

Estimativas de parâmetros genéticos e a variabilidade em procedências e progênes de *Handroanthus vellosi*

Camila Moreira Batista¹, Miguel Luiz Menezes Freitas², Marcela Aparecida de Moraes¹, Antonio Carlos Scatena Zanatto², Pedro César dos Santos¹, Marcelo Zanata², Mario Luiz Teixeira de Moraes¹, Alexandre Magno Sebbenn²

¹Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Av. Brasil Centro, 56, CEP 15385-000, Ilha Solteira, SP, Brasil

²Instituto Florestal, Rua do Horto, 931, CEP 02377-000, São Paulo, SP, Brasil

*Autor correspondente:
miguelmfreitas@yahoo.com.br

Termos para indexação:
Conservação ex situ
Espécies arbóreas tropicais
Genética de populações
Genética quantitativa

Index terms:
Ex situ conservation
Tropical tree species
Population genetics
Quantitative genetics

Histórico do artigo:
Recebido em 17/01/2012
Aprovado em 27/08/2012
Publicado em 28/09/2012
doi: 10.4336/2012.pfb.32.71.269

Resumo - O presente estudo objetivou estimar parâmetros genéticos e a variabilidade entre e dentro de procedências, para caracteres silviculturais em um teste de procedências e progênes de *Handroanthus vellosi* (Toledo) Mattos estabelecido na Estação Experimental de Luiz Antônio (SP). O teste foi instalado no delineamento experimental de blocos de famílias compactas, com duas procedências (alocadas nas parcelas), seis repetições e sub-parcelas lineares de cinco plantas, totalizando 35 progênes. O ensaio foi mensurado para os caracteres diâmetro à altura do peito, altura de planta, volume cilíndrico, forma do fuste e sobrevivência aos 24 anos de idade. Diferenças significativas entre procedências foram observadas apenas para o caráter forma do fuste. Pela análise de deviance foram detectadas diferenças significativas para o efeito de progênes para análise conjunta das procedências (população experimental), sugerindo que esta tem alta variação genética e indicando possibilidade de melhoramento genético pela seleção das melhores progênes. A estimativa de herdabilidade em nível individual e média de progênes variaram de baixa a moderada (26% para DAP, 32% para altura, 24% para volume cilíndrico, 27% para forma do fuste e 46% para sobrevivência), confirmando a possibilidade de melhoramento genético por seleção e que as procedências tem potencial para responder à pressão de seleção natural.

Estimates of genetic parameters and variability in provenances and progeny of *Handroanthus vellosi*

Abstract - The present study aimed at estimating genetic parameters and variability among and within provenances for silvicultural traits of *Handroanthus vellosi* (Toledo) Mattos, in provenances and progenies test stands, located at the Luiz Antônio Experimental Station (São Paulo State, Brazil). The test was established in the compact family block design, with two provenances (allocated in the plots), six replicates and sub-linear plots of five plants, totalizing 35 progenies. Diameter at breast height (DBH), plant height, cylindrical volume, stem form and survival at 24 years of age were evaluated. Significant differences among the provenances were observed only to the trait stem form. The analysis of deviance showed significant differences among progenies for the joint analysis of the provenances (experimental population), suggesting that the population has high genetic variation and indicating the possibility of genetic improvement by selection of the best progenies. Heritability estimates in individual and family level ranged from low to moderate (26% for DBH, 32% for plant height, 24% for cylindrical volume, 27% for form and 36% for survival), confirming the possibility of genetic improvement by selection and that the provenances have potential to respond to the pressure of natural selection.

Introdução

As ações antrópicas têm levado à fragmentação de populações naturais de espécies florestais, gerando risco real de erosão genética e até mesmo de extinção de espécies, especialmente nos biomas tropicais (Pinto et al., 2004). Quando a floresta se torna fragmentada ocorre a diminuição no tamanho das populações e, conseqüentemente, na sua diversidade genética e no potencial adaptativo das populações arbóreas ali presentes, tornando-as, com este isolamento, significativamente mais vulneráveis a eventos ambientais, demográficos e genéticos.

A conservação dos recursos genéticos, mesmo para aquelas populações que apresentam alta taxa de variabilidade genética e estão fora da lista de espécies ameaçadas de extinção, é de suma importância para as futuras gerações, no que diz respeito ao melhoramento da espécie e ao aproveitamento de genes de interesse específico (Freitas et al., 2006). A aquisição de conhecimentos acerca dos parâmetros genéticos de uma determinada espécie nativa proporciona inúmeras contribuições para o aprimoramento de estratégias de conservação *in situ* e *ex situ*.

A espécie *Handroanthus vellosi* (Toledo) Mattos é utilizada de forma predatória, pois o seu uso em escala comercial é pequeno e suas sementes ainda são colhidas em populações naturais fragmentadas.

Portanto, medidas devem ser adotadas para a recuperação e regeneração de espécies ameaçadas e para sua reintrodução em seu habitat natural em condições adequadas, sendo estratégias para a conservação *ex situ*. Segundo Nass et al. (2001) a conservação *ex situ* é a manutenção de genes ou complexos de genes de indivíduos em condições artificiais, fora do seu habitat natural. Pode ser feita de diferentes formas, como coleções permanentes de pólen, sementes, culturas de tecidos ou coleções de plantas mantidas em campo, de acordo com as características da espécie e a disponibilidade de recursos materiais e humanos.

Para efetiva conservação genética de uma espécie, utiliza-se o conhecimento prévio de seu sistema de reprodução, estrutura e diversidade genética, no delineamento de estratégias para a recombinação, amostragem e uso do material genético remanescente. Deste modo, as informações podem ser obtidas por meio do uso de marcadores genéticos. No caso de espécies arbóreas, como forma de planejar o uso sustentável e a conservação *in situ*, programas de conservação enfatizam a determinação dos níveis de variabilidade genética mantidos dentro e entre populações naturais (Kageyama, 1987). Uma das viabilidades técnicas utilizadas para conservação, de

acordo com Nanson (1972), é a transformação de testes combinados de procedências e progênies em pomares de sementes por mudas. Esta transformação é um fator importante no melhoramento de plantas arbóreas, inclusive para as espécies consideradas não industriais, e de múltiplo uso (Haugerud & Collinson, 1990; Simons, 1992). A seleção dos indivíduos, nos testes de procedência, tem sido feita pelas características fenotípicas e em testes de progênies pela seleção individual.

O presente trabalho objetivou estimar parâmetros genéticos e a variabilidade entre e dentro de procedências de uma população de *H. vellosi*, com vistas à exploração em futuros programas de melhoramento genético e conservação *ex situ*.

Material e Métodos

A espécie *Handroanthus vellosi*, conhecido por ipê-amarelo, ipê-tabaco, cavatã, ipê-cascudo, ipê-preto, ipê-uma, pau-d'arco, ipê-amarelo-da-casca-lisa, ipê-comum, piúva e quiarapaíba, possui altura de 15-25 m, com tronco de 40-70 cm de diâmetro na fase adulta (Lorenzi, 1992). Ocorre nos estados de Minas Gerais, São Paulo, Mato Grosso do Sul, Goiás e Rio de Janeiro, principalmente na floresta pluvial. Possui madeira de alta densidade, resistente, de grande durabilidade mesmo em condições adversas, sendo muito utilizada para usos externos, confecção de artefatos torneados, bengalas, carrocerias, tonéis, etc. Também é considerada árvore símbolo do Brasil, por Decreto Federal, e de grande utilidade na ornamentação e no reflorestamento de áreas degradadas (Lorenzi, 1992; Carvalho, 1994). É ótima para o paisagismo em geral, sendo mais apropriada para arborização de parques e praças devido ao seu porte elevado.

Trata-se de uma planta decídua, heliófita ou esciófita, característica da floresta pluvial da mata atlântica e da floresta latifoliada semidecídua. O florescimento ocorre anualmente a partir do mês de julho, prolongando-se até meados de setembro com árvore totalmente despida de folhagem, apesar de produzir relativamente poucas sementes (Lorenzi, 1992; Carvalho, 1994).

Amostragem e delineamento experimental

Para este estudo, coletaram-se sementes de polinização aberta de 18 árvores matrizes de uma população de Bebedouro e 17 de Mogi Guaçu de *H. vellosi*. O experimento foi instalado no ano de 1986, na Estação Experimental de Luiz Antônio, SP, do Instituto Florestal de São Paulo, (21°40'S, 47°49'W e altitude de 550 m). O clima da estação experimental é tropical (Cwa), 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 (Ventura et al., 1965/66). O relevo do local é plano com inclinação em torno de 5% e solo do tipo Latossolo Roxo. O teste foi instalado no delineamento experimental de blocos de famílias compactas, com seis repetições, sendo que nas parcelas estão alocadas as procedências e nas sub-parcelas as progênes com cinco plantas, totalizando 35 progênes. O espaçamento utilizado foi de 3 x 3 m. Também foi adotada uma bordadura externa de duas linhas da mesma espécie. Os ensaios foram mensurados aos 24 anos de idade para os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP) (cm); altura da planta (m); volume cilíndrico (m³), conforme a fórmula: $VC = [\pi(DAP^2)/4]h$, sendo DAP: diâmetro à altura do peito (cm) e h : altura total de planta (m); sobrevivência (%) e, avaliada a forma do fuste, com notas: 1 – fuste muito tortuoso e bifurcado; 2 – fuste bifurcado e com tortuosidade acima da média; 3 – fuste com defeito bastante visível, sem bifurcação e com tortuosidade média; 4 – fuste com defeito pouco visível, sem bifurcação e com tortuosidade abaixo da média; 5 – fuste reto sem bifurcação, danos e doenças.

Análise estatística

As análises foram desenvolvidas no programa computacional genético-estatístico SELEGEN (Resende, 2007), utilizando o método de REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada). A análise de deviance para diferenciar os tratamentos foi realizada primeiramente pelo modelo 93, para análise individual das procedências, e posteriormente pelo modelo 5, para análise conjunta (população experimental). Os modelos estatísticos usados foram: modelo 93: $y = Xr + Za + Wp + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios); modelo 5: $y = Xr + Za + Wp + Ts + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), s é vetor dos efeitos de população ou procedência (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. Os parâmetros genéticos estimados foram:

σ_a^2 = variância genética aditiva

σ_{parc}^2 = variância ambiental entre parcelas

σ_{proc}^2 = variância genética entre populações ou procedências

σ_e^2 = variância residual

σ_f^2 = variância fenotípica individual

h_a^2 = herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos

h_{mp}^2 = herdabilidade da média de progênes

c_{parc}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas

c_{proc}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos de populações

CV_{gi} = coeficiente de variação genética aditiva individual.

CV_{gp} = coeficiente de variação genotípica entre progênes

CV_e = coeficiente de variação residual

A correlação genética entre DAP e altura foi calculada de acordo com a expressão:

$$\hat{r}_{g_{xy}} = \frac{\hat{\sigma}_{P_x P_y}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{P_x}^2 \hat{\sigma}_{P_y}^2}}$$

Em que r_{g_x} é o coeficiente de correlação genética; $\sigma_{P_x P_y}$ é o produtório genético entre progênes para os caracteres x e y ; $\sigma_{P_x}^2$ e $\sigma_{P_y}^2$ são as variâncias genéticas entre progênes/procedências dos caracteres x e y , respectivamente.

Resultados e discussão

Varição genética

O efeito de progênies foi significativo ($P \leq 0,01$) (Tabela 1) para os cinco caracteres silviculturais estudados da procedência de Bebedouro (12,43 para DAP; 20,56 para altura; 10,48 para volume cilíndrico e 33,06 para sobrevivência), com exceção da forma do fuste. Para a procedência de Mogi Guaçu ocorreu diferença significativa somente para forma do fuste (17,64) e para a análise conjunta, onde todos os caracteres foram significativos. O efeito de procedência foi altamente significativo apenas para forma do fuste (10,47), sugerindo que para este caráter há possibilidade de execução dos trabalhos com a variação genética para seleção entre procedências. Estes resultados destacam que a estratégia amostral foi efetiva para reter a variabilidade genética da população, além de indicar a possibilidade de manipulação da variação gênica pela seleção entre progênies das amostras avaliadas.

Tabela 1 .Análise de deviance (ANADEV) para os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP), altura de planta (AP), volume cilíndrico (VC), forma do fuste (FOR) e sobrevivência (SOB) de *Handroanthus vellosi* para cada procedência e para análise conjunta.

Caracteres	Efeitos	Bebedouro	Mogi Guaçu	Análise Conjunta
DAP (cm)	Progênies	12,43**	0 ^{ns}	10,77**
	Parcela	0,74 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,16 ^{ns}
	Procedência	-	-	0,03 ^{ns}
AP (m)	Progênies	20,56**	0,05 ^{ns}	14,02**
	Parcela	0,92 ^{ns}	0,05 ^{ns}	1,14 ^{ns}
	Procedência	-	-	1,31 ^{ns}
VC (m ³)	Progênies	10,48**	0,03 ^{ns}	10,27**
	Parcela	0,15 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,23 ^{ns}
	Procedência	-	-	0 ^{ns}
FOR	Progênies	2,09 ^{ns}	17,64**	18,46**
	Parcela	0,01 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,04 ^{ns}
	Procedência	-	-	10,47**
SOB (%)	Progênies	33,06**	3,52 ^{ns}	35,38**
	Parcela	-	-	1,09 ^{ns}
	Procedência	-	-	-

** : $P \leq 0,01$; ^{ns}: não significativo.

Estimativas de parâmetros genéticos

Os coeficientes de variação genética (CV_{gi} e CV_{sp}) foram moderados a altos (Tabela 2) para a procedência de Bebedouro, variando entre 19,6% (forma do fuste) e 78,8% (volume cilíndrico), baixos a moderadamente altos para a procedência de Mogi Guaçu, variando entre 1,9% (DAP) e 28,8% (forma do fuste), assim como para análise conjunta, variando entre 2,3% (altura de planta) e 51% (volume cilíndrico). Os resultados obtidos para estas populações de *H. vellosi*, segundo a análise conjunta, estão dentro do padrão de variação observado para outras espécies arbóreas estudadas por caracteres quantitativos, como *Araucaria angustifolia* (Sebbenn et al., 2003, 2004), *Balfoudendron riedelianum* (Sebbenn et al., 2007) e *Myracrodruon urundeuva* (Freitas et al., 2006).

Os valores do coeficiente de variação experimental (CV_e) foram considerados médios a altos para a procedência de Bebedouro, com valores variando entre 16,8% (altura) e 55,3% (volume cilíndrico), para a procedência de Mogi Guaçu, com valores variando entre 15,2% (altura) e 38,5% (volume cilíndrico) e análise conjunta, com valores variando entre 18,5% (altura) e 46,9% (volume cilíndrico). A magnitude do CV_e esta associada a precisão experimental e forma de mensuração dos caracteres. O volume cilíndrico em geral apresenta maiores valores de CV_e devido ao fato de ser um caráter estimado de outros dois caracteres, o DAP e a altura, acumulando os erros de mensuração destes dois. Por exemplo, Freitas et al. (2006) estudando progênies de polinização aberta de *Cordia trichotoma* aos 19 anos de idade, também na Estação Experimental de Luiz Antônio, observaram valores de CV_e baixo para altura total (10,1%), médio para DAP (20,8%) e alto para volume (37,6%). Sebbenn et al. (2003) estudando procedências de *Grevillea robusta* aos 11 anos de idade, na Estação Experimental de Avaré, observou valores de CV_e baixo para altura total (13,9%), médio para DAP (24,0%) e alto para volume cilíndrico (54,4%). Logo, os valores de CV_e estimados no presente trabalho estão dentro do padrão observado em outros estudos similares.

Segundo Resende (2002), o ideal para estimativas do coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (C^2_{parc}) são valores iguais ou inferiores a 10%. Em concordância, em todos os caracteres estudados, os valores foram menores que 10%. Observando os resultados para o coeficiente de determinação dos efeitos de parcela obtidos por Guerra et al. (2009), estudando

duas populações de *Myracrodruon urundeuva*, para o caráter altura, os autores obtiveram estimativas de 11,7% a 33,3%, que foi muito superior aos obtidos neste trabalho. Uma possível explicação para os maiores valores observados por Gerra et al. (2009) é o fato de que os testes de progênes de *Myracrodruon urundeuva*, não eram ensaios puros, mas sim, testes mistos (*Myracrodruon urundeuva* e *Trema micrantha*), o que pode ter reduzido a precisão experimental dentro das parcelas.

A estimativa da herdabilidade demonstra que o papel preditivo de expressar a confiança do valor fenotípico ou o grau de correspondência entre o valor fenotípico e genético (Falconer, 1987; Vencovsky & Barriga, 1992) no sentido restrito, proporciona o conhecimento sobre a magnitude relativa das variações genética e ambiental. As estimativas de herdabilidade foram altas, no sentido restrito e da média de progênes para todos os caracteres avaliados na procedência de Bebedouro, com exceção do caráter forma do fuste (0,13). Essa mesma avaliação realizada para as procedências de Mogi Guaçu demonstraram valores baixos em geral, com herdabilidade alta, no sentido restrito, apenas para o caráter forma do fuste (0,46). Na análise conjunta, as estimativas de herdabilidade foram medianas a altas, no sentido restrito, para todos os caracteres, DAP (0,26), altura (0,32), volume cilíndrico (0,24), forma (0,27) e sobrevivência (0,46), indicando que parte da variação fenotípica total e média entre progênes são de origem genética. Portanto, a variabilidade genética para os caracteres estudados, para as herdabilidades em destaque, com valores medianos a altos podem ser exploradas em programa de melhoramento genético para os caracteres em estudo e para conservação genética. Este resultado também indica que os caracteres têm potencial genético para responder à seleção natural, ou seja, a média das populações pode ser alterada pela seleção natural. Em geral, estimativas de herdabilidades individuais conduzem a moderadas magnitudes das herdabilidades em nível de médias de família (Resende, 2002). Falconer (1987) observou que 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. O valor da herdabilidade poderá ser afetado se houver alteração em qualquer

um dos componentes da variância. Assim, estes altos coeficientes de herdabilidade indicam expressivo controle genético sobre os caracteres avaliados. Com isso, é possível inferir que os caracteres estudados de *H. vellosi* podem ser utilizados para avaliação da variabilidade genética de populações amostradas da espécie, ressaltando que a procedência de Bebedouro tem maior potencial genético.

O incremento médio anual (IMA) estimado para os caracteres de crescimento em DAP e altura, estudados aos 24 anos de idade, para a procedência Bebedouro foram de 0,58 cm e 0,42 m, para a procedência Mogi Guaçu foram de 0,62 cm e 0,46 m, e para a análise conjunta foram de 0,60 cm e 0,44 m, respectivamente. Em relação às espécies arbóreas nativas, os valores são medianos aos observados por Freitas et al. (2007) em progênes de *Gallesia integrifolia*, aos 20 anos de idade (DAP = 1,09 cm e altura = 0,68 m) e em progênes de *M. urundeuva*, aos 17 anos de idade (DAP = 0,77 cm e altura = 0,68 cm), sendo que esses ensaios foram instalados na Estação Experimental de Luiz Antônio, com as mesmas condições climáticas e de solo. Esses resultados indicam que o material procedente de Bebedouro apresentou melhor desempenho para os caracteres de crescimento, mas que se trata de espécie de crescimento lento.

Por sua vez, o caráter forma do fuste apresentou desempenho médio muito semelhante para as duas procedências do ensaio. Considerando que a forma do fuste é medida com notas, que variam de 1 (pior) a 5 (melhor forma de fuste), a magnitude dos valores obtidos (>2), demonstra que ambas as populações apresentaram forma mediana para a exploração da madeira, ou seja, o tronco possui defeito bastante visível e tortuosidade média. Todavia, a sua exploração nesse caso seria mais apropriada para outra finalidade, como por exemplo, energia. Comparando-se os resultados com a literatura, observa-se que os dados obtidos nesses experimentos foram próximos aos obtidos por diversos autores com espécies nativas. Por exemplo, utilizando a mesma classificação de notas do presente estudo, Freitas et al. (2006) observaram valores abaixo da nota 3 para população de *Myracrodruon urundeuva* e Freitas et al. (2008) para duas populações de *Handroanthus heptaphyllus*, encontraram notas abaixo de 2.

Tabela 2 . Componentes de variância (REML) para os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP), altura de planta (AP), volume cilíndrico (VC), forma do fuste (FOR) e sobrevivência para procedência Bebedouro e Mogi Guaçu (modelo 93) e análise conjunta (modelo 5) de *Handroanthus vellosii*, aos 24 anos de idade, em Luiz Antônio, SP.

Análises	Caracteres	Componentes de variância										μ	IMA	
		σ_a^2	σ_{parc}^2	σ_e^2	σ_f^2	h_a^2	h_{mp}^2	C_{parc}^2	C_{proc}^2	CV_{gl}^2 (%)	CV_{gp}^2 (%)			CV_e^2 (%)
Bebedouro	DAP (cm)	27,18	2,16	24,59	53,93	0,50	0,79	0,04	-	37,4	18,7	24,0	13,9	0,58
	AP (m)	10,8	0,58	3,03	14,4	0,75	0,85	0,04	-	32,9	16,5	16,8	10,0	0,42
	VC (m ³)	0,04	0	0,06	0,09	0,40	0,75	0,02	-	78,8	39,4	55,3	0,3	0,01
	FOR	0,20	0,01	1,28	1,49	0,13	0,50	0,01	-	19,6	9,8	23,9	2,3	-
	SOB (%)	0,17	0,01	0,04	0,22	0,75	0,84	0,06	-	64,4	32,2	34,4	0,6	-
Mogi Guaçu	DAP (cm)	0,08	0,16	37,29	37,54	0	0,02	0	-	1,9	1,0	18,5	14,9	0,62
	AP (m)	0,15	0,16	13,09	13,39	0,01	0,07	0,01	-	3,5	1,8	15,2	11,0	0,46
	VC (m ³)	0	0	0,05	0,05	0,01	0,05	0,01	-	7,5	3,7	38,5	0,3	0,01
	FOR	0,68	0,01	0,79	1,48	0,46	0,79	0,01	-	28,8	14,4	18,2	2,9	-
	SOB (%)	0,03	0,01	0,15	0,19	0,15	0,49	0,06	-	22,7	11,3	28,3	0,7	-
Geral	DAP (cm)	11,62	0,61	33,08	45,78	0,26	-	0,01	0,01	4,5	2,3	22,7	14,5	0,60
	AP (m)	4,65	0,46	8,79	14,2	0,32	-	0,03	0,01	2,3	1,1	18,5	10,6	0,44
	VC (m ³)	0,02	0	0	0,06	0,24	-	0,02	0	51,0	25,5	46,9	0,3	0,01
	FOR	0,44	0,01	1,03	1,66	0,27	-	0,01	0,10	26,0	13,0	20,8	2,6	-
	SOB (%)	0,09	0,01	0	0,09	0,46	-	0,07	0,02	45,1	22,5	31,7	0,7	-

σ_a^2 = variância genética aditiva; σ_{parc}^2 = variância de parcela; σ_e^2 = variância residual; σ_f^2 = variância fenotípica individual; h_a^2 = herdabilidade individual no sentido restrito; h_{mp}^2 = herdabilidade média de progênie; C_{parc}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; C_{proc}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos de populações; CV_{gl}^2 = coeficiente de variação genética aditiva individual; CV_{gp}^2 = coeficiente de variação genotípica entre progênie; CV_e^2 = coeficiente de variação experimental; μ = média geral do experimento; IMA = incremento médio anual.

Correlação genética

As correlações foram estimadas apenas em nível do experimento, desconsiderando o efeito de procedências. A correlação genética foi positiva, altamente significativa entre os caracteres DAP e altura (0,91; $P < 0,01$), mostrando fortes efeitos pleiotrópicos entre estes caracteres ou efeito de ligação gênica entre os locos, controlando o desenvolvimento destes caracteres. Assim, a possibilidade de seleção em um caráter e a obtenção de ganhos indiretos em outro é relativamente alta, ou seja, DAP é um bom preditor do desempenho em altura. Em geral se observa em espécies arbóreas altas correlações genéticas entre DAP e altura, como verificado neste trabalho.

Conclusões

Existe variação genética entre procedências somente para o caráter forma do fuste e entre progênes dentro de procedências para todos os caracteres, sendo que a maior parte da variação genética detectada encontra-se distribuída entre progênes.

Em geral, as herdabilidades moderadas para os caracteres avaliados na análise conjunta indicam que a população tem potencial genético para responder à seleção natural, assim como para a conservação genética *ex situ* e utilidade para exploração em programas de melhoramento genético.

Agradecimentos

Os autores são gratos a Antenor Oliveira da Silva, Paulo Teodoro Ferreira e Jair Rodrigues, pelo apoio à mensuração do experimento. À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo pela concessão de Bolsa de mestrado (Processo 2010/01548-1). Os autores MAS e MLTM também agradecem ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq pela concessão da bolsa de Produtividade em Pesquisa e pelo Auxílio Pesquisa Processo 402026/2008-0.

Referências

- CARVALHO, P. E. R. **Espécies florestais brasileiras**: recomendações silviculturais, potencialidades e uso da madeira. Brasília, DF: EMBRAPA-CNPq/SPI, 1994. 640 p.
- FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1987. 279 p.
- FREITAS, M. L. M.; AUKAR, A. P. A.; SEBBENN, A. M.; MORAES, M. L. T.; LEMOS, E. G. M. Genetic variation in progenies of *Myracrodruon urundeuva* F.F. e M.F. Allemão in three cultivation systems. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 30, n. 3, p. 319-329, 2006a.
- FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M.; MORAES, E.; ZANATTO, A. C. S.; VERADI, C. K.; PINHEIRO, A. N. Parâmetros genéticos em progênes de polinização aberta de *Cordia trichotoma* (Vell.) ex Steud. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 18, p. 95-102, 2006b.
- FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAES, E. Formação de pomar de sementes a partir da seleção dentro de teste progênes de *Myracrodruon urundeuva*. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 19, n. 2, p. 65-72, 2007.
- FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAES, E.; MORAES, M. A. Variação genética para caracteres quantitativos em população de *Gallesia integrifolia* (Spreng.) Harms. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 20, n. 2, p. 165-173, 2008.
- FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAES, E.; HAYASHI, P. H.; MORAES, M. A. Variação e parâmetros genéticos em dois bancos de germoplasma de *Tabebuia heptaphylla* (Velloso) Toledo. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 20, n. 1, p. 13-22, 2008.
- GUERRA, C. R. S. B.; MORAES, M. L. T.; SILVA, C. L. S. P.; CANUTO, D. S. O.; ANDRADE, J. A. da C.; FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M. Estratégias de seleção dentro de progênes em duas populações de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 37, n. 81, p. 79-87, 2009.
- HAUGERUD, A.; COLLINSON, M. P. Plants genes and people: improving the relevance of plant breeding in Africa. **Experimental Agriculture**, Cambridge, v. 26, p. 341-362, 1990.
- KAGEYAMA, P. Y. Conservação “*in situ*” de recursos genéticos de plantas. **IPEF**, Piracicaba, n. 35, p. 7-37, 1987.
- LORENZI, H. **Árvores brasileiras**: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil. Nova Odessa: Plantarum, 1992. 352 p.
- NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARESINGLIS, M. C. (Ed.) **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001.
- NANSON, A. The provenance seedling seeds orchards. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 21, p. 243-249, 1972.

- PINTO, S. I. C.; SOUZA, A. M.; CARVALHO, D. Variabilidade genética por isoenzimas em populações de *Copaifera langsdorffii* Desf. em dois fragmentos de mata ciliar. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 1, n. 65, p. 40-48, 2004.
- RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 975 p.
- RESENDE, M. D. V. de. **Software SELEGEN - REML/BLUP**: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 360 p.
- SEBBENN, A. M.; AOKI, H.; MORAES, M. L. T. Variação genética e seleção em teste de procedências de *Grevillea robusta* A. Cunn.. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 15, n. 1, p. 1-8, 2003a.
- SEBBENN, A. M.; PONTINHA, A. A. S.; GIANOTTI, E.; KAGEYAMA, P. Y. Genetic variation in provenance-progeny test of *Araucaria angustifolia* in São Paulo state, Brazil. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 52, p. 181-184, 2003b.
- SEBBENN, A. M.; PONTINHA, A. A. S.; FREITAS, S. A.; FREITAS, J. A. Variação genética em cinco procedências de *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Ktze. no sul do Estado de São Paulo. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 16, n. 2, p. 91-99, 2004.
- SEBBENN, A. M.; FREITAS, M. L. M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAES, E.; MORAES, M. A. Conservação *ex situ* e pomar de sementes em banco de germoplasma de *Balfourodendron riedelianum*. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 19, n. 2, p. 101-112, 2007.
- SIMONS, A. J. Genetic improvement of non-industrial trees. **Agroforestry Systems**, Dordrecht, v. 8, p. 197-212, 1992.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.
- VENTURA, A.; BERENGUT, G.; VICTOR, M. A. M. Características edafo-climáticas das dependências do Serviço Florestal do Estado de São Paulo, **Silvicultura**, São Paulo, v. 4, p. 57-140, 1965/66.