### 3.3 Variação Genética e Herdabilidades

O coeficiente de variação genética (CVg) entre progênies (TABELA 4) para o caráter altura (2,33%) foi inferior ao resultado obtido para a mesma população por Etori *et al.* (1999), aos três anos de idade (4,46%), sugerindo que ocorreu redução na variação da expressão genética com o desenvolvimento das árvores. Baleroni *et al.* (2003) observaram oscilação do coeficiente de variação genética ao longo do tempo em *Myracrodruon urundeuva* e citam, assim como Siqueira *et al.* (1993), a necessidade de prolongar a avaliação dos testes genéticos para que se conheça melhor o comportamento da espécie ao longo do tempo. Entretanto, o baixo valor do coeficiente de variação genética pode estar

relacionado com o pequeno número de progênies testadas (22 progênies). Por outro lado, os caracteres DAP e volume apresentaram alto coeficiente de variação genética (> 10%), confirmando o potencial da presente população para a seleção.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade, em nível de plantas individuais ( $h_i$ ) e dentro de progênies ( $h_d$ ), foram baixas (< 0,2) para os caracteres altura da planta e forma do fuste (TABELA 4), indicando que o controle genético destes caracteres é baixo, com menores ganhos podendo ser esperados pela seleção massal no experimento e dentro de progênies. Baixos valores de herdabilidade para altura de plantas nessa população também já foram observados por Etori *et al.* (1999).

Para os caracteres DAP e volume real os resultados foram promissores, indicando um razoável controle genético nos caracteres e a possibilidade de progresso genético com a seleção massal, tanto no experimento como dentro de progênies, conforme já observado pelo coeficiente de variação genética. Ainda, as estimativas do coeficiente de herdabilidade, em nível de média de progênies ( $h_m$ ), foram altas, com valores variando de 12,35% para altura a 76,62% para DAP, indicando um bom controle genético nos caracteres em nível de média de progênies, a possibilidade de progressos genéticos com a seleção entre progênies e alto potencial para a conservação genética.

TABELA 3 – Médias ( $\pm$  erro padrão da média) de DAP, altura, forma do fuste (Forma) e volume real, em progênes de *C. trichotoma*, aos 19 anos de idade (Luiz Antonio–SP).

Progênes	DAP (cm)	Altura (m)	Forma	Volume real (m <sup>3</sup> /árvores)	Sobrevivência (%)
1	10,81 $\pm$ 0,84	10,50 $\pm$ 0,92	1,61 $\pm$ 0,14	0,099 $\pm$ 0,014	60,0
2	15,28 $\pm$ 1,08	13,15 $\pm$ 0,74	2,35 $\pm$ 0,19	0,167 $\pm$ 0,018	76,7
3	18,05 $\pm$ 1,13	14,09 $\pm$ 0,90	2,29 $\pm$ 0,18	0,218 $\pm$ 0,022	93,3
4	20,25 $\pm$ 1,23	14,95 $\pm$ 0,71	2,11 $\pm$ 0,14	0,254 $\pm$ 0,023	93,3
5	15,52 $\pm$ 0,95	14,93 $\pm$ 0,76	2,10 $\pm$ 0,22	0,191 $\pm$ 0,019	70,0
6	15,27 $\pm$ 0,95	13,29 $\pm$ 0,68	2,17 $\pm$ 0,14	0,170 $\pm$ 0,016	80,0
7	13,37 $\pm$ 0,81	13,04 $\pm$ 0,71	2,04 $\pm$ 0,12	0,146 $\pm$ 0,014	93,3
8	15,5 $\pm$ 1,31	13,72 $\pm$ 1,17	2,44 $\pm$ 0,20	0,183 $\pm$ 0,029	53,3
9	16,67 $\pm$ 0,95	14,23 $\pm$ 0,64	2,00 $\pm$ 0,16	0,197 $\pm$ 0,017	86,7
10	13,96 $\pm$ 1,07	12,98 $\pm$ 0,76	1,96 $\pm$ 0,14	0,155 $\pm$ 0,020	83,3
11	15,84 $\pm$ 1,10	12,91 $\pm$ 0,75	1,86 $\pm$ 0,15	0,174 $\pm$ 0,019	73,3
12	17,17 $\pm$ 1,07	14,79 $\pm$ 0,59	2,86 $\pm$ 0,39	0,208 $\pm$ 0,019	70,0
13	14,97 $\pm$ 1,01	13,53 $\pm$ 0,60	2,25 $\pm$ 0,18	0,164 $\pm$ 0,014	66,7
14	15,27 $\pm$ 0,83	14,52 $\pm$ 0,75	2,27 $\pm$ 0,23	0,184 $\pm$ 0,017	73,3
15	16,87 $\pm$ 0,74	14,89 $\pm$ 0,48	2,68 $\pm$ 0,15	0,206 $\pm$ 0,014	93,3
16	13,94 $\pm$ 0,74	13,81 $\pm$ 0,55	1,89 $\pm$ 0,17	0,159 $\pm$ 0,015	90,0
17	13,03 $\pm$ 0,96	13,28 $\pm$ 0,78	2,39 $\pm$ 0,22	0,144 $\pm$ 0,015	60,0
18	14,33 $\pm$ 0,90	13,60 $\pm$ 0,62	2,29 $\pm$ 0,20	0,162 $\pm$ 0,015	70,0
19	18,23 $\pm$ 1,04	14,62 $\pm$ 0,55	2,27 $\pm$ 0,17	0,221 $\pm$ 0,020	86,7
20	17,06 $\pm$ 1,11	14,19 $\pm$ 0,73	2,08 $\pm$ 0,17	0,205 $\pm$ 0,019	86,7
21	17,23 $\pm$ 1,06	13,73 $\pm$ 0,70	1,79 $\pm$ 0,21	0,198 $\pm$ 0,019	80,0
22	13,76 $\pm$ 0,97	13,33 $\pm$ 0,57	2,03 $\pm$ 0,16	0,154 $\pm$ 0,016	96,7
Média	25,08 $\pm$ 0,31	22,15 $\pm$ 0,15	3,30 $\pm$ 0,09	0,117 $\pm$ 0,003	78,94 $\pm$ 2,67

TABELA 4 – Estimativa de parâmetros genéticos para os caracteres DAP, altura, forma do fuste (Forma) e volume real por árvore, em progênies de *C. trichotoma*, aos 19 anos de idade (Luiz Antônio, SP).

Parâmetros	DAP (cm)	Altura (m)	Forma	Volume (m <sup>3</sup> /árvore)	Sobrevivência (%)
Coefficiente de variação genética – $CV_g$ (%)	11,48	2,33	2,90	14,51	3,98
Herdabilidade individual – $h_i^2$	0,4805	0,0366	0,1734	0,3389	
Herdabilidade entre progênies – $h_m^2$	0,7662	0,1235	0,4582	0,6515	0,6529
Herdabilidade dentro de progênies – $h_d^2$	0,4096	0,0343	0,1503	0,2963	
Resposta à seleção dentro de progênies – $R_d$	2,73	0,14	0,06	0,03	
Resposta à seleção dentro de progênies – $R_d$ (%)	17,43	1,02	2,66	18,72	
<b>MÉDIA</b>	<b>15,69</b>	<b>13,78</b>	<b>2,16</b>	<b>0,18</b>	<b>1,13</b>

Seleção de 20% ( $i = 1,369$ ) das melhores árvores dentro de progênies.

### 3.4 Ganhos na Seleção

O esquema de seleção proposto objetivou apenas a seleção dentro de progênies, de forma a reduzir o parentesco dentro das parcelas e, assim, permitir a produção de sementes sem endogamia biparental e que confirmam boa forma e rápido crescimento às árvores, mas mantenham a base genética ampla. Os ganhos genéticos na seleção ocorrem em função da intensidade de seleção aplicada, da variação genética e do controle genético (herdabilidade) do caráter sob seleção. Desses fatores, apenas a intensidade de seleção é possível ser controlada, visto que a variação genética quantitativa e a herdabilidade são propriedades da população no ambiente em que ela vegeta, podendo alterar-se com a idade das plantas e entre diferentes ambientes. A resposta esperada com a seleção dentro de progênies foi estimada em 17,43%; 1,02%; 2,66% e 18,72% para DAP, altura, forma e volume, respectivamente (TABELA 4). Esses ganhos são preditos para plantios com 19 anos de idade, crescendo em ambientes com as mesmas características edafoclimáticas que as de Luiz Antonio, SP.

### 4 CONCLUSÕES

1. Existe variação genética significativa entre progênies para os caracteres DAP, forma e volume e, portanto, há possibilidade de ganhos genéticos com a seleção para estes caracteres.

2. O controle genético dos caracteres em nível de plantas dentro de progênies é alto para os caracteres DAP, forma e volume.
3. O esquema de seleção proposto, seleção dentro de progênies, sugere a possibilidade de se obterem ganhos genéticos expressivos para os caracteres DAP e volume, sem alterar a base genética em termos de número de progênies.

### 5 AGRADECIMENTOS

Os autores são gratos aos graduandos em Agronomia Flavio Cese Arantes e Gisele Valadão (FEIS/UNESP), pela mensuração do experimento e digitação dos dados. O autor Alexandre Magno Sebbenn também agradece ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq pela concessão da bolsa de Produtividade em Pesquisa.

### REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BALERONI, C. R. S. *et al.* Variação genética em populações naturais de aroeira em dois sistemas de plantio. *Rev. Inst. Flor.*, São Paulo, v. 15, n. 2, p. 125-136, 2003.
- CARVALHO, P. E. R. **Espécies brasileiras:** recomendações silviculturais, potencialidades e uso da madeira. Colombo: CNPF-EMBRAPA; Brasília, DF: EMBRAPA-SPI, 1994. 640 p.

ETTORI, L. C. *et al.* Variabilidade genética em duas populações de *Cordia trichotoma*. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 11, n. 2, p. 179-187, 1999.

FALCONER, D. S. **Introducción a la genética cuantitativa**. México: Ediciones CECSA, 1972. 430 p.

LORENZI, H. **Árvores brasileiras**: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil. 3. ed. Nova Odessa: Plantarum, 1992. p. 74.

NAMKOONG, G. **Introduction to quantitative genetics in forestry**. Washington, D.C.: United States Department of Agriculture, Forest Service, 1979. 342 p. (Technical Bulletin, 1588).

PEDROSO, O; MATTOS, J. R. **Estudo sobre madeiras do Rio Grande do Sul**. Porto Alegre: Instituto de Pesquisa de Recursos Naturais Renováveis “Ataliba Paz”, 1987. 181 p.

REITZ, R.; KLEIN, R. M.; REIS, A. **Projeto madeira do Rio Grande do Sul**. Porto Alegre: Secretaria de agricultura e Abastecimento, 1983. 524 p.

S.A.S. INSTITUTE INC. **SAS procedures guide. Version 8 (TSMO)**. Cary, 1999.

SEBBENN, A. M. *et al.* Variação genética em progênies de meios-irmãos de *Pinus caribaea* Mor. var. *bahamensis* Bar. et Gol. na Região de Bebedouro-SP. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 6, n. único, p. 63-73. 1994.

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

SIQUEIRA, A. C. M.; NOGUEIRA, J. C. B.; KAGEYAMA, P. Y. Conservação de recursos genéticos *ex situ* do cumbarú (*Dipteryx alata*) Vog-Leguminosae. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 5, n. 2, p. 231-243. 1993.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 426 p.

ZOBEL, B.; TALBERT, J. **Applied forest tree improvement**. New York: John Wiley, 1984. 505 p.