

# Seleção precoce em progênies de meios irmãos de *Myracrodruon urundeuva* Fr.All. via metodologia reml/blup

## Early selection in progenies of *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. by methodology reml/blup

Alessandro Carderalli<sup>1</sup>  
Reginaldo Brito da Costa<sup>2(\*)</sup>  
Luana Pâmella de Almeida Azevedo<sup>3</sup>  
Edilene Silva Ribeiro<sup>4</sup>  
Bruna Maria Faria Batista<sup>5</sup>  
Roberto Antônio Ticle de Melo e Sousa<sup>6</sup>

### Resumo

O Brasil é um dos países mais ricos em recursos naturais e sua flora é marcada por uma grande diversidade de espécies arbóreas que constituem importantes fontes de recursos genéticos, e se bem utilizadas, podem trazer benefícios socioeconômicos para o país. Nesse contexto, o presente estudo objetiva estimar parâmetros e valores genéticos em progênies de aroeira-verdadeiro (*Myracrodruon urundeuva*) aos dois anos de idade, avaliando-se caracteres de crescimento, gerando informações para o programa de melhoramento genético da espécie no município de Santo Antônio de Leverger, Mato Grosso. O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso, com 30 tratamentos (progênies), seis repetições (blocos) e seis plantas por parcela,

- 
- 1 Graduando do curso de Engenharia Florestal na Universidade Federal de Mato Grosso, UFMT; Endereço: Avenida Fernando Corrêa da Costa, nº 2367 - Bairro Boa Esperança, CEP: 78060-900, Cuiabá, Mato Grosso, Brasil; E-mail: carderalli@hotmail.com
  - 2 Dr.; Engenheiro Florestal; Professor adjunto da Universidade Federal de Mato Grosso, UFMT; Bolsista de Produtividade em Pesquisa do CNPq; Endereço: Avenida Fernando Corrêa da Costa, nº 2367 - Bairro Boa Esperança, CEP: 78060-900, Cuiabá, Mato Grosso, Brasil; E-mail: reg.brito.costa@gmail.com (\*) Autor para correspondência.
  - 3 Engenheira Florestal; Mestranda em Ciências Florestais e Ambientais na Universidade Federal de Mato Grosso, UFMT; Endereço: Avenida Fernando Corrêa da Costa, nº 2367 - Bairro Boa Esperança, CEP: 78060-900, Cuiabá, Mato Grosso, Brasil; E-mail: eng.luanapamella@gmail.com
  - 4 MSc.; Engenheira Florestal; Doutoranda em Ciências Florestais na Universidade de Brasília, UNB; Endereço: Campus Universitário "Darcy Ribeiro", Caixa Postal: 04.357, CEP: 70.904-970, Brasília, Distrito Federal, Brasil; E-mail: eng.edilene@gmail.com
  - 5 Engenheira Florestal; Mestranda em Ciências Florestais e Ambientais na Universidade Federal de Mato Grosso, UFMT; Endereço: Avenida Fernando Corrêa da Costa, nº 2367 - Bairro Boa Esperança, CEP: 78060-900, Cuiabá, Mato Grosso, Brasil; E-mail: batistaengflorestal@gmail.com
  - 6 Dr.; Engenheiro Florestal; Professor Associado da Faculdade de Engenharia Florestal, Universidade Federal de Mato Grosso, FENF-UFMT; Endereço: Avenida Fernando Corrêa da Costa, nº 2367 - Bairro Boa Esperança, CEP: 78060-900, Cuiabá, Mato Grosso, Brasil; E-mail: ratms@terra.com.br

Recebido para publicação em 25/04/2012 e aceito em 03/10/2013

com espaçamento de 3 x 2 m em linhas simples. As estimativas de parâmetros e valores genéticos foram obtidas através de um programa genético-estatístico denominado Selegen – REML/BLUP. Foram estimados valores para coeficientes de herdabilidades individuais no sentido restrito de 0,0348 para o caráter altura, 0,0252 para diâmetro e 0,0126 para sobrevivência. As progênes 4, 8, 17, 20 e 21 estão presentes entre os dez melhores indivíduos com relação a mais de um caráter (altura e diâmetro) e, assim, podem ser consideradas como melhores no geral, pois são promissoras em mais de uma característica. Apesar da idade precoce da população, os valores encontrados indicam a possibilidade de ganhos genéticos ao decorrer das avaliações com idades mais avançadas.

**Palavras-chave:** Aroeira-verdadeiro; melhoramento genético; seleção precoce; modelos mistos.

## Abstract

Brazil is one of the richest countries in natural resources and its flora is marked by a great diversity of species that are major sources of genetic resources, and if used properly, can bring socio-economic benefits for the country. In this context this study aims to estimate genetic parameters and values in progenies of aroeira-verdadeira (*M. urundeuva* Fr. All. Br) at two years of age, assessing growth traits, generating information for the breeding program of the species in the municipality of Santo Antônio de Leverger, Mato Grosso state, Brazil. The experimental design was randomized blocks with 30 treatments (progenies), six replicates (blocks) and six plants per plot with a spacing of 3 x 2 m in lines. The estimates of parameters and breeding values were obtained by the software Selegen - REML / BLUP called genetic-statistical. It was estimated values for individual coefficients of heritability in the narrow sense of 0.0348 for height, diameter for 0.0252 and 0.0126 for survival. The progenies 4, 8, 17, 20 and 21 occur in the top ten individuals in relation to more than one character (height and diameter) and can thus be regarded as the best overall because they are most promising for a more than one trait. Despite the early age of the population, the figures indicated the possibility of genetic gains over the course of the assessments with older ages.

**Key words:** Aroeira-verdadeiro; genetic improvement; early selection; mixed models.

## Introdução

Ao longo dos anos, os ecossistemas, nos quais se inserem as populações naturais de espécies arbóreas tropicais, vêm sendo modificados, resultando em áreas fragmentadas, formando mosaicos de vegetação remanescente, mergulhados em uma matriz antropizada. O potencial evolutivo das espécies pode ser comprometido devido à drástica redução dos biomas e diminuição da sua diversidade biológica, em função da perda de variabilidade genética, reduzindo o potencial que as populações naturais têm de se adaptarem às mudanças ambientais (MOURA, 2005).

Essas perturbações antrópicas, geram um risco real de erosão genética e até mesmo de extinção de espécies, especialmente nos biomas tropicais (PINTO et al., 2004).

A aroeira (*Myracrodruon urundeuva* Fr. Allemão) é uma espécie arbórea tropical dióica (SANTOS, 1987), polinizada por insetos e, atualmente, grande parte dessa população encontra-se em área fragmentada. Se as populações forem mantidas pequenas por muitas gerações poderão perder variabilidade genética por deriva genética, o que leva à endogamia e desencadeia a depressão endogâmica. Conseqüentemente, haverá reduções na capacidade adaptativa, no vigor, no porte e produtividade, entre outros fatores (RITLAND, 1996). Portanto, essa é uma espécie que necessita de conservação e, para que sejam traçadas estratégias adequadas, deve-se dar ênfase a estudos sobre a biologia reprodutiva, métodos de propagação, estrutura genética, tamanho efetivo populacional e variação genética entre e dentro das populações

(RESENDE, 1999; KAGEYAMA et al., 2003; SEBBENN, 2003).

A diversidade genética é amplamente reconhecida como um componente chave, para garantir a sobrevivência das espécies por um longo período, ou seja, é fundamental para a sustentabilidade, pois fornece material genético para a adaptação, evolução e sobrevivência das espécies, especialmente quando elas estão sob condições de alterações ambientais (RAJORA; MOSSELLER, 2001).

A realização de testes de progênes é uma estratégia de eficiência comprovada para seleção de genótipos, que permitem a determinação do valor reprodutivo dos indivíduos, da estimativa de parâmetros genéticos e ganho com seleção (AGUIAR, 2004). Assim, a estimativa dos níveis de variabilidade genética, bem como a maneira que essa variabilidade está distribuída entre e dentro de suas populações são fundamentais para conhecer o potencial evolutivo, tanto para a conservação como para o melhoramento genético de uma espécie (MOURA, 2005).

O conhecimento da variabilidade genética existente, através de parâmetros genéticos como herdabilidade, coeficiente de correlação genética e as implicações dos efeitos ambientais sobre estas estimativas, refletidas na interação genótipo versus ambiente, é de fundamental importância em qualquer programa de melhoramento, pois indica o controle genético do caráter, importante para o estabelecimento de estratégias de seleção (BLANK et al., 2010).

A variação genética presente em uma espécie é essencial para a sobrevivência e adaptação a possíveis mudanças do ambiente (GRIBEL, 2001). Portanto o

conhecimento da variabilidade genética nessas populações torna-se importante na orientação de programas de coleta de material para composição de banco de germoplasmas e produção de mudas para os programas de reflorestamento (BOTREL et al., 2006).

A eficiência de um programa de melhoramento genético pode ser expressa pelo ganho genético por unidade de tempo. Em se tratando de espécies perenes, como é o caso das essências florestais, o número de anos para se completar um ciclo seletivo é o principal entrave dos programas de melhoramento utilizando a seleção recorrente. Assim, nos ciclos seletivos o intervalo de tempo entre gerações deve ser reduzido o possível de modo a maximizar os ganhos por unidade de tempo (BORRALHO et al., 1992) e, nesse caso, a seleção precoce assume papel relevante.

Na seleção precoce os indivíduos são avaliados em idades iniciais e são utilizados como preditores para caracteres economicamente importantes na idade de rotação. A seleção precoce tem sido sempre vantajosa em termos de ganho genético por unidade de tempo (REZENDE et al., 1994). Diversas metodologias têm sido usadas na determinação da eficiência da seleção precoce: flutuação das estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos entre as idades (REZENDE; BERTOLUCCI, 1993); a estimativa da correlação genética em diferentes idades (LAMBETH, 1980; KAGEYAMA, 1983; FOSTER, 1986; MAGNUSSEN, 1988); estimativa da interação família versus idade (REZENDE et al., 1994; PEREIRA et al., 1997); estimativa da resposta correlacionada com a seleção (BORRALHO et al., 1992;

RESENDE; BERTOLUCCI, 1993; MARQUES Jr., 1995; PEREIRA et al., 1997); e estimativa da eficiência da seleção na idade juvenil e correspondência na idade adulta (RESENDE; BERTOLUCCI, 1993; PEREIRA et al., 1997). Todos esses trabalhos envolveram estudos com espécies de pinus e eucaliptos.

O presente estudo objetivou estimar parâmetros e valores genéticos em progênies de aroeira-verdadeiro (*M. urundeuva*) aos dois anos de idade, avaliando-se caracteres de crescimento, gerando informações para o programa de melhoramento genético da espécie no município de Santo Antônio de Leverger, Mato Grosso, Brasil.

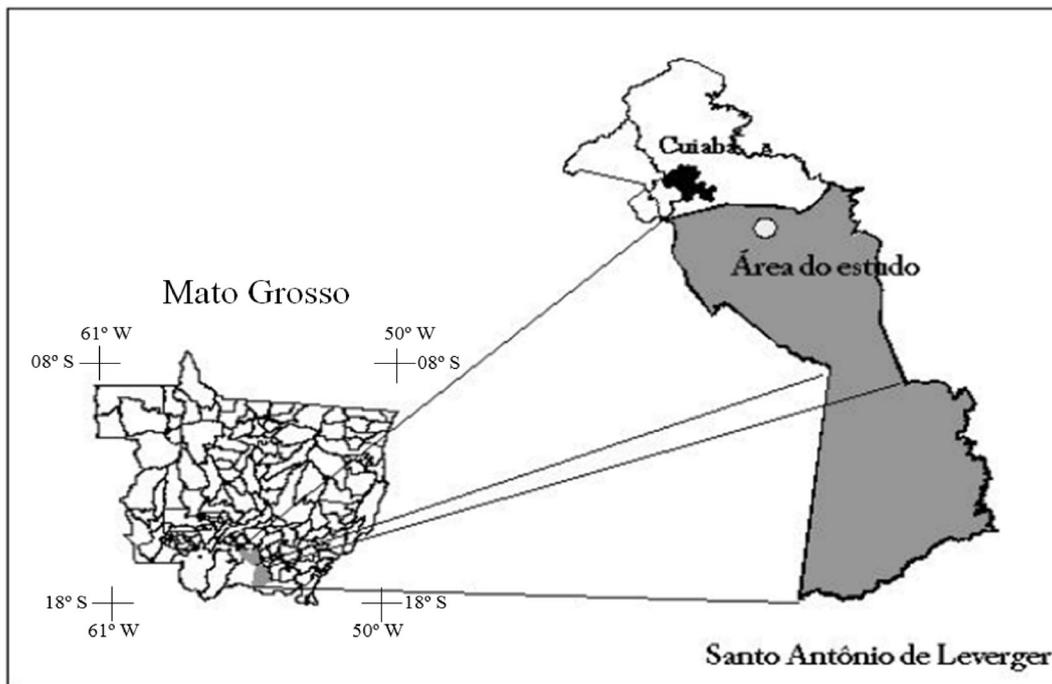
## Material e Métodos

### Localização e implantação do experimento

O material avaliado neste estudo é constituído de progênies de polinização aberta coletadas na Fazenda Experimental da Universidade Federal de Mato Grosso, no município de Santo Antônio do Leverger (MT), na região de abrangência do Pantanal.

O teste de progênies foi estabelecido no mesmo município, na localidade denominada Morro Grande, localizada nas coordenadas geográficas 15°47'11"S e 56°04'17"W, com temperatura média anual de 25,6 °C e 179 m de altitude. Segundo a classificação de Köppen, o clima é do tipo Aw (subtipo savana), tropical quente e subúmido, característico da baixada cuiabana (Figura 1).

Figura 1 - Localização do município onde se deu o estudo, Santo Antônio de Leverger, Mato Grosso



Fonte: Autores (2012).

Segundo Dantas (2009), o solo do local do experimento caracteriza-se por apresentar sedimentos de textura arenosa ou areno-argilosa tratando-se de áreas planas, com solos de moderada fertilidade natural.

O experimento foi implantado em março de 2009 e o delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso, com trinta tratamentos (progênies), seis repetições (blocos) e seis plantas por parcela, com espaçamento de 3 x 2 m, em linhas simples.

### **Avaliação inicial no campo**

Em média, foram realizadas duas visitas semanais ao experimento para manutenção, a qual incluiu tratamentos silviculturais como capina manual (coroamento). Além disso, efetuou-se a fiscalização de pragas e doenças, tomando-se providências preventivas quando necessárias.

Aos dois anos de idade, as progênies foram avaliadas quanto aos caracteres: altura total, diâmetro a altura da base e sobrevivência. A avaliação genética precoce permite correlacionar os parâmetros genéticos estimados com idades avançadas. Nesse caso, correlações altas proporcionam segurança na seleção precoce, reduzindo o tempo de avaliação ao longo do programa de melhoramento.

### **Modelo estatístico aplicado**

As variáveis foram analisadas utilizando-se a metodologia de modelo linear misto univariado aditivo do programa SELEGEN REML/BLUP apresentado por Resende (2002), consistindo do seguinte modelo:  $y = Xb + Za + Wc + e$ , em que:

1)  $\underline{y}$ ,  $\underline{b}$ ,  $\underline{a}$ ,  $\underline{c}$  e  $\underline{e}$ : vetores de dados, dos efeitos das médias de blocos (fixo), de efeitos genéticos aditivos (aleatório), de efeitos de parcela (aleatório) e de erros aleatórios, respectivamente.

2)  $\underline{X}$ ,  $\underline{Z}$  e  $\underline{W}$ : matrizes de incidência para  $\underline{b}$ ,  $\underline{a}$  e  $\underline{c}$ , respectivamente.

As distribuições e estruturas de médias e variâncias foram obtidas conforme Resende (2002).

$$\hat{h}_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2} =$$

herdabilidade individual no sentido restrito no bloco; (1)

$$\hat{h}_{mp}^2 = \frac{0,25\hat{\sigma}_a^2}{0,25\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2/b + \hat{\sigma}_e^2/(nb)} =$$

herdabilidade média de progênies no sentido restrito no bloco; (2)

$$\hat{c}^2 = \hat{\sigma}_c^2 / (\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2) =$$

correlação devida ao ambiente comum da parcela;

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

$\hat{\sigma}_c^2$  = variância entre parcelas;

$$CV_{gi} (\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_a^2}}{\bar{X}} \cdot 100 \quad (3)$$

$$CV_e (\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{\bar{X}} \cdot 100 \quad (4)$$

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

$CV_{gi}$  = coeficiente de variação genética individual;

$CV_e$  = coeficiente de variação experimental.

A acurácia seletiva foi obtida a partir da raiz quadrada da herdabilidade média de progênie.

A utilização da metodologia REML/BLUP, desenvolvida para o melhoramento de plantas perenes tem maximizado os ganhos genéticos com seleção (RESENDE, 2002; COSTA et al., 2005; MISSIO et al., 2005), por tratar-se de um procedimento estimativo, adequado a dados balanceados e desbalanceados, predizendo valores genéticos dos indivíduos em testes de progênies (RESENDE, 2006).

## Resultados e Discussão

Os resultados que se referem às estimativas dos parâmetros genéticos para os três caracteres avaliados (altura de planta, diâmetro do caule e sobrevivência) aos dois anos de idade, são apresentados na tabela 1. Conforme Falconer (1981), a herdabilidade é uma propriedade não somente de um caráter, mas também da população e das circunstâncias de ambientes às quais os indivíduos estão sujeitos.

As herdabilidades individuais no sentido restrito no bloco ( $\hat{h}_a^2$ ) apresentaram valores de baixas magnitudes para os caracteres avaliados. Esse parâmetro variou entre 0,0318 e 0,0348 para o caráter altura (cm), 0,0166 e 0,0252 para o caráter diâmetro (mm) e 0,0053 e 0,0126 para o caráter sobrevivência. Tais estimativas apresentam magnitudes comparáveis àquelas relatadas em literatura (RESENDE et al., 2000).

Tabela 1 - Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres altura (cm), diâmetro a altura da base (mm) e sobrevivência (%) em indivíduos de aroeira, no município de Santo Antônio de Leverger, Mato Grosso, Junho de 2011

Estimativas <sup>1</sup>	Altura	Diâmetro	Sobrevivência
$\hat{h}_a^2$	0,0318 ± 0,0348	0,0166± 0,0252	0,0053 ± 0,0126
$\hat{h}_{mp}^2$	0,087	0,0542	0,1389
$\hat{\sigma}_a^2$	107,539	2,9864	0,0009
$\hat{\sigma}_{parc}^2$	1337,853	77,5744	0,0075
$\hat{\sigma}_e^2$	1927,811	98,6939	0,1609
$\hat{\sigma}_f^2$	3373,204	179,2548	0,1694
Média geral	82,422	21,0474	0,7787
(CV <sub>g</sub> %)	12,581	8,2106	3,8623
Acurácia	0,3268	0,2328	0,3727

Fonte: Autores (2012).

Nota: <sup>1</sup> 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<sub>g</sub>%).

Segundo Resende (2002), valores de herdabilidades, quando menores que 0,15 podem ser considerados de baixa magnitude. O que condiz com resultados obtidos por Baleroni (2003) que, ao estudar duas populações da mesma espécie, uma com 9,5 e a outra com 10 anos de idade, encontrou valores de herdabilidades individuais de até 0,08 para a altura e 0,10 para o diâmetro.

As herdabilidades médias de progênies ( $\hat{h}_{mp}^2$ ) apresentaram valores de 0,087 para o caráter altura (cm), 0,0542 para o caráter diâmetro (mm) e 0,1389 para o caráter sobrevivência podendo ser considerados relativamente altos. São valores maiores que os apresentados pelas herdabilidades individuais no sentido restrito, o que é bastante comum e indica que a seleção pode ser efetiva, usando-se as informações tanto

de famílias, quanto dos indivíduos (COSTA et al., 2009; RESENDE, 2002)

Avaliando a seleção precoce aos dois anos de idade, verificou-se que esses resultados sugerem uma baixa variabilidade genética nas progênies de aroeira. Porém, mesmo assim, promovem ganhos genéticos nessa fase de desenvolvimento.

Os coeficientes de variação genética (CV<sub>g</sub>%), que expressam em porcentagem da média geral a quantidade de variação genética existente, encontrados foram, em ordem decrescente, de 12,581% para a altura (cm), 8,210% para diâmetro (mm) e 3,862% para a sobrevivência. Quanto maior a variação genética existente, maiores são as possibilidades de ganhos genéticos. Roa (2007) afirma que valores dessa magnitude podem ser considerados expressivos, e

indicam que há possibilidade de uso do material para o melhoramento genético e ganhos genéticos, mediante uso de métodos de seleção apropriados.

Quanto maior a variação genética existente, maiores são as possibilidades de ganhos genéticos ao longo do programa de melhoramento. Os valores encontrados revelam um possível uso desse material para

o melhoramento genético, podendo haver maior expressão da variação genética em avaliações posteriores ao decorrer das idades para os caracteres avaliados na população.

Na tabela 2, são apresentados os valores fenotípicos, genéticos aditivos, ganhos genéticos preditos e nova média da população, dos dez melhores indivíduos para o caráter altura.

Tabela 2 - Valores fenotípicos, genéticos aditivos, ganhos genéticos preditos e nova média da população, dos dez melhores indivíduos de aroeira para o caráter altura (cm), no município de Santo Antônio de Leverger, Mato Grosso, Junho de 2011

Blocos	Progênie	Árvore	Valores fenotípicos	Valores genéticos (u + a)	Ganho genético (cm)	Nova Média
4	17	102	360	92,9773	10,5552	92,9773
4	8	43	390	91,1669	9,6499	92,0721
3	17	98	273	91,0173	9,2983	91,7205
4	17	101	310	90,9695	9,1106	91,5328
4	8	46	375	90,5645	8,9169	91,3391
4	3	17	330	90,4574	8,7700	91,1921
4	21	124	326	90,4304	8,6611	91,0833
2	4	23	280	89,9137	8,5149	90,9371
1	17	99	197	89,8718	8,3966	90,8188
2	20	117	35	89,7233	8,2870	90,7092

Fonte: Autores (2012).

Observa-se que a progênie 17 se destacou das demais e se mostra mais promissora em relação aos valores genéticos. Os ganhos genéticos entre os dez melhores indivíduos variam de 8,2870 cm a 10,5552 cm, e elevam a média da população, após um ciclo de seleção, de 82,4220 cm para 92,9773 cm. Esses valores são consideráveis, tendo em vista a magnitude do caráter e a idade precoce de avaliação.

A tabela 3 contém os valores fenotípicos, genéticos aditivos, ganhos genéticos preditos e nova média da população,

dos dez melhores indivíduos para o caráter diâmetro.

Como pode ser observado, não houve grande diferença entre os valores estimados nos dez melhores indivíduos. Os ganhos genéticos variaram de 0,9598 mm a 1,5376 mm, e elevam a nova média da população, após um ciclo de seleção de 21,0474 mm para 22,5851 mm. Os referidos parâmetros, juntamente com os ganhos, sugerem boas possibilidades de progresso genético na sequência das avaliações em idades mais avançadas.

Tabela 3 - Valores fenotípicos, genéticos aditivos, ganhos genéticos preditos e nova média da população, dos dez melhores indivíduos de aroeira para o caráter diâmetro (mm), no município de Santo Antônio de Leverger, Mato Grosso, Junho de 2011

Blocos	Progênie	Árvore	Valores fenotípicos	Valores genéticos (u + a)	Ganho genético (mm)	Nova Média
4	8	43	102,7200	22,5851	1,5376	22,5851
4	17	102	80,6100	22,2128	1,3515	22,3989
2	4	23	62,7500	21,9575	1,2043	22,2518
1	30	176	71,6200	21,9558	1,1303	22,1778
2	7	39	63,7000	21,9446	1,0837	22,1312
6	8	45	54,5700	21,9096	1,0468	22,0942
4	18	103	56,0200	21,9070	1,0200	22,0675
2	20	11	74,9000	21,8851	0,9972	22,0447
1	8	7	51,0200	21,8664	0,9774	22,0249
2	21	48	51,9200	21,8486	0,9598	22,0072

Fonte: Autores (2012).

Para o caráter sobrevivência, os valores dos dez melhores indivíduos de aroeira para fenotípicos, genéticos aditivos, ganhos o caráter diâmetro (mm) avaliados estão genéticos preditos e nova média da população, expostos na tabela 4.

Tabela 4 - Valores fenotípicos, genéticos aditivos, ganhos genéticos preditos e nova média da população, dos dez melhores indivíduos de aroeira para o caráter sobrevivência (%), no município de Santo Antônio de Leverger, Mato Grosso, Junho de 2011

Blocos	Progênie	Árvore	Valores fenotípicos	Valores genéticos u+a	Ganho genético	Nova Média
3	22	128	10.000	0.7849	0.0062	0.7849
3	22	130	10.000	0.7849	0.0062	0.7849
3	22	131	10.000	0.7849	0.0062	0.7849
5	22	127	10.000	0.7849	0.0062	0.7849
5	22	128	10.000	0.7849	0.0062	0.7849
5	22	129	10.000	0.7849	0.0062	0.7849
5	22	130	10.000	0.7849	0.0062	0.7849
5	22	131	10.000	0.7849	0.0062	0.7849
5	22	132	10.000	0.7849	0.0062	0.7849
5	11	61	10.000	0.7849	0.0062	0.7849

Fonte: Autores (2012).

Analisando os valores estimados para o caráter sobrevivência, observou-se que a progênie 22 destaca-se das demais, como o melhor material para o caráter em estudo. Avaliações posteriores em idades mais avançadas poderão confirmar o desempenho dessa progênie para o efeito de seleção, visando maximizar o ganho genético. Os ganhos genéticos nos dez melhores indivíduos mantiveram-se em 0,0062 elevando a nova média da população de 0,7787 para 0,7849. As progênies 4, 8, 17, 20 e 21 estão presentes entre os dez melhores indivíduos com relação a mais de um caráter (altura e

diâmetro) e, assim, podem ser consideradas como as mais promissoras. Avaliações posteriores em idades mais avançadas poderão confirmar o desempenho desses materiais para efeito de seleção, visando maximizar o ganho genético. 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 genéticos preditos não são iguais aos valores genéticos verdadeiros dos indivíduos. A proximidade entre esses dois valores pode ser avaliada com base na estatística denominada acurácia (VAN VLECK et al., 1987). Qual é muito importante para apontar o grau de confiabilidade dos resultados obtidos na avaliação genética. Os valores encontrados de acurácia seletiva foram de 0,3268 para o caráter altura; 0,2328 para o diâmetro e 0,3727 para a sobrevivência.

## Conclusões

- Embora os ganhos genéticos não sejam elevados para a idade avaliada, as

estimativas indicam que existe potencial para ganho genético em progênies de aroeira em estágio precoce de desenvolvimento;

- A seleção precoce dos indivíduos e progênies poderá promover ganhos genéticos nessa fase inicial de desenvolvimento, o que estimula o acompanhamento das progênies em campo, com perspectivas de maximizar os ganhos genéticos nas próximas avaliações;

- Entre os dez melhores indivíduos selecionados para os caracteres avaliados, destacaram-se as matrizes 17 para o caráter altura, 8 para o diâmetro, 22 para a sobrevivência e 4, 8, 17, 20 e 21 em mais de um caráter avaliado. Portanto, salienta-se a importância de novas avaliações ao longo dos anos;

- A metodologia Selegen – REML/BLUP utilizada mostrou-se eficiente para a obtenção dos resultados da avaliação genética, portando recomenda-se a sua utilização para dados desbalanceados, maximizando os ganhos genéticos com seleção.

Agência de financiamento: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, CAPES.

## Referências

AGUIAR, A. V.; **Emprego de parâmetros moleculares e quantitativos na conservação e melhoramento de *Eugenia dysenterica***. 2004. 186 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Federal de Goiás, UFG, Goiânia, 2004.

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) - Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2003.

BLANK, A. F.; SOUZA, E. M.; PAULA, J. W. A.; ALVES, P. B. Comportamento fenotípico e genotípico de populações de manjerição. **Horticultura Brasileira**, v.28, n.3, p.305-310, 2010.

- BORRALHO, N. M. G.; COTERRILL, P. P.; KANOWISKI, P. J. Genetic control of growth of *Eucalyptus globulus* in Portugal. II Efficiencies of early selection. **Silvae Genética**, v.41, n.2, p.70-77, 1992.
- BOTREL, M. C. G.; SOUZA, A. M.; CARVALHO, D.; PINTO, S. I. C.; MOURA, C. O.; ESTOPA R. A. Caracterização genética de *Calophyllum brasiliense* Camb. em duas populações de mata ciliar. **Revista Árvore**, Viçosa, v.30, n.5, p.821-827, 2006.
- COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; CONTINI, A. Z.; REGO, F. L. H.; ROA, R. A. R.; MARTINS, W. J. Avaliação genética dentro de progênies de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.), na região de Caarapó, MS, pelo procedimento REML/BLUP. **Ciência Florestal**, v. 15, n. 4, p. 371-376, 2005.
- COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V. de.; ROA, R. A. R.; BUNGENSTAB, D. J.; MARTINS, W. J.; ROEL, A. R. Melhoramento genético de erva-mate nativa do estado de Mato Grosso do sul. **Bragantia**, Campinas, v.68, n.3, p.611-619, 2009.
- DANTAS, M. E.; SHINZATO, E.; SCISLEWSKI, G.; THOMÉ FILHO, J. J.; ROCHA, G. A.; CASTRO JUNIOR, P. R.; 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](http://www.cprm.gov.br/publique/media/SIG_CBG_resumo_exp.pdf)>. Acesso em: 10 abr. 2012.
- FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1981. 279p.
- FOSTER, G. S. Trends in genetic parameters with stand development and their influence in early selection for volume growth in loblolly pine. **Forest Science**, v.32, n.4, p.944-959, 1986.
- GRIBEL, R. Biologia reprodutiva de plantas amazônicas: importância para o uso, manejo e conservação dos recursos naturais. **Humanidades**, Brasília, n.48, p.110-114, 2001.
- 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-ESALQ, Piracicaba, 1983.
- KAGEYAMA, P. Y.; CUNHA, G. C.; BARRETO, K. D.; CAMARGO, F. R. A.; SEBBENN, A. M. Diversidade e autocorrelação genética espacial em populações de *Ocotea odorifera* (Lauraceae). **Scientia Florestalis**, Piracicaba, v.2, n.64, p.108-119, 2003.
- LAMBETH, C. C. Juvenile-mature correlations in Pinaceae and implications for early selection. **Forest Science**, v.26, n.4, p. 571- 580, 1980.
- MAGNUSSEN, S. Minimum age-to-age correlation in early selection. **Forest Science**, v.34, n.4, p.928-938, 1988.
- MARQUES JÚNIOR, O. G. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos e avaliação**

**da eficiência da seleção precoce em *Eucalyptus cloeziana* F. Muell.** 1995. 69 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1995.

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 kesya* progenies. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.5, n.4, p. 394-401, 2005.

MOURA, M. C. O. **Distribuição da variabilidade genética em populações naturais de *Eremanthus erythropappus* (DC) MacLeish por isoensimas e RAPD** – Lavras: UFLA, 2005. 165p.

PEREIRA, A. B.; MARQUES JÚNIOR, O. G.; RAMALHO, M. A. P.; ALTHOFF, P. Eficiência da seleção precoce em famílias de meios irmãos de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh, avaliadas na região noroeste do Estado de Minas Gerais. **Revista Ceres**, v.3, n.1, p.67-81, 1997.

PINTO, S. I. C.; SOUZA, A. M.; CARVALHO, D. Variabilidade genética por isoenzimas em populações de *Copaifera langsdorffi* Desf. em dois fragmentos de mata ciliar. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v.1, n.65, p.40-48, 2004.

RAJORA, O. M.; MOSSELER, A. Challenges and opportunities for conservation of forest genetic resources. **Euphytica**, Wageningen, v.118, n.2, p.197-212, 2001.

REZENDE, G. D. S. P.; BERTOLUCCI, F. L. G. Uso da seleção combinada na determinação da eficiência da seleção precoce em progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla*. In: CONGRESSO FLORESTAL PANAMERICANO - CONGRESSO FLORESTAL BRASILEIRO. 7., 1993, São Paulo. **Anais...** São Paulo: Sociedade Brasileira de Silvicultura / Sociedade Brasileira de Engenheiros Florestais, 1993. p.158-160.

REZENDE, 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**, v.1, n.1, p.45-50, 1994.

RESENDE, M. D. V. Melhoramento de essências florestais. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999.

RESENDE, M. D. V. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 101p. (Documentos, 47).

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

RESENDE, M. D. V. **O Software Selegen-REML/BLUP**. Campo Grande: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, 2006. (Documentos Embrapa).

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

ROA, R. A. R. **O Melhoramento genético da erva mate nativa em área indígena de Caarapó, MS: contribuição para a sustentabilidade dos Kaiowá e Guarani.** 2007. [S.I.]. Dissertação (Mestrado em Desenvolvimento Local) - Universidade Católica Dom Bosco, Campo Grande, 2007.

SANTOS, E. **Nossas madeiras.** Belo Horizonte: Itatiaia, 1987. 316p.

SEBBENN, A. M. Tamanho amostral para conservação “*ex situ*” de espécies arbóreas com sistema misto de reprodução. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v.15, n.2, p.147-162, 2003.

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**, Brasília, v. 37, n.11, p.1589-1596, 2002.

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