



VARIAÇÃO GENÉTICA DE CARACTERES DE CRESCIMENTO

EM PROGÊNIES DE *Dipteryx alata*

MAXIMILIANO KAWAHATA PAGLIARINI¹; ELIANA CRISTINA GENEROSO KONRAD²; FLAVIANA CAVALCANTE DA SILVA³; MAYTE SAMPAIO⁴; AIDA SANAE SATO⁵; JOSE ARIMATÉIA RABELO MACHADO⁶; MIGUEL LUIZ MENEZES FREITAS⁷; ANANDA VIRGINIA AGUIAR⁸; MARIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES⁹; ALEXANDRE MAGNO SEBEN¹⁰;

1,2,3,9.UNESP, SÃO PAULO, SP, BRASIL; 4.PUC, PARANÁ, PR, BRASIL; 5,6.INSTITUTO FLORESTAL DE SÃO PAULO, SÃO PAULO, SP, BRASIL; 7.INSTITUTO FLORESTAL, SÃO PAULO, SP, BRASIL; 8.EMBRAPA FLORESTAL, PARANÁ, PR, BRASIL; 10.INSTITUTO FLORESTAL, SÃO PAULO, SP, BRASIL;

maxpagliarini@hotmail.com

Resumo: O presente trabalho tem como objetivo estimar a variação genética entre e dentro de progênies de baru para propor um desbaste seletivo visando estabelecer um pomar de sementes para produção de sementes com variabilidade e qualidade genética. O ensaio foi instalado em dezembro de 1986, em Pederneiras, SP, seguindo-se o delineamento de blocos ao acaso, com 25 tratamentos, cinco repetições e cinco plantas por parcela. O espaçamento utilizado foi 3 x 3 m. O teste de progênie foi avaliado aos 25 anos após o plantio para os caracteres altura total (HT) e diâmetro à altura do peito (DAP). Foram realizadas análises de *deviance* para determinar a variação genética entre e dentro de progênies para os caracteres de crescimento. As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pelo método REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita – melhor predição linear não viciada), a partir de dados desbalanceados, empregando-se o software genético-estatístico Selegen-Reml/Blup. Não houve diferenças significativas entre e dentro progênies de *Dipteryx alata* para os caracteres altura total e DAP. Com base nas estimativas dos parâmetros genéticos será possível alterar a média destes caracteres na população testada ao realizar um desbaste seletivo para aumentar a produção de sementes com qualidade genética, mantendo o máximo da variabilidade genética existente.

Palavras-chave: conservação genética, variabilidade genética, herdabilidade.

Introdução

O Cerrado é o segundo maior bioma brasileiro e uma das áreas de maior biodiversidade no mundo (MITTERMEIER et al., 2004), sendo, inclusive, destacado como um hotspot da conservação da biodiversidade (MYERS et al., 2000). Com ritmo de devastação cada vez maior e mais acelerado na sua área de abrangência, têm-se observado grandes mudanças na paisagem do Cerrado. Estas mudanças têm consequências marcantes nos aspectos físicos, biológicos e sociais (POTZERNHEIN, 2005), podendo levar à perda de recursos ainda desconhecidos que poderiam ser explorados de forma consciente e sustentável. Com o crescimento da agricultura, novas áreas de vegetação nativa são devastadas para dar lugar a grandes áreas de monocultura, intensificando-se o processo de



fragmentação florestal. Uma das principais consequências desse processo é a perda de populações e variabilidade genética dentro de populações desse bioma.

O baru (*Dipteryx alata* Vog.) é uma espécie arbórea de grande potencial devido aos seus usos múltiplos, amplitude de ocorrência no Brasil e relevante potencial econômico, além das suas boas características silviculturais. A espécie é muito utilizada pelas populações tradicionais, fornecendo alimento, por meio de seus frutos, com alto valor calórico (OLIVEIRA, 1998). O presente trabalho tem como objetivo estimar a variação genética entre e dentro de progênies de baru para propor um desbaste seletivo visando estabelecer um pomar de sementes para produção de sementes com variabilidade e qualidade genética.

Material e Métodos

As plantas avaliadas neste trabalho são partes de uma coleção de germoplasma instalada em Pederneiras, SP, com sementes procedentes do município de Icém, SP. O teste de progênies foi implantado em dezembro de 1986, na Floresta Estadual de Pederneiras (22°21'06" S, 48°46'30" O, altitude de 475 m, com verão quente e úmido e inverno seco, temperatura anual oscilando entre 16° a 34°C e precipitação média anual de 1.300 mm), seguindo-se o delineamento de blocos ao acaso, com 25 tratamentos (25 progênies e uma testemunha), cinco repetições e cinco plantas por parcela. O espaçamento utilizado foi 3 x 3 m.

O teste de progênie foi avaliado aos 25 anos após o plantio. Os caracteres avaliados foram: altura total (HT) e diâmetro a altura do peito (DAP). Foram realizadas análises de *deviance* para determinar a variação genética entre e dentro de progênies para dois caracteres. As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pelo método REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita – melhor predição linear não viciada), a partir de dados desbalanceados, empregando-se o software genético-estatístico Selegen-REML/BLUP (RESENDE, 2007).

Resultados e Discussão

Na Tabela 1 observa-se que não há variação significativa para os caracteres avaliados tanto para progênie, quanto para parcelas.

Tabela 1. Resultados de análise de *deviance* entre e dentro de progênies para caracteres de crescimento de *Dipteryx alata* aos 25 anos de idade em Pederneiras, SP.

Efeitos	Altura total (m)	DAP (cm)
Progênies	3,57 ^{ns}	0,47 ^{ns}
Parcelas	3,53 ^{ns}	0,10 ^{ns}

^{ns} – Não significativo ao nível de 5% pelo teste de qui-quadrado.



Após 25 anos de plantio, as árvores atingiram altura média de 12,91 m e DAP de 17,34 cm (Tabela 2). As estimativas de herdabilidade individual foram de 0,25 e 0,06 para HT e DAP, respectivamente, e indicam possibilidades de ganhos genéticos mediante seleção tanto dentro quanto entre progênes. O parâmetro coeficiente de determinação dos efeitos ambientais entre parcelas (\hat{c}_p^2) representando a variabilidade dentro de parcelas foi de 10% e 2% para HT e DAP, respectivamente. A estimativa da herdabilidade da média entre progênie foi de 54% para HT e de 27% para DAP. A acurácia da seleção entre progênes foi de 73% e 52%, respectivamente para HT e DAP. Já a herdabilidade aditiva dentro de parcela alcançou 22% para HT e 05% para DAP. Os valores do coeficiente de variação genotípica aditiva individual (CV_{gi} %) foram de 12,6% e 10,9%, já o coeficiente de variação genotípica entre progênes (CV_{gp} %) 6,3% e 5,4%, respectivamente para HT e DAP. Por fim, o coeficiente de variação residual (CV_r %) observado foi de 13 e 20,2%, respectivamente para HT e DAP.

Os valores dos coeficientes de determinação dos efeitos de parcela foram baixos, indicando baixa variabilidade ambiental no experimento. Os valores de herdabilidade e dos coeficientes de variação genética sugerem que a maior variabilidade da natureza genética está estruturada entre as progênes avaliadas.

Tabela 2. Estimativas de parâmetros genéticos para caracteres de crescimento de *Dipteryx alata* aos 25 anos de idade em Pederneiras, SP.

Parâmetro	Altura	DAP
Herdabilidade individual no sentido restrito: \hat{h}_i^2	0,25 (0,14)	0,06 (0,07)
Herdabilidade individual ajustados para efeito de parcelas: $\hat{h}_{i(aj)}^2$	0,27	0,06
Coeficiente de determinação do efeito de parcela: \hat{c}_p^2	0,10	0,02
Herdabilidade média de progênes: \hat{h}_m^2	0,54	0,27
Acurácia da seleção de progênie: r_{aa}	0,73	0,52
Herdabilidade aditiva dentro de parcela: \hat{h}_a^2	0,22	0,05
Coeficiente de variação genética individual: CV_{gi} (%)	12,65	10,94
coeficiente de variação genético entre progênes: CV_{gp} (%)	6,32	5,47
Coeficiente de variação experimental: CV_e (%)	13,03	20,26
$CV_r = CV_g / CV_e$	0,49	0,27
Média	12,91	17,34



Conclusão

A variação entre e dentro de progênies de baru para os caracteres de crescimento não é significativa. Com base nas estimativas dos parâmetros genéticos será possível alterar a média destes caracteres na população testada com um desbaste seletivo para aumentar a produção de sementes com qualidade genética, mantendo o máximo da variabilidade genética existente.

Agradecimentos

Aos pesquisadores Ana Cristina Machado de Franco Siqueira e José Carlos Bolliger Nogueira responsáveis pela implantação e conservação do teste de progênie. Ao técnico Nadir dos Santos Ferreira pela manutenção dos plantios e acompanhamento e orientação durante a avaliação dos testes de progênies na Floresta Estadual de Perdeneiras, SP.

Referências bibliográficas

- MITTERMEIER, RUSSEL A. Hotspots revisited. **Conservation International**, Cidade do México: CEMEX, 2004.
- MYERS, N.; MITTERMEIER, R.A.; MITERMEIER, C.G.; FONSECA, G.A.; KENT, J. Biodiversity hotspots for conservation priorities. **Nature**, v. 403, p. 853-858, 2000.
- OLIVEIRA, A.N. **Variabilidade genética entre e dentro de procedências de baru (*Dipteryx alata* Vog.)**. 1998. 80p. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.
- POTZERNHEIN, M. C. L. (2005). **Análise quantitativa e qualitativa do óleo essencial do gênero piper L. na região do Distrito Federal**. Dissertação de Mestrado em Ciências Florestais, Departamento de Engenharia Florestal, Universidade de Brasília, Brasília, DF, 75p
- RESENDE, M. D. V. de. **SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa