

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS
GENÉTICOS E AVALIAÇÃO DA EFICIÊNCIA
DA SELEÇÃO PRECOCE EM BARU
(*Dipteryx alata* Vog.)**

ALISSON MOURA SANTOS

2008

ALISSON MOURA SANTOS

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E AVALIAÇÃO DA
EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO PRECOCE EM BARU (*Dipteryx alata* Vog.)**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação *Stricto Sensu* em Engenharia Florestal, área de concentração em Ciências Florestais, para a obtenção do título de “Mestre”.

Prof. Ph.D. Sebastião Carlos da Silva Rosado
(Orientador)

LAVRAS
MINAS GERAIS – BRASIL
2008

**Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da
Biblioteca Central da UFLA**

Santos, Alisson Moura.

Estimativas de parâmetros genéticos e avaliação da eficiência de seleção precoce em baru (*Dipteryx alata* Vog.) / Alisson Moura Santos. – Lavras : UFLA, 2008.

91 p. : il.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Lavras, 2008.

Orientador: Sebastião Carlos da Silva Rosado

Bibliografia.

1. Melhoramento de plantas nativas. 2. Parâmetros genéticos. 3. Seleção precoce. 4. REML/BLUP. 5. Procedência/Progenie. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 634.973322

ALISSON MOURA SANTOS

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E AVALIAÇÃO DA
EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO PRECOCE EM BARU (*Dipteryx alata* Vog.)**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação *Stricto Sensu* em Engenharia Florestal, área de concentração em Ciências Florestais, para a obtenção do título de “Mestre”.

APROVADA em 05 de Dezembro de 2008.

Prof. Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves

DBI/UFLA

Prof. Dr. Samuel Pereira de Carvalho

DAG/UFLA

Prof. Ph.D. Sebastião Carlos da Silva Rosado

(Orientador)

LAVRAS
MINAS GERAIS – BRASIL
2008

*Aos meus maravilhosos pais, Adolfo e Josefina (in memorian),
que sempre estiveram ao meu lado com muito amor,
confiança e pelos seus ensinamentos de
responsabilidade e exemplo de
coragem e dignidade.*

*Aos meus irmãos Aílton, Sandra, Andreia, Adriana, Tonton e minha princesa
Isabella que sempre me incentivaram com muito carinho.*

DEDICO

*“Jamais se poderá expressar em frias
letras a ternura de um filho ao
compreender os sacrifícios de seus pais.”*

(Raumsol)

AGRADECIMENTOS

Agradeço ao bom Deus, por sempre me favorecer uma vida maravilhosa e pela oportunidade de conviver com pessoas magníficas.

A todos os meus familiares, em especial meus pais, Adolfo e Josefina (*in memoriam*) e meus irmãos, Aílton, Sandra, Andreia, Adriana e Tonton, bem como ao Gilmar e a princesinha Isabella, pelo apoio constante em todos os momentos de minha vida.

À Capes pela concessão da bolsa e à Fapemig, pelo financiamento deste trabalho.

Ao Departamento de Ciências Florestais e à Universidade Federal de Lavras, pela oportunidade concedida, apoio e estrutura.

Ao professor Sebastião Rosado, pela prazerosa convivência, orientação, amizade e confiança em todos os momentos da pós-graduação.

À professora Dulcinéia de Carvalho, por todo o suporte, amizade e exemplo de dedicação.

Aos professores Samuel Pereira de Carvalho (DAG) e Flávia Maria Avelar Gonçalves (DBI), pela disponibilidade e valiosas correções.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Engenharia Florestal, em especial aos professores Natalino Calegário e Ary Oliveira-Filho, bem como os professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, João Cândido de Souza, João Bosco dos Santos e Magno Antônio Patto Ramalho, pelos ensinamentos nas disciplinas cursadas.

Aos professores e funcionários do Instituto de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Minas Gerais, em especial ao professor e amigo Ernane Ronie Martins, pessoa magnífica de fundamental importância na minha vida acadêmica.

Ao Cecílio Frois, pela paciência, amizade e apoio irrestrito durante todos esses anos de convivência diária.

Ao pesquisador Marcos Deon de Vilela Resende (Embrapa) e ao Prof. José Airton R. Nunes (UFPI), pela valiosa ajuda nas análises estatísticas.

A toda equipe de trabalho: Vinícius, Hugo, Álvaro, Fernando e Ana Clara, pelo auxílio e dedicação durante as coletas dos dados.

Aos colegas do Laboratório de Melhoramento florestal e recursos genéticos: Dani, Afrânio, Daniel, Gabi e Eduardo, em especial ao Fábio, Murilo, Flávio e Rogério, pelo apoio e amizade cultivada durante esse tempo.

Ao conterrâneo e grande irmão em Lavras, Fernando Guedes, pela ajuda nos estudos e grande amizade construída.

A todos os colegas de pós-graduação, pelo ótimo convívio e possibilidade de aprendermos juntos. Em especial a Nory, Emílio e Ranoel.

Ao Vanderley Borges, pela amizade e fornecimento de livros da sua vasta biblioteca.

A Sílvia e Mariele, pela amizade e inestimável apoio recebido durante essa caminhada em Lavras.

Ao Cleidson e Rogério, pela amizade e todo suporte fornecido.

Ao vizinho Nílson e família, por me acolher tão bem em Lavras.

Aos grandes amigos da graduação: Thiago (Taioba), Gleidson (Goiaba), Mariano, Luisão, Lucas e Paulo (Galeto), considerado como irmãos.

Por fim, a todos que acreditaram em mim, meu MUITO OBRIGADO!!

SUMÁRIO

RESUMO	i
ABSTRACT	ii
1 INTRODUÇÃO.....	1
2 REFERENCIAL TEÓRICO.....	4
2.1 Dipteryx alata Vog: descrição, ocorrência e potencialidades.....	4
2.2 Melhoramento genético de plantas nativas	7
2.2.1 Características de um programa de melhoramento de nativas	10
2.3 Ensaio combinado de procedência e progênie em espécies florestais	13
2.4 Correlação idade-idade e Seleção Precoce	17
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	20
3.1 Material genético.....	20
3.2 Local e caracterização da área experimental.....	22
3.3 Instalação e condução do experimento.....	22
3.4 Dados coletados.....	22
3.5 Análises estatísticas	23
3.5.1 Análise de variância conjunta para procedência/progênie/planta em cada ano de avaliação	24
3.5.2 Estimativas de parâmetros genéticos.....	26
3.5.3 Correlações genéticas e fenotípicas entre os caracteres e correlação idade-idade	30
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	32
4.1 Resultados da análise de variância do teste combinado de procedência e progênie e planta.....	33
4.2 Teste de procedência progênie de meios-irmãos avaliados pelo método REML/BLUP.....	40
4.3 Correlação idade-idade e entre características	52
4.4 Ganhos por seleção.....	57
5 CONCLUSÕES.....	59
6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	60

RESUMO

SANTOS, Alisson Moura. **Estimativas de parâmetros genéticos e avaliação da eficiência da seleção precoce em baru (*Dipteryx alata* Vog.)**. 2008. 91p. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.*

Com o objetivo de estudar a variabilidade genética, estimar os parâmetros genéticos e avaliar a eficiência da seleção precoce foram avaliadas 66 famílias de meios-irmãos de *Dipteryx alata*, de três procedências distintas do Cerrado mineiro. O experimento foi instalado em área da *V&M Florestal*, fazenda Brejão, município de Brasilândia de Minas, MG em novembro de 1996. O delineamento foi de blocos ao acaso, com 3 repetições e 5 plantas por parcela, em espaçamento de 3,0 x 4,0 m. Foram obtidos os dados de diâmetro à altura do peito (DAP) e altura total, aos 64, 125 e 138 meses de idade. A partir da avaliação de procedências e de progênies de *D. alata*, obtiveram-se, para ambas as características, as estimativas dos parâmetros genéticos via metodologia de REML/BLUP. Os resultados das análises de variância indicaram a existência de variabilidade genética significativa ($P < 0,01$) entre e dentro das procedências, constituindo uma importante fonte de genótipos promissores para o melhoramento. Os caracteres DAP e altura apresentaram herdabilidades, no sentido restrito, de alta magnitude nas diferentes idades. Verificou-se alta correlação genética entre as características DAP e altura e entre as idades (idade-idade), possibilitando assim a seleção indireta, bem como a seleção precoce com significativos ganhos. Os indivíduos selecionados pelo DAP, com base no valor genético genotípico, aproximaram-se de 10% do total de indivíduos. A seleção desses indivíduos resultou num aumento de 20,78%, 33,54% e 32,78% para DAP, aos 64, 125 e 138 meses de idade, respectivamente. Os ganhos indiretos obtidos aos 138 meses, com a seleção desses indivíduos aos 64 meses, possibilitaram ganhos correlacionados da ordem de 23,5% para DAP, tendo essa seleção indireta uma eficiência de 71,72%.

Comitê Orientador: Sebastião Carlos da Silva Rosado – UFLA (Orientador),
Dulcinéia de Carvalho – UFLA

ABSTRACT

SANTOS, Alisson Moura. **Estimates of genetic parameters and evaluate at the efficiency early selection in baru (*Dipteryx alata* Vog.)**. 2008. 91p. Dissertation (Master's Degree Forest Science)-Federal University of Lavras, Lavras, MG.*

The aim of this work was to study the genetic variability to estimate the genetic parameters and to evaluate the early selection efficiency. Sixty six half-sib *Dipteryx alata* families were obtained from three seed provenances at the Brazilian Savannah in Minas Gerais state. The experiment was set up in November 1996 at V&M Florestal enterprise in Brasilândia de Minas, Minas Gerais. The experimental design was a of randomized block with 3 replicates and 5 plants per plot, in a 3.0 x 4.0 m spacing. Data diameters at breast height (DBH) and the total height were taken at the ages of 64, 125 and 138 months. The REML/BLUP methodology was applied to estimate the genetic parameters of height and diameter from the *D. alata* different provenances and progenies. Variance analysis indicated significative genetic variability ($P < 0.01$) between and within provenances, thus constituting an important source of promising genotypes for breeding programs. Both DBH and height characteristics presented high narrow sense herdability for ages analysed. A high genetic correlation occurred between DBH and height characteristics and among ages (age-age), thus allowing an indirect selection as well as an early selection with high genetics gains. The number of individuals selected through the DBH as based on genetic value was in the order of 10%. Such selection resulted in an increase of 20.78; 33.54 and 32.78% for DBH at 64, 125 and 138 months, respectively. The indirect genetics gains obtained through the early selection at 64 months has enabled correlated gains in the order of 23.5% for DBH, which showed an indirect selection efficiency of 71.72%.

Guidance Committee: Sebastião Carlos da Silva Rosado – UFLA (Major Professor),
Dulcinéia de Carvalho – UFLA

1 INTRODUÇÃO

Novos desafios têm surgido para as ciências agrárias, relacionados às demandas ambientais e sociais. A conservação do solo e o crescente aumento no uso da água e nutrientes para a produção vegetal são alguns dos gargalos que devem ser contornados, a fim de garantir a produção de alimentos, principalmente nas regiões mais carentes do estado de Minas Gerais. Nessas regiões, principalmente localizadas em áreas de Cerrado no norte e no noroeste do estado, predomina a agricultura familiar, que carece de novas perspectivas para o uso sustentado da terra e a obtenção de renda de forma duradoura.

Recentes estudos têm evidenciado a riqueza desse bioma, pela ocorrência de inúmeras espécies de plantas que são importantes fontes de substâncias medicinais, alimentos e madeira, além daquelas que têm valor, como melíferas e ornamentais. O conhecimento do potencial de uso do Cerrado, dentro dos princípios da sustentabilidade, é relativamente bem conhecido. Porém, ele não é suficientemente desenvolvido. O uso dessa riqueza é tradicionalmente feito pelas comunidades locais, seja para a sua sobrevivência ou para as suas manifestações culturais.

Dentre as espécies arbóreas do cerrado, destaca-se o baru (*Dipteryx alata*), por ser uma espécie de crescimento relativamente rápido, capaz de crescer e desenvolver em solos pobres, produtora de madeira de alta qualidade, principalmente para uso na indústria da construção civil. Em sua fase adulta, anualmente o baru se frutifica abundantemente e produz castanhas com alto valor comercial.

Trabalhos de melhoramento com plantas nativas são escassos e os poucos existentes são poucos conclusivos. De modo geral, os programas de melhoramento de espécies nativas têm grande importância ecológica para os ecossistemas que dele participam, principalmente por propiciar valorização da

espécie, conservação e, até mesmo, cultivo. Programas de melhoramento visando à produção consorciada em um sistema agroflorestal é uma alternativa eminente diante de toda conjuntura agrária do norte e noroeste de Minas Gerais, principalmente por se tratar do uso da terra, que é predominantemente familiar. Nesse sistema, o componente arbóreo deve gerar produtos anuais, como frutos, castanha, pólen, dentre outros e, em médio e longo prazo, deve gerar madeira com alto valor agregado. Por outro lado, o componente agrícola deve ser constituído por culturas temporárias que, além de permitir à subsistência, ofereça renda de forma mais imediata. Nesse consórcio, após o crescimento das árvores, pode inserir um terceiro componente de produção, que é a pecuária leiteira, transformando o sistema em agrosilvipastoril. Porém, observam-se grandes dificuldades na implementação desses programas, pois, para a maioria das espécies, necessita-se de completa caracterização, fato que desestimula muitos melhoristas a desenvolverem trabalhos com espécies nativas.

Ainda assim, observa-se aumento dos estudos com o melhoramento de nativas, principalmente nas duas últimas décadas. Esses estudos são impulsionados pela busca de conhecimento sobre o funcionamento e a estrutura dos ecossistemas naturais, objetivando a valorização de muitas espécies com a implementação do cultivo.

Para se obter genótipos melhorados, que satisfaçam às exigências no cultivo florestal, é necessária a identificação de genótipos desejáveis na população sob seleção. Uma estratégia de eficiência comprovada para a seleção desses genótipos é a seleção a partir de testes de procedências combinados com os testes de progênies (Sampaio et al., 2000). Esses testes, conduzidos em uma mesma área e mesmo espaço de tempo, possibilitam obter as estimativas de parâmetros genéticos, os quais permitem inferir quanto à variabilidade genética presente, tanto entre quanto dentro das populações, além de proporcionar

subsídios para predizer os ganhos genéticos e o possível sucesso no programa de melhoramento (Cruz & Carneiro, 2006).

Prévios estudos no campo da genética quantitativa aplicados a diferentes procedências e progênies de baru, cultivadas no norte de Minas Gerais desde 1996, têm evidenciado importantes variações genéticas, as quais indicam o potencial para a seleção de materiais genéticos superiores para uso em projetos agroflorestais (Oliveira, 1998). Esse teste, atualmente com 11 anos de idade e, constituído por 66 progênies de três procedências distintas do estado de Minas Gerais, constitui uma importante fonte de genótipos para as futuras seleções.

Com base no exposto, os objetivos deste trabalho foram determinar a variabilidade genética entre e dentro de procedências de *Dipteryx alata*, em relação aos caracteres de crescimento; estimar os parâmetros genéticos e fenotípicos entre e dentro de famílias de meio-irmãos e verificar a viabilidade de condução de seleção precoce na espécie.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 *Dipteryx alata* Vog: descrição, ocorrência e potencialidades

O baru (*Dipteryx alata* Vog.) é uma espécie do gênero *Dipteryx*, pertencente à família Fabaceae, sendo a única deste gênero com ocorrência no bioma Cerrado (Torres et al., 2003; Lorenzi, 2002).

A espécie possui ampla distribuição geográfica, sendo comumente encontrada nas diversas fitofisionomias do Cerrado nos estados de Minas Gerais, Goiás, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Distrito Federal, Tocantins e São Paulo, além de ser observada em outros países da América do Sul. Diante da ampla distribuição geográfica, a espécie é conhecida por diversos nomes populares, como baru, barujo, cumbaru, coco feijão, bugreiro, guaiçara (no Brasil) e congrio, na Colômbia. É uma árvore perenifólia a levemente caducifólia, apresentando, comumente, de 5 a 10 m de altura e 15 a 40 cm de DAP, podendo alcançar até 25 m de altura e 70 cm de DAP. A floração ocorre nos períodos de outubro a abril e a frutificação de julho a outubro (Lorenzi, 2002; Carvalho, 1994).

Thum & Costa (1998/99) observaram insetos visitantes de flores pertencentes às Ordens Diptera, Hymenoptera e Lepidóptera, sendo que 50,4% dos insetos coletados foram indivíduos de *Apis mellifera*. Oliveira & Sigrist (2008) observaram que a espécie é alógama, necessitando de polinizadores que promovam o fluxo de pólen entre plantas. Além disso, esses autores verificaram que diferentes polinizadores visitam as flores de *D. alata*, principalmente as abelhas *Pseudaugochlora graminea* e *Apis mellifera*, que apresentaram altas taxas de visitação, porém, somente a abelha *Xylocopa suspecta* efetua uma polinização eficiente. As abelhas *P. graminea* e *A. mellifera* não são bons polinizadores, apresentando baixíssimas taxas de eficiência de polinização.

O baruzeiro pode ser considerado como espécie-chave do bioma Cerrado, por sua amplitude de ocorrência e relevante potencial econômico. A espécie, muito utilizada pelas populações tradicionais, apresenta grandes potencialidades, fator que tem contribuído para a realização de diversos estudos com a espécie.

O baru tem amplo potencial de utilização em vários aspectos. Dentre eles, destaca-se o emprego dos seus frutos ou castanhas na alimentação humana e animal. Seu fruto é uma drupa elipsóide com coloração variando de amarelo até marrom. Apresenta um pericarpo carnoso, entremeado de fibras lignificadas, tornando-o duro e resistente, o que dificulta a liberação da semente e a sua germinação. São constituídos de uma polpa rica em amido e proteína, que são consumidas por animais domésticos e silvestres (Carvalho, 1994).

Suas sementes são amêndoas oleaginosas com sabor adocicado e são consumidas tanto *in natura* como torrada ou em forma de paçocas, podendo substituir a castanha de caju, do amendoim ou as nozes em diversas receitas (Lourenço, 1995; Sano et al., 2004). Contudo, não é recomendado o seu consumo *in natura*, pois foi observado a presença de inibidor de tripsina em sementes cruas (Togashi & Scarbieri, 1994). A semente ainda possui alto valor nutricional, principalmente protéico, o qual apresenta teores em torno de 29,5%, sendo superiores aos de leguminosas de consumo popular, como feijão e ervilha, porém inferior ao da soja. Ainda é considerada boa fonte energética, apresentando teor de lipídeos próximo ao da soja. Das sementes de baru ainda é extraído um óleo rico em ácidos graxos insaturados, que têm os ácidos oléico e linoléico como os principais componentes, os quais são muito utilizados nas indústrias de alimentos e farmacêutica (Togashi, 1993; Sano et al., 2004). Na indústria farmacêutica, seu óleo é utilizado como matéria-prima para uso como anti-reumático e com propriedades sudoríferas, tônicas e reguladoras da menstruação (Almeida et al., 1998). Possui também uma substância que inibe a

formação de melanina, obtida a partir do extrato etanólico da planta; para este fim, a empresa Ichimaru Pharcos Inc. realizou pedido de patente.

Os produtos da amêndoa do baru são comumente comercializados nos locais de ocorrência da espécie, principalmente no estado de Goiás e, ultimamente têm ganhado destaque nos demais estados brasileiros, principalmente nas capitais e nos grandes centros urbanos. O consumo vem se popularizando, tendo, inclusive já sido utilizado na merenda escolar na cidade de Goiânia/GO como fonte alimentar (Sano et al., 2004). Em algumas regiões, principalmente nas capitais, seus frutos têm alcançado grande valor comercial, chegando a até R\$ 30,00 o preço do quilo da semente torrada, demonstrando a boa aceitação e o crescimento no consumo.

Trata-se de árvore de tronco reto e porte elevado, possuindo madeira de alta densidade, variando de 0,85 a 1,10 g/cm³, alta durabilidade e elevada resistência ao apodrecimento e ao ataque de organismos xilófagos em condições naturais. Sua madeira é muito utilizada para postes, moirões, estacas e dormentes, além do uso na construção civil (Lorenzi, 2002; Carvalho, 1994; Sano et al., 2004).

Além das potencialidades mencionadas, a espécie apresenta grande potencial para uso em projetos paisagísticos, bem como na recuperação de áreas degradadas e matas ciliares. A espécie se destaca dentre outras espécies do Cerrado por fornecer alimento, por meio de seus frutos, com alto valor calórico e protéico para a fauna silvestre (Oliveira, 1998).

O baruzeiro ainda se destaca em sistemas silvipastoris e na recuperação de pastagens, pois sendo uma árvore perenifólia com copa frondosa, promove sombra para o gado e favorece a melhoria da sensação térmica do animal, além de produzir frutos para a sua alimentação nos períodos de estiagem. A dispersão dos frutos ocorre durante a estação seca (Oliveira & Sigrist, 2008), tornando assim uma notável fonte complementar de calorias para os animais durante esta

estação. As árvores isoladas em áreas de pastagens têm maior produção, comparadas com aquelas presentes em ambiente natural. Isso, provavelmente, devido à menor competição por nutrientes e luz. Oliveira (1999), avaliando a influência de árvores nativas no sistema solo-planta em pastagens de *Brachiaria decumbens* no Cerrado observou que a presença do baruzeiro favoreceu aumento do conteúdo de nutrientes na forragem, reduziu a velocidade de secagem e aumentou a disponibilidade de nutrientes no solo. Esses fatos demonstram uma importância econômica, ecológica do baru e indicam o seu potencial para programas de reflorestamento, principalmente em sistemas agrosilvipastoris, sendo necessários estudos de melhoramento genético para êxito na implementação desses programas (Lourenço, 1995; Oliveira, 1998; Torres et al., 2003; Sano et al., 2004).

2.2 Melhoramento genético de plantas nativas

O melhoramento genético de plantas é a mais antiga e valiosa estratégia para o aumento da produtividade, da qualidade dos alimentos e da matéria-prima utilizados pelo ser humano. Vários autores conceituam, de forma convergente, o melhoramento genético como ciência e arte. Dentre os conceitos, os mais difundidos entre os melhoristas, expõem as possibilidades de recombinação de indivíduos ou grupos de indivíduos potenciais para atender a um determinado objetivo. O melhoramento, do ponto de vista da ciência, é a aplicação das técnicas cientificamente testadas e comprovadas. Por outro lado, do ponto de vista da arte, envolve a competência e a sensibilidade do melhorista em captar, com a seleção, os melhores genótipos de uma população (Allard, 1999; Fehr, 1991; Bernardo, 2002; Borém & Miranda, 2005).

O melhoramento é um conjunto de técnicas que consistem, basicamente, em modificar uma ou mais característica de um grupo de plantas em uma

determinada espécie, com a finalidade de obter plantas com melhores características, capazes de atender à demanda do produtor ou consumidor, sejam elas mais produtivas ou adaptadas e resistentes a fatores bióticos e abióticos (Oliveira, 2007).

Para obter sucesso num programa de melhoramento, especialmente florestal, é essencial o conhecimento do produto de interesse, do germoplasma disponível, das técnicas de melhoramento, bem como dos fatores ambientais que afetam a manifestação fenotípica (Resende, 2002).

Não existem métodos únicos para atingir os objetivos do melhoramento. Eles envolve um conjunto de procedimentos com fundamentação científica, cujo objetivo é promover uma alteração que possibilite aumento na produtividade e da qualidade do produto final. Assim, o melhorista deve avaliar cada situação de forma crítica e objetiva, procurando otimizar a relação custo/benefício, buscando, de maneira clara, alcançar os objetivos almejados (Borém & Miranda, 2005; Clement, 2001). A definição dos objetivos nos programas de melhoramento é fundamentada no caráter de interesse, sobre o qual se deseja o ganho genético, associado às suas informações econômicas (Resende, 2002).

No contexto histórico, é fácil perceber que muitas espécies, atualmente cultivadas, passaram por processos coevolucionários por meio da seleção humana, seja ela consciente ou inconsciente, nos fenótipos das plantas manejadas. Essa seleção promoveu mudanças nos genótipos das populações de forma tal que as tornaram mais úteis aos humanos e melhor adaptadas às intervenções humanas no ambiente (Clement, 2001; Rocha et al., 2002). Vale ressaltar que a seleção natural ocorre independentemente das ações humanas. Essa seleção se realiza em um contexto evolutivo, por meio de diferenças na fertilidade e na sobrevivência diante de estresses bióticos e abióticos.

No Brasil, o melhoramento florestal é uma ciência relativamente nova. Teve início a partir de 1941, principalmente com espécies dos gêneros

Eucalyptus e *Pinus*. Esses programas iniciais de melhoramento tinham diversos objetivos, tais como melhorar a uniformidade das plantações, reduzir o número de falhas, melhorar a forma do fuste, dentre outros. O Instituto Agrônômico de Campinas, pioneiro no ramo, previa a seleção de áreas de produção de sementes, seleção de árvores superiores e de mudas nos viveiros, bem como hibridação interespecífica, de modo que esses programas estavam direcionados para a seleção de procedências mais bem adaptadas às condições brasileiras (Ferreira & Santos, 1997; Resende, 1999; Oliveira, 1998; Assis, 1996).

Para as espécies nativas, nessa mesma época, o Instituto Florestal de São Paulo já iniciava alguns ensaios com essências brasileiras, porém visando somente estudos de características silviculturais (Siqueira et al., 1993). Estudos de melhoramento genético propriamente dito iniciaram-se por volta de 1975, sendo estabelecidos programas envolvendo diversas espécies florestais, principalmente da floresta amazônica. Entretanto, a maioria dos ensaios foi paralisado e, posteriormente, abandonado devido a problemas iniciais na implantação, principalmente pela falta de literatura técnica que permitisse avaliar com precisão o estado da arte das espécies estudadas, bem como pela falta de recursos e outros fatores (Oliveira, 2007).

Dentre os programas de melhoramento iniciados, no final da década de 1970, o Instituto Florestal de São Paulo iniciou, inclusive, um ensaio com a espécie *D. alata*, diante do grande potencial e importante destaque, já demonstrado desde aquela época, dentre as espécies florestais nativas. O teste ainda está no campo, porém com suas avaliações paralisadas. Atualmente em Minas Gerais, a espécie também é fonte de estudo em um programa de melhoramento, denominado alterNativas, destinado à implantação de florestas comerciais de espécies nativas no estado de Minas Gerais. Esse programa de melhoramento, iniciado em 2001, é desenvolvido pelo Instituto Estadual de

Florestas (IEF) e contempla outras 25 espécies florestais nativas com ocorrência no estado com destacado potencial.

2.2.1 Características de um programa de melhoramento de nativas

A população a ser utilizada, a definição dos métodos utilizados para reunir os caracteres desejados nos indivíduos melhorados, a produção do material reprodutivo em escala comercial, bem como a manutenção da base genética para garantir o futuro do programa de melhoramento, são os pontos principais num programa de melhoramento, que, em alguns casos, vêm a ser os problemas básicos (Pires, 1996). Os aspectos conceituais e práticos do melhoramento genético de plantas nativas são bastante complexos, mas os métodos de melhoramento aplicados não são diferentes. Diante dos recursos disponíveis, da dimensão do empreendimento e dos objetivos, o programa de melhoramento genético dispõe de várias opções de métodos e estratégias bem definidas, planejadas em curto, médio e longo prazo, para assim, a partir da estratégia adotada, obter uma população ou genótipos superiores para as características de interesse (Oda et al., 2007; Assis, 1996).

Outro fator de importância indispensável num programa de melhoramento genético é a população base, a qual exerce influência direta na obtenção de genótipos superiores e, conseqüentemente, promover o melhoramento. Essa população é constituída por um conjunto de plantas que o melhorista manipula para promover o melhoramento genético, incluindo progênies e clones. Contudo, é fundamental a existência de variabilidade genética, permitindo assim a manutenção da variabilidade em longo prazo, além de ser constituída de genótipos com alta média nos caracteres desejáveis (Assis, 1996).

A seleção de genótipos superiores num programa de melhoramento florestal é fundamental para a obtenção de sucesso. A seleção nos programa de melhoramento de *Eucalyptus*, por exemplo, é realizada com base em características silviculturais de interesse, como produtividade, resistência às doenças, volume e, caracteres associados à qualidade da madeira como a avaliação das propriedades físicas, mecânicas e anatômicas. Assim, espera-se obter um material genético com características superiores em crescimento, e adaptação e qualidade da madeira.

No melhoramento de plantas nativas, devido ao fato de se trabalhar com espécies provenientes de populações naturais, geralmente, geralmente obtêm significativos ganhos com pequeno esforço de seleção nos estágios iniciais. Todavia, o melhorista deve atentar para a eficiência de seleção desde o início do programa (Pires, 1996).

Os avanços advindos das estratégias bem definidas do melhoramento, principalmente dos *Eucalyptus*, são resultantes do grande destaque e avanço do setor florestal brasileiro, que a cada dia requer materiais superiores com qualidade diferenciada.

No que tange ao melhoramento de plantas nativas, os estudos são escassos e os poucos existentes ainda não são conclusivos. De modo geral, os programas de melhoramento de espécies nativas têm grande importância ecológica para os ecossistemas de que participam, principalmente por propiciarem uma valorização da espécie, conservação e até mesmo cultivo, dependendo do grau de domesticação da espécie. Em alguns casos, como espécies da mata atlântica, a conservação genética dessas espécies demanda mais interesse que o próprio melhoramento, em face da grande perda de diversidade genética advinda do extenso desmatamento.

Observam-se grandes dificuldades na implementação desses programas de melhoramento, principalmente diante da conjuntura dos recursos genéticos no

Brasil. Muitas das espécies nativas não estão totalmente caracterizadas nos bancos de germoplasmas, sendo necessárias informações básicas, como biologia reprodutiva, métodos de propagação da espécie. Essas informações são fundamentais para o sucesso no cultivo e, conseqüentemente no programa de melhoramento. Deve-se lembrar que a falta desses estudos básicos é o principal fator que desestimula os melhoristas a iniciarem um programa de melhoramento, tendo em vista que as etapas iniciais do programa de uma espécie sem estudo algum são bem complexas, o que tornará o trabalho mais árduo e demorado.

Contudo, mesmo com tamanhas dificuldades já relatadas, observa-se um aumento dos estudos relacionados com melhoramento de nativas, principalmente nas duas últimas décadas. Esses estudos são impulsionados pela busca do conhecimento sobre o funcionamento e a estrutura dos ecossistemas naturais, objetivando a implementação de cultivo e, conseqüentemente, a valorização das espécies com destacado potencial. Esses estudos ainda são alavancados pela conscientização da humanidade sobre a importância da biodiversidade, com ênfase, principalmente, nos ecossistemas tropicais. Desse modo, na busca de uma agricultura cada vez mais sustentável e diante da tamanha riqueza que o Brasil detém, muitos estudos vêm sendo implantados.

Clement (2001) apresenta uma revisão com as principais estratégias a serem tomadas na implantação de um programa de melhoramento genético de espécies nativas. Nesta revisão, o autor apresenta, ainda, as principais espécies frutíferas em potencial do bioma amazônico, Cerrado e das regiões Sul, Sudeste e Nordeste do Brasil. Oliveira (2007) mostra a atual situação dos estudos com melhoramento genético das espécies florestais da Amazônia, apresentando e demonstrando em números os principais avanços e dificuldades obtidos nos últimos 30 anos para as principais espécies daquele bioma.

2.3 Ensaios combinados de procedência e progênie em espécies florestais

A variação genética existente entre e dentro de espécies florestais, tanto em procedência quanto em progênies, tem várias funções, constituindo uma proteção contra as mudanças ambientais e climáticas, servindo também de base para a seleção e o cruzamento. A utilização dos testes de procedências e progênies é uma metodologia tradicional de fundamental importância para assegurar a escolha das melhores fontes de sementes e permitir o conhecimento da variação entre e dentro das populações nas diferentes origens geográficas. (Torggler, 1987; Silva, 2003).

De acordo com Falconer (1987), testes de progênies consiste na avaliação de um determinado indivíduo por meio do desempenho de seus descendentes. Estes testes de progênies, quando realizados para espécies vegetais perenes, possibilitam a comparação dos progenitores em suas várias gerações, sem que se percam as árvores matrizes e, assim, selecionar aquelas superiores e promover a sua recombinação (Oliveira, 1998).

Namkoong (1966) propõe a utilização de um pomar de sementes por mudas a partir da seleção dos melhores indivíduos das melhores famílias nos ensaios dos testes de progênies, não sendo necessário retornar às árvores matrizes, que originaram as progênies. Este autor destaca ainda que a maior contribuição dos testes de progênies seria a determinação do valor genotípico dos melhores indivíduos, dando continuidade ao processo por meio da seleção recorrente.

A variabilidade genética pode ser quantificada com base em diferentes métodos que possibilitam a obtenção de diferentes parâmetros para realizar a sua caracterização. As características quantitativas, frequentemente, são utilizadas como bons indicadores para a determinação da variação entre e dentro de procedências. Esses marcadores podem ser utilizados porque os indivíduos

diferem fenotipicamente entre si, mesmo quando comparados dentro de progênies (Sobierajski et al., 2006; Cornacchia, 1994).

É importante destacar que para se obter sucesso nos programas de melhoramento, seja ele referente a qualquer caráter, deve ocorrer, obrigatoriamente, variação na população onde se pratica a seleção, de modo que apareçam diferenças significativas entre os indivíduos envolvidos. Ao se planejar um programa de melhoramento genético, o primeiro problema que surge para o melhorista é o conhecimento da variabilidade existente na população a ser melhorada. Essa é a condição básica para a condução do programa, tendo em vista que a variação existente nos caracteres avaliados constitui a matéria-prima de seu trabalho (Borges, 1980). As técnicas de seleção devem ser direcionadas para o desenvolvimento de genótipos superiores, porém sem a total exaustão da variabilidade genética. Essa variabilidade é indispensável ao melhorista, estando entre os principais fatores que favorecerão a obtenção dos ganhos genéticos (Cruz, 2005).

Em muitos programas de melhoramento genético florestal, tem apresentado, de modo geral, grande variabilidade genética, evidenciando a grande possibilidade de ganhos desses materiais (Paula et al., 2002). As evidências de ganhos são mais expressivas quando se manipulam materiais genéticos que ainda se encontra em estágio silvestre (Pires, 1996).

De acordo com Moraes (1987), o desdobramento da variação total e a estimativa dos seus componentes possibilitam ao melhorista o conhecimento da estrutura genética do material em estudo. Dentre os parâmetros genéticos, a variância genética aditiva é um dos componentes mais importantes, visto que ela é o principal indicador das propriedades genéticas observadas em uma população e tem influência direta na resposta à seleção e seu respectivo ganho

(Falconer, 1987). Assim, a herdabilidade no sentido restrito, que é obtida pela razão da variância genética aditiva e fenotípica, tem a finalidade de orientar o melhorista sobre a quantidade relativa da variância genética que é utilizável no melhoramento (Vencovsky, 1987).

No Brasil, testes de procedência têm sido realizados principalmente com o gênero *Eucalyptus e Pinus*, visando quantificar a variação genética das características de crescimento e a forma das árvores das populações trabalhadas (Torggler, 1987). Esses trabalhos têm mostrado que os valores obtidos para os diferentes parâmetros variam muito entre as espécies. A escassez de informações sobre os padrões de variação genética em relação às diversas espécies nativas tem dificultado o avanço do melhoramento das espécies que já se encontram em estado mais avançado de domesticação. Isso justifica a intensificação das pesquisas nessa área, refletindo a necessidade de gerar conhecimentos que possam ser utilizados para estudos de melhoramento genético e conservação dos remanescentes florestais.

A determinação dos parâmetros genéticos e fenotípicos que caracterizam as populações de espécies florestais, tais como herdabilidades, correlações genéticas, fenotípicas e ganhos esperados com seleção, têm grande importância nos programas de melhoramento genético, principalmente para se realizar uma eficiente seleção (Robinson & Cockerhram, 1965; Dean et al., 1983).

Esses estudos possibilitam obter informações sobre a ação dos genes responsáveis pela herança das características estudadas; obter bases para a avaliação dos programas de melhoramento; auxiliar na tomada de decisão relacionada com a escolha do método mais apropriado de seleção e realizar estimativas do progresso esperado na seleção (Kageyama & Vencovsky, 1983). Portanto, o conhecimento da variação genética e a obtenção das estimativas dos parâmetros genéticos são necessários para a predição do ganho e a escolha da melhor e mais viável estratégia de melhoramento genético (Kageyama, 1980).

Na área florestal, os ensaios de progênies de polinização aberta são mais utilizados para a determinação dos parâmetros genéticos e a detecção de variabilidade genética (Torggler, 1987). Isso deve à grande facilidade de instalação em relação aos ensaios de progênies que exigem polinização controlada (Kageyama, 1980). É muito frequente o uso de caracteres quantitativos, como DAP, altura e forma do fuste, para a estimação desses parâmetros. Os procedimentos técnicos empregados para a sua obtenção no melhoramento florestal têm sido discutidos por alguns autores, tais como: Cornacchia (1994), Pereira et al. (1997), Marques Júnior (1995), Oliveira (1998) e Pires (1996), dentre outros.

Em se tratando de espécies florestais nativas, para a obtenção de sucesso, como em qualquer outro programa de melhoramento, é necessária a definição clara dos objetivos, bem como a análise criteriosa das técnicas a serem utilizadas, avaliação das dificuldades ou facilidades em obter material reprodutivo, a averiguação dos possíveis locais de ocorrência e coleta e a definição do custo/benefício associado ao sistema de produção, entre outros fatores que podem influenciar diretamente as estratégias de melhoramento (Burley & Kanowski, 2005; Oliveira, 1998).

Na literatura, apesar de escassos, encontram-se estudos com espécies nativas, algumas merecem destaque, tais como: pinheiro do paraná (*Araucaria angustifolia*), baru (*Dipteryx alata*), bracatinga (*Mimosa scrabella*), castanha do Pará (*Bertholletia excelsa*), morototó (*Didmopanax morototoni*), palmitero (*Euterpe edulis*), pupunha (*Bactris gasipaes*), seringueira (*Hevea brasiliensis*), açai (*Euterpe oleracea*), guaraná (*Paulinia cupana*), cacau (*Theobroma cacao*), dentre outras.

2.4 Correlação idade–idade e Seleção Precoce

O tempo é um fator determinante na tomada de decisões, principalmente em atividades ligadas às ciências florestais, as quais apresentam grande longevidade e complexidade de desenvolvimento. Qualquer processo seletivo demanda tempo e recurso e, por essa razão, deve ser o mais eficiente possível. Existem vários fatores que interferem no processo seletivo e o conhecimento dos mesmos é essencial para se obter o máximo de sucesso com a seleção.

Em se tratando de melhoramento florestal, observa-se claramente a importância na otimização do tempo demandado para realizar um ciclo de seleção e, conseqüentemente, promover a maximização dos ganhos por unidade de tempo (Marques Júnior, 1995).

Na condução de um programa de seleção recorrente com o *Eucalyptus* no Brasil, somente a etapa de avaliação dura cerca de 7 anos (Pereira et al., 1997). No caso de espécies florestais nativas, o tempo demandado é bem superior, principalmente por se encontrar em condições naturais e não possuir muitas informações de cultivo. Assim, o progresso dos caracteres avaliados a cada geração, resultante do método de seleção utilizado, constitui o “produto” dos programas de melhoramento genético (Pires, 1996). Por essa razão, os melhoristas de espécies florestais têm procurado identificar características das árvores em idade juvenil que estejam relacionadas com aquelas de interesse econômico na fase adulta.

As características em experimentação com espécies florestais apresentam grandes diferenças, quando comparadas com a experimentação em espécies anuais. As principais peculiaridades são o ciclo longo das espécies, a sobreposição de gerações, a extensa área experimental exigida, os custos elevados para a implantação e a manutenção, a exposição constante das árvores a patógenos, pragas e adversidades climáticas. Nessa análise, os dados são

obtidos em grandes quantidades e os resultados da pesquisa gerados em médio e em longo prazo (Dias & Resende, 2001).

Além disso, as dificuldades na experimentação com espécies florestais tornam-se maiores quando as características a serem avaliadas são relativas às propriedades tecnológicas da madeira, visto que outros componentes surgem como geradores de erros experimentais. Dentre esses, destacam-se as dificuldades em se obter os dados e as variações internas no tronco, tanto no sentido longitudinal quanto no radial. Em ambas as situações, há necessidade de conduzir a coleta de dados em um processo adequado de amostragem (Silva & Oliveira, 2003).

O rigor e a precisão da seleção no melhoramento de espécies florestais devem ser bem maiores, em comparação com culturas anuais, tendo em vista que algum erro ocorrido em um ciclo venha a colocar em risco todo o trabalho (Oliveira, 2007; Resende, 2002; Marques Júnior, 1995). Assim, a avaliação genética deve ser criteriosa e bem estruturada, de forma que favoreça a obtenção de parâmetros genéticos confiáveis e, estes, possibilitem a predição, em estádios juvenis, do desempenho do indivíduo adulto para os caracteres de maior interesse. Castro (1992) destaca que a coincidência do desempenho relativo nas idades juvenil e adulta é essencial para a determinação da eficácia do melhoramento de espécies florestais.

As principais vantagens da seleção precoce são: propiciar experimentos menos duradouros, maior facilidade para a coleta de dados e maior flexibilidade em relação às mudanças dos objetivos propostos para o programa de melhoramento (Dean et al., 2006).

Marques Júnior (1995) descreve que a eficácia da seleção precoce está relacionada com a existência de correlação genética entre as idades estudadas, sendo mais eficientes em idades mais próximas à idade de rotação da cultura. Se a correlação é alta ou baixa, isso poderá indicar ao melhorista se a seleção

precoce é ou não uma estratégia viável. A seleção precoce é um caso particular de seleção indireta, por prever o comportamento de uma espécie. Esta previsão é feita por meio de estudos de correlação idade – idade, em que são obtidas as estimativas das correlações genéticas, fenotípicas e ambientais, as quais são necessárias para a predição do progresso genético esperado (Vargas-Hernandez & Adams, 1992). Kageyama (1983) cita que os parâmetros genéticos variam com a idade dos indivíduos. Por exemplo, para *Eucalyptus grandis*, há maior correlação genética entre os 2 a 5 anos do que entre as idades de 1 e 2 anos e 1 e 5 anos, tanto para o diâmetro como para a altura, destacando, assim, a possibilidade de seleção precoce a partir dos 2 anos de idade para esta espécie.

3 MATERIAL E MÉTODOS

O estudo foi conduzido utilizando-se informações do ensaio de procedência e progênie de *Dipteryx alata* instalado em Brasilândia de Minas, MG. Este trabalho foi iniciado em 1996, com o objetivo de fornecer subsídios para definir estratégias em um programa de melhoramento genético e ou conservação do baru.

Para a realização deste estudo, foram coletados frutos de baru em três regiões distintas do estado de Minas Gerais: Noroeste (Brasilândia de Minas), Norte (Jequitaí) e Triângulo Mineiro (Capinópolis), visando captar uma maior variabilidade entre as populações base desta espécie. Em cada região foram amostradas 25 árvores matrizes adultas, distanciadas no mínimo, de 100 m entre si, evitando a coleta de frutos em árvores com elevado grau de parentesco.

3.1 Material genético

Os materiais genéticos utilizados no experimento constituíram-se de 3 procedências de baru, sendo 25 árvores matrizes de Brasilândia de Minas, 25 árvores matrizes de Capinópolis e 16 árvores matrizes de Jequitaí, totalizando 66 famílias de meio-irmãos de polinização livre. Na procedência de Jequitaí, o menor número de famílias foi devido à baixa taxa de germinação.

Os tipos de vegetação, nos locais de coleta de sementes, foram predominantemente constituídos por *Eucalyptus* (Brasilândia de Minas), soja e pastagem (Capinópolis) e fragmentos de Cerrado “sensu stricto” (Jequitaí).

A relação das procedências e os seus respectivos números de famílias são apresentados na Tabela 1.

TABELA 1. Localização geográfica e número de famílias, por procedência de *Dipteryx alata*, avaliadas no experimento.

Procedências	Latitude	Longitude	Altitude (m)	Nº de famílias
Brasilândia de Minas	17°02' S	45°50' W	575	25
Capinópolis	18° 41' S	49° 34' W	620	25
Jequitai	17° 10' 30''S	44° 26' 18'' W	412	16
Total de famílias				66

3.2 Local e caracterização da área experimental

O experimento foi instalado na fazenda Brejão, propriedade da empresa V&M Florestal®, localizada no município de Brasilândia de Minas, noroeste de Minas Gerais, latitude 17°02'S, longitude 45°50'W e altitude média de 575 metros. A temperatura da região varia de 18 a 26°C. A precipitação pluviométrica média anual de 1.441 mm.

3.3 Instalação e condução do experimento

O experimento foi instalado, no ano de 1996, em delineamento experimental de blocos ao acaso, com três repetições. As parcelas constituíram-se de uma linha com cinco plantas, como forma de garantir a sobrevivência e evitar perdas de parcelas, adotando-se uma bordadura dupla em torno de todo o experimento. O espaçamento utilizado foi de 3 x 4 metros, ou seja, 12 m² por planta, totalizando, sem a inclusão da bordadura, uma área de aproximadamente 1,19 ha, com 990 plantas. Todas as plantas experimentais sofreram podas de condução nas idades de 12, 36 e 64 meses.

3.4 Dados coletados

As avaliações do experimento foram realizadas nas idades de 64 (2002), 125 (2007) e 138 meses (2008). Durante esses anos, foram medidas as cinco plantas de cada parcela, medindo-se o diâmetro à altura do peito (DAP) e a altura total. O DAP foi obtido, em centímetros (cm), pela medição direta das árvores com auxílio de uma suta e, para medir a altura total, foi empregado o aparelho Blume Leiss, e as medidas expressas em metros (m).

Uma vista geral do teste aos cinco e onze anos de idade é mostrada na Figura 1.

Este teste já foi fonte de dados para estudos da variação entre e dentro das populações, em viveiro e no campo, com 12 e 19 meses. Este estudo inicial realizado foi por Oliveira (1998), resultando em uma dissertação de mestrado, porém, os dados ainda não foram publicados.



FIGURA 1. Vistas parciais do teste de procedência/progênie, aos 64 meses (esquerda) e aos 138 meses (direita) de idade.

3.5 Análises estatísticas

As características em estudo foram analisadas em nível de indivíduos, para efeitos de análise da variância, com auxílio do programa GENES (Cruz, 2006) e estimativas dos parâmetros genéticos pelo método *residual maximum*

likelihood/best linear unbiased estimator, ou REML/BLUP (máxima verossimilhança residual/melhor preditor linear não viesado) via programa estatístico Selegen-REML/BLUP (Resende, 2007b).

Interessante ressaltar que o programa GENES foi utilizado somente para análise de variância tradicional, sendo, então, nessa análise, admitido o efeito de bloco como aleatório e, assim, avaliar a variabilidade entre e dentro das procedências. Os parâmetros genéticos e a seleção foram realizados via metodologia dos modelos mistos (REML/BLUP), bem como suas significâncias avaliadas via análise de deviance (ANADEV).

3.5.1 Análise de variância conjunta para procedência/progênie/planta em cada ano de avaliação

Para a realização das análises de variância seguiu-se o procedimento análise de procedência-progênie-planta do programa computacional GENES (Cruz, 2006), baseando-se no seguinte modelo biométrico:

$$Y_{ijk} = \mu + \beta_k + Pc_j + P/Pc_{(ij)} + \varepsilon_{ij} + \delta_{ijk}$$

em que:

Y_{ijk} : valor observado na $i^{\text{ésima}}$ progênie da $j^{\text{ésima}}$ procedência cultivada no $k^{\text{ésimo}}$ bloco;

μ : média geral observada;

β_k : efeito do $k^{\text{ésimo}}$ bloco (efeito aleatório);

Pc_j : efeito da $j^{\text{ésima}}$ procedência (efeito fixo);

$P/Pc_{(ij)}$: efeito da $i^{\text{ésima}}$ progênie dentro da $j^{\text{ésima}}$ procedência (efeito aleatório);

ε_{ij} : efeito que mede a variação entre parcelas;

δ_{ijk} : efeito que mede a variação dentro de parcelas.

A análise de variância e a esperança dos quadrados médios para as estimativas dos parâmetros fenotípicos, genotípicos e ambientais dessas características encontram-se na Tabela 2.

TABELA 2. Esquema da análise de variância e estimativa das esperanças dos quadrados médios para os parâmetros genéticos.

Fonte de variação	QM	E(QM)	F
Blocos	QMB	$\hat{\sigma}_d^2 + n\hat{\sigma}_e^2 + n\hat{\sigma}_b^2$	-
Progênieis (P)	QMP	$\hat{\sigma}_d^2 + n\hat{\sigma}_e^2 + nr\hat{\sigma}_g^2$	QMP/QME
Procedências (Pc)	QMPc	$\hat{\sigma}_d^2 + n\hat{\sigma}_e^2 + nr\hat{\phi}_p$	QMPc/QME
Progênieis/Pc1	QMPgi (i=1)	$\hat{\sigma}_d^2 + n\hat{\sigma}_e^2 + nr\hat{\sigma}_{g1}^2$	QMPg1/QME
Progênieis/Pc2	QMPgi (i=2)	$\hat{\sigma}_d^2 + n\hat{\sigma}_e^2 + nr\hat{\sigma}_{g2}^2$	QMPg2/QME
Progênieis/Pc3	QMPgi (i=3)	$\hat{\sigma}_d^2 + n\hat{\sigma}_e^2 + nr\hat{\sigma}_{g3}^2$	QMPg3/QME
Entre parcelas	QME	$\hat{\sigma}_d^2 + n\hat{\sigma}_e^2$	-
Dentro de parcelas	QMD	$\hat{\sigma}_d^2$	-

$\hat{\sigma}_d^2$: variância fenotípica dentro de parcelas; $\hat{\sigma}_e^2$: variância ambiental entre parcelas; $\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica entre médias de progênieis; $\hat{\sigma}_{g1}^2$: componente de variabilidade genotípica na procedência; $\hat{\sigma}_{g2}^2$: componente de variabilidade genotípica na procedência 2; $\hat{\sigma}_{g3}^2$ componente de variabilidade genotípica na procedência 3; $\hat{\sigma}_b^2$: variância de blocos; $\hat{\phi}_p$: componente quadrático que expressa a variabilidade genotípica da procedência; **n** refere-se ao número de plantas dentro da parcela; **r** refere-se ao número de blocos.

3.5.2 Estimativas de parâmetros genéticos

Para a avaliação genética dos indivíduos, foi utilizado o procedimento ótimo e padrão para a predição de valores genéticos e seleção no melhoramento de espécies perenes, conforme descrito por Resende (2002). Esse procedimento é denominado REML/BLUP, no qual se obtém o BLUP individual a partir das estimativas dos componentes de variância obtidas pela metodologia REML (Resende, 2002). Essa metodologia, que é realizada via modelos mistos, tem se desenvolvido bastante, principalmente nas últimas décadas, por favorecer uma avaliação eficiente, acurada e informativa dos parâmetros utilizados no melhoramento, especialmente quando há necessidade de avaliação dos dados com algumas informações perdidas, fato muito comum em experimento com espécies perenes.

Para realizar a análise genética, adotou-se o programa computacional Selegen–REML/BLUP (Resende, 2007b). Para a avaliação do experimento em blocos ao acaso, progênie de polinização aberta e várias populações, adotou-se o modelo estatístico 05 do referido programa computacional. Esse modelo aplica-se aos testes de progênie com várias plantas por parcela, um local e com mais de uma procedência. Essa análise classifica os melhores indivíduos pelos seus valores genéticos preditos e procedências pelos valores genotípicos, além de fornecer as médias, componentes de variância e os parâmetros genéticos que serão utilizados para a seleção.

A sequência dos dados para análise empregando o modelo 05, no programa SELEGEN (Resende, 2007b), é a seguinte:

indivíduo, progênie, bloco, parcela, procedência, planta e variáveis.

O modelo linear misto para a avaliação genética ao nível de indivíduo, conforme Resende (2002), é dado por:

$$y = Xb + Za + Wc_1 + Qr + e, \text{ em que:}$$

y, b, a, c_1, r e e : em que “ y ” refere-se aos vetores de dados, “ b ” efeitos fixos de blocos, “ a ” efeitos aleatórios genéticos aditivos, “ c_1 ” efeitos aleatórios de parcelas, “ r ” efeitos aleatórios de procedências e “ e ” resíduo dentro de parcela, respectivamente.

X, Z, W e Q : matrizes de incidência para b, a, c_1 e r , respectivamente.

3.5.2.1 Distribuição e estruturas de médias e variâncias

$$y | b, V \sim N(Xb, V)$$

$$a | A, \sigma_a^2 \sim N(0, A \sigma_a^2)$$

$$c_1 | \sigma_{c_1}^2 \sim N(0, I \sigma_{c_1}^2)$$

$$r | \sigma_r^2 \sim N(0, I \sigma_r^2)$$

$$e | \sigma_e^2 \sim N(0, I \sigma_e^2)$$

$$\text{Cov}(a, c_1') = 0; \text{Cov}(a, r') = 0; \text{Cov}(a, e') = 0$$

$$\text{Cov}(c_1, r') = 0; \text{Cov}(c_1, e') = 0; \text{Cov}(r, e') = 0$$

Ou seja:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ c_1 \\ r \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \text{ e } \text{Var} \begin{bmatrix} a \\ c_1 \\ r \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_{c_1}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_r^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

$$\text{Var}(y) = ZA \sigma_a^2 Z' + WI \sigma_{c_1}^2 W' + QI \sigma_r^2 Q' + I \sigma_e^2$$

A e I = matriz de parentesco genético aditivo e matriz identidade de ordem apropriada aos dados, respectivamente.

3.5.2.2 Equações de modelo misto

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'Q \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W & Z'Q \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 & W'Q \\ Q'X & Q'Z & Q'W & Q'Q + I\lambda_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{a} \\ \hat{c}_1 \\ \hat{r} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ Q'y \end{bmatrix};$$

em que:

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1 - h^2 - c_1^2 - r^2}{h^2};$$

$$\lambda_2 = \frac{\sigma_c^2}{\sigma_{c_1}^2} = \frac{1 - h^2 - c_1^2 - r^2}{c_1^2};$$

$$\lambda_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_r^2} = \frac{1 - h^2 - c_1^2 - r^2}{r^2};$$

$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_{c_1}^2 + \sigma_r^2 + \sigma_e^2}$: herdabilidade individual no sentido restrito;

$c_1^2 = \sigma_{c_1}^2 / (\sigma_a^2 + \sigma_{c_1}^2 + \sigma_r^2 + \sigma_e^2)$: correlação entre indivíduos devida ao ambiente comum da parcela referente a progênies;

$r^2 = \sigma_r^2 / (\sigma_a^2 + \sigma_{c_1}^2 + \sigma_r^2 + \sigma_e^2)$: correlação fenotípica intraclasse entre indivíduos de uma mesma procedência, em diferentes blocos;

3.5.2.3 Estimadores iterativos dos componentes de variância por REML via algoritmo EM (*expectation maximization*)

$$\sigma_{\epsilon}^2 = [y'y - \hat{b}'X'y - \hat{a}'Z'y - \hat{c}_1'W'y - \hat{r}'Q'y]/[N - r(x)]$$

$$\sigma_{\hat{a}}^2 = [\hat{a}'A^{-1}\hat{a}' + \sigma_{\epsilon}^2 \text{tr}(A^{-1}C^{22})]/q$$

$$\sigma_{\hat{c}_1}^2 = [\hat{c}_1'\hat{c}_1 + \hat{\sigma}_{\epsilon}^2 \text{tr}C^{33}]/s_1;$$

$$\sigma_{\hat{c}_1}^2 = [\hat{r}'\hat{r} + \hat{\sigma}_{\epsilon}^2 \text{tr}C^{44}]/t, \text{ em que:}$$

S_1 e t = número de parcelas referentes a progênie e números de procedências.

C^{22}, C^{33} e C^{44} advém de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} & C_{14} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} & C_{24} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} & C_{34} \\ C_{41} & C_{42} & C_{43} & C_{44} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} & C^{14} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} & C^{24} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} & C^{34} \\ C^{41} & C^{42} & C^{43} & C^{44} \end{bmatrix}$$

C : matriz dos coeficientes das equações de modelo misto;

tr: operador traço matricial;

$r(x)$: posto da matriz X

N e q : número total de dados e número de indivíduos.

As estimativas dos parâmetros genéticos foram realizadas pelo método REML, sob modelo individual, para atender às condições do desbalanceamento do teste. As propriedades estatísticas decorrentes desse procedimento são superiores às propriedades dos estimadores advindos do método dos mínimos quadrados, conforme esclarecido por Resende (2002).

3.5.2.4 Estimativas de herdabilidade em nível de média de famílias

As estimativas de herdabilidade em nível de médias de famílias foram obtidas pela seguinte expressão, conforme Resende (2002):

$$h_m^2 = \frac{[1 + (n - 1)\rho_a]h_a^2}{1 + (n - 1)(\rho_a h_a^2)}$$

em que ρ_a é a correlação genética entre os indivíduos do tipo de família considerada ($\rho_a = 1/4$ para meios-irmãos), h_a^2 é a herdabilidade individual no sentido restrito e n é o número total de indivíduos por progênie (n máximo igual a 15 no presente trabalho).

Calcularam-se, ainda, as acurácias seletivas para seleção de famílias, conforme Oliveira et al. (2004).

$$r_{\hat{a}am}^2 = \left[\frac{[1 + (n - 1)\rho_a]h_a^2}{1 + (n - 1)(\rho_a h_a^2)} \right]^{1/2}$$

3.5.3 Correlações genéticas e fenotípicas entre os caracteres e correlação idade-idade

As correlações genéticas entre os caracteres são obtidas submetendo-se o arquivo de dados ao modelo 102 do programa Selegen-REML/BLUP. Interessante ressaltar que essa correlação genética é dada pela correlação entre os valores genotípicos obtidos pelo BLUP para os caracteres avaliados nas diferentes idades, conforme descritos por Resende (2007b).

As correlações fenotípicas também foram obtidas por meio do programa Selegen-REML/BLUP, sendo calculadas segundo o modelo 105, conforme sugerido por Resende (2007b). Nesse modelo são fornecidas, além das correlações fenotípicas, informações estatísticas gerais acerca dos dados como média, variância, desvio, dentre outros.

A seleção das melhores famílias foi realizada com base no valor genético aditivo das progênes, fornecido pela análise realizada via modelo 05. No intuito de obter os melhores indivíduos, selecionaram-se somente as famílias que apresentavam efeito genético aditivo positivo, tendo o DAP como referência. Como a seleção foi visando à transformação do teste em um pomar de sementes por mudas, a intensidade de seleção dentro das famílias selecionadas foi de 20%, ou seja, um indivíduo por família selecionada em cada bloco, visando evitar alta taxa de cruzamento entre indivíduos aparentados. A seleção dentro de famílias foi realizada com base no valor genotípico individual, selecionando o indivíduo com maior valor genotípico dentro de família em cada bloco.

Os valores genotípicos de cada indivíduo selecionado foram obtidos somando-se cada efeito genotípico à média geral do experimento. O ganho genético equivale à média dos valores genéticos preditos selecionados. A média geral somada ao ganho genético resulta na medida da população melhorada.

A seleção foi conduzida tendo o DAP como referência, devido a sua precisão e pelo fato de apresentar alta correlação com altura, bem como por possuir uma relação hipsométrica positiva com o volume. Além disso, o fato dessa medida ter sido obtida por método direto, pelo uso da suta, promoveu maior precisão nas medidas desse caráter e, conseqüentemente, maior precisão experimental. A altura foi obtida por meio do aparelho blume leiss, método indireto, o que pode favorecer pequenos erros nas medidas, diminuindo, assim, a precisão experimental.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A mortalidade observada em todo teste foi relativamente baixa, sendo, respectivamente, de 2,72%, 7,88% e 7,99% para as idades de 64, 125 e 138 meses de idade. Considerando a idade de 138 meses, o número de plantas mortas em cada procedência foi, respectivamente, de 24, 30 e 25 para Brasilândia de Minas, Capinópolis e Jequitaiá. Apesar de se observar, na procedência de Jequitaiá, valor numericamente próximo às mortes ocorridas nas outras procedências, este valor se mostra maior em termos percentuais, uma vez que o número de progênies no teste provenientes da procedência de Jequitaiá foi bem menor.

Esse número reduzido de progênies provenientes da procedência de Jequitaiá foi devido ao pequeno desenvolvimento das mudas e ao elevado percentual de mortes ocorrido durante a fase de viveiro em 1996. Essas mortes podem estar relacionadas com a qualidade das sementes, tendo em vista que elas foram coletadas em seu ambiente natural e apresentavam diferentes graus de maturação. Assim, acredita-se que algum fator fisiológico da semente possa ter influenciado na germinação, bem como no desenvolvimento das plantas no campo para essa procedência.

Ao se trabalhar com plantas silvestres, o pesquisador se depara com problemas distintos desde o início dos trabalhos, principalmente por não possuir estudos básicos que lhe forneçam subsídios para o cultivo. No presente trabalho, ocorreram diversos problemas relacionados com germinação, uniformidade e qualidade das mudas, principalmente na procedência de Jequitaiá que, por esse motivo, não obtiveram mudas em grande quantidade, como nas outras procedências, para a implantação do teste.

Assim, diante dos problemas ocorridos naquela ocasião, optou-se por estabelecer o teste com um menor número de plantas por parcela e maior número de famílias, visando, assim, estabelecer um teste com maior número de famílias possível, mesmo com o risco de ocorrer morte de todos os indivíduos de uma família, em alguma repetição.

Contudo, mesmo com esse número reduzido de plantas por parcela, não ocorreu morte de uma família inteira no experimento, tendo um desbalanceamento no teste somente dentro de famílias. Esse desbalanceamento foi ocasionado pela pequena percentagem de mortes em todo experimento, o qual alcançou sobrevivência de aproximadamente 92%, fato que contribuiu para manter o teste balanceado quanto ao número de famílias presente nas repetições.

4.1 Resultados da análise de variância do teste combinado de procedência e progênes e planta

As análises de variância ao nível de indivíduos para os caracteres diâmetro a altura do peito e altura, envolvendo as três procedências em cada idade, são apresentadas na Tabela 3. Observando os resultados apresentados nas Tabelas 3, 4 e 5, visualiza-se uma expressiva variabilidade entre as procedências em todas as idades avaliadas.

Observando-se a Tabela 3, detectam-se diferenças altamente significativas ($P < 0,01$), pelo teste F, entre as famílias em cada procedência e entre as procedências, em todas as idades avaliadas. Esses resultados, associados aos valores de variância genética (V_g), apresentados na Tabela 4, denotam a existência de substancial variabilidade genética na espécie *D. alata* e essa variabilidade pode permitir avanços significativos em futuros programas de melhoramento genético. Esse resultado ratifica a observação realizada por Pires et al. (1996), de que a maioria dos genótipos manipulados no setor florestal,

ainda em estágio selvagem, possibilita a obtenção de significativos ganhos com pouco esforço de seleção.

TABELA 3: Resultados da análise de variância do DAP e altura, obtido pela avaliação de famílias de meios-irmãos de diferentes procedências de *D. alata* com 64, 125 e 138 meses de idade, no município de Brasilândia de Minas, MG.

FV	GL	QM					
		DAP			ALTURA		
		64	125	138	64	125	138
Bloco	2	0,681	1,7317	3,7780	2,0044	2,0946	48,0550
Família	65	9,3429**	31,1093**	35,5818**	3,4593**	8,67223**	12,2273**
Procedência	2	56,9755**	310,7759**	391,6989**	7,2527**	64,5632**	83,6328**
Prog/Pc1	24	5,8225**	16,8167**	17,8184**	3,1590**	6,1316**	8,9872**
Prog/Pc2	24	9,2521**	24,9823**	28,0492**	3,7594**	6,8933**	10,7284**
Prog/Pc3	15	8,7698**	26,4917**	28,5732**	2,9538**	8,1317**	10,2889**
Entre parcelas	130	2,7935	7,5982	8,1162	1,2868	2,8212	3,7383
Dentro de parcelas	727	1,7456	5,7846	6,6131	0,8444	2,1748	2,6420

** Significativo, pelo teste de F ($p < 0,01$). Pc1: Procedência de Brasilândia de Minas, Pc2: Procedência de Capinópolis e Pc3: procedência de Jequitaiá.

Para níveis de variação significativos entre procedências ou origens com ampla área de distribuição geográfica, como é caso do *D. alata*, é esperado que ocorram diferenças genéticas significativas. Nessas áreas, há a possibilidade de existência de variações clinais ou ecotípicas, tendo grande importância em projetos de conservação genética. As diferenças de latitude entre os locais de coleta de sementes, bem como as variações nos índices pluviométricos, resultam em déficits hídricos distintos. De acordo com Farias Neto et al. (2003), essas diferenças têm surgido como resultado da adaptação da espécie a diferentes condições edafoclimáticas nos habitats naturais.

Soares et al. (2008) observaram expressivas variações entre populações de *D. alata* no Cerrado brasileiro, principalmente do centro-oeste. Essas populações, além de serem espacialmente estruturadas, demonstraram processos simultâneos de divergência genética estocástica e padrões de recente ocupação humana na referida região de estudo. Ainda, segundo esses autores, devido às fragmentações provocadas pela antropização, têm-se formado populações constituídas de pequenos grupos de indivíduos, o que as torna pouco indicadas para a conservação genética da espécie.

Tendo em vista que *D. alata* apresenta reprodução alógama e que o vetor responsável pelo fluxo de pólen entre plantas é basicamente constituído pela abelha *Xylocopa suspecta* (Oliveira & Sigrist, 2008), os diferentes graus de antropização podem estar atuando na formação de grupos distintos dessa espécie arbórea, conforme relatado por Soares et al. (2008), em decorrência da redução do fluxo gênico, causado por modificações na estrutura das populações das referidas abelhas.

Na tabela de análise de variância (Tabela 3), a decomposição dos efeitos de progênie de meio-irmão dentro das procedências de Brasilândia de Minas, Capinópolis e Jequitaiá mostra que em todas as procedências existem variações genéticas significativas.

Esses resultados corroboram aqueles obtidos por Oliveira (1998), o qual avaliou a variação entre e dentro de procedências avaliadas neste mesmo trabalho, porém em fase de viveiro e crescimento inicial. Nessa avaliação foram observadas, pelo teste F, diferenças significativas entre as procedências, considerando o diâmetro à altura do colo aos 7, 13 e 19 meses.

Nas Tabelas 4 e 5 são apresentados os componentes de variância genética, estimados pelo método das esperanças dos quadrados médios, bem como a média obtida por procedência. Observa-se que a procedência de Capinópolis obteve maiores médias, seguida da Brasilândia de Minas e Jequitaiá nas diferentes idades. Essas maiores médias para a procedência de Capinópolis podem estar associadas ao fato de as matrizes (planta mãe) estarem localizadas em pastagens ou plantações de soja. Essa tendência de comportamento de médias foi observada desde as avaliações iniciais por Oliveira (1998). Assim, acredita-se que, nesta população tenha ocorrido uma pré-seleção, por meio de desbaste das árvores de menor desempenho, realizada pelos agricultores. Essa é uma prática muito comum entre os pecuaristas, os quais deixam algumas árvores nas pastagens, geralmente as mais frondosas e sadias, no intuito de fornecer conforto térmico para o gado.

Ainda observando as médias e avaliando o incremento obtido com o passar das idades, vê-se que o crescimento, tanto em altura como em DAP, não foi muito grande. Contudo, observou-se, visualmente, um aumento considerável no tamanho das copas das árvores. O pequeno crescimento, neste intervalo de tempo, pode ter sido influenciado pelo falta de adubação e da realização de tratos culturais do teste. De acordo com Sano (2001), o desenvolvimento do *D. alata* é influenciado por fatores edáficos e fertilidade. Durante todo o experimento, não se realizou nenhuma adubação após o plantio das mudas, sendo realizadas somente podas de condução aos 12, 36 e 64 meses.

TABELA 4: Estimativas da média e variância genética para o caráter DAP aos 64, 125 e 138 meses de idade.

Descrição	----- 64 -----			----- 125 -----			----- 138 -----		
	μ	Vg	CVg	μ	Vg	CVg	μ	Vg	CVg
Procedência	4,96	3,612	38,3	6,47	20,21	69,4	6,79	25,572	74,4
Prog/Brasilândia	4,76	0,201	9,4	6,10	0,614	12,8	6,36	0,646	12,6
Prog/Capinópolis	5,39	0,430	12,2	7,45	1,158	14,4	7,89	1,328	14,6
Prog/Jequitaí	4,61	0,398	13,5	5,53	1,259	20,2	5,74	1,363	20,3

μ : Média geral, Vg: Variância genética, CVg: Coeficiente de variação genética (%)

38

TABELA 5: Estimativas da média e variância genética para o caráter altura aos 64, 125 e 138 meses de idade.

Descrição	-----64 -----			----- 125 -----			----- 138 -----		
	μ	Vg	CVg	μ	Vg	CVg	μ	Vg	CVg
Procedência	3,80	0,397	16,6	4,03	4,116	50,2	4,66	5,326	49,5
Prog/Brasilândia	3,72	0,124	9,4	3,95	0,220	11,8	4,53	0,349	13,0
Prog/Capinópolis	3,95	0,164	10,2	4,44	0,271	11,7	5,14	0,466	13,2
Prog/Jequitaí	3,67	0,111	9,0	3,52	0,354	16,8	4,10	0,436	16,1

μ : Média geral, Vg: Variância genética, CVg: Coeficiente de variação genética (%)

Pelos resultados apresentados nas Tabelas 4 e 5, verificam-se, ainda, maior nível de variação quando se consideram todas as progênies de todas as procedências, porém, observa-se um gradiente de variação genética por população, tendo a população de Brasilândia de Minas apresentado menor variação, seguida de Capinópolis e Jequitaiá. Considerando o DAP aos 64 meses, os coeficientes de variação genéticos para todas as progênies de todas as procedências foram de 38.3%, porém as estimativas individuais para essas populações foram, respectivamente, de 9,4%, 12,2% e 13,5%.

Retornando ao discutido anteriormente, sobre antropização e uso da terra nas áreas de coleta de sementes, pode-se verificar que esses fenômenos são bastante divergentes. A população de Brasilândia de Minas que apresentou o menor coeficiente de variação genética foi constituída de árvores localizadas onde o cultivo de *Eucalyptus* é predominante, enquanto que nas populações de Capinópolis e Jequitaiá a atividade agrícola é constituída, principalmente, por pastagens, sendo em Jequitaiá o relevo acidentado e com muitas áreas impróprias para a agricultura intensiva. Em Jequitaiá, o sistema agrícola é constituído, na maior parte, por pequenas propriedades agrícolas com característica familiar, fato que contribui para a existênciade uma maior faixa de Cerrado com menor grau de antropização. Por essa última razão, a maior variabilidade encontrada nesta população corrobora os trabalhos de Soares et al. (2008) e Oliveira & Sigríst (2008).

Outro fenômeno que explica essas diferenças nos níveis de variabilidade genética entre as populações avaliadas é o fato de que, na fase de produção das mudas experimentais, a população de Brasilândia de Minas apresentou maior número de plântulas albinas, seguida pela população de Capinópolis. Por outro lado, em Jequitaiá, este fenômeno não foi observado. A ocorrência desse fenômeno, provocado pela endogamia em plantas alógamas,

promove o decréscimo na germinação, viabilidade das sementes e mortalidade juvenil (Mitton, 1989).

Durante a fase inicial deste trabalho, conduzido por Oliveira (1998), observou-se que em 25 matrizes de Brasilândia de Minas, uma matriz apresentou taxa de albinismo de aproximadamente 24%, podendo-se inferir, tal como sugerido por Gettys & Wfford (2007), que o albinismo em *D. alata* é controlado por um simples locus pelos alelos A e a. Diante disso, existe a possibilidade de que a referida matriz esteja em uma condição isolada de fluxo de pólen. O albinismo observado em Capinópolis foi observado em três matrizes, porém em percentual médio bem inferior a 25%, sendo este de 2,4%.

Contudo, para obter tal informação com maior segurança, devem ser conduzidos experimentos com o objetivo de estudar mais detalhadamente o albinismo em *D. alata*. Por se tratar de uma espécie nativa, há grandes dificuldades na implementação desses estudos, tendo em vista que se trata de uma espécie arbórea, cuja a fase reprodutiva ocorre em longo prazo.

4.2 Teste de procedência progênies de meios-irmãos avaliados pelo método REML/BLUP

Os resultados referentes às estimativas dos parâmetros genéticos para os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP) e altura total nas idades de 64, 125 e 138 meses de idade, em *Dipteryx alata*, são apresentados na Tabela 6.

TABELA 6: Estimativas de médias, componentes de variância e herdabilidade (REML individual), pelo o programa SELEGEN, para as características diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (ALT), em famílias de meios-irmãos de *Dipteryx alata* aos 64, 125 e 138 meses de idade.

Parâmetros	Meses					
	DAP			Altura		
	64	125	138	64	125	138
$\hat{\sigma}_a^2$	0,905708	2,8661429	3,149565	0,333243	0,702599	1,072327
$\hat{\sigma}_{pare}^2$	0,212204	0,192837	0,160234	0,077446	0,102095	0,178155
$\hat{\sigma}_{proc}^2$	0,195265	0,997604	1,305838	0,024402	0,190743	0,261621
$\hat{\sigma}_e^2$	0,487557	0,743428	0,951035	0,257980	0,475565	0,243144
$\hat{\sigma}_f^2$	1,800734	4,795298	5,566673	0,693070	1,471002	1,755246
\hat{h}_a^2	0,502966	0,596716	0,565790	0,480822	0,477633	0,610927
$\hat{s}(\hat{h}_a^2)$	0,1293	0,1447	0,1410	0,1264	0,1295	0,1465
h_{im}^2	0,81994	0,869424	0,854305	0,806485	0,804483	0,876022
r_{gam}^2	0,9055	0,9324	0,9242	0,8980	0,8969	0,9359
C_{pare}^2	0,117843	0,040214	0,028785	0,111743	0,069405	0,101498
C_{proc}^2	0,108436	0,208038	0,234581	0,035208	0,129669	0,149051

“...Continua...”

“TABELA 6, Cont.”

Parâmetros	Meses					
	DAP			Altura		
	64	125	138	64	125	138
CV _{gi} (%)	18,8286	24,45708	24,4775	14,8460	19,3774	20,7156
CV _{gp} (%)	9,4143	12,22854	12,2387	7,42304	9,688702	10,3578
CVe (%)	13,2063	12,69306	12,5115	10,8815	12,7167	12,4550
CVr	1,42	1,92	1,95	1,36	1,52	1,66
PEV	0,0407	0,0936	0,1148	0,0161	0,0343	0,0332
SEP	0,2019	0,3059	0,3388	0,1269	0,1853	0,1823
Média geral	5,054	6,9165	7,2503	3,8883	4,3257	4,9987

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva; $\hat{\sigma}_{\text{parc}}^2$ = variância ambiental entre famílias; $\hat{\sigma}_{\text{proc}}^2$ = variância genética entre procedências; $\hat{\sigma}_f^2$ = variância residual dentro de parcelas (ambiental + genética não aditiva); $\hat{\sigma}_f^2$ = variância fenotípica individual; \hat{h}_a^2 = coeficiente de herdabilidade individual, no sentido restrito no bloco, ou seja, dos efeitos aditivos; $s(\hat{h}_a^2)$ = desvio padrão das estimativas de herdabilidade; h_m^2 = herdabilidade em nível de médias de famílias; r_{fam}^2 = acurácia seletiva para seleção de famílias; C2parc = coeficiente de determinação dos efeitos de família; C2proc = coeficiente de determinação dos efeitos de procedência; Cvgi = coeficiente de variação genética aditiva individual; CVgp = coeficiente de variação genotípica entre famílias; CVe = coeficiente de variação residual; CVr = razão entre CVgi/CVe; PEV = variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênie, assumindo sobrevivência completa; SEP = desvio padrão do valor genotípico predito de progênie, assumindo sobrevivência completa.

Tanto para a característica DAP quanto para altura, as estimativas de variâncias genéticas aditiva entre famílias (σ_a^2) e variância fenotípica individual (σ_f^2) mostraram nítida tendência de apresentarem valores mais altos nas idades mais elevadas. Considerando as idades mínima (64) e máxima (138 meses), a σ_a^2 teve altos acréscimos da ordem de 247% e 221%, para DAP e altura, respectivamente. Para σ_f^2 esses acréscimos foram, respectivamente, de 209% e 153%. Considerando que o coeficiente de variação ambiental (CVe) não teve variação expressiva, como em σ_a^2 , em ambas as características, pode-se inferir que no referido período houve grande liberação de variabilidade genética. Analisando-se os coeficientes de variação genética individual (CVgi), os aumentos entre as idades mínima e máxima foram, respectivamente, de 31,5% e 39%. Aumentos semelhantes também foram observados para o coeficiente de variação genotípica entre famílias (CVgp).

Por essa razão, as estimativas de herdabilidade individual, no sentido restrito, obtidas para as idades de 64, 125 e 138 meses apresentaram valores expressivos, variando de 0,502966 a 0,596716, para DAP e de 0,480822 a 0,610927, para altura (Tabela 6). Isso mostra que o aumento da herdabilidade com o avançar da idade ocorreu de forma significativa somente para altura, ou seja, houve um acréscimo de 26%.

Tendo em vista que os desvios de herdabilidade são semelhantes e considerando a referida liberação de variabilidade genética com o passar da idade, espera-se que os ganhos genéticos da seleção também sejam aumentados.

Foram obtidos baixos valores para variância do erro de predição (PEV) e seu respectivo desvio padrão (SEP). De acordo com Resende & Duarte (2007) a PEV está diretamente relacionada com a acurácia, sendo que a precisão e a maximização da acurácia em função de valores minimizados da PEV. Assim, conforme se observa na Tabela 6, nota-se que os valores da PEV apresentaram valores muito baixos, variando de 0,0407 a 0,1148 para DAP e 0,0161 a 0,0343

para altura. Esses valores mais baixos da PEV observados para o caráter altura estão associados aos menores valores obtidos em σ_e^2 . Os desvios padrões dos erros de predição (SEP) também apresentaram baixos valores, evidenciando assim a alta precisão na seleção. Esses valores demonstram uma situação muito favorável para a seleção e excelentes perspectivas para o programa de melhoramento genético do baru.

Outro fator que confirma essa tendência é a relação CV_{gi}/CV_e , conhecida como coeficiente de variação relativa (CVr). Essa relação, segundo Vencovsky (1987), é um indicativo de viabilidade de seleção, que apresenta situação favorável à seleção quando essa relação for superior a 1,0, o que foi verificado em todas as idades avaliadas. Segundo Resende & Duarte (2007) a magnitude do CVr também pode ser utilizada para inferir sobre a acurácia e a precisão na avaliação genotípica. É interessante ressaltar que para essa inferência, de acordo com esses autores, deve estar associada ao número de repetições, os quais mostram que, com números de repetições superiores a cinco e valores de CVr inferiores a 1,0, também podem favorecer permitir elevadas acurácias.

O CVr apresentou, para o caráter DAP, aumento de 1,42, aos 64 meses, para 1,95, aos 138 meses de idade. Comportamento semelhante foi observado para o caráter altura. Assim, diante desses resultados, pode-se inferir que se obterão maiores ganhos nas idades mais avançadas.

Os aumentos das variâncias σ_a^2 , σ_f^2 e CVr com o avanço da idade do teste podem estar relacionados com o aumento da competição entre árvores por luz, nutrientes e água. Isso sugere uma diferenciação entre indivíduos e famílias para uma maior ou menor adaptação ao referido aumento de competição, com reflexos na variação entre indivíduos e/ou famílias.

Os desvios padrão das herdabilidades, obtidos para os caracteres em todas as idades avaliadas, foram muitos semelhantes, apresentando valor em

média de 0,136. Esses valores corresponderam em média 25.3%, dos valores das herdabilidades. Resende (2007b) ressalta que são obtidos melhores resultados na seleção quando a magnitude dos desvios padrão é pequena, em relação aos valores das herdabilidades.

A magnitude dos valores obtidos para as estimativas de herdabilidade individual, no sentido restrito, encontrados para DAP e altura total nas idades avaliadas, mostra que um controle genético moderado pode ser obtido. Em populações pouco melhoradas, a quantidade de variância genética aditiva existente é grande (Bison, 2004). Assim, esses valores revelam excelentes possibilidades de seleção e, conseqüentemente, propiciará ganhos significativos para os caracteres avaliados, uma vez que, de acordo com Bernardo (2002), o progresso esperado com a seleção depende diretamente da herdabilidade e da intensidade de seleção.

Observaram-se valores expressivos e semelhantes entre si, no que diz respeito às estimativas de herdabilidade na média das famílias, para os caracteres nas idades avaliadas. Aos 64 meses de idade, para o caráter DAP, por exemplo, obteve-se valor de, aproximadamente, 0,82 e, aos 138 meses, valor de 0,87, sendo muito próximos. Essa diferença pode ser atribuída ao erro associado às estimativas de h_m^2 (herdabilidade em nível de médias de famílias). O mesmo comportamento foi observado nas demais idades, obtendo-se estimativas de elevada magnitude, apresentando média de 0,838 e 0,829 para DAP e altura, respectivamente.

De acordo com Pereira et al. (1997), esses elevados valores de herdabilidade podem estar associados ao fato de as famílias de meios irmãos avaliadas serem oriundas de material selvagem, sem nenhum ciclo de seleção antes realizado, bem como à boa precisão experimental em que as famílias foram avaliadas. Os mesmos autores observaram comportamento semelhante em *Eucalyptus camaldulensis* cultivados no Noroeste do estado de Minas Gerais,

em que a h_m^2 para o caráter DAP foi semelhante com o decorrer das idades, variando de 83,4, aos 17 meses a 86,0%, aos 77 meses. Estimativas semelhantes de h_m^2 em *Eucalyptus cloeziana*, no Norte de Minas, também foram observadas por Marques Júnior (1995), que observou h_m^2 de 89% aos 29 meses e 87%, com 80 meses.

Estimativas de herdabilidade têm sido obtidas para o *D. alata* por Siqueira et al. (1993) e Oliveira (1998). Siqueira et al. (1993) avaliaram altura em diâmetro de progênies e procedências de *D. alata* em diferentes idades, para fins de conservação. Nesse estudo, foi verificado que os coeficientes de herdabilidade no sentido restrito apresentaram certa variação com o decorrer das idades. Esses autores observaram que as estimativas de herdabilidade no sentido restrito para DAP e altura mostraram uma tendência de apresentarem valores mais baixos nas idades mais jovens, tendendo a decrescer posteriormente, e voltando a crescer novamente com o avanço das idades.

Em estudos iniciais do presente trabalho, Oliveira (1998) avaliando os parâmetros genéticos verificou que a h_m^2 foi em média 86,34%, 65,81% e 53,54% para a característica DAC (diâmetro à altura do colo) das mudas de baru, aos 7, 13 e 19 meses de idade, respectivamente. De certa maneira, os resultados apontam um decréscimo com o aumento da idade, como também observado por Siqueira et al. (1993).

Os valores dos coeficientes de determinação dos efeitos de parcela ($C_{parcela}^2$) para os caracteres de DAP e altura total apresentaram valores relativamente baixos. A maior estimativa foi obtida para DAP aos 64 meses de idade e a menor para DAP aos 138 meses, as quais foram de 0,117843 e 0,028785, respectivamente (Tabela 6). Este fator indica que houve baixa variação ambiental entre as parcelas dentro do bloco e que o delineamento experimental utilizado foi eficiente.

Os valores dos coeficientes de determinação dos efeitos de procedências (C_{proc}^2), para os caracteres avaliados, diferentemente, foram mais altos aos 125 e 138 meses, porém, para altura aos 64 meses, obteve-se valor abaixo dos demais caracteres. Isso indica a presença de uma moderada magnitude em relação à variação total e que a contribuição do efeito procedências foi moderada. Ao observar os valores da variação genética entre procedências (σ_{proc}^2), isso pode ser confirmado. Os valores encontrados para σ_{proc}^2 tiveram grande variação, com valores de 0,195265; 0,997604 e 1,305838 para DAP aos 64, 125 e 138 meses de idade, respectivamente. Para o caráter altura, os valores foram 0,024402; 0,190743 e 0,261621, aos 64, 125 e 138 meses de idade, respectivamente. Esses resultados demonstram a grande variabilidade existente entre as procedências, o que possibilita a seleção entre as procedências para os caracteres avaliados (Tabela 6).

Nas Tabelas 7, 8 e 9, observa-se a significância dos efeitos genéticos aditivos e de procedência para as diferentes idades avaliadas, pela análise de deviance (ANADEV). Essa análise tem o objetivo de avaliar a significância do modelo estatístico no contexto da análise de modelos mistos por REML. A ANADEV é um procedimento que se baseia no teste da razão de verossimilhança (LRT), sendo a significância testada pelo teste Qui-quadrado (χ^2) com 1 grau de liberdade. Como a REML é uma generalização da ANOVA, a ANADEV é metodologia análoga, sendo recomendada na ocorrência de dados desbalanceados Resende, 2007a.

Visualiza-se, pelas Tabelas 7, 8 e 9, que os efeitos genéticos e de procedências foram altamente significativos para as diferentes idades avaliadas, exceto para os efeitos de parcela, que não foram significativos aos 138 meses.

TABELA 7: Análise de deviance (ANADEV) para o caráter diâmetro a altura do peito (DAP) em baru avaliado aos 64 meses em Brasilândia de Minas/MG.

Efeito	Deviance	LRT	Componentes	Coefficiente
		Qui-quadrado	de variância	Determinação
Genótipos	1333,2 ⁺	19,7**	$\hat{\sigma}_{\text{g}}^2 = 0,905^{**}$	$h_{\text{g}}^2 = 0,5022^{**}$
Parcela	1339,8 ⁺	26,3**	$\hat{\sigma}_{\text{parc}}^2 = 0,2122^{**}$	$C_{\text{parc}}^2 = 0,1178^{**}$
Procedência	1327,9 ⁺	14,3**	$\hat{\sigma}_{\text{proc}}^2 = 0,1952^{**}$	$C_{\text{proc}}^2 = 0,1084^{**}$
Resíduo	-	-	$\hat{\sigma}_{\text{e}}^2 = 1,1693$	$c_{2\text{res}} = 0,2737$
Modelo completo	1313,5	-	-	$c_{2\text{total}} = 1,00$

Qui-quadrado tabelado: 3,84 e 6,63, para níveis de significância de 5%^(*) e 1%^(**), respectivamente. +Deviance do modelo ajustado sem os referidos efeitos.

TABELA 8: Análise de deviance (ANADEV) para o caráter diâmetro a altura do peito (DAP) em baru avaliado aos 125 meses em Brasilândia de Minas/MG.

Efeito	Deviance	LRT	Componentes	Coefficiente
		Qui-quardado	de variância	Determinação
Genótipos	2070 ⁺	37,8**	$\hat{\sigma}_g^2 = 2,866^{**}$	$h_g^2 = 0,5967^{**}$
Parcela	2036,4 ⁺	4,2*	$\hat{\sigma}_{pare}^2 = 0,1928^{**}$	$C_{pare}^2 = 0,040^{**}$
Procedência	2060,2 ⁺	27,9**	$\hat{\sigma}_{proc}^2 = 0,9976^{**}$	$C_{proc}^2 = 0,2080^{**}$
Resíduo	-	-	$\hat{\sigma}_e^2 = 2,8910$	c2Res= 0,1553
Modelo completo	2032,2	-	-	c2total= 1,00

Qui-quadrado tabelado: 3,84 e 6,63, para níveis de significância de 5%^(*) e 1%^(**), respectivamente. +Deviance do modelo ajustado sem os referidos efeitos.

TABELA 9: Análise de deviance (ANADEV) para o caráter diâmetro a altura do peito (DAP) em baru avaliado aos 138 meses em Brasilândia de Minas/MG.

Efeito	Deviance	LRT	Componentes	Coefficiente
		Qui-quadrado	de variância	Determinação
Genótipos	2181,8 ⁺	38,8 ^{**}	$\hat{\sigma}_{\alpha}^2 = 3,149^{**}$	$h_{\alpha}^2 = 0,565^{**}$
Parcela	2145,2 ⁺	2,3 ^{ns}	$\hat{\sigma}_{\text{parcela}}^2 = 0,160^{\text{ns}}$	$C_{\text{parcela}}^2 = 0,028^{\text{ns}}$
Procedência	2,175,5 ⁺	32,6 ^{**}	$\hat{\sigma}_{\text{proc}}^2 = 1,305^{**}$	$C_{\text{proc}}^2 = 0,234^{**}$
Resíduo	-	-	$\hat{\sigma}_{\epsilon}^2 = 3,13$	c2Res= 0,173
Modelo completo	2142,9	-	-	c2total= 1,00

Qui-quadrado tabelado: 3,84 e 6,63, para níveis de significância de 5%^(*) e 1%^(**), respectivamente. +Deviance do modelo ajustado sem os referidos efeitos. ns: Não significativo.

São apresentadas, nas Tabelas 11, 12 e 13 as médias genotípicas, as acurácias e seus respectivos intervalos de confiança para o caráter DAP nas idades avaliadas. Nessas tabelas é apresentado o ordenamento das famílias, com base na sua média genotípica predita, além de suas acurácias e respectivos intervalos de confiança.

Percebe-se que as acurácias alcançaram altas magnitudes, ficando entre 0,7421 e 0,8443, considerando todas as idades avaliadas. Conforme classificação proposta por Resende & Duarte (2007), a predição dos valores genotípicos alcançaram categoria de precisão classificada como alta. De acordo com essa classificação, a categoria alta compreende os valores de acurácia entre 0,70 até 0,89, sendo as acurácias superiores ou igual a 0,90 classificadas como muito alta. Percebe-se que apesar de obter acurácias classificadas como alta para todas as predições das médias genotípicas, não se obteve nenhuma acurácia classificada como muito alta, ou seja, maior que 0,90. Isso foi devido ao número de repetições utilizado no experimento, em que seria necessário um maior número de repetições para alcançar acurácia classificada como muito alta. Todavia, acurácias classificadas como muito alta são recomendadas em fase final do programa de melhoramento, nos conhecidos ensaios de Valor de cultivo e uso (VCU), muito utilizado em espécies anuais, de forma que em programas de melhoramento que se encontra em etapas iniciais ou intermediárias, são recomendadas acurácias acima de 0,70 (Resende, 2007a).

A acurácia é um parâmetro estatístico muito importante, principalmente nos ensaios finais, por inferir sobre a precisão e a qualidade dos experimentos. Esse parâmetro tem a propriedade de informar sobre o ranking dos genótipos para fins de seleção (Resende, 2002). Assim, se torna uma ferramenta de fundamental importância ao melhorista, desde as etapas iniciais, principalmente por favorecer uma inferência acurada dos valores genotípicos. Atualmente, esse parâmetro ainda é pouco utilizado, no entanto, em espécies perenes, vê-se um

aumento crescente, principalmente por este parâmetro considerar, simultaneamente, os atributos de variação residual, número de repetições e controle genético dos caracteres (Resende & Duarte, 2007).

Assim, diante das acurácias obtidas, bem como os parâmetros genéticos obtidos, esses resultados se mostram muito favoráveis para a obtenção de ganhos com a seleção.

4.3 Correlação idade-idade e entre características

Na Tabela 10 são apresentados os valores de correlação idade-idade e entre as características. Verifica-se que houve tendência de os coeficientes de correlação genotípica superarem os de correlação fenotípica. Esse comportamento, provavelmente, deve-se às influências do ambiente sobre o fenótipo, de modo que a correlação fenotípica é afetada pelo ambiente a ponto de reduzir essa correlação.

De acordo com Falconer (1987), quando duas características possuem alta herdabilidade, principalmente no sentido restrito, a correlação genética é a principal determinante da correlação fenotípica. A correlação genética entre as características indica a direção e a magnitude da resposta correlacionada da seleção e o conhecimento da magnitude dessa correlação é fundamental para a predição do ganho correlacionado entre os caracteres (Cotterill & Dean, 1990; Falconer & Mackay, 1996). Ainda segundo esses autores, essa correlação pode ser causada pela ocorrência de ligação entre os genes e ou por genes, conhecidos como pleiotrópicos, que influenciam uma ou mais características. Desse modo, existem perspectivas favoráveis para a obtenção de ganhos indiretos na altura via seleção direta em DAP, independentemente da idade estudada.

As correlações genéticas dos caracteres avaliados em diferentes idades (idade-idade) foram de alta magnitude, sendo mais expressivos para a

característica DAP. A correlação entre o DAP aos 64 meses e aos 138 meses assumiu um valor de 0,7900, enquanto que para altura essa correlação foi menor assumindo um valor de 0,5803. Então, tendo em vista os altos valores de herdabilidades no sentido restrito nessas referidas idades, esses resultados indicam a possibilidade de eficiente seleção precoce, podendo-se obter ganhos significativos. Nas idades mais próximas (125 e 138 meses), essas correlações foram ainda maiores e próximas de 1,0, ou seja, a correlação de DAP entre essas idades foi de 0,9874 e, para altura, de 0,9038. Nesse último caso, é de se esperar que avaliações envolvendo pequenos intervalos de tempo possuam altas correlações, porém, de pouco valor para a condução da seleção precoce. Entretanto, esses altos valores são úteis para demonstrar que a coleta de dados nas referidas idades foi realizada de forma confiável e ou há ocorrência de pequena influência de fatores ambientais que possam prejudicar a qualidade do experimento.

As correlações fenotípicas foram de alta magnitude somente entre os caracteres estudados, ou seja, entre DAP e altura, tendo a correlação entre as idades sido de baixa magnitude. Resultado semelhante foi observado por Paludzyszyn Filho et al. (2002) em *Pinus taeda*, ao verificarem que a correlação fenotípica somente era de grande magnitude entre DAP e altura, indicando que esse parâmetro não deve ser utilizado para estimar os progressos pela seleção.

A título de exemplo, pode-se verificar a eficiência da seleção e utilizando a expressão para estimativa de ganho indireto, proposta por Cotterill & Dean (1990):

$$\Delta A_x = i h_x h_y r_a \sigma_p(x)$$

em que:

ΔA_x : ganho previsto para característica x (ganho indireto);

h_x e h_y são, respectivamente, a raiz da herdabilidade no sentido restrito das características x e y;

i : intensidade de seleção padronizada;

r_a : correlação genética aditiva entre as duas características;

$\sigma_p(x)$: desvio padrão fenotípico da característica x .

Estimou-se, como exemplo, o ganho indireto na altura (x) pela seleção para DAP (y), aos 64 meses. Considerando a expressão acima e os valores de herdabilidade individual no sentido restrito e variância fenotípica, apresentados na Tabela 6 e o valor de correlação genética aditiva, apresentado na Tabela 10, pode-se prever um ganho correlacionado para altura da ordem de 14,72%, com intensidade de seleção de 9,8%, seguindo o critério de seleção fundamentado no efeito genético aditivo. Considerando essa mesma expressão e as Tabelas 6 e 10, os ganhos correlacionados na altura, selecionando-se pelo DAP aos 64 meses para as idades de 125 e 138 meses foram, respectivamente, de 14,87% e 20,19%. A intensidade de seleção padronizada (i) variou na expressão nas diferentes idades, tendo em vista que ocorreram mortes com o passar das idades, aumentando, assim, a intensidade de seleção. Porém, como a mortalidade foi relativamente baixa, esse valor não variou substancialmente.

Essa evolução de ganho indireto na altura é importante com avanço do programa de melhoramento, tendo em vista que as alturas tornam-se mais difíceis de serem avaliadas e os erros nas suas coletas aumentam significativamente. Outro importante ponto consiste na maior velocidade e no número de árvores para coleta de dados, implicando na possibilidade de exercer maior diferencial de seleção e, conseqüentemente, atingirem maiores ganhos.

Com relação à correlação idade-idade e seleção precoce e utilizando os valores de herdabilidade individual no sentido restrito, variância fenotípica estimadas nas três idades estudadas e apresentados na Tabela 6, bem como os valores de correlação genotípica aditiva estimadas e apresentados na Tabela 10, pode-se calcular o ganho da seleção precoce envolvendo cada par de idade. Por exemplo, para DAP na maior amplitude de tempo de idade, que é entre 64 e 138

meses, este ganho correlacionado foi da ordem de 23,5%. Considerando que o ganho para DAP na idade de 138 meses foi da ordem de 32,78%, pode-se verificar que a seleção precoce conduzida aos 64 meses tem uma eficiência de 71,72%, considerando que o ganho aos 138 meses é 100%.

Confrontando indivíduos selecionados, tendo o DAP como referência aos 64 e 138 meses (Tabelas 14 e 16, respectivamente, do anexo), pode-se verificar que a coincidência de indivíduos selecionados é bastante elevada em ambas as idades. Assim, a seleção precoce é de fundamental importância, principalmente por auxiliar nas estratégias de melhoramento, favorecendo a seleção dos indivíduos na idade juvenil. Dessa forma, não há necessidade de aguardar até a fase adulta para a sua seleção. Em se tratando de plantas nativas, com crescimento moderado e longo intervalo entre as gerações de seleção, a possibilidade de seleção precoce se torna uma importante ferramenta para o programa de melhoramento. Isso possibilita a redução dos custos com avaliações, bem como a oferta de sementes melhoradas antecipadamente.

TABELA 10: Correlação idade-idade e correlação entre as características DAP e altura. Acima e abaixo da diagonal encontram-se, respectivamente, os valores de correlação genotípica e fenotípica.

Variáveis	64 meses		125meses		138 meses	
	DAP	ALT	DAP	ALT	DAP	ALT
DAP 64	1,0000	0,8018	0,8042	0,6310	0,7900	0,5803
ALT 64	0,7585	1,0000	0,6941	0,6855	0,6819	0,6320
DAP 125	0,3892	0,3385	1,0000	0,8725	0,9874	0,8352
ALT 125	0,3296	0,3486	0,8276	1,0000	0,8819	0,9038
DAP 138	0,3940	0,3391	0,9470	0,8198	1,0000	0,8383
ALT 138	0,2780	0,2836	0,7837	0,8137	0,8041	1,0000

4.4 Ganhos por seleção

Nas Tabelas 14, 15 e 16 em anexo, são apresentados os indivíduos selecionados bem como os valores genotípicos preditos (a), média genotípica predita (u+a), média da população melhorada e ganhos em percentagem para o caráter DAP aos 64, 125 e 138 meses de idade. Nessas tabelas, as famílias de 1 a 25 referem-se às progênes provenientes de Brasilândia de Minas; 26 a 50, progênes de Capinópolis e 51 a 66, progênes de Jequitaiá.

Como a seleção foi fundamentada nas famílias dos indivíduos que apresentavam maior efeito genético aditivo, o número de indivíduos selecionados variou nas diferentes idades avaliadas. Os valores genéticos são úteis no planejamento de cruzamentos para avaliação no próximo ciclo seletivo. Assim, os indivíduos com maiores valores genéticos devem participar de um maior número de cruzamentos (Dias & Resende, 2001).

A seleção visando à propagação vegetativa ou clonal é uma estratégia mais efetiva, conduzindo a ganhos bem superiores àqueles fundamentados na propagação sexuada. Contudo, para a referida espécie, não há estudos de possibilidade e viabilidade da propagação assexuada.

Considerando todos os indivíduos do teste, a intensidade de seleção aproximou-se de 10% de todos os indivíduos. Observa-se um substancial aumento no ganho obtido na idade de 125 e 138 meses, comparado com 64 meses. Os percentuais de ganhos variaram de 20,78% a 33,86%.

De acordo com os resultados, as famílias 38, 29 e 47 apresentaram os maiores valores genéticos aditivos. Observa-se que grande parte das famílias selecionadas era proveniente da procedência de Capinópolis. Verifica-se que dentre os indivíduos selecionados, na idade de 64 meses, 47% são da procedência de Capinópolis. Essa percentagem de indivíduos proveniente de Capinópolis aumenta com o passar da idade, alcançando 54% dos indivíduos

selecionados nas idades de 125 e 138 meses. Essa quantidade elevada de indivíduos de Capinópolis pode estar associada às altas médias detectadas nessa população e, como já discutido, o fato de a maioria dos indivíduos dessa procedência localizar em pastagens e ou plantios de soja, os quais, provavelmente, sofreram uma pré-seleção.

5 CONCLUSÕES

- Há grande variabilidade genética entre e dentro das procedências, constituindo uma importante fonte de genótipos promissores para o melhoramento.
- A correlação genética entre DAP e altura foi alta e positiva, possibilitando a seleção indireta.
- As correlações genéticas entre as idades (idade-idade) foram de alta magnitude, indicando a viabilidade da seleção precoce.

6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALLARD, R. W. **Principles of plant breeding**. 2. ed. New York: John Wiley, 1999. 245 p.

ALMEIDA, S.P.; PROENÇA, C.E.B.; SANO, S.M.; RIBEIRO, J.F. **Cerrado: espécies vegetais úteis**. Planaltina: Embrapa-CPAC, 1998. 464 p.

ASSIS, T.F. Melhoramento genético do eucalipto. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v.18, n.186, p.32-51, 1996.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury, Minnesota: Stemma Press, 2002. 368p.

BISON, O. **Melhoramento de eucalipto visando à obtenção de clones para a indústria de celulose**. 2004. 169p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de plantas**. Viçosa, MG: UFV, 2005. 525p.

BORGES, R.C.G. **Estimativas de herdabilidade e correlação entre caracteres de crescimento em *Eucalyptus grandis* W. Hill Ex. Maiden**. 1980. 42p. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais)-Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

BURLEY, J.; KANOWSKI, P.J. Breeding strategies for temperate hardwoods. **Forestry**, v.78, n.2, p.199-208, 2005.

CARVALHO, P.E.R. **Espécies florestais brasileiras: recomendações silviculturais, potencialidades e uso da madeira**. Brasília: Embrapa-CNPQ/SPI, 1994. 640p.

CASTRO, N.H.C. **Número de repetições e eficiência de seleção em progênie de Meio-irmãos de *Eucalyptus camaldulensis***. 1992. 121p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

CLEMENT, C.R. Melhoramento de espécies nativas. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. (Ed.). **Recursos genéticos & melhoramento de plantas**. Rondonópolis, MT: Fundação MT, 2001. p.423-441.

CORNACCHIA, G. **Variabilidade genética em procedências de *P. caribea* var. *Hondurensis* Barr. & Golf., *P. oocarpa* Schiede e *P. tecunumanii* (Schw.) eguiluz na região oeste do estado da BA**. 1994. 155p. Dissertação (Mestrado em Ciência Florestal)–Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

COTTERILL, P.P.; DEAN C.A. **Successful tree breeding with index selection**. Melbourne: CSIRO, 1990. 80p.

CRUZ, C.D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 2005. 349p.

CRUZ, C.D. **Programa GENES: estatística experimental e matrizes**. Viçosa, MG: UFV, 2006. 285p.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.S.C. **Modelos biométricos aplicados ao Melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa, MG: UFV, 2006. v.2, 586p.

DEAN, C.A.; COTTERILL, P.P. BURDON, R.D. Early selection of radiata pine – Trends over time in additive and dominance genetic variances and covariances of growth traits. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v.55, n.4-5, p.182-191, 2006.

DEAN, C.A.; COTERRIL, P.P.; CAMERON, J.N. Genetic parameters and gains expected from multiple traits selection of radiata pine en eastern Victoria. **Australian Forest Research**, Melbourne, v.13, n.1, p.271-278, 1983.

DIAS, L.A.S.; RESENDE, M.D.V. Experimentação no melhoramento. In: DIAS, L.A.S. (Ed.). **Melhoramento genético do cacauzeiro**. Viçosa, MG: UFG/FUNAPE, 2001. p.439-492.

FARIAS NETO J.T.; MULLER, A.A.; OLIVEIRA, M.S.P.; ESPIRITO SANTO, D.E.S.; SILVA, M.R.A. Variabilidade genética entre duas procedências de açazeiro. **Boletim Pesquisa Florestal**, Colombo, n.46, p.97-104, 2003.

FALCONER, D.S. **Introdução a genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 1987. 279p.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T. F.C. **Introduction to quantitative genetics**. Harlow: Longman, 1996. 464p.

FEHR, W.R. **Principles of cultivar development: theory and technique**. Iowa: Iowa State University, 1991. 536p.

FERREIRA, M.; SANTOS, P.E.T. dos. Melhoramento genético florestal dos *Eucalyptus* no Brasil: breve histórico e perspectivas. In: IUFRO CONFERENCE ON SILVICULTURE AND IMPROVEMENT OF EUCALYPTUS, 1997, Salvador. **Proceedings...** Colombo: Embrapa-CNPq, 1997. v.1, p.14-34.

GETTYS, L.A.; WOFFORD, D.S. Genetic control of albinism in pickerelweed (*Pondetaria cordata* L.). **Journal of Heredity**, Washington, v.98, n.4, p.356-359, 2007.

KAGEYAMA, P.Y. **Variação genética em origens de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden**. 1980. 125p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, SP.

KAGEYAMA, P.Y. **Seleção precoce a diferentes idades em progênes de *Eucalyptus grandis* (hill) ex Maiden**. 1983. 147p. Tese (Livre – Docência)-Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP.

KAGEYAMA, P.Y.; VENCOSKY, R. Variação genética em progênes de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden. **IPEF**, Piracicaba, v.24, p.9-26, 1983.

LORENZI, H. **Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil**. 4.ed. São Paulo: Nova Odessa, 2002. 352p.

LOURENÇO, M. Ficha da planta: Baru. **Globo Rural**, São Paulo, n.119, p.72-75, 1995.

MARQUES JÚNIOR, O.G. **Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos e avaliação da eficiência da seleção precoce em *Eucalyptus cloeziana* F. Muell**. 1995. 69p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

MITTON, J.B. Physiological and demographic variation associated with allozyme variation. In: SOLTIS, D.; SOLTIS, P.S. **Isozymes in plant biology**. London: Chapman and Hall, 1989. p.127-145.

MORAES, M.L.T. **Variação genética da densidade básica da madeira em progênies de *Eucalyptus grandes Hill ex Maiden* e suas relações com as características de crescimento**. 1987. 115p. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal)-Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, SP.

NAMKOONG, G.; SNYDER, E.B.; STONECYPHER, R.W. Heritability and gain concepts for evaluating breeding systems such as Seedling Orchards. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v.15, p.76–84, 1966.

ODA, S.; MELLO, E.J.M.; SILVA, J.F.; SOUZA, I.C.G. Melhoramento florestal. In: BOREM, A. (Org.). **Biotecnologia florestal**. Viçosa: Suprema, 2007. 387p.

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.

OLIVEIRA, K.A.K.B. **Variabilidade genética entre e dentro de populações de pequi (*Cariocar brasiliense* Camb.) do sudeste do Estado de Goiás**. 1998. 106f. Dissertação (Mestrado em Agronomia)-Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO.

OLIVEIRA, M.E. de. **Influência de árvores das espécies nativas *Dipteryx alata* Vog. e *Caryocar brasiliense* Camb. no sistema solo-planta em pastagem de *Brachiaria decumbens* Stapf no cerrado**. 1999. 178f. Tese (Doutorado em Ecologia)-Universidade de Brasília, Brasília, DF.

OLIVEIRA, M.I.B.; SIGRIST, M.R. Fenologia reprodutiva, polinização e reprodução de *Dipteryx alata* Vogel. (Leguminosae-Papilionoideae em Mato Grosso do Sul, Brasil. **Revista Brasileira de botânica**, v.31, n.2, p.195-207, 2008.

OLIVEIRA, M.S.P. Melhoramento genético de espécies perenes nativas da amazônia. In: SIMPÓSIO DE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 2007, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA/GEN, 2007.

OLIVEIRA, V.R.; RESENDE, M.D.V.; NASCIMENTO, C.E.S.; DRUMOND, M.A.; SANTOS, C.A.F. Variabilidade genética de procedências e progênes de umbuzeiro via metodologia de modelos lineares mistos (REML/BLUP). **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, SP, v.26, n.1, p.53-56, 2004.

PALUDZYSZYN FILHO, E.; FERNANDES, J.S.C.; RESENDE, M.D.V. Avaliação e seleção precoce para crescimento de *Pinus taeda*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37, n.12, p.1719-1726, 2002.

PAULA, R.C.; PIRES, I.E.; BORGES, R.C.G.; CRUZ, C.D. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, n.2, p.159-165, 2002.

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

PIRES, I.E. **Eficiência da seleção combinada no melhoramento genético de *Eucalyptus spp.*** 1996. 116p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)–Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

PIRES, I.E.; CRUZ, C.D.; BORGES, R.C.G.; REGAZZI, A. J. Índice de seleção combinada aplicado ao melhoramento genético de *Eucalyptus spp.* **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v.20, n.2, p.191-197, 1996.

RESENDE, M.D.V. Melhoramento de essências florestais. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, MG: UFV, 1999. p.589-647.

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

RESENDE, M.D.V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 703p.

RESENDE, M. D. V. **O software Selegen Reml/Blup**. Embrapa Informação Tecnológica, Campo Grande, 2007b. 299p.

RESENDE, M.D.V.; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**. Goiânia, v.37, n.3, p.182-194, 2007.

ROBINSON, H.F.; COCKERHAM, C. Estimación y significado de los parametros geneticos. **Fitotecnica Latino Americana**. Caracas, v.2 p. 23-38, 1965.

ROCHA, M.G.B.; ROCHA, D.; CLEMENTE, V.M.; PIRES, I.E. Uso racional de conservação dos recursos genéticos florestais de Minas Gerais. In: ROCHA, M.G.B. **Melhoramento de espécies arbóreas nativas**. Belo Horizonte: DDFS/IEF, p. 22-46, 2002.

SAMPAIO, P.T.B.; RESENDE, M.D.V.; ARAÚJO, A.J. Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus caribea* var. *Hondurensis*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.11, p. 2243-2253, nov. 2000.

SANO, S. M. **Ecofisiologia do crescimento inicial de *Dipteryx alata* Vog. (Leguminosae)**. 2001. Tese (Doutorado em Ecologia), Universidade de Brasília, Brasília, DF.

SANO, S.M.; RIBEIRO, J.F.; BRITO, M.A. **Baru**: biologia e uso. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2004. 52p.

SILVA, A.C. **Variações genéticas em candeia (*Eremanthus erythropappus* (DC.) MacLeish)**: simbiose e desenvolvimento radicular e estabelecimento inicial em áreas degradadas. 2003. 130p. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal)–Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

SILVA, J.C.; OLIVEIRA, J.T.S. Avaliação das propriedades higroscópicas da madeira de *Eucalyptus saligna* Sm., em diferentes condições de umidade relativa do ar. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v.27, n.2, p.233-239, 2003.

SIQUEIRA, A.C.M.de F.; NOGUEIRA, J.C.B.; KAGEYAMA, P.Y. Conservação dos recursos genéticos ex situ do cumbaru (*Dipteryx alata* Vog) – Leguminosae. **Revista Instituto Florestal de São Paulo**, São Paulo, v.5, n.2 p.231-243, 1993.

SOARES, T.N.; CHAVES, L.J.; TELLES, M.P.C.; DINIZ FILHO, J.A.F.; RESENDE, L.V. Landscape conservation of *Dipteryx alata* ("baru" tree:

Fabaceae) from Cerrado region of central Brazil. **Genetica**, Dordrecht, v.132, p.9-19, 2008.

SOBIERAJSKI, G.R.; KAGEYAMA, P.Y.; SEBBENN, A.M. Estimates of genetic parameters in *Mimosa scabrella* populations by random and mixed reproduction models reproduction models. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.6, p.47-54, 2006.

THUM, A.B.; COSTA, E.C. Entomofauna visitante das inflorescências de *Syagrus romanzoffiana* (Cham.) Glassm. (Palmae). **Revista da Faculdade de Zootecnia, Veterinária e Agronomia**, Uruguaiana, v.5/6, n.1, p.43-47, 1998/1999.

TOGASHI, M. **Composição e caracterização química e nutricional do fruto do baru (*Dipteryx alata* Vog.)**. 1993. 108p. Dissertação (Mestrado em ciência da nutrição)-Universidade Estadual de Campinas, Campinas, SP.

TOGASHI, M.; SCARBIERI, V.C. Caracterização química parcial do fruto do baru (*Dipteryx alata* Vog.). **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, Campinas, v.14, n.1, p.85-95, 1994.

TORGGLER, M.G.F. **Variação genética entre progênies dentro de procedências de *Eucalyptus saligna* Smith**. 1987. 198p. Dissertação (Mestrado em Agronomia)–Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, SP.

TORRES, G.A.; DAVIDE, L.C.; BEARZOTI, E. Sincronização do ciclo celular em meristema radicular de baru (*Dipteryx alata* Vog.). **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.27, n.2, p.398-405, 2003.

VARGAS-HERNANDES, J.; ADAMS, W.T. Age-age correlation and early selection for wood density in young coastal Douglas-fir. **Forest Science**, Bethesda, v.38, n.2, p.467-478, 1992.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p.137-214.

ANEXO

ANEXO A		Página
TABELA 1A	Localização geográfica e número de famílias por procedência de <i>Dipteryx alata</i> avaliadas no experimento.....	21
TABELA 2A	Esquema da análise de variância e estimativa das esperanças dos quadrados médios para os parâmetros genéticos.....	25
TABELA 3A	Resultados da análise de variância do DAP e altura, obtido pela avaliação de famílias de meios-irmãos de diferentes procedências de <i>D. alata</i> com 64, 125 e 138 meses de idade, no município de Brasilândia de Minas, MG.....	34
TABELA 4A	Estimativas da média e variância genética para o caráter DAP aos 64, 125 e 138 meses de idade.....	37
TABELA 5A	Estimativas da média e variância genética para o caráter altura aos 64, 125 e 138 meses de idade.....	37
TABELA 6A	Estimativas de médias, componentes de variância e herdabilidade (REML individual), pelo o programa SELEGEN, para as características diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (ALT), em famílias de meios-irmãos de <i>Dipteryx alata</i> aos 64, 125 e 138 meses de idade.....	40
TABELA 7A	Análise de deviance (ANADEV) para o caráter diâmetro a altura do peito (DAP) em baru avaliado aos 64 meses em Brasilândia de Minas/MG.....	47

TABELA 8A	Análise de deviance (ANADEV) para o caráter diâmetro a altura do peito (DAP) em baru avaliado aos 125 meses em Brasilândia de Minas/MG.....	49
TABELA 9A	Análise de deviance (ANADEV) para o caráter diâmetro a altura do peito (DAP) em baru avaliado aos 138 meses em Brasilândia de Minas/MG.....	50
TABELA 10A	Correlação idade-idade e correlação entre as características DAP e Altura. Acima e abaixo da diagonal encontram-se, respectivamente, os valores de correlação genotípica e fenotípica.....	56
TABELA 11A	Médias genotípicas preditas $\hat{\mu} + \hat{g}$ e seus intervalos de confiança (95%) para o caráter DAP, em 66 progênies de <i>Dipteryx alata</i> , aos 64 meses de idade.....	70
TABELA 12A	Médias genotípicas preditas $\hat{\mu} + \hat{g}$ e seus intervalos de confiança (95%) para o caráter DAP, em 66 progênies de <i>Dipteryx alata</i> , aos 125 meses de idade.....	72
TABELA 13A	Médias genotípicas preditas $\hat{\mu} + \hat{g}$ e seus intervalos de confiança (95%) para o caráter DAP, em 66 progênies de <i>Dipteryx alata</i> , aos 138 meses de idade.....	74
TABELA 14A	Valor genotípico ao nível de indivíduo, média genotípica, ganho, media dos indivíduos selecionados e percentual de ganho para o caráter DAP aos 64 meses de idade.....	76
TABELA 15A	Valor genotípico ao nível de indivíduo, média genotípica, ganho, media dos indivíduos selecionados e percentual de ganho para o caráter DAP aos 125 meses de idade.....	82
TABELA 16A	Valor genotípico ao nível de indivíduo, média genotípica, ganho, media dos indivíduos selecionados e percentual de ganho para o caráter DAP aos 138 meses de idade.....	87

ANEXO B

Página

FIGURA 1B	Vistas parciais do teste de procedência/progênie, aos 64 meses (esquerda) e aos 138 meses (direita) de idade.....	23
-----------	---	----

TABELA 11: Médias genotípicas previstas $\hat{\mu} + \hat{g}$ e seus intervalos de confiança (95%) para o caráter DAP, em 66 progênies de *Dipteryx alata*, aos 64 meses de idade.

Ordem	Genótipo	$\hat{\mu} + \hat{g}$	Acurácia	LIIC	LSIC
1	38	6,2154	0,7620	5,6115	6,8193
2	29	5,8168	0,7620	5,2129	6,4207
3	52	5,7892	0,7542	5,1767	6,4017
4	47	5,7444	0,7620	5,1404	6,3483
5	57	5,6845	0,7542	5,0720	6,2970
6	36	5,4545	0,7620	4,8506	6,0584
7	66	5,3705	0,7542	4,7580	5,9830
8	25	5,3629	0,7620	4,7590	5,9669
9	55	5,3625	0,7542	4,7500	5,9749
10	16	5,3549	0,7620	4,7510	5,9588
11	1	5,3307	0,7620	4,7268	5,9347
12	18	5,3307	0,7620	4,7268	5,9347
13	24	5,3267	0,7620	4,7228	5,9306
14	43	5,3198	0,7563	4,7096	5,9300
15	15	5,2623	0,7620	4,6584	5,8662
16	58	5,2417	0,7542	4,6292	5,8542
17	21	5,2301	0,7620	4,6262	5,8340
18	11	5,2301	0,7620	4,6262	5,8340
19	6	5,2301	0,7620	4,6262	5,8340
20	54	5,2296	0,7542	4,6171	5,8421
21	51	5,2296	0,7542	4,6171	5,8421
22	40	5,2089	0,7620	4,6050	5,8128
23	46	5,1848	0,7620	4,5808	5,7887
24	56	5,1652	0,7542	4,5527	5,7777
25	17	5,1576	0,7620	4,5537	5,7616
26	14	5,1544	0,7662	4,5550	5,7538
27	10	5,1496	0,7620	4,5456	5,7535
28	26	5,1411	0,7563	4,5309	5,7513
29	34	5,1405	0,7620	4,5366	5,7444
30	39	5,1244	0,7620	4,5204	5,7283
31	13	5,1017	0,7731	4,5101	5,6933
32	4	5,0878	0,7421	4,4627	5,7129
33	22	5,0691	0,7620	4,4651	5,6730
34	5	5,0691	0,7620	4,4651	5,6730
35	27	5,0674	0,7502	4,4507	5,6841
36	28	5,0559	0,7620	4,4520	5,6599

“...Continua...”

“TABELA 11, cont.”

Ordem	Genótipo	$\hat{\mu} + \hat{g}$	Acurácia	LIIC	LSIC
37	44	5,0512	0,7563	4,4410	5,6614
38	33	5,0398	0,7620	4,4359	5,6438
39	23	5,0248	0,7620	4,4208	5,6287
40	61	4,9993	0,7486	4,3809	5,6177
41	37	4,9939	0,7563	4,3838	5,6041
42	3	4,9930	0,7662	4,3937	5,5924
43	42	4,9352	0,7620	4,3312	5,5391
44	41	4,9029	0,7487	4,2846	5,5212
45	60	4,8924	0,7486	4,2740	5,5108
46	35	4,8869	0,7620	4,2829	5,4908
47	8	4,8759	0,7502	4,2593	5,4926
48	9	4,8758	0,7620	4,2719	5,4797
49	48	4,8224	0,7620	4,2185	5,4264
50	31	4,7943	0,7620	4,1903	5,3982
51	7	4,7731	0,7502	4,1565	5,3898
52	50	4,7619	0,7563	4,1517	5,3721
53	19	4,7411	0,7730	4,1494	5,3328
54	59	4,7344	0,7542	4,1219	5,3469
55	65	4,7223	0,7542	4,1099	5,3348
56	32	4,7043	0,7563	4,0941	5,3145
57	30	4,6978	0,7563	4,0876	5,3080
58	64	4,6781	0,7542	4,0656	5,2905
59	20	4,6607	0,7460	4,0396	5,2818
60	49	4,6050	0,7620	4,0011	5,2090
61	53	4,4929	0,7542	3,8804	5,1053
62	63	4,4771	0,7486	3,8587	5,0955
63	62	4,4183	0,7486	3,8000	5,0367
64	2	4,4043	0,7667	3,8055	5,0031
65	12	4,3967	0,7620	3,7928	5,0007
66	45	4,2448	0,7563	3,6347	4,8550

TABELA 12: Médias genotípicas previstas $\hat{\mu} + \hat{g}$ e seus intervalos de confiança (95%) para o caráter DAP, em 66 progênies de *Dipteryx alata*, aos 125 meses de idade.

Ordem	Genótipo	$\hat{\mu} + \hat{g}$	Acurácia	LIIC	LSIC
1	47	8,8389	0,8275	7,9082	9,7697
2	38	8,8319	0,8347	7,9190	9,7449
3	57	8,6372	0,8253	7,7010	9,5735
4	29	8,2797	0,8275	7,3490	9,2105
5	36	8,1443	0,8406	7,2463	9,0424
6	52	7,9873	0,8253	7,0511	8,9236
7	51	7,7118	0,8253	6,7755	8,6480
8	39	7,6097	0,8406	6,7117	8,5077
9	11	7,4587	0,8406	6,5607	8,3566
10	22	7,4489	0,8406	6,5509	8,3468
11	24	7,4342	0,8406	6,5362	8,3321
12	18	7,4293	0,8406	6,5313	8,3272
13	14	7,3939	0,8355	6,4829	8,3048
14	42	7,3801	0,8347	6,4672	8,2930
15	25	7,3704	0,8406	6,4725	8,2683
16	13	7,3423	0,8379	6,4375	8,2472
17	46	7,3399	0,8406	6,4419	8,2380
18	56	7,3199	0,8191	6,3689	8,2710
19	1	7,2772	0,8406	6,3793	8,1751
20	66	7,2101	0,8252	6,2738	8,1464
21	17	7,1300	0,8406	6,2321	8,0280
22	35	7,1254	0,8347	6,2125	8,0384
23	43	7,0933	0,8347	6,1803	8,0062
24	16	7,0859	0,8406	6,1880	7,9838
25	40	7,0849	0,8406	6,1868	7,9829
26	54	7,0561	0,8252	6,1199	7,9924
27	10	7,0247	0,8347	6,1118	7,9375
28	2	6,9818	0,8379	6,0769	7,8867
29	37	6,9731	0,8283	6,0443	7,9020
30	9	6,9731	0,8406	6,0751	7,8710
31	34	6,9622	0,8406	6,0642	7,8603
32	15	6,9535	0,8406	6,0555	7,8514
33	6	6,9323	0,8275	6,0017	7,8630
34	21	6,9044	0,8406	6,0065	7,8024
35	5	6,8493	0,8275	5,9186	7,7799

“...Continua...”

“TABELA 12, cont.”

Ordem	Genótipo	$\hat{\mu} + \hat{g}$	Acurácia	LIIC	LSIC
36	27	6,8418	0,8283	5,9130	7,7706
37	44	6,8172	0,8347	5,9042	7,7301
38	61	6,7729	0,8253	5,8367	7,7091
39	59	6,7483	0,8309	5,8259	7,6708
40	64	6,6996	0,7798	5,6619	7,7374
41	3	6,6947	0,8413	5,7986	7,5908
42	58	6,6797	0,8309	5,7572	7,6021
43	28	6,6679	0,8406	5,7699	7,5660
44	26	6,5745	0,8126	5,6083	7,5406
45	23	6,5660	0,8406	5,6680	7,4639
46	55	6,5650	0,8253	5,6288	7,5013
47	65	6,5616	0,8252	5,6253	7,4979
48	50	6,5396	0,8204	5,5918	7,4874
49	7	6,4752	0,8205	5,5274	7,4229
50	63	6,4628	0,8019	5,4724	7,4533
51	41	6,4423	0,8275	5,5115	7,3730
52	20	6,3896	0,8117	5,4213	7,3579
53	8	6,3886	0,8213	5,4429	7,3343
54	19	6,3877	0,8347	5,4748	7,3005
55	32	6,3625	0,8347	5,4496	7,2755
56	62	6,3092	0,8115	5,3404	7,2779
57	33	6,1971	0,8406	5,2990	7,0951
58	30	6,1820	0,8283	5,2532	7,1108
59	48	6,0744	0,8406	5,1764	6,9725
60	31	5,9849	0,8347	5,0720	6,8979
61	12	5,9676	0,8406	5,0696	6,8655
62	45	5,8538	0,8204	4,9060	6,8017
63	4	5,7572	0,8029	4,7690	6,7454
64	60	5,7557	0,8191	4,8047	6,7067
65	53	5,6839	0,8309	4,7615	6,6064
66	49	5,5104	0,8406	4,6123	6,4084

TABELA 13: Médias genotípicas previstas $\hat{\mu} + \hat{g}$, acurácias e seus intervalos de confiança (95%) para o caráter DAP, em 66 progênies de *Dipteryx alata*, aos 138 meses de idade.

Ordem	Genótipo	$\hat{\mu} + \hat{g}$	Acurácia	LIIC	LSIC
1	38	9,3627	0,8377	8,4128	10,3126
2	57	9,2532	0,8281	8,2783	10,2282
3	47	9,0431	0,8303	8,0738	10,0123
4	29	8,5793	0,8303	7,6101	9,5485
5	52	8,3217	0,8281	7,3467	9,2966
6	36	8,2174	0,8438	7,2841	9,1508
7	42	8,1039	0,8377	7,1540	9,0538
8	39	7,9949	0,8438	7,0616	8,9283
9	51	7,9628	0,8340	7,0031	8,9224
10	25	7,9062	0,8439	6,9730	8,8394
11	14	7,8517	0,8382	6,9032	8,8002
12	11	7,8320	0,8439	6,8988	8,7652
13	22	7,7579	0,8439	6,8247	8,6910
14	66	7,7455	0,8281	6,7705	8,7205
15	46	7,7230	0,8438	6,7897	8,6563
16	24	7,6837	0,8439	6,7505	8,6169
17	56	7,6613	0,8281	6,6863	8,6363
18	1	7,6590	0,8439	6,7258	8,5922
19	13	7,6401	0,8400	6,6965	8,5837
20	40	7,5994	0,8438	6,6661	8,5327
21	17	7,5601	0,8439	6,6269	8,4933
22	18	7,5354	0,8439	6,6022	8,4686
23	35	7,4667	0,8377	6,5168	8,4165
24	2	7,4140	0,8400	6,4704	8,3576
25	37	7,3960	0,8310	6,4284	8,3636
26	6	7,3838	0,8304	6,4147	8,3529
27	10	7,3686	0,8377	6,4189	8,3184
28	16	7,3623	0,8439	6,4291	8,2955
29	15	7,3623	0,8439	6,4291	8,2955
30	54	7,2940	0,8281	6,3190	8,2690
31	27	7,2548	0,8310	6,2872	8,2223
32	9	7,2387	0,8439	6,3055	8,1719
33	43	7,2314	0,8377	6,2815	8,1812
34	34	7,2286	0,8438	6,2953	8,1619
35	61	7,2166	0,8281	6,2416	8,1915
36	21	7,1893	0,8439	6,2561	8,1225

“...Continua...”

“TABELA 13, Cont.”

Ordem	Genótipo	$\hat{\mu} + \hat{\sigma}$	Acurácia	LIIC	LSIC
37	44	7,1704	0,8377	6,2205	8,1203
38	28	7,1544	0,8438	6,2211	8,0877
39	59	7,0728	0,8340	6,1132	8,0325
40	5	7,0709	0,8304	6,1018	8,0400
41	64	7,0647	0,7814	5,9793	8,1500
42	23	6,9915	0,8439	6,0583	7,9247
43	55	6,9562	0,8210	5,9633	7,9491
44	3	6,9365	0,8443	6,0045	7,8685
45	65	6,9234	0,8281	5,9484	7,8984
46	26	6,8783	0,8145	5,8693	7,8873
47	58	6,8339	0,8281	5,8590	7,8089
48	20	6,8158	0,8138	5,8050	7,8266
49	41	6,7951	0,8228	5,8067	7,7835
50	50	6,7662	0,8228	5,7778	7,7546
51	8	6,7576	0,8236	5,7711	7,7440
52	7	6,7534	0,8229	5,7652	7,7417
53	32	6,7072	0,8377	5,7573	7,6571
54	19	6,6277	0,8377	5,6780	7,5775
55	63	6,6261	0,8041	5,5922	7,6601
56	62	6,6072	0,8138	5,5964	7,6180
57	30	6,4830	0,8310	5,5155	7,4506
58	48	6,4375	0,8438	5,5042	7,3708
59	33	6,3634	0,8438	5,4300	7,2967
60	31	6,2426	0,8377	5,2927	7,1924
61	12	6,1757	0,8439	5,2425	7,1089
62	45	6,1341	0,8228	5,1457	7,1224
63	4	6,1016	0,8044	5,0683	7,1349
64	53	6,0592	0,8340	5,0996	7,0189
65	60	5,9175	0,8216	4,9261	6,9089
66	49	5,6959	0,8438	4,7626	6,6292

TABELA 14: Valor genotípico ao nível de indivíduo, média genotípica, ganho, média dos indivíduos selecionados e percentual de ganho para o caráter DAP aos 64 meses de idade.

Ordem	Bloco	Família	Árvore	a	u+a	Ganho	Média	GD%
1	3	38	5	2,3019	7,3564	2,3019	7,3564	45,54
2	2	38	2	2,277	7,3315	2,2895	7,3439	45,29
3	1	38	2	2,1008	7,1553	2,2266	7,2810	44,05
4	2	29	2	2,0693	7,1238	2,1873	7,2417	43,27
5	3	29	4	1,8752	6,9296	2,1248	7,1793	42,03
6	1	29	2	1,8127	6,8672	2,0728	7,1273	41,00
7	3	47	3	2,5068	7,5613	2,1348	7,1893	42,23
8	1	47	2	2,2337	7,2881	2,1472	7,2017	42,48
9	2	47	5	1,6641	6,7185	2,0935	7,1480	41,41
10	2	36	4	2,0364	7,0909	2,0878	7,1423	41,30
11	1	36	1	1,8492	6,9037	2,0661	7,1206	40,87
12	3	36	1	0,9165	5,971	1,9703	7,0248	38,98
13	3	52	1	1,0064	6,0609	1,8962	6,9506	37,51
14	1	52	4	1,0021	6,0566	1,8323	6,8868	36,25
15	2	52	5	0,7957	5,8502	1,7632	6,8177	34,88
16	2	43	5	1,5408	6,5953	1,7493	6,8038	34,60
17	1	43	4	1,4671	6,5216	1,7327	6,7872	34,28
18	3	43	2	1,466	6,5205	1,7179	6,7723	33,98
19	2	57	4	1,0473	6,1018	1,6826	6,7371	33,28

“...Continua...”

“TABELA 14, Cont.”

Ordem	Bloco	Família	Árvore	a	u+a	Ganho	Média	GD%
20	3	57	4	0,9807	6,0352	1,6475	6,7020	32,59
21	1	57	2	0,9349	5,9894	1,6136	6,6680	31,92
22	1	40	3	1,8061	6,8606	1,6223	6,6768	32,09
23	3	40	4	1,7188	6,7733	1,6265	6,6810	32,17
24	2	40	2	1,3363	6,3908	1,6144	6,6689	31,94
25	1	46	4	1,4234	6,4779	1,6068	6,6612	31,78
26	2	46	2	1,1587	6,2132	1,5895	6,6440	31,44
27	3	46	2	0,923	5,9775	1,5648	6,6193	30,95
28	3	26	1	1,8925	6,947	1,5766	6,6310	31,19
29	1	26	1	1,6896	6,7441	1,5804	6,6349	31,26
30	2	26	2	1,1146	6,169	1,5649	6,6194	30,96
31	3	34	1	1,2748	6,3293	1,5556	6,6100	30,77
32	2	34	2	0,9893	6,0438	1,5379	6,5923	30,42
33	1	34	1	0,8603	5,9148	1,5173	6,5718	30,01
34	1	39	1	1,3065	6,361	1,5111	6,5656	29,89
35	2	39	2	1,2692	6,3237	1,5042	6,5587	29,76
36	3	39	2	0,8867	5,9411	1,4871	6,5415	29,42
37	1	27	3	1,619	6,6734	1,4906	6,5451	29,49
38	3	27	5	1,3565	6,411	1,4871	6,5416	29,42
39	2	27	1	1,2033	6,2578	1,4798	6,5343	29,27

“...Continua...”

“TABELA 14, Cont.”

Ordem	Bloco	Família	Árvore	a	u+a	Ganho	Média	GD%
40	2	28	3	1,6763	6,7308	1,4847	6,5392	29,37
41	3	28	4	1,1273	6,1818	1,4760	6,5305	29,20
42	1	28	1	0,9596	6,0141	1,4637	6,5182	28,95
43	3	25	3	1,208	6,2625	1,4578	6,5123	28,84
44	2	25	5	0,9862	6,0407	1,4471	6,5015	28,62
45	1	25	4	0,3666	5,421	1,4230	6,4775	28,15
46	1	44	4	1,4729	6,5274	1,4241	6,4786	28,17
47	2	44	3	1,4013	6,4558	1,4236	6,4781	28,16
48	3	44	5	1,0603	6,1148	1,4161	6,4706	28,01
49	3	16	3	0,8836	5,938	1,4052	6,4597	27,80
50	1	16	3	0,7934	5,8479	1,3930	6,4475	27,55
51	2	16	2	0,5288	5,5833	1,3760	6,4305	27,22
52	2	33	1	1,1772	6,2317	1,3722	6,4267	27,14
53	3	33	1	0,9997	6,0542	1,3652	6,4197	27,00
54	1	33	4	0,9927	6,0472	1,3583	6,4128	26,87
55	1	1	5	0,9485	6,003	1,3508	6,4053	26,72
56	3	1	2	0,7892	5,8436	1,3408	6,3953	26,52
57	2	1	2	0,3346	5,3891	1,3231	6,3776	26,17
58	3	18	3	0,803	5,8575	1,3142	6,3687	26,00
59	1	18	2	0,5742	5,6287	1,3016	6,3561	25,75

“...Continua...”

“TABELA 14, Cont.”

Ordem	Bloco	Família	Árvore	a	u+a	Ganho	Média	GD%
60	2	18	4	0,1711	5,2256	1,2828	6,3373	25,37
61	1	24	5	1,2978	6,3522	1,2830	6,3375	25,38
62	2	24	5	0,8058	5,8603	1,2753	6,3298	25,23
63	3	24	1	0,6062	5,6607	1,2647	6,3192	25,02
64	1	37	2	1,6616	6,7161	1,2709	6,3254	25,14
65	3	37	2	1,5417	6,5962	1,2751	6,3296	25,22
66	2	37	4	0,9235	5,978	1,2698	6,3242	25,12
67	1	66	5	0,7444	5,7989	1,2619	6,3164	24,96
68	3	66	4	0,5851	5,6395	1,2520	6,3064	24,76
69	2	66	5	0,3051	5,3596	1,2382	6,2927	24,49
70	3	55	3	1,3057	6,3602	1,2392	6,2937	24,51
71	1	55	2	0,5337	5,5882	1,2293	6,2837	24,32
72	2	55	2	0,4299	5,4843	1,2182	6,2726	24,10
73	3	15	5	1,3653	6,4198	1,2202	6,2747	24,14
74	2	15	2	1,1048	6,1593	1,2186	6,2731	24,10
75	1	15	3	0,5434	5,5978	1,2096	6,2641	23,93
76	2	42	2	1,4454	6,4999	1,2127	6,2672	23,99
77	1	42	1	0,9976	6,0521	1,2099	6,2644	23,93
78	3	42	5	0,8854	5,9399	1,2058	6,2602	23,85
79	1	21	2	0,8979	5,9524	1,2019	6,2563	23,77

“...Continua...”

“TABELA 14, Cont.”

Ordem	Bloco	Família	Árvore	a	u+a	Ganho	Média	GD%
80	2	21	4	0,808	5,8625	1,1970	6,2514	23,68
81	3	21	2	0,4697	5,5242	1,1880	6,2424	23,50
82	2	11	5	0,8135	5,868	1,1834	6,2379	23,41
83	1	11	1	0,6152	5,6697	1,1766	6,2310	23,27
84	3	11	2	0,5141	5,5686	1,1687	6,2231	23,12
85	3	6	2	1,2154	6,2699	1,1692	6,2237	23,13
86	1	6	5	0,9423	5,9968	1,1666	6,2211	23,08
87	2	6	4	-0,0985	4,956	1,1520	6,2065	22,79
88	2	41	4	1,1652	6,2197	1,1522	6,2067	22,79
89	3	41	5	1,0875	6,142	1,1515	6,2059	22,78
90	1	41	5	0,7618	5,8163	1,1471	6,2016	22,69
91	2	35	3	1,154	6,2085	1,1472	6,2017	22,69
92	3	35	2	1,1263	6,1807	1,1470	6,2015	22,69
93	1	35	4	0,6647	5,7191	1,1418	6,1963	22,58
94	2	17	5	0,6911	5,7456	1,1370	6,1915	22,49
95	1	17	4	0,5205	5,575	1,1305	6,1850	22,36
96	3	17	5	0,156	5,2105	1,1204	6,1748	22,16
97	1	14	1	0,7872	5,8416	1,1169	6,1714	22,09
98	3	14	2	0,7331	5,7876	1,1130	6,1675	22,02
99	2	14	4	0,3363	5,3908	1,1052	6,1596	21,86

“...Continua...”

“TABELA 14, Cont.”

Ordem	Bloco	Família	Árvore	a	u+a	Ganho	Média	GD%
100	2	10	3	1,1124	6,1669	1,1052	6,1597	21,86
101	1	10	4	0,8088	5,8632	1,1023	6,1568	21,80
102	3	10	1	0,605	5,6595	1,0974	6,1519	21,71
103	1	58	5	0,9182	5,9727	1,0957	6,1502	21,67
104	2	58	4	0,7977	5,8522	1,0928	6,1473	21,62
105	3	58	1	0,0021	5,0566	1,0824	6,1369	21,41
106	1	54	3	0,6493	5,7037	1,0783	6,1328	21,33
107	2	54	1	0,6064	5,6608	1,0739	6,1284	21,24
108	3	54	4	0,3957	5,4501	1,0677	6,1221	21,12
109	3	51	5	0,6257	5,6802	1,0636	6,1181	21,04
110	2	51	4	0,3236	5,3781	1,0569	6,1114	20,90
111	1	51	2	-0,2295	4,825	1,0453	6,0998	20,680
112	1	48	3	1,4626	6,5171	1,0490	6,1035	20,75
113	2	48	4	1,3449	6,3994	1,0516	6,1061	20,80
114	3	48	2	0,9068	5,9613	1,0504	6,1048	20,78

TABELA 15: Valor genotípico em nível de indivíduo, média genotípica, ganho, média dos indivíduos selecionados e percentual de ganho para o caráter DAP aos 125 meses de idade.

Ordem	Bloco	Família	Árvore	a	u+a	Ganho	Média	GD%
1	3	47	5	4,6112	11,5278	4,6112	11,5277	66,6695
2	1	47	2	4,5727	11,4892	4,5920	11,5085	66,3912
3	2	47	2	4,2506	11,1671	4,4782	11,3947	64,7461
4	1	38	2	4,8999	11,8164	4,5836	11,5001	66,2704
5	3	38	2	4,4277	11,3442	4,5524	11,4689	65,8196
6	2	38	2	3,6573	10,5738	4,4032	11,3197	63,6627
7	2	29	4	4,6095	11,5261	4,4327	11,3492	64,0887
8	3	29	2	4,2881	11,2046	4,4146	11,3311	63,8274
9	1	29	2	3,8459	10,7624	4,3514	11,2679	62,9137
10	3	36	1	4,3282	11,2447	4,3491	11,2656	62,8802
11	1	36	1	3,9159	10,8324	4,3097	11,2262	62,3107
12	2	36	2	3,308	10,2245	4,2263	11,1428	61,1038
13	3	57	2	2,42	9,3365	4,0873	11,0038	59,0950
14	2	57	4	2,2464	9,1629	3,9558	10,8723	57,1938
15	1	57	2	1,9779	8,8944	3,8240	10,7405	55,2873
16	2	39	3	2,7332	9,6497	3,7558	10,6723	54,3017
17	3	39	4	2,5205	9,437	3,6831	10,5996	53,2511
18	1	39	1	2,3534	9,2699	3,6092	10,5258	52,1831
19	3	42	4	2,9752	9,8917	3,5759	10,4924	51,7006

“...Continua...”

“TABELA 15, Cont.”

Ordem	Bloco	Família	Árvore	a	u+a	Ganho	Média	GD%
20	1	42	3	2,5972	9,5137	3,5269	10,4434	50,9931
21	2	42	3	2,572	9,4885	3,4815	10,3980	50,3356
22	3	46	1	3,2477	10,1642	3,4708	10,3873	50,1820
23	2	46	2	2,9367	9,8532	3,4476	10,3641	49,8462
24	1	46	4	2,754	9,6705	3,4187	10,3352	49,4284
25	3	35	1	3,4051	10,3216	3,4182	10,3347	49,4205
26	2	35	1	3,383	10,2995	3,4168	10,3333	49,4009
27	1	35	4	3,0675	9,984	3,4039	10,3204	49,2139
28	3	43	4	3,3611	10,2776	3,4024	10,3189	49,1918
29	2	43	2	3,1583	10,0748	3,3939	10,3104	49,0701
30	3	43	2	2,7669	9,6834	3,3730	10,2895	48,7679
31	1	43	3	2,5751	9,4916	3,3473	10,2638	48,3958
32	2	40	4	3,4734	10,3899	3,3512	10,2677	48,4527
33	2	40	5	2,8792	9,7957	3,3369	10,2534	48,2459
34	3	40	2	2,6743	9,5908	3,3174	10,2340	47,9642
35	1	40	3	2,6449	9,5614	3,2982	10,2147	47,6863
36	2	52	1	1,9995	8,916	3,2622	10,1787	47,1647
37	3	52	4	1,9428	8,8593	3,2265	10,1430	46,6492
38	3	52	5	1,8685	8,785	3,1908	10,1073	46,1325
39	1	52	3	1,5135	8,43	3,1478	10,0643	45,5107

“...Continua...”

“TABELA 15, Cont.”

Ordem	Bloco	Família	Árvore	a	u+a	Ganho	Média	GD%
40	2	37	2	3,5802	10,4967	3,1586	10,0751	45,6670
41	1	37	2	3,5338	10,4503	3,1677	10,0842	45,7993
42	3	37	1	1,3919	8,3084	3,1254	10,0419	45,1880
43	2	34	1	2,8439	9,7604	3,1189	10,0354	45,0934
44	3	34	4	2,3415	9,258	3,1012	10,0177	44,8379
45	1	34	3	2,2002	9,1167	3,0812	9,9977	44,5484
46	1	27	3	3,4134	10,3299	3,0884	10,0049	44,6528
47	2	27	5	2,2025	9,119	3,0696	9,9861	44,3803
48	3	27	2	2,1466	9,0631	3,0503	9,9668	44,1023
49	2	44	5	3,1323	10,0488	3,0520	9,9685	44,1265
50	3	44	3	2,2214	9,1379	3,0354	9,9519	43,8863
51	1	44	4	2,0976	9,0141	3,0170	9,9335	43,6205
52	2	51	3	1,4763	8,3928	2,9874	9,9039	43,1921
53	3	51	4	1,3084	8,2249	2,9557	9,8722	42,7341
54	1	51	2	0,8797	7,7962	2,9173	9,8338	42,1782
55	3	11	1	1,4425	8,359	2,8904	9,8070	41,7905
56	1	11	1	1,4016	8,3181	2,8639	9,7804	41,4061
57	2	11	2	0,972	7,8885	2,8307	9,7472	40,9263
58	1	22	2	2,4186	9,3351	2,8236	9,7401	40,8236
59	2	22	2	1,0716	7,9881	2,7939	9,7104	40,3942

“...Continua...”

“TABELA 15, Cont.”

Ordem	Bloco	Família	Árvore	a	u+a	Ganho	Média	GD%
60	3	22	5	0,766	7,6825	2,7601	9,6766	39,9056
61	1	24	5	2,3971	9,3136	2,7541	9,6706	39,8195
62	3	24	1	1,7062	8,6228	2,7372	9,6537	39,5752
63	2	24	1	0,2187	7,1352	2,6972	9,6137	38,9972
64	1	28	3	3,1355	10,052	2,7041	9,6206	39,0962
65	2	28	1	3,0887	10,0052	2,7100	9,6265	39,1817
66	3	28	3	2,9984	9,915	2,7144	9,6309	39,2449
67	2	18	2	3,2463	10,1629	2,7223	9,6388	39,3597
68	1	18	4	1,6522	8,5687	2,7066	9,6231	39,1322
69	3	18	4	0,9061	7,8226	2,6805	9,5970	38,7549
70	3	14	4	1,8966	8,8131	2,6693	9,5858	38,5930
71	1	14	5	1,2698	8,1863	2,6496	9,5661	38,3080
72	2	14	5	1,2071	8,1236	2,6295	9,5460	38,0183
73	3	25	2	1,6224	8,539	2,6157	9,5323	37,8189
74	2	25	3	1,4528	8,3693	2,6000	9,5165	37,5917
75	1	25	2	1,2103	8,1268	2,5815	9,4980	37,3238
76	2	13	5	2,2336	9,1501	2,5769	9,4934	37,2576
77	1	13	2	0,4144	7,3309	2,5488	9,4653	36,8515
78	3	13	1	0,3292	7,2457	2,5204	9,4369	36,4401
79	2	26	1	2,9863	9,9028	2,5263	9,4428	36,5254

“...Continua...”

“TABELA 15, Cont.”

Ordem	Bloco	Família	Árvore	a	u+a	Ganho	Média	GD%
80	1	26	1	2,3214	9,2379	2,5237	9,4402	36,4883
81	3	26	1	1,782	8,6985	2,5146	9,4311	36,3559
82	3	50	2	2,7331	9,6496	2,5172	9,4337	36,3945
83	2	50	4	1,5659	8,4824	2,5058	9,4223	36,2287
84	1	50	2	1,3596	8,2761	2,4921	9,4086	36,0315
85	2	1	3	1,5784	8,495	2,4814	9,3979	35,8760
86	3	1	1	0,404	7,3205	2,4572	9,3737	35,5268
87	1	1	3	0,3931	7,3096	2,4335	9,3500	35,1838
88	3	41	3	3,2847	10,2012	2,4432	9,3597	35,3236
89	2	41	4	2,346	9,2625	2,4421	9,3586	35,3078
90	1	41	5	1,1606	8,0771	2,4278	9,3443	35,1020
91	1	56	3	1,8239	8,7404	2,4212	9,3377	35,0060
92	3	56	4	1,402	8,3185	2,4101	9,3266	34,8459
93	2	56	2	0,5858	7,5023	2,3905	9,3070	34,5622
94	1	17	4	1,1299	8,0464	2,3771	9,2936	34,3684
95	2	17	1	1,0268	7,9433	2,3629	9,2794	34,1628
96	3	17	5	0,6546	7,5711	2,3451	9,2616	33,9056
97	2	32	2	1,8579	8,7744	2,3401	9,2566	33,8330
98	3	32	3	1,7824	8,6989	2,3344	9,2509	33,7507
99	1	32	4	0,9517	7,8682	2,3204	9,2369	33,5488

TABELA 16: Valor genotípico em nível de indivíduo, média genotípica, ganho, media dos indivíduos selecionados e percentual de ganho para o caráter DAP aos 138 meses de idade.

Ordem	Bloco	Família	Árvore	a	u+a	Ganho	Média	GD%
1	1	38	1	7,1386	14,3889	7,14	14,39	98,46
2	3	38	5	5,0568	12,3071	6,10	13,35	84,10
3	2	38	2	3,4293	10,6796	5,21	12,46	71,83
4	1	47	2	4,8403	12,0907	5,12	12,37	70,57
5	3	47	5	4,6048	11,8552	5,01	12,26	69,15
6	2	47	2	4,1682	11,4185	4,87	12,12	67,21
7	2	29	4	4,6331	11,8834	4,84	12,09	66,74
8	3	29	2	3,9776	11,2279	4,73	11,98	65,25
9	1	29	2	3,9576	11,208	4,65	11,90	64,07
10	3	36	1	4,7263	11,9766	4,65	11,90	64,18
11	1	36	1	4,3266	11,5769	4,62	11,87	63,77
12	2	36	2	3,9693	11,2196	4,57	11,82	63,02
13	3	57	4	2,9903	10,2406	4,45	11,70	61,34
14	1	57	5	2,1897	9,44	4,29	11,54	59,12
15	2	57	1	2,1499	9,4003	4,14	11,39	57,15
16	1	42	1	3,5098	10,7601	4,10	11,35	56,61
17	3	42	4	3,413	10,6633	4,06	11,31	56,05
18	2	42	1	2,8098	10,0602	3,99	11,24	55,09
19	3	39	4	2,9464	10,1967	3,94	11,19	54,33

“...Continua...”

“TABELA 16, Cont.”

Ordem	Bloco	Família	Árvore	a	u+a	Ganho	Média	GD%
20	2	39	3	2,8051	10,0554	3,88	11,13	53,54
21	1	39	1	2,4772	9,7276	3,82	11,07	52,62
22	3	46	1	3,599	10,8494	3,81	11,06	52,49
23	1	46	4	2,829	10,0793	3,76	11,01	51,90
24	2	46	2	2,6754	9,9257	3,72	10,97	51,28
25	1	40	3	3,6282	10,8785	3,71	10,96	51,23
26	2	40	4	3,5811	10,8314	3,71	10,96	51,16
27	3	40	2	2,8751	10,1254	3,68	10,93	50,73
28	2	35	1	3,7657	11,0161	3,68	10,93	50,77
29	1	35	4	3,5022	10,7525	3,68	10,93	50,69
30	3	35	1	3,4343	10,6846	3,67	10,92	50,58
31	1	37	2	3,9791	11,2294	3,68	10,93	50,72
32	2	37	2	3,7999	11,0503	3,68	10,93	50,77
33	3	37	1	1,8032	9,0535	3,62	10,87	49,98
34	3	52	4	1,7046	8,9549	3,57	10,82	49,21
35	2	52	1	1,6744	8,9248	3,51	10,76	48,46
36	1	52	2	1,5015	8,7518	3,46	10,71	47,69
37	1	27	3	3,7268	10,9771	3,46	10,72	47,79
38	2	27	5	2,3556	9,606	3,44	10,69	47,39
39	3	27	2	2,3292	9,5796	3,41	10,66	46,99

“...Continua...”

“TABELA 16, Cont.”

Ordem	Bloco	Família	Árvore	a	u+a	Ganho	Média	GD%
40	3	43	4	3,3063	10,5567	3,40	10,66	46,96
41	2	43	2	3,1557	10,4061	3,40	10,65	46,88
42	1	43	3	2,2893	9,5397	3,37	10,62	46,51
43	2	34	1	2,7425	9,9928	3,36	10,61	46,31
44	3	34	2	2,4995	9,7499	3,34	10,59	46,04
45	1	34	3	2,4379	9,6882	3,32	10,57	45,77
46	2	44	5	2,977	10,2273	3,31	10,56	45,66
47	1	44	4	2,3948	9,6451	3,29	10,54	45,39
48	3	44	1	2,2665	9,5168	3,27	10,52	45,10
49	1	28	3	3,1332	10,3835	3,27	10,52	45,06
50	2	28	1	3,0813	10,3316	3,26	10,51	45,01
51	3	28	3	2,8383	10,0886	3,26	10,51	44,89
52	3	25	2	1,5487	8,7991	3,22	10,47	44,44
53	2	25	3	1,3981	8,6485	3,19	10,44	43,97
54	1	25	2	1,2185	8,4688	3,15	10,40	43,46
55	3	14	4	2,0764	9,3267	3,13	10,38	43,20
56	2	14	5	1,8486	9,0989	3,11	10,36	42,88
57	1	14	5	1,1805	8,4309	3,08	10,33	42,41
58	1	11	1	1,474	8,7243	3,05	10,30	42,03
59	3	11	1	1,3551	8,6054	3,02	10,27	41,64

“...Continua...”

“TABELA 16, Cont.”

Ordem	Bloco	Família	Árvore	a	u+a	Ganho	Média	GD%
60	2	11	2	0,9268	8,1771	2,98	10,23	41,16
61	2	51	5	1,7392	8,9895	2,96	10,21	40,87
62	3	51	4	1,0054	8,2558	2,93	10,18	40,44
63	1	51	1	0,8095	8,0598	2,90	10,15	39,97
64	1	22	2	2,2109	9,4612	2,89	10,14	39,83
65	2	22	2	1,2378	8,4881	2,86	10,11	39,48
66	3	22	5	0,967	8,2173	2,83	10,08	39,08
67	1	26	1	2,8168	10,0671	2,83	10,08	39,08
68	2	26	1	2,3191	9,5694	2,83	10,08	38,97
69	3	26	1	1,9368	9,1871	2,81	10,06	38,79
70	1	24	5	2,1515	9,4018	2,80	10,05	38,66
71	3	24	2	1,8244	9,0747	2,79	10,04	38,47
72	2	24	1	0,0302	7,2805	2,75	10,00	37,94
73	3	41	3	3,7131	10,9634	2,76	10,01	38,13
74	2	41	4	2,5126	9,7629	2,76	10,01	38,08
75	1	41	5	1,1439	8,3943	2,74	9,99	37,78
76	2	1	3	1,8392	9,0895	2,73	9,98	37,62
77	1	1	5	1,5669	8,8172	2,71	9,96	37,41
78	3	1	2	0,5823	7,8326	2,69	9,94	37,03
79	2	13	5	1,7878	9,0381	2,67	9,92	36,88

“...Continua...”

“TABELA 16, Cont.”

Ordem	Bloco	Família	Árvore	a	u+a	Ganho	Média	GD%
80	1	13	2	0,4894	7,7397	2,65	9,90	36,50
81	3	13	2	0,3983	7,6486	2,62	9,87	36,12
82	3	50	2	2,6913	9,9416	2,62	9,87	36,13
83	2	50	4	1,7547	9,005	2,61	9,86	35,99
84	1	50	2	1,477	8,7273	2,60	9,85	35,80
85	2	32	2	2,2334	9,4837	2,59	9,84	35,74
86	3	32	3	2,1664	9,4167	2,59	9,84	35,67
87	1	32	4	0,768	8,0183	2,57	9,82	35,39
88	1	66	2	1,0318	8,2821	2,55	9,80	35,15
89	2	66	4	0,9753	8,2257	2,53	9,78	34,90
90	3	66	2	-0,391	6,8593	2,50	9,75	34,45
91	2	17	1	1,4267	8,677	2,49	9,74	34,29
92	1	17	3	1,1544	8,4047	2,47	9,72	34,09
93	3	17	4	0,98	8,2303	2,46	9,71	33,87
94	2	18	1	1,4439	8,6943	2,44	9,70	33,72
95	1	18	4	1,3615	8,6118	2,43	9,68	33,56
96	3	18	4	0,738	7,9883	2,42	9,67	33,32
97	1	56	2	1,8061	9,0564	2,41	9,66	33,23
98	3	56	4	1,1502	8,4005	2,40	9,65	33,06
99	2	56	2	0,382	7,6323	2,38	9,63	32,78