



## Variabilidade genética em um teste de progênies de *Dipteryx alata* na região leste do Mato Grosso do Sul<sup>(1)</sup>

Luis Felipe Gonçalves Mendes<sup>(2,5)</sup>, Francieli Alves Caldeira Saul<sup>(2,5)</sup>, Regivan Antônio de Saul<sup>(2,5)</sup>, Ananda Virginia de Aguiar<sup>(3,5)</sup>, Miguel Luiz Menezes Freitas<sup>(4,5)</sup> e Mario Luiz Teixeira de Moraes<sup>(2,5)</sup>

<sup>(1)</sup> Trabalho realizado com apoio financeiro do CNPq, Pibic e IPA. <sup>(2)</sup> Unesp, Brasil, <sup>(3)</sup> Embrapa Florestas, Brasil, <sup>(4)</sup> IPA, Brasil, <sup>(5)</sup> lf.mendes@unesp.br; francieli.alves@unesp.br; regivan.saul@unesp.br; ananda.aguiar@embrapa.br; miguel.freitas@sp.gov.br; mario.moraes@unesp.br

**Resumo** — *Dipteryx alata* conhecida popularmente como baru, ocorre naturalmente no Cerrado brasileiro. Com o desenvolvimento econômico, as áreas desse bioma vêm sendo ocupadas com eucaliptocultura e encontram-se fragmentos com essa espécie. Portanto, a diversidade genética da espécie está sendo reduzida. A proposta do trabalho foi estimar a variabilidade genética para caracteres silviculturais em um teste de progênies de *Dipteryx alata*. O teste de progênies foi implantado na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (Fepe) pertencente à Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira (Feis/Unusp), localizada em Selvíria-MS. Aos 10 anos foram avaliados altura (ALT), diâmetro a altura do peito (DAP), diâmetro médio da copa (DMC) e sobrevivência (SOB). As estimativas dos componentes de variância e os parâmetros genéticos foram obtidos por meio do *software* Selegen, utilizando a metodologia de máxima verossimilhança restrita e melhor predição linear não viciada (REML/BLUP), através do modelo “95”. A sobrevivência foi baixa (53,7%). A média para ALT, DAP e DMC foram 8,75 m; 9,20 cm e 4,18 m, respectivamente. A análise de *deviance* foi realizada a partir do teste de razão de verossimilhança (LRT) e apresentou valores significativos a 5% com um grau de liberdade para todos caracteres. O coeficiente de herdabilidade em nível de média de progênies foi 0,63; 0,57 e 0,72 para ALT, DAP e DMC e o coeficiente de variação genética foi de 11,50%; 12,08% e 16,60% para os mesmos caracteres, respectivamente. Em resumo, o teste de progênies apresenta boa base genética, desempenhando um papel crucial para manutenção da diversidade genética da espécie.

**Agradecimentos:** CNPq, Pibic, IPA e Unesp.