

## POMAR DE SEMENTES POR MUDAS A PARTIR DA SELEÇÃO DENTRO EM TESTE DE PROGÊNIES DE *Myracrodruon urundeuva* Fr. Ail.\*

Miguel Luiz Menezes FREITAS\*\*  
Alexandre Magno SEBBENN\*\*  
Antonio Carlos Scatena ZANATTO\*\*  
Eurípedes MORAES\*\*

### RESUMO

A conservação genética de espécies arbóreas é fundamental para que as futuras gerações possam usufruir os recursos fornecidos atualmente por estas espécies. Contudo, a manutenção de populações em bancos de germoplasma *ex situ* não garante por si só a conservação dessas espécies. Uma estratégia possível é a transformação de bancos de germoplasma em pomares de sementes. Assim, neste trabalho, estimaram-se parâmetros genéticos em um teste de progênies de *Myracrodruon urundeuva*, e propôs-se um plano de seleção dentro de progênies, objetivando transformar o teste de progênies em um pomar de sementes. O teste de progênies foi instalado em maio de 1988, na Estação Experimental de Luiz Antônio, do Instituto Florestal de São Paulo, utilizando-se 28 progênies de polinização aberta, seis repetições, e parcelas de cinco plantas. O ensaio foi avaliado em junho de 2005, 17 anos após o seu plantio, para os caracteres altura total, DAP, forma do tronco, volume cilíndrico e sobrevivência. Pela análise de variância detectaram-se diferenças significativas entre progênies. Os coeficientes de variação genética foram relativamente altos para os caracteres DAP (6,3%) e volume (12,9%), e baixo para forma do tronco (1,4%). Os coeficientes de herdabilidade em nível de plantas individuais e dentro de progênies variaram de baixos a moderados (0,02 a 0,15), indicando que há possibilidade de melhoramento genético pela seleção massal no ensaio e dentro de progênies. O coeficiente de herdabilidade em nível de média de progênies variou de baixo a alto (0,20 a 0,52), o que indica bom controle genético dos caracteres, alto potencial evolutivo para seleção natural e a possibilidade de ganhos com a seleção entre as melhores progênies. De acordo com a estimativa do número *status*, o proposto pomar de sementes pode produzir sementes com ampla variabilidade genética e baixa endogamia.

Palavras-chave: melhoramento florestal; conservação genética; variabilidade genética; número *status*; parâmetros genéticos; aroeira.

### ABSTRACT

The genetic conservation of tree species is essential for that the future generations can usufruct the resources given by these species in present days. However, *ex situ* germoplasm collections do not guarantee the species genetic conservation. One strategy is transforming the germoplasm banks in seed-orchards. Thus, in this study, genetic parameters were estimated in a progeny test of *Myracrodruon urundeuva* and a scheme based on the selection within progenies was proposed aiming to use the progeny test as a seed-orchard. The progeny test was implanted in May 1988, at the Luiz Antônio Experimental Station, of the São Paulo Forestry Institute, using 28 open-pollinated progenies, six repetition and five plants per plot. Trees were evaluated for DBH, height, stem form, cylindrical volume and survival in July 2005, 17 years after planting. Significant difference among progenies for DBH was detected by variance analysis. The coefficient of genetic variation was relatively high for DBH (6.3%) and cylindrical volume (12.9%) and low for stem form (1.4%). The coefficients of heritabilities at plant level and within progenies ranged from low to moderate (0.02 to 0.15), indicating low possibility of tree breeding throughout massal selection within progeny. The coefficient of heritability at progeny level was substantial (ranged between the traits from 0.20 to 0.52), indicating a good genetic control of the traits, high evolutionary potential for natural selection and the possibility of genetic gains with the selection among the best progenies. According to estimative of *status* number, the proposed seed-orchard can produce seeds with wide genetic variability and low inbreeding.

Key words: tree breeding; genetic conservation; genetic variability; *status* number; genetic parameters; aroeira.

(\*) Aceito para a publicação em agosto de 2007.

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

## 1 INTRODUÇÃO

O Brasil é um dos países mais ricos em recursos naturais no planeta e é considerado megadiverso. Sua flora é marcada por grande diversidade de espécies arbóreas, que constituem importante fonte de recursos genéticos, e, se bem utilizadas, podem trazer benefícios socioeconômicos para o país. Porém, o bem maior, que é o benefício ambiental, vem diminuindo com a intensa exploração dessas riquezas naturais. A utilização das espécies ocorre em nível regional, em que a população tipicamente extrativista explora os produtos que cada espécie pode gerar (Ribeiro *et al.*, 1994).

Dentre as muitas espécies arbóreas de ocorrência nas florestas da região Sudeste brasileira, que vêm sofrendo interferência antrópica, destaca-se *Myracrodruon urundeuva* (aroeira preta). A espécie é encontrada do Estado do Ceará ao Paraná e em toda a região Centro-Oeste (Rizzini, 1971; Lorenzi, 1992). A espécie também ocorre na Bolívia, Paraguai e Argentina, sendo, contudo, o Brasil o centro de origem (Nogueira *et al.*, 1983; Santin & Leitão Filho, 1991). *M. urundeuva* é uma espécie dióica, polinizada por insetos, decídua, heliófita, seletiva xerófila, característica de terrenos secos e rochosos, ocorrendo em agrupamentos densos, tanto em formações abertas e muito secas, de solos pedregosos, como em formações muito úmidas e fechadas, da Caatinga à Floresta Pluvial Tropical, passando por formações do Cerrado (Lorenzi, 1992; Santin & Leitão Filho, 1991). Apresenta potencial de uso econômico no paisagismo, na extração de tanino, como medicinal e madeireira (Santin & Leitão Filho, 1991).

O estudo da variação genética dentro de populações, por meio da análise de caracteres quantitativos em testes de progênies, é de grande importância, uma vez que permite determinar a proporção da variação genética adaptativa que pode responder a alterações ambientais ou pode ser explorada em programas de melhoramento florestal. Por exemplo, em temas de conservação genética, um elevado coeficiente de herdabilidade para um caráter adaptativo indica que este tem alto controle genético e que a população tem variação genética suficiente para responder à seleção natural imposta pelo ambiente (Hamrick, 2004), ou ainda, em termos de melhoramento florestal, para ser explorada pela seleção artificial.

Assim, a estimativa de parâmetros genéticos como coeficientes de variação genética e herdabilidade é fundamental para conhecer o potencial evolutivo de uma população, tanto para a conservação como para o melhoramento genético.

O presente estudo teve como finalidade estimar parâmetros genéticos para os principais caracteres poligênicos silviculturais em um teste de progênies de *Myracrodruon urundeuva*. O teste foi implantado com o principal objetivo de conservação *ex situ* dos recursos genéticos de uma população da espécie. Assim, mais especificamente, procurou-se: *i*) avaliar a distribuição da variação genética entre e dentro de progênies; *ii*) quantificar o potencial evolutivo da população a partir de caracteres quantitativos; *iii*) selecionar genótipos para comporem um pomar de sementes por mudas, e *iv*) quantificar o número *status* da população atual e após a seleção dentro de progênies.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1 Material Genético

Em 1987, sementes resultantes de polinização aberta foram coletadas de 28 árvores matrizes de *Myracrodruon urundeuva*, espaçadas por pelo menos 100 m entre si, em uma população natural localizada em Selvíria, MS, ao redor das coordenadas 20° 19' S e 51° 26' W. Na coleta das sementes a identidade das progênies foi preservada, posteriormente foram semeadas em sacos de polietileno e transplantadas para o campo em 1988.

### 2.2 Local de Experimentação e Delineamento Experimental

O teste de progênies foi instalado na Estação Experimental de Luiz Antonio-SP, do Instituto Florestal de São Paulo, localizada nas coordenadas 21° 40' S, 47° 49' W, em altitude de 550 m, com clima tropical (Cwa, segundo classificação de Köppen), 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 1280 mm (Ventura *et al.*, 1965/1966). O relevo do local é plano com inclinação em torno de 5% e solo do tipo Latossolo Roxo (Ventura *et al.*, 1965/1966). O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados, com 6 repetições, 28 progênies (tratamentos) e 5 plantas por parcela, obedecendo ao espaçamento 3,0 x 3,0 m. Adotou-se uma bordadura de duas linhas da mesma espécie.

O ensaio foi mensurado aos 17 anos de idade para o diâmetro à altura do peito (DAP), altura total ( $h$ ), forma do tronco (variando de 1 – tronco muito tortuoso e bifurcado a 5 – tronco reto sem bifurcação, danos e doenças), volume e sobrevivência. Os valores da forma do tronco e sobrevivência 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  $DAP$ : diâmetro à altura do peito (cm) e  $h$ : altura total da planta (m).

### 2.3 Análise de Variância e Estimativa de Componentes de Variância

Análises de variância foram realizadas para verificar se existiam diferenças estatisticamente significativas entre as progênies para os caracteres avaliados, através do procedimento GLM, do programa SAS (SAS, 1999). Para a estimativa de componentes de variância, utilizou-se o procedimento VARCOMP, associado ao método REML (*Restricted Maximun Likelihood*), do programa estatístico SAS (SAS, 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 parcela. Para as análises 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 foram assumidos como aleatórios, sendo que  $K$  é o número de árvores por progênie,  $J$  é o número de blocos,  $I$  é o número de progênies e  $\bar{K}$  é a média harmônica do número de árvores por parcela. O esquema da análise de variância para um modelo balanceado é apresentado na TABELA 1.

TABELA 1 – Esquema da análise de variância para cada caráter em nível de plantas individuais para um delineamento balanceado de blocos ao acaso.

FV	GL	QM	E(QM)
Blocos	$J-1$	$QM_{\text{blocos}}$	–
Progênies	$I-1$	$QM_{\text{progênies}}$	$\sigma_d^2 + \bar{K} \sigma_e^2 + J \bar{K} \sigma_p^2$
Resíduo	$(J-1)(I-1)$	$QM_{\text{resíduo}}$	$\sigma_d^2 + \bar{K} \sigma_e^2$
Dentro de progênies	$J I \sum_{i=1}^p (\bar{K} - 1)$	$QM_{\text{dentro}}$	$\sigma_d^2$

Em que:  $J$  = número de blocos;  $I$  = número de progênies;  $\bar{K}$  = média harmônica do número de plantas por parcela;  $p$  = é o número de parcelas.

Foram estimados os seguintes componentes de variância:  $\hat{\sigma}_p^2$  = variância genética entre progênies;  $\hat{\sigma}_e^2$  = variância devida à interação entre progênies e repetições (variância ambiental);  $\hat{\sigma}_d^2$  = variância fenotípica dentro de progênies;  $\hat{\sigma}_F^2$  = variância fenotípica total;  $\hat{\sigma}_A^2$  = 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 estimada com base na expressão:

$\hat{\sigma}_A^2 = \hat{\sigma}_p^2 / \hat{r}_{xy}$ , sendo  $\hat{r}_{xy}$  a estimativa do coeficiente de parentesco ou covariância genética aditiva entre plantas dentro de progênies, devido ao fato de que prévio estudo do sistema de reprodução em populações da espécie. Moraes *et al.* (2004) detectaram forte desvio da hipótese de cruzamentos aleatórios e que grande parte das progênies eram parentes no grau de irmãos completos. Os autores estimaram que o coeficiente médio de parentesco dentro de progênies era de 0,342.

## 2.4 Estimativa de Herdabilidades e Coeficiente de Variação Genética

As definições e cálculos dos coeficientes de herdabilidade, coeficiente de variação genética e ganhos na seleção seguem Namkoong (1979).

*Herdabilidade em nível de plantas individuais ( $h_i^2$ ):*

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

*Herdabilidade entre progênies ( $h_m^2$ ):*

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

*Herdabilidade dentro de progênies ( $h_d^2$ ):*

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

*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.

## 2.5 Resposta à Seleção

Como esse teste de progênies foi implantado com o intuito de conservar a presente população *ex situ*, este trabalho propõe um método de seleção que preserve a variação genética entre progênies, mas explore a variação dentro de progênies e permita a transformação do ensaio em um pomar de sementes por mudas. Visto que apenas uma árvore de cada parcela será selecionada para compor a população de recombinação, a resposta esperada na seleção dentro de progênies foi estimada para a intensidade de seleção de 20% das árvores dentro das progênies ( $id = 1,2711$ ).

Ressalta-se que, como a espécie é dióica e os sexos ocorrem em plantas separadas, e o ensaio é composto por seis blocos, serão selecionadas três plantas masculinas e três plantas femininas de cada progênie, a fim de maximizar o tamanho efetivo populacional. A resposta à seleção dentro de progênies foi calculada pela expressão:

$$\hat{R}_{ed} = i\hat{\sigma}_d\hat{h}_d^2.$$

A resposta à seleção em porcentagem [ $R_{ed}(\%)$ ] foi estimada por:

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

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

## 2.6 Coancestria de Grupo, Número *Status*

Adicionalmente, para conhecer a representatividade genética da população, estimou-se o número *status* antes e após a seleção. O número *status* refere-se ao número de indivíduos de uma população de cruzamentos aleatórios, sem endogamia e parentesco, que a população em análise representa (Lindgren *et al.*, 1996). Essa estimativa foi realizada com base na expressão proposta por Lindgren *et al.* (1996):  $\hat{N}_s = 0,5 / \hat{\Theta}_{xy}$ , em que  $\Theta_{xy}$  é o coeficiente de coancestria do grupo e foi estimado utilizando-se a expressão:

$$\hat{\Theta}_{xy} = \frac{[mn0,5(1+F) + \hat{\theta}_{xy}mn(n-1)]}{(mn)^2},$$

em que,  $F$  é o coeficiente de endogamia na população parental (assumido como zero),  $\theta_{xy}$  é o coeficiente médio de coancestria dentro das progênies,  $m$  é o número de progênies e  $n$  é o número de plantas por progênie. Como um prévio estudo, Moraes *et al.* (2004) indicaram que progênies de polinização da espécie são compostas por misturas de meios-irmãos e irmãos-completos. Assim, assumiu-se o coeficiente de coancestria médio dentro de progênies de 0,171.

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.1 Experimentação e Variação entre Progênies

As análises de variância revelaram valores significativos a 1% de probabilidade pelo teste *F*, para o efeito de blocos, para todos os caracteres avaliados (TABELA 2). Esse resultado indica que o delineamento experimental adotado foi adequado para controlar o ambiente. Para o efeito de progênies, apenas o caráter DAP apresentou diferenças significativas entre progênies,

o que indica a possibilidade de ganhos genéticos efetivos em diâmetro, pela seleção das melhores progênies.

O caráter sobrevivência não apresentou variação significativa entre progênies, demonstrando que a mortalidade foi homogênea entre as progênies e aparentemente não está associada a uma origem materna. A taxa de sobrevivência aos 17 anos foi de 74%, valor este que pode ser considerado alto e indicativo da adaptação da população às condições ambientais da região de Luiz Antônio, SP.

TABELA 2 – Análise de variância (graus de liberdade e quadrados médios) para os caracteres DAP, altura, forma do tronco (Forma) e volume cilíndrico por árvore, em progênies de *M. urundeuva* aos 17 anos de idade, em Luiz Antônio, SP.

Fonte de variação	GL	DAP (cm)	Altura (m)	Forma	Volume (m <sup>3</sup> )	Sobrevivência
Blocos	5	112,274**	161,5961**	1,2764**	0,0018**	0,0792**
Progênies	27	27,749*	14,8835	0,0560	0,0004	0,0205
Resíduo	122	17,4017	17,7578	0,0446	0,0003	0,0220
Dentro	469	10,5713	3,8948	0,0405	0,0001	–
Média		13,09	11,51	1,40	0,0186	74%
IMA		0,77	0,68	–	0,0010	–

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

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

IMA = incremento médio anual.

#### 3.2 Taxa de Crescimento

Comparando-se o incremento médio anual - IMA em altura das árvores de *Myracrodruon urundeuva* com o observado em outros ensaios realizados com a mesma espécie (Freitas *et al.*, 2006; Baleroni *et al.*, 2003; Sebbenn & Etori, 2001; Moraes *et al.*, 1992), constata-se que com o avanço da idade, os testes apresentam uma diminuição do incremento médio. Esse menor crescimento pode ter sido causado por diferenças ambientais e por diferenças na idade das plantas. Em relação a diferenças na idade, em geral, árvores cultivadas crescem mais rapidamente nos primeiros anos, sendo que o IMA vai se reduzindo com o desenvolvimento da árvore. Alguns estudos com *M. urundeuva*, como os desenvolvidos por Baleroni *et al.* (2003),

que implantaram testes de progênies procedentes de Selvíria-MS (0,49 a 0,69 m de IMA), Aramina-SP (0,53 a 0,56 m de IMA) e Bauru-SP (0,61 a 0,67 m de IMA) resultaram, de maneira geral, em incrementos médios anuais em altura total da planta mais baixos que os obtidos neste ensaio, porém, resultados superiores foram evidenciados por Sebbenn & Etori (2001) em estudo de teste de progênie oriundo de Iacanga-SP aos oito anos (0,90 m), Moraes *et al.* (1992) com os testes de progênies oriundos de Selvíria e Bauru, que foram precursores dos trabalhos acima mencionados, avaliados aos quatro anos de idade, com incrementos médios anuais em altura total da planta de 0,92 e 0,97 m, respectivamente, assim como o trabalho de Freitas *et al.* (2006) em plantio puro em Selvíria-MS, aos 4 anos de idade, com 1,08 m.

### 3.3 Estimativa de Parâmetros Genéticos

O caráter altura de plantas apresentou variação genética nula entre progênies devido à presença de correlação intraclasse, portanto não foi possível estimar parâmetros genéticos.

Detectou-se maior variação dentro de progênies ( $\sigma_d^2$ , TABELA 3). Essa variação, que é de origem fenotípica, contém um componente genético aditivo, um dominante e um ambiental. Isso explica a maior magnitude desse componente de variação. A seleção dentro de progênies explorará a parte da variação genética aditiva, que é a única parte que será transmitida para a descendência.

O coeficiente de variação genética ( $CV_g$ ) foi alto para volume (12,9%), seguido pelo detectado em DAP (6,3%), e baixo para forma (1,4%). Esses resultados indicam a possibilidade de progressos genéticos com a seleção entre progênies, em especial para os caracteres volume cilíndrico e DAP.

Em geral, as estimativas dos coeficientes de herdabilidade em nível de plantas individuais e dentro de progênies (TABELA 3) variaram entre baixa e moderadas magnitudes (variando entre 0,02 e 0,15), porém, foram baixas principalmente para o caráter forma do tronco.

Esse resultado sugere um baixo controle genético dos caracteres e a pequena possibilidade de se obterem progressos genéticos por meio de seleção. Porém, o coeficiente de herdabilidade entre médias de progênies variou de mediano (0,20) a relativamente alto (0,52), o que sugere um substancial controle genético nos caracteres e, conseqüentemente, a possibilidade de ganhos genéticos com a seleção das melhores progênies. A população conservada *ex situ* apresenta potencial evolutivo para responder à pressão de seleção natural decorrente de mudanças ambientais. A magnitude desse coeficiente de herdabilidade também indica que maiores ganhos poderiam ser obtidos pela seleção baseada em DAP e volume cilíndrico. Entretanto, como já mencionado, o objetivo deste teste de progênies foi a conservação *ex situ* e não o melhoramento em si. Assim, o esquema de seleção proposto visa apenas explorar a variação fenotípica presente dentro de progênies, a eliminação do parentesco dentro das parcelas e a produção de sementes com ampla variabilidade genética para fins de reflorestamentos ambientais. Os ganhos genéticos estimados para esse esquema podem variar de baixo (0,33% para forma do tronco) a moderado (6,5% para volume), em plantios com a espécie aos 17 anos de idade, em locais com condições ambientais similares às apresentadas na Estação Experimental de Luiz Antônio.

TABELA 3 – Estimativa de parâmetros genéticos para os caracteres DAP, altura, forma do tronco (Forma) e volume cilíndrico por árvore, em progênies de *M. urundeuva*, aos 17 anos de idade, em Luiz Antônio, SP.

Parâmetros	DAP (cm)	Altura (m)	Forma	Volume (m <sup>3</sup> )
Variância entre progênies – $\sigma_p^2$	0,6872	–	0,0004	0,0000
Variância ambiental – $\sigma_e^2$	1,7087	3,5508	0,0012	0,0000
Variância fenotípica dentro – $\sigma_d^2$	10,5943	3,9361	0,0404	0,0001
Coeficiente de variação genética – $CV_g$ (%)	6,33	–	1,40	12,95
Herdabilidade individual – $h_i^2$	0,15	–	0,03	0,10
Herdabilidade entre progênies – $h_m^2$	0,52	–	0,20	0,37
Herdabilidade dentro de progênies – $h_d^2$	0,12	–	0,02	0,08
Resposta à seleção dentro de progênies – $R_d$	0,52	–	0,00	0,00
Resposta total à seleção – $R_{ed}$ (%)	3,94	–	0,33	6,56

### 3.4 Pomar de Sementes por Mudanças

Os resultados sugerem que o número *status* retido no teste de progênes é de aproximadamente 77, ou seja, as 28 progênes, compostas cada uma por aproximadamente 30 descendentes (~ 840 indivíduos), representam 77 árvores de uma população da espécie em que não existe parentesco nem endogamia. O esquema de seleção proposto, de manter uma árvore por parcela, isto é, cinco árvores por progênie, reduziu o número *status* para 62. Ou seja, as 168 árvores (20% de 840), remanescentes do desbaste seletivo, representam 62 árvores não endogâmicas e não aparentadas de uma população. Ressalta-se que, embora a seleção tenha reduzido o número *status* em aproximadamente 19% [ $1 - (62/77)$ ] e, portanto, também seu potencial evolutivo, este número aumentou a relação entre o número censo ( $n$ ) e o número *status*,  $N_s$  ( $N_s/n$ ) passou de 0,092 (77/~ 840 plantas) antes da seleção para 0,369 (62/168) após a seleção. Isso significa que, embora a população tenha sido reduzida, seu parentesco interno também foi reduzido. Logo, pode-se esperar menor endogamia nas sementes coletadas na população selecionada.

## 4 CONCLUSÕES

- I - Existe variação genética entre progênes para o caráter diâmetro à altura do peito;
- II - O material genético testado, de acordo com os coeficientes de herdabilidade, tem alto potencial evolutivo e utilidade para exploração em programas de melhoramento genético, e
- III - O esquema de seleção proposto no teste de progênes, baseado na seleção da melhor planta de cada parcela, com intuito de transformar o ensaio em um pomar de sementes por mudas, poderá produzir sementes com ampla variabilidade genética e baixa endogamia.

## 5 AGRADECIMENTO

O autor Alexandre Magno Sebbenn 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.
- FREITAS, M. L. M. *et al.* Variação genética em progênes de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. em diferentes sistemas de cultivo. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 30, n. 3, p. 319-329, 2006.
- HAMRICK, J. L. Response of forest trees to global environmental changes. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 197, p. 323-335, 2004.
- LINDGREN, D.; GEA, L.; JEFFERSON, P. Loss of genetic diversity by status number. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 45, p. 52-59, 1996.
- LORENZI, H. **Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil**. 3. ed. Nova Odessa: Plantarum, 1992. p. 74.
- MORAES, M. L. T.; KAGEYAMA, P. Y.; SEBBENN, A. M. Correlated matings in dioicous tropical tree, *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. **Forest Genetics**, Zvolen, v. 11, n. 1, p. 53-59, 2004.
- MORAES, M. L. T. *et al.* Variação genética em duas populações de aroeira (*Astronium urundeuva* – (Fr. All.) Engl.-Anacardiaceae). In: CONGRESSO NACIONAL SOBRE ESSÊNCIAS NATIVAS, 2., 1992, São Paulo. **Anais...** São Paulo: UNIPRESS, 1992. p. 1241-1245. (**Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 4, n. único, pt. 4, Edição especial).
- NAMKOONG, G. **Introduction to quantitative genetics in forestry**. Washington, D.C.: Forest Service, 1979. 342 p. (Technical Bulletin, 1588).
- NOGUEIRA, J. C. B. *et al.* Conservação genética de essências nativas através de ensaios de progênie e procedência. In: CONGRESSO FLORESTAL BRASILEIRO, 4., 1982, Belo Horizonte. **Anais...** São Paulo: Sociedade Brasileira de Silvicultura, 1982. p. 391-397. (**Silvicultura**, São Paulo, v. 8, 1983).
- RIBEIRO, J. F. *et al.* Espécies arbóreas de usos múltiplos na região do cerrado. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE SISTEMAS AGROFLORESTAIS, 1994, Porto Velho. **Anais...** Porto Velho: EMBRAPA-CNPq/CPAF, 1994. v. 1, p.335-356.

FREITAS, M. L. M. *et al.* Pomar de sementes por mudas a partir da seleção dentro em teste de progênies de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All.

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

S.A.S. INSTITUTE INC. **SAS procedures guide**. Version 8 (TSMO). Cary, 1999. 454 p.

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

SEBBENN, A. M.; ETTORI, L. de C. Conservação genética *ex situ* de *Esenbeckia leiocarpa*, *Myracrodruon urundeuva* e *Peltophorum dubium* em teste de progênies misto. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 13, n. 2, p. 201-211, 2001.

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.

VENTURA, A.; BERENGUT, G.; VICTOR, M. A. M. Características edafoclimáticas das dependências do Serviço Florestal do Estado de São Paulo. **Silvic. S. Paulo**, São Paulo, v. 4, p. 57-139, 1965/1966.