

# ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE PROCEDÊNCIAS E FAMÍLIAS DE *Dipteryx alata* VOGEL (BARU) UTILIZANDO METODOLOGIA DE REML/BLUP E E(QM)

Rodrigo Barros Rocha<sup>1</sup>, Maria das Graças Barros Rocha<sup>2</sup>, Reynaldo Campos Santana<sup>3</sup>, Abadio Hermes Vieira<sup>4</sup>

(recebido: 20 de junho de 2008; aceito: 26 de junho de 2009)

**RESUMO:** O baru ou barueiro (*Dipteryx alata* Vogel) é uma espécie arbórea que ocorre no Brasil Central, valorizada pelo seu uso múltiplo e plantio em sistemas consorciados. Neste trabalho, objetivou-se caracterizar a variabilidade genética das procedências de baru e quantificar o progresso genético em diferentes unidades de seleção. O incremento na altura total foi avaliado em teste de procedências e de progênies de baru aos três anos de idade, utilizando delineamento experimental em blocos ao acaso com informação dentro de parcela composto por seis repetições com dez plantas por família, em espaçamento 3 x 2m. Não foi observada diferença significativa no crescimento entre as procedências estudadas e somente procedências de Santa Vitória, Capinópolis e Campina Verde - MG apresentaram variabilidade genética significativa entre progênies dentro de procedências. A seleção combinada forneceu as estimativas de ganho de maior magnitude e acurácia. A baixa acurácia do procedimento de seleção direta entre famílias deve-se principalmente à inexistência de variabilidade genética entre famílias dentro de algumas procedências.

Palavras-chave: Barueiro, teste de progênies, variabilidade genética, melhoramento genético.

## ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS AND SELECTION OF PROVENANCES AND PROGENIES OF *Dipteryx alata* VOGEL (BARU) USING (REML/BLUP) AND E(QM) METHODOLOGIES

**ABSTRACT:** The baru (*Dipteryx alata* Vogel, *Faboideae Leguminosae*) that occurs in Brazil Central is valued by its multiple uses. The objective of this study was to quantify the genetic variability of baru provenances and the genetic progress with the use of different selection strategies. The increase in total height was measured in progeny and provenance test of three years old using experimental random blocks design with plot information of six replications of ten plants per family with row spacing of 3 x 2m. There were no significant differences between the studied provenances and only "Santa Vitória", "Capinópolis" and "Campina Verde" showed significantly genetic variability among progenies within provenances. The combined selection provided genetic gains of greater magnitude and accuracy. The low accuracy of the families selection of was mainly due to lack of genetic variability among families within some origins.

Key words: Barueiro, provenance and families tests, genetic variability, genetic parameters.

### 1 INTRODUÇÃO

A longa duração e os expressivos investimentos necessários para transformar um componente da biodiversidade em um recurso genético de valor econômico fazem com que apenas uma fração das espécies florestais nativas possa ser prospectada visando a maior adaptação às necessidades humanas (CLEMENT, 2001; CLEMENT et al., 2005). A domesticação de novas espécies não é uma atividade trivial e depende do aprimoramento das práticas silviculturais e da seleção de material genético mais apropriado. Na atividade florestal, as interações: genótipo

x procedência x ambiente são em geral significativas, em parte resultado da expressiva variação genética natural e devem ser considerados nos processos de prospecção dos recursos genéticos florestais (ROCHA et al., 2005).

O teste de procedências e de famílias é uma das estratégias mais exploradas para a seleção e caracterização dos padrões de herança em espécies florestais, pois permite quantificar a variabilidade genética dentro da espécie e as relações entre esta variabilidade e o comportamento diferencial das populações no ambiente (OLIVEIRA et al., 2006). A informação de procedência permite avaliar a localização geográfica das populações que conservam a

<sup>1</sup>Biólogo, Pesquisador Dr. em Genética e Melhoramento de Plantas da EMBRAPA – Centro de Pesquisas Agroflorestais de Rondônia – Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento – BR 364, Km 5,5 – Cx. P. 406 – 78900-970 – Porto Velho, RO – rodrigo@cpafro.embrapa.br

<sup>2</sup>Engenheira Florestal, Dra. em Genética e Melhoramento de Plantas – Instituto Estadual de Florestas/IEF – Rua Espírito Santo, 495 – 30160-030 – Belo Horizonte, MG – mgbrocha@yahoo.com.br

<sup>3</sup>Engenheiro Florestal, Professor Dr. em Solos e Nutrição de Plantas – Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri/UFVJM – Campus JK, Bloco 5 – Rodovia MG 367, 5000 – 39100-000 – Diamantina, MG – silviculturaufvjm@yahoo.com.br

<sup>4</sup>Engenheiro Florestal, Pesquisador da EMBRAPA – Centro de Pesquisas Agroflorestais de Rondônia – Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento – BR 364, Km 5,5 – Cx. P. 406 – 78900-970 – Porto Velho, RO – abadio@cpafro.embrapa.br

variabilidade genética da espécie e a informação de famílias permite caracterizar padrões de herança e o progresso genético com a prática da seleção (CRUZ et al., 2004).

A importância e a escassez de informações sobre padrões de herança e o progresso genético que pode ser obtido com a seleção em baru (*Dipteryx alata*) encorajam maiores estudos com esta espécie (FONSECA et al., 1994; OLIVEIRA et al., 2006; SIQUEIRA et al., 1986). O baru, espécie da família Fabaceae, ocorre, tipicamente, em formações de cerrado e cerradão, principalmente, em Minas Gerais, Goiás, Distrito Federal, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul. Planta fixadora de nitrogênio no solo, ocorre em solos considerados mais férteis, entre aqueles dos cerrados, cerradões e matas (FERREIRA, 1997).

A espécie possui potencial econômico, sendo valorizada em vários aspectos, com destaque para o seu uso em sistemas agroflorestais (BOTEZELLI et al., 2000). A composição de suas sementes e frutos vem sendo caracterizada com o objetivo de subsidiar sua utilização nas indústrias alimentícias e oleoquímicas (TAKEMOTO et al., 2001). Estudos como os de Oliveira et al. (2006) e Rocha et al. (2002) têm mostrado variabilidade genética nos caracteres de crescimento da planta, indicando que essa espécie tem potencialidade para o melhoramento genético.

Neste trabalho, objetivou-se quantificar a variabilidade genética das procedências de baru amostradas no estado de Minas Gerais e as possibilidades de progresso genético com a prática da seleção massal, combinada e entre e dentro de famílias.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1 Coleta de sementes, produção de mudas e plantio

Foram colhidas sementes de dez árvores matrizes selecionadas por procedência em cinco municípios e duas localidades: Campina Verde (CV), Santa Vitória (SV), Capinópolis (CP), Ituiutaba (IT) e nas localidades de Cachoeirinha (TC) e Santa Rosa (TS) do município de Iturama no estado de Minas Gerais, em setembro 2000. Foram produzidas 150 mudas por progênie por semeadura direta, imediatamente após a colheita dos frutos, em saco de polietileno com 24 cm de altura e 18 cm de diâmetro, contendo como substrato, terra de subsolo e esterco de curral, na proporção de 3:1 e adubação NPK 4-14-8 granulado, na dosagem de 5,0 Kg/m<sup>3</sup> de substrato. A germinação ocorreu a partir do 8º dia até o 20º com boa uniformidade e taxa de germinação de 95%. Após a germinação, foi feito o desbaste deixando apenas uma

muda por recipiente. As mudas ficaram no viveiro a céu aberto durante um ano, recebendo duas irrigações por dia, e foram plantadas com altura de 25 cm, nas últimas chuvas de março de 2001. Foram feitas duas irrigações após o plantio.

Foram avaliadas sessenta famílias de meio-irmãos em teste de procedências e progênies de Baru instalado no município de Uberaba-MG (19°43'58,46"S, 47°54'59,01"O) no Horto Água Emendada, altitude de 1000m, relevo ligeiramente ondulado temperatura média anual de 23,2 °C e precipitação média anual de 1750 mm, em área antes cultivada com Pinus de propriedade da SATIPEL. Foi utilizado delineamento experimental em blocos ao acaso com informação dentro de parcela linear de dez plantas com seis repetições em espaçamento 3 x 2m. A sobrevivência e a altura total foram avaliados aos três anos de idade.

### 2.2 Estimativas de parâmetros genéticos

Os parâmetros genéticos foram estimados para a altura total (m), segundo o modelo (CRUZ et al., 2004):

$$Y_{ijkl} = \mu + P_i + G/P_{ij} + B_k + \varepsilon_{ijk} + \delta_{ijkl}$$

Em que:  $Y_{ijkl}$  = observação da planta na i-ésima procedência na j-ésima família dentro de procedência no k-ésimo bloco, na l-ésima repetição;  $\mu$  = média geral da população;  $P_i$  = efeito da i-ésima procedência, com  $i=1,2,3,\dots,10$ ;  $G/P_{ij}$  = efeito da j-ésima família dentro da i-ésima procedência, com  $j=1,2,3,\dots,10$ ;  $B_k$  = efeito do k-ésimo bloco, com  $k=1,2,3,\dots,6$ ;  $\varepsilon_{ijk}$  = efeito aleatório existente entre parcelas da i-ésima procedência, j-ésima família e k-ésimo bloco ( $\varepsilon_{ij} \sim NID(0, \sigma_e^2)$ );  $\delta_{ijk}$  = efeito aleatório existente entre plantas dentro de parcelas ( $\delta_{ij} \sim NID(0, \sigma_d^2)$ ). Todos os efeitos do modelo foram considerados aleatórios, exceto a média e o efeito de procedência. O esquema da análise de variância encontra-se na Tabela 1.

### 2.3 Estimativas dos coeficientes de herdabilidade

Os coeficientes de herdabilidade para a seleção entre famílias ( $h_{ef}^2$ ), seleção dentro de famílias ( $h_{df}^2$ ), seleção do indivíduo no bloco ( $h_{ib}^2$ ), seleção de indivíduo no experimento ( $h_{ie}^2$ ) associados aos efeitos do modelo linear dentro de cada procedência foram estimados utilizando as expressões (CRUZ et al., 2004):

$$h_{ef}^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{(QMF / nr)}$$

**Tabela 1** – Esquema da análise de variância mostrando os estimadores das esperanças do quadrado médio associados aos diferentes efeitos da resposta da característica altura total (m), em baru (*Dipteryx alata*).

**Table 1** – ANOVA analysis design used to evaluate the total height (m) and genetic variability among *Dipteryx alata* provenances.

Fonte de variação	GL	QM	E(QM)	F
Blocos	b-1	Q <sub>1</sub>	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2 + ng\sigma_b^2$	-
Famílias	f-1	Q <sub>2</sub>	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2 + nr\sigma_f^2$	Q <sub>2</sub> /Q <sub>14</sub>
Procedências	p-1	Q <sub>3</sub>	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2 + nr\phi_p$	Q <sub>3</sub> /Q <sub>14</sub>
Prog/Proc1	f <sub>1</sub> -1	Q <sub>4</sub>	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2 + nr\sigma_{f1}^2$	Q <sub>4</sub> /Q <sub>14</sub>
Prog/Proc2	f <sub>2</sub> -1	Q <sub>5</sub>	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2 + nr\sigma_{f2}^2$	Q <sub>5</sub> /Q <sub>14</sub>
.....				
Prog/Proc10	f <sub>10</sub> -1	Q <sub>13</sub>	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2 + nr\sigma_{f3}^2$	Q <sub>13</sub> /Q <sub>14</sub>
Varição entre	(b-1)(f-1)	Q <sub>14</sub>	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2$	Q <sub>14</sub> /Q <sub>15</sub>
Varição dentro	fb(r-1)	Q <sub>15</sub>	$\sigma_d^2$	

b: número de blocos, f: número de famílias, p: número de procedências, r: número de repetições,  $\sigma_d^2$ : variância ambiental dentro de parcelas,  $\sigma_e^2$ : variância ambiental entre parcelas,  $\phi_p$ : efeito fixo de procedências,  $\sigma_f^2$ : efeito aleatório de famílias,  $\sigma_b^2$ : efeito aleatório de blocos.

$$h_{df}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{gd}^2}{\hat{\sigma}_d^2};$$

$$CV_e(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{\bar{x}} .100$$

$$h_{ib}^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_{gd}^2}{\hat{\sigma}_d^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_g^2};$$

$$CV_d(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_d^2}}{\bar{x}} .100$$

$$h_{ie}^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_{gd}^2}{\hat{\sigma}_d^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_b^2}$$

A razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental foi utilizada para comparação do progresso genético entre e dentro de famílias.

#### 2.4 Estimativas de ganho de seleção

Os coeficientes de variação genético entre famílias  $CV_{ge}(\%)$ , o coeficiente de variação dentro de famílias  $CV_{gd}(\%)$ : o coeficiente de variação ambiental entre parcelas  $CV_e(\%)$  e o coeficiente de variação ambiental dentro de parcelas  $CV_d(\%)$ , utilizados na expressão dos ganhos genéticos foram estimados segundo as expressões (CRUZ et al., 2004):

Visando a quantificar o progresso genético foram obtidas estimativas de ganho considerando a seleção individual, entre e dentro de famílias e seleção combinada, como segue (CRUZ et al., 2004; PIRES, 1996):

$$CV_{ge}(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_{ge}^2}}{\bar{x}} .100;$$

$$I_i = h_{ie}^2 (X_{ijk} - \bar{X});$$

$$I_e = h_{ef}^2 (X_{i..} - \bar{X}_{..});$$

$$CV_{gd}(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_{gd}^2}}{\bar{x}} .100;$$

$$I_d = h_{df}^2 (y_{ijk} - y_{i.});$$

$$I_c = c_1 (X_{ijk} - \bar{X}_{.j.}) + c_2 (\bar{X}_{i..} - \bar{X}_{...})$$

$I_{ijk}$  = é o índice do estimador do valor genético na k-ésima planta, da i-ésima família, na j-ésima repetição.

$Y_{ijk}$  = é o valor fenotípico do indivíduo  $ijk$ ;  $\bar{Y}_{.j}$  = é a média da repetição  $j$ ;  $\bar{Y}_{...}$  = é a média geral da população;  $c_1$  e  $c_2$  são os coeficientes obtidos pela maximização entre o índice e o agregado genotípico, obtidas por meio da resolução do sistema  $Pb=Ga$ , (CRUZ et al., 2004; PIRES, 1996) em que:

$$P = \begin{bmatrix} V(D_1) & COV(D_1, D_2) \\ COV(D_1, D_2) & V(D_2) \end{bmatrix};$$

$$b = \begin{bmatrix} c_1 \\ 2f \end{bmatrix};$$

$$G = \begin{bmatrix} Cov(D_1, g_{ijk}) \\ Cov(D_2, g_{ijk}) \end{bmatrix};$$

$$a = [1]$$

Visando à comparação entre as estratégias de seleção, os parâmetros genéticos também foram estimados utilizando a metodologia de BLUP (melhor predição linear não viesada); que consiste da predição de valores genéticos dos efeitos aleatórios do modelo estatístico associado às observações fenotípicas, ajustando-se os dados aos efeitos fixos e ao número desigual de informações nas parcelas, por meio de metodologia de modelos mistos (HENDERSON et al., 1959; RESENDE, 2002a,b; RESENDE et al., 1994; ROCHA et al., 2007).

## 2.5 Estimativas de acurácia das predições de ganho

O termo acurácia se refere aos valores de correlação entre o valor genético verdadeiro do indivíduo e o índice fenotípico (RESENDE et al., 1994), e pode ser interpretado como uma medida de eficiência das diferentes estratégias de seleção:

$$\text{Seleção massal: } \left( \frac{\sigma_A^2}{\sigma_{Fie}^2} \right)^{1/2};$$

$$\text{Seleção entre: } \left( \frac{p-1}{p} \right)^{1/2} \frac{1+(nb-1)r}{nb} \left( \frac{\sigma_A^2}{\sigma_F^2} \right);$$

$$\text{Seleção dentro: } \left( \frac{n-1}{n} \right)^{1/2} (1-r) \frac{\sigma_A}{\sigma_d};$$

Seleção combinada:

$$\left[ \frac{n-1}{n} (1-r)^2 \frac{\sigma_A^2}{\sigma_d^2} + \frac{p-1}{p} \left( \frac{1+(nb-1)}{nb} \right)^2 \frac{\sigma_A^2}{\sigma_F^2} \right]^{1/2}$$

Em que:

$r$  = coeficiente de correlação genética entre indivíduos de mesma progênie;  $n$  = número de plantas por parcela;  $p$  = número de progênies;  $b$  = número de blocos.

## 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 3.1 Estimativas das variâncias e coeficientes de variação

As estimativas dos componentes de variância e a significância da estatística  $F$  dos efeitos de procedências e de progênies dentro de procedências, são informações exploratórias que subsidiam a prática da seleção. O resultado da análise de variância indicou não haver diferença significativa ao nível de 5% de probabilidade entre procedências (Tabela 2). Dessa forma, a prática de seleção deve priorizar a variabilidade entre progênies e não entre procedências. Botzelli et al. (2000) e Correia et al. (2000) também relatam a ocorrência de diferenças não significativas entre procedências de baru avaliadas no estado de Minas Gerais para características de qualidade de sementes, frutos e desenvolvimento de mudas.

As procedências detentoras de variabilidade genética significativa entre progênies são os melhores sítios para coleta e conservação "ex situ". Embora não existam informações sobre o alcance das polinizações em baru, a ocorrência de efeito não significativo entre procedências é característica de espécies alógamas com possibilidade de fluxo gênico (KAGEYAMA, 1983).

O coeficiente de variação observado foi de 14,23% (Tabela 2). Esse valor pode ser considerado baixo e indica uma boa precisão experimental (GARCIA, 1989; SCAPIM et al., 1994). O percentual de sobrevivência observado aos três anos (96,8%) também é um indicador da boa adaptabilidade das procedências às condições edafoclimáticas da área de estudo. O incremento observado da característica altura foi semelhante ao observado por Oliveira et al. (2002). A procedência que apresentou menor média foi a de Campina Verde, o maior valor foi a de Capinópolis.

**Tabela 2** – Resumo da análise de variância e estimativa dos parâmetros genéticos da característica altura total (m) em progênes de *Dipteryx alata*, aos três anos de idade.**Table 2** – ANOVA results and total height genetic parameters estimates among three years old *Dipteryx alata* provenances.

	Procedências	N	$\bar{X}$	$CV_g$ (%)	$\frac{CV_g}{CV_e}$ (%)	F	$\hat{\sigma}_{gp}^2$	$\phi_p$
1	Santa Vitória	10	2,57	6,26	0,44	2,15*	0,0258	0,54
2	Ituiutaba (3)	10	2,58	3,47	0,24	1,36 <sup>ns</sup>	0,008	0,26
3	Capinópolis (1)	10	2,74	8,79	0,62	3,60**	0,058	0,72
4	Ituiutaba (2)	10	2,58	3,46	0,24	1,36 <sup>ns</sup>	0,008	0,26
5	Cachoeirinha	10	2,65	0,91	0,06	1,03 <sup>ns</sup>	0,0006	0,03
6	Ituiutaba (1)	10	2,58	2,72	0,19	1,22 <sup>ns</sup>	0,0049	0,18
7	Campina verde	10	2,25	11,75	0,83	4,13**	0,07	0,76
8	Capinópolis (2)	10	2,74	8,80	0,62	3,60**	0,0582	0,72
9	Santa Rosa (1)	10	2,52	5,05	0,35	1,73 <sup>ns</sup>	0,0162	0,42
10	Santa Rosa (2)	10	2,52	5,04	0,35	1,72 <sup>ns</sup>	0,0162	0,42
	Média		2,57					
	$CV\%_{exp}$		14,23					

N: número de famílias por procedência,  $\bar{X}$ : média estimada por procedência, F: valor da estatística F do contraste entre as médias das famílias dentro de procedência. \*: teste significativo a 5%, \*\* teste significativo a 1%, <sup>ns</sup>: Teste não significativo,  $\hat{\sigma}_{gp}^2$ : estimativas de variância genética entre procedências,  $h_p^2$ : componente quadrático que expressa a variabilidade entre procedências.

O efeito de progênes dentro de procedências foi significativo a 1% de probabilidade pelo teste F e indica a existência de variabilidade genética entre as famílias; variabilidade esta que pode ser explorada para o desenvolvimento de materiais genéticos superiores. A decomposição da estatística F dentro de procedências mostrou que a variabilidade genética das progênes não foi significativa nas procedências de Ituiutaba, Cachoeirinha e Santa Rosa (Tabela 2). A manutenção da variabilidade genética é questão primordial para o sucesso dos programas de melhoramento, uma vez que o progresso genético com a prática da seleção depende necessariamente da existência de variabilidade na população. Estimativas de herdabilidades de menores magnitudes foram observadas nas procedências em que não há variabilidade genética significativa entre as famílias, o que limita o progresso genético pela prática da seleção entre famílias dessas procedências (Tabela 2).

O baru apresenta naturalmente uma tendência de estruturação familiar dentro de procedência, em razão, principalmente, dos tipos de dispersão de semente predominantes nesta espécie, barocórica e zoocórica (FERREIRA, 1997), que associado à ação antrópica de

redução do número de indivíduos não aparentados na população pode ter contribuído para a ocorrência das diferenças não significativas entre as progênes dentro das procedências de Ituiutaba, Cachoeirinha e Santa Rosa.

As procedências 7, 8, 3 e 1 permitiram a obtenção de ganhos genéticos de maior magnitude com a prática da seleção (Tabela 2). Segundo Cruz et al. (2004), quando a relação do coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação ambiental tendem para valores maiores ou iguais a um, caracteriza-se uma situação favorável para a prática da seleção. Oliveira et al. (2006) observaram relação entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação ambiental superiores a unidade na avaliação de características do sistema radicular de baru.

### 3.2 Progresso genético e estimativas dos coeficientes de herdabilidade

Os valores de herdabilidade e dos coeficientes de variação genético sugerem que a maior variabilidade da natureza genética está estruturada entre as famílias avaliadas (Tabela 3). A maior variabilidade entre famílias pode significar uma maior contribuição dos genitores femininos na variabilidade de natureza genética da

população em comparação com a variação dentro de famílias resultado da contribuição das árvores doadoras de pólen na população.

A prática da seleção combinada, que permite a seleção individual baseada no valor genético verdadeiro do indivíduo, apresentou estimativas de ganhos superiores aos processos de seleção direta entre e dentro de famílias como observado também por outros autores (PIRES, 1996; ROCHA et al., 2007). A eficiência do processo de seleção combinada, em comparação com os processos de seleção entre e dentro, foi sempre superior à unidade e indica que a seleção combinada deve ser preferida. As unidades de seleção entre e dentro de família também proporcionaram

ganhos genéticos expressivos. A menor acurácia do procedimento de seleção entre famílias deve-se principalmente à inexistência de variabilidade genética entre famílias dentro de algumas das procedências avaliadas (Tabela 4).

A avaliação das propriedades genéticas das características de crescimento nos primeiros três anos de desenvolvimento é de grande utilidade para o melhorista que objetiva além da identificação dos melhores indivíduos, famílias e procedências, a quantificação da eficiência da seleção precoce (KAGEYAMA, 1983; RESENDE et al., 1994). Em razão da carência de dados na literatura, ainda não existe informação disponível para quantificar o efeito

**Tabela 3** – Estimativas de herdabilidade em diferentes unidades de seleção e dos coeficientes de variação genético e ambiental entre e dentro de famílias de *Dipteryx alata* avaliadas aos três anos.

**Table 3** – Heritability estimates of different selection strategies, genetic and environment coefficients of variation inside and among *Dipteryx alata* families.

Estimativas da herdabilidade		Estimativas dos C.V.	
$h_{ef}^2$	0,6373	$CV_e$ (%)	14,2296
$h_{df}^2$	0,2523	$CV_d$ (%)	11,4873
$h_{ib}^2$	0,2646	$CV_{ge}$ (%)	7,7011
$h_{ie}^2$	0,2564	$CV_{gd}$ (%)	13,3386

$h_{ef}^2$  : herdabilidade referente à seleção entre famílias,  $h_{df}^2$  : herdabilidade referente à seleção dentro de famílias,  $h_{ib}^2$  : herdabilidade referente à seleção do indivíduo no bloco,  $h_{ie}^2$  : herdabilidade referente à seleção do indivíduo no experimento.  $CV_e$  (%) : coeficiente de variação ambiental entre parcelas,  $CV_d$  (%) : coeficiente de variação ambiental dentro de parcelas,  $CV_{ge}$  (%) : Coeficiente de variação genético entre famílias,  $CV_{gd}$  (%) : coeficiente de variação genético dentro de parcelas.

**Tabela 4** – Ganhos genéticos em altura total de *Dipteryx alata* por seleção entre e dentro de famílias, seleção combinada e modelos mistos considerando uma intensidade de seleção de 10% dos indivíduos.

**Table 4** – Height genetic gain with the selection inside and among families, combined selection and mixed models considering the selection intensity of ten percent of the individuals.

Tipos de seleção	$\bar{V}_g$	GS	GS (%)	$\hat{u}_{n+1}$	Acur
Massal	4,1513	0,4990	19,40	3,06	0,506
Entre	2,8076	0,2348	9,13	2,80	0,166
Dentro	2,8754	0,3025	11,76	2,87	0,357
Combinada	3,1922	0,6194	24,07	3,19	0,756
BLUP	3,1703	0,5975	23,22	3,16	0,773

$\bar{V}_g$  : valor genético médio, GS: ganho de seleção em valores absolutos, GS(%): ganho de seleção percentual,  $\hat{u}_{n+1}$  média na próxima geração, Acur: acurácia dos procedimentos de seleção.

da seleção precoce em *Dipteryx alata*. *A priori* sabe-se que este procedimento é tão mais eficiente quanto maior o valor da herdabilidade entre as unidades de seleção (CRUZ et al., 2004). Os valores de herdabilidades médios e altos das unidades de seleção estruturadas em procedências e famílias indicam boa eficiência da seleção precoce, uma vez que caracteriza a quantificação dos fatores genéticos que influenciam no desenvolvimento da planta nos primeiros anos após o plantio (Tabela 4).

#### 4 CONCLUSÕES

Não houve diferenças significativas entre as procedências de *Dipteryx alata*.

Somente as procedências de Santa Vitória, Capinópolis e Campina Verde apresentaram variabilidade genética significativa entre progênies dentro de procedências.

A seleção combinada e o BLUP forneceram as estimativas de ganhos genéticos de maior magnitude e acurácia.

Os valores de herdabilidades médios e altos das unidades de seleção estruturadas em procedências e famílias indicam boa eficiência da seleção precoce.

#### 5 AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem ao IEF (Instituto Estadual de Florestas) e a empresa SATIPEL por todo o apoio dado para a execução deste trabalho.

#### 6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BOTEZELLI, L.; DAVIDE, A. C.; MALAVASI, M. M. Características dos frutos e sementes de quatro procedências de *Dipteryx alata* VOGEL (BARU). *Cerne*, Lavras, v. 6, n. 1, p. 121-127, 2000.
- CLEMENT, C. R. Melhoramento de espécies nativas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos genéticos & melhoramento**: plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 423-441.
- CLEMENT, C. R.; LLERAS PÉREZ, E.; LEEUWEN, J. van. O potencial das palmeiras tropicais no Brasil: acertos e fracassos das últimas décadas. *Agrociencia*, Montevideo, v. 9, n. 1/2, p. 67-71, 2005.
- CORREIA, G. C.; NAVES, R. V.; ROCHA, M. R.; ZICA, L. F. Caracterização física de frutos de baru (*Dipteryx alata* Vog.) em três populações nos cerrados do estado de Goiás. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Campina Grande, v. 30, n. 2, p. 5-11, 2000.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2004. v. 1, 480 p.
- FERREIRA, R. A. **Caracterização morfológica de frutos, sementes, plântulas e mudas de espécies arbóreas do cerrado de Minas Gerais**. 1997. 107 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1997.
- FONSECA, C. E. L.; FIGUEIREDO, S. A.; SILVA, J. A. Influência da profundidade de sementeira e da luminosidade na germinação de sementes de baru (*Dipteryx alata* Vog.). **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 29, n. 4, p. 653-659, out./dez. 1994.
- GARCIA, C. H. **Tabelas para classificação do coeficiente de variação**. Piracicaba: IPEF, 1989. 11 p. (Circular técnica, 171).
- HENDERSON, C. R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S. R. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics**, Washington, DC, v. 15, n. 6, p. 192-218, 1959.
- KAGEYAMA, P. Y. **Seleção precoce a diferentes idades em progênies de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden**. 1983. 147 f. Tese (Livre Docência) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1983.
- OLIVEIRA, A. N.; SILVA, A. C.; ROSADO, S. C. S.; RODRIGUES, E. A. C. Variações genéticas para características do sistema radicular de mudas de baru (*Dipteryx alata* Vog.). **Revista Árvore**, Viçosa, v. 30, n. 6, p. 905-909, 2006.
- OLIVEIRA, A. N.; ROSADO, S. C. S. Baru (*Dipteryx alata*): uma arbórea do cerrado brasileiro com potencialidade na recuperação de pastagens degradadas. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO SOBRE RECUPERAÇÃO DE ÁREAS DEGRADADAS, 5., 2002, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte, 2002. p. 361-362.
- PIRES, I. E. **Eficiência da seleção combinada no melhoramento genético de *Eucalyptus* spp.** 1996. 116 f. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1996.

- RESENDE, M. D. V. de. **Seleção genética computadorizada: manual do usuário**. Colombo: Embrapa-CNPQ, 2002a. 67 p.
- RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa, 2002b. 975 p.
- RESENDE, G. D. S. P.; BERTOLUCCI, F. L. G.; RAMALHO, M. A. P. Eficiência da seleção precoce na recomendação de clones de eucalipto avaliados no norte do Espírito Santo e sul da Bahia. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 1, n. 1, p. 45-50, 1994.
- ROCHA M. G. B.; PIRES, I. E.; ROCHA, R. B.; XAVIER, A.; CRUZ, C. D. Seleção de genitores de *Eucalyptus grandis* e de *Eucalyptus urophylla* para produção de híbridos interespecíficos utilizando REML/BLUP e informação de divergência genética. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 31, n. 6, p. 977-987, 2007.
- ROCHA, M. G. B.; ROCHA, D.; CLEMENTE, V. M. Teste de procedências e progênies de baru (*Dipteryx alata* Vogel). In: ROCHA, M. G. B. **Melhoramento de espécies arbóreas nativas**. Belo Horizonte: DDFS/Instituto Estadual de Florestas, 2002. p. 29-40.
- ROCHA, R. B.; MURO ABAD, J. I.; ARAÚJO, E. F.; CRUZ, C. D. Utilização do método Centróide para estudo de estabilidade e adaptabilidade ao ambiente. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 15, p. 255-266, 2005.
- SCAPIM, C. A.; CRUZ, C. D.; PIRES, I. E. Estudo da diversidade genética em *Eucalyptus camaldulensis*. In: WORKSHOP MÉTODOS DE SELEÇÃO COMISSÃO TÉCNICA DE GENÉTICA E MELHORAMENTO, 1994, Viçosa, MG. **Anais...** Viçosa, MG: UFV, 1994. p. 45-57.
- SIQUEIRA, A. C. M. F.; NOGUEIRA, J. C. B.; MORAIS, E.; KAGEYAMA, P.; MURGEL, J. M. T.; ZANDARIN, M. A. O cumbaru - *Dipteryx alata* Vog. estudo de diferentes procedências e progênies. **Boletim Técnico do Instituto Florestal, Série A**, São Paulo, v. 40, n. 1, p. 281-290, dez. 1986.
- TAKEMOTO, E.; OKADA, I. A.; GARBELOTTI, M. L.; TAVARES, M.; AUED-PIMENTEL, S. Composição química da semente e do óleo de baru (*Dipteryx alata* Vog.) nativo do Município de Pirenópolis, Estado de Goiás. **Revista Instituto Adolfo Lutz**, São Paulo, v. 60, n. 2, p. 113-117, 2001.