

Avaliação genética de procedências de bandarria
(*Schizolobium amazonicum*) utilizando REML/BLUP
(Máxima verossimilhança restrita/Melhor predição linear não viciada)

Genetic evaluation of bandarria (*Schizolobium amazonicum*)
provenances by the REML/BLUP methodology

Rodrigo Barros Rocha¹, Abadio Hermes Vieira¹,
Michelliny de Matos Bentes Gama¹ e Luiz Marcelo Brum Rossi²

Resumo

Entre as essências florestais nativas da região norte de potencial para a produção madeireira destaca-se a bandarria (*Schizolobium amazonicum*) pelo seu rápido crescimento e qualidade de madeira. O objetivo deste trabalho foi quantificar a variabilidade genética entre procedências de bandarria e o progresso genético com a prática da seleção, visando caracterizar área de produção de sementes (APS). Foram avaliadas três procedências de bandarria dos Estados de Rondônia, Pará e Acre em delineamento de blocos ao acaso com informação dentro de parcela instalado no espaçamento de 4 x 2 m em Ouro Preto d'Oeste, Rondônia. Foram avaliados os caracteres: diâmetro à altura do peito DAP (cm), altura total ALT(m) e volume de madeira VOL (m³) aos nove anos de idade. A análise da variância indicou a existência de variabilidade genética entre as procedências a 1% de probabilidade somente para os caracteres ALT (m) e VOL (m³). A acurácia do procedimento de seleção entre procedências apresentou magnitude elevada e suas estimativas de progresso genético foram consideradas para prever a média na próxima geração. As estimativas de progresso genético indicam 20% de ganho em volume com a seleção entre procedências e 30% com a seleção entre e dentro de procedências. As procedências avaliadas apresentaram boa adaptabilidade geral, com potencial para a produção de madeira na região e variabilidade genética suficiente para ser explorada com estruturação em famílias.

Palavras-Chave: Melhoramento florestal, Área de produção de sementes, Parâmetros genéticos

Abstract

Among the Amazonian trees with potential for timber production, bandarria (*Schizolobium amazonicum*) stands out for its rapid growth and wood quality. The objective of this study was to quantify the genetic variability among bandarria provenances and the genetic progress with the selection, aiming to characterize an area of seed production. Three bandarria provenances from Rondônia, Pará and Acre states were evaluated in a randomized block design installed in Ouro Preto d'Oeste, Rondônia State, Brazil. The following traits were evaluated: diameter at breast height (cm), total height (m) and wood volume (m³) with nine-year old trees. The analysis of variance indicated the existence of genetic variability among the provenances with 1% probability only for total height and wood volume. The accuracy of selection among provenances indicated that it should be preferred to predict the genetic progress in the next generation. Estimates of genetic progress indicate 20% of gain in wood volume with the selection among provenances and 30% with the selection among and within provenances. The evaluated provenances showed good general adaptability and potential to produce timber in the region and genetic variability should be used in future selection cycles.

Keywords: Tree breeding, Seed production areas, Genetic parameters

INTRODUÇÃO

Atualmente o reflorestamento com essências nativas é uma das principais alternativas que vem sendo considerada para a recuperação de áreas degradadas na Região Norte do País (VIEIRA *et al.*, 2008). Além dos benefícios ecológicos da recupe-

ração de áreas degradadas, o aumento da oferta de madeira reflorestada contribui para renda nas propriedades rurais e para redução da má exploração dos recursos naturais (TONINI *et al.*, 2006; SOUZA *et al.*, 2008). O rápido crescimento volumétrico e a qualidade diferenciada da madeira caracterizam as essências florestais nativas de poten-

¹Pesquisadores da Embrapa Rondônia – Caixa Postal 406 - Porto Velho, RO - 78900-970 – E-mail: rodrigo@cpafro.embrapa.br; abadio@cpafro.embrapa.br; michelliny@cpafro.embrapa.br

²Pesquisador da Embrapa Amazônia Ocidental – Caixa Postal 319 – Manaus, AM - 69010-970 – E-mail: marcelo.rossi@cpaa.embrapa.br

cial para o reflorestamento, tais como a bandarria (*Schizolobium amazonicum*), a andiroba (*Carapa guianensis*) e o mogno (*Swietenia macrophylla*) (RIZZINI, 1971; BIANCHETTI *et al.*, 1997).

A agregação de valor econômico, social e ambiental a uma essência florestal nativa fundamenta-se em atividades que visam transformar um componente da biodiversidade em um recurso genético de valor econômico (CLEMENT *et al.*, 2005; CLEMENT, 2001). O aprimoramento do sistema de produção e o desenvolvimento de materiais genéticos mais apropriados para o plantio são fundamentais, decisivos para o sucesso da atividade. Atualmente, a indisponibilidade de sementes de origem genética conhecida é uma das principais limitações para o estabelecimento de novos povoamentos com essências florestais nativas.

Uma das essências florestais nativas que vem tendo sua área de plantio ampliada na Região Norte do país é a bandarria (*Schizolobium amazonicum*). O *Schizolobium amazonicum* Huber ex Ducke, pertencente à família Fabaceae, é uma árvore caducifólia, de tamanho grande, de ocorrência natural na mata primária de terra firme, várzea alta e em florestas secundárias e capoeiras (VIEIRA *et al.*, 2008; CARVALHO, 2005; MARQUES *et al.*, 2004; RAMALHO, 1995). De crescimento rápido, a bandarria pode atingir de 15 a 20 m de altura e 60 a 80 cm de DAP entre 12 a 15 anos (TONINI *et al.*, 2005; RONDON, 2002; DUCKE, 1949). Sua madeira de coloração branca é mole e leve (peso específico de 0,302 g/cm³), podendo ser utilizada na fabricação de fibras, compensados, pasta de celulose, laminados de alta qualidade, entre outras aplicações (CARVALHO, 1994; RIZZINI, 1971).

Para a definição da unidade de seleção mais apropriada na atividade florestal, considera-se que as interações genótipo x procedência x ambiente são em geral significativas, resultado, em parte, da expressiva variação genética natural (ROCHA *et al.*, 2005; NUNES *et al.*, 2002; FALCONER, 1987). A ocorrência destas interações aumenta a complexidade das atividades de avaliação genética e de seleção associadas ao produto final, tendo em vista a necessidade de predição dos valores genéticos aditivos dos indivíduos (matrizes) e das procedências em diversos ambientes (RESENDE, 2002).

Entre os métodos que podem ser utilizados para a obtenção de estimativas dos parâmetros genéticos destaca-se na atividade florestal a metodologia REML/BLUP (máxima verossimilhança

restrita/melhor predição linear não viciada) pela acurácia e precisão que confere às estimativas obtidas de ensaios desbalanceados (RESENDE, 2002; RESENDE *et al.*, 1998; RESENDE *et al.*, 1997). Na prática, os componentes de variância devem ser estimados com a maior precisão possível visando à seleção baseada nos maiores valores genéticos individuais e entre procedências.

O objetivo deste trabalho foi quantificar a variabilidade genética entre e dentro de procedências de bandarria e estimar o progresso genético com a prática da seleção de matrizes para caracterizar área de produção de sementes em Ouro Preto d'Oeste, Rondônia.

MATERIAL E MÉTODOS

Experimento de campo

O experimento foi instalado em área pertencente à Embrapa Rondônia em Ouro Preto d'Oeste, localizada nas coordenadas geográficas 10° 43' 58" de Latitude Sul, 62° 15' 16" de Longitude Oeste e altitude de 240 m.s.n.m., com precipitação média anual de 1970,9 mm, temperatura média anual de 23,6° C e umidade relativa do ar de 82% (SILVA, 2000). Segundo Santos (1999), o solo desta área é classificado como Latossolo Vermelho Escuro eutrófico, de textura argilosa e bem drenado.

O delineamento experimental adotado foi de blocos ao acaso com informação dentro de parcela quadrada de 25 plantas com 2 repetições em espaçamento de 3 x 4 m. As procedências podem ser definidas como populações de polinização aberta provenientes dos Estados de Rondônia, Acre e Pará. Os procedimentos de coleta, produção de mudas, plantio e avaliações iniciais de crescimento foram descritos por Lima *et al.*, 1999.

O controle da mato-competição foi feito com capinas manuais duas vezes ao ano, nos primeiros anos de idade. A caracterização química do solo foi realizada na época de plantio em três profundidades: 0-20 cm, 20-40 cm e 40-60 cm (Tabela 1).

Avaliações dendrométricas

Os caracteres dendrométricos avaliados foram: o diâmetro à altura do peito (cm), altura total (m) e volume de madeira (m³) aos nove anos, que corresponde à idade técnica de corte estimada nas condições de plantio descritas na região (VIEIRA *et al.*, 2008). O diâmetro à altura do peito foi mensurado utilizando suta mecânica de alumínio e a altura total utilizando um hipsômetro Blume-Leiss.

Tabela 1. Análise química do solo da área experimental de Ouro Preto d'Oeste (RO).

Table 1. Soil chemical composition of the experimental field in Ouro Preto d'Oeste, Rondônia State, Brazil.

Prof. (cm)	pH em H ₂ O	P	K	Ca	Mg	Al+H	Al	M.O.	V
		(mg/dm ³)	(mmol/dm ³)					(g/Kg)	(%)
0-20	7,3	24,0	10,3	62	14	15	traços	15,8	85
20-40	7,1	7,0	2,8	57	13	15	traços	11,2	83
40-60	7,1	5,0	2,1	51	10	16	traços	7,2	80

Sendo: Prof: Profundidade em cm da amostra, P: fósforo trocável do solo (Mielichl), K: potássio trocável do solo (Mielichl), Mg: magnésio trocável do solo, Al+H: acidez titulável, Al: alumínio em trocável do solo, M.O.: concentração de matéria orgânica, V: saturação por bases.

O volume comercial sem casca foi estimado pela seleção e ajuste de modelo de dupla entrada, a partir dos dados da cubagem rigorosa de quarenta e quatro árvores provenientes de todas as classes de diâmetro do povoamento. Na cubagem utilizou-se a metodologia de Smalian a partir da mensuração dos diâmetros a cada dois metros a partir de 1,30 m de altura. A seleção do modelo mais adequado foi baseada no valor ponderado dos escores estatísticos (VP) (THIERSCH, 1997).

$$\text{Modelo de Péllico: } v = h(b_0 + b_1 d + b_2 d^2)$$

$$v = h[-1,311 \cdot 10^{-3} + 2,849 \cdot 10^{-4} \cdot d + 1,9975 \cdot 10^{-5} d^2]$$

em que: v é a estimativa do volume m³arv⁻¹, h é a altura total em m, d é o diâmetro à altura do peito em cm.

Estimativas dos parâmetros genéticos

Os valores genéticos foram estimados por meio do procedimento REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Predição Linear Não Viesada) dos caracteres diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (ALT) e volume de madeira (VOL). A predição dos valores genéticos utilizando a metodologia de BLUP, a partir do sistema de equações de modelos mistos presume o conhecimento dos componentes de variância que são estimados utilizando o método de máxima verossimilhança restrita - REML (RESENDE, 2002). Essa metodologia tem se consolidado no setor florestal, principalmente por permitir a obtenção de estimativas mais acuradas de herdabilidade e de ganho de seleção provenientes da análise de experimentos desbalanceados.

A predição dos valores genéticos aditivos dos genitores foi feita utilizando-se o programa Seleção-REML/BLUP, considerando o modelo linear misto descrito a seguir (RESENDE, 2002):

$$Y = Xb + Za + Wc + Qr + e$$

em que:

Y = vetor de dados;

X = matriz de incidência para o efeito fixo de bloco;

b = vetor dos efeitos de bloco, tomado como fixo;

Z = matriz de incidência do efeito aleatório de indivíduos;

a = vetor dos efeitos genéticos aditivos tomados como aleatório;

W = matriz de incidência para o efeito de parcela;

c = vetor dos efeitos aleatórios de parcela;

Q = matriz de incidência para o efeito de procedências;

r = vetor dos efeitos aleatórios de procedências;

e = vetor de erros aleatórios.

As pressuposições acerca da distribuição de y, b, a, c, r, e e das estruturas de médias e variâncias para cada vetor são dadas por:

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

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

$$c|\sigma_c^2 \sim N(0, I\sigma_c^2)$$

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

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

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

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

Ou seja:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ r \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \text{VAR} \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ r \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZG & WG & QR & R \\ GZ' & G & 0 & 0 & 0 \\ CW' & 0 & C & 0 & 0 \\ RQ' & 0 & 0 & R & 0 \\ R & 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$G = A\sigma_a^2; R = I\sigma_e^2; C = I\sigma_c^2; R = I\sigma_r^2;$$

$$V = ZA\sigma_a^2 Z' + WI\sigma_c^2 W' + QI\sigma_r^2 Q' + I\sigma_e^2;$$

Equações de modelo misto:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'Q \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W & Z'Q \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 & W'Q \\ Q'X & Q'Z & Q'W & Q'Q + I\lambda_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{c} \\ \hat{r} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ Q'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

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

$$\lambda_2 = \frac{1-h^2-c^2-r^2}{c^2} = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_c^2};$$

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

Estimadores iterativos dos componentes de variância por REML via algoritmo EM:

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

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

$$\hat{\sigma}_c^2 = [\hat{c}'\hat{c} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}C^{33}] / s$$

$$\hat{\sigma}_r^2 = [\hat{r}'\hat{r} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}C^{44}] / t; \text{ em que:}$$

C^{22} , C^{33} e C^{44} advêm de:

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

$h_g^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2}$: coeficiente de determinação dos efeitos de procedências.

$h_g^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2}$: correlação devida ao efeito comum de parcela.

$\hat{\sigma}_g^2$ = variância genotípica entre procedências,

$\hat{\sigma}_c^2$ = variância ambiental entre parcelas,

$\hat{\sigma}_e^2$ = variância ambiental dentro de parcelas.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Médias e análise de variância

A sobrevivência das plantas foi diferenciada entre procedências, sendo que a população do Estado de Rondônia, mesmo ambiente em que os plantios foram conduzidos, apresentou o maior percentual de sobrevivência (Tabela 2). A adaptabilidade diferencial ao ambiente é um dos fatores determinantes do desenvolvimento e, segundo Cruz *et al.* (2003), refere-se à capacidade intrínseca de resposta das populações às condições ambientais.

As médias de produtividade e as variâncias dos caracteres são compatíveis com outros estudos (TONINI *et al.*, 2006; SOUZA *et al.*, 2008). Os valores do coeficiente de variação experimental ficaram dentro dos limites que, de acordo com Garcia (1989), indicam uma boa precisão na análise dos dados (Tabela 2).

As estimativas da estatística F dos efeitos de procedências são informações exploratórias que subsidiam a prática da seleção. A análise da variância indicou a existência de variabilidade genética entre as procedências a 1% de probabilidade somente para os caracteres ALT e VOL (Tabela 3). Apesar do DAP, ser um dos componentes da produtividade de madeira em volume de maior facilidade de mensuração, a ausência de variação genética significativa entre as procedências limitou a utilização deste caráter para seleção.

Tabela 2. Produtividade das parcelas experimentais de *Schizolobium amazonicum* avaliadas aos nove anos de idade.
Table 2. *Schizolobium amazonicum* productivity evaluated at age nine years old in Ouro Preto d'Oeste (RO).

Procedências	ALT (m)	DAP (cm)	VOL (m³)	Sobrevivência	VSC/ha (m³)
Acre	25,81b	18,17a	0,23b	0,67	128,37
Pará	28,26a	21,58a	0,34a	0,73	206,75
Rondônia	18,33c	18,93a	0,27b	0,86	193,42
Média geral	24,23	19,44	0,29		
CVe	7,12	6,62	15,79		

Médias seguidas pela mesma letra não diferem de acordo com o teste de Scott Knott a 5% de probabilidade. ALT (m): Altura total em m; DAP (cm): diâmetro à altura do peito em cm; VOL (m³): volume em m³; VSC/ha (m³): volume sem casca por hectare em m³.

Tabela 3. Estimativas dos parâmetros genéticos de *Schizolobium amazonicum* provenientes de procedências dos Estados do Acre, Pará e Rondônia.

Table 3. Genetic parameters estimates of *Schizolobium amazonicum* provenances from Acre, Para and Rondonia states.

Estimativas dos parâmetros	ALT (m)	DAP (cm)	VOL (m³)
$\hat{\sigma}_g^2$	25,67	1,842	0,0057
$\hat{\sigma}_e^2$	61,98	36,312	0,0468
$\hat{\sigma}_c^2$	0,28	0,081	0,0001
$\hat{\sigma}_r^2$	87,93	38,23	0,0526
h_g^2	0,292 +/- 0,146	0,048 +/- 0,06	0,11 +/- 0,05
h_{mp}^2	0,95	0,69	0,78
CVg	20,89	6,98	25,99
c_p^2	0,0032	0,0021	0,0021

Em que: ALT (m): altura total em m; DAP (cm): diâmetro à altura do peito em cm; VOL (m³): volume em m³; $\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica entre procedências, $\hat{\sigma}_e^2$: variância ambiental dentro de parcelas, $\hat{\sigma}_c^2$: variância ambiental entre parcelas, $\hat{\sigma}_r^2$: variância fenotípica individual; h_g^2 : coeficiente de determinação dos efeitos de procedências; h_{mp}^2 : herdabilidade média de procedência, CVg: coeficiente de variação genética, c_p^2 : coeficiente de determinação devido ao ambiente comum da parcela.

Componentes de variância e estimativas de herdabilidade

As estimativas dos componentes de variância e do quociente entre a variância genética e a variância total permitem quantificar a natureza aditiva do padrão de herança complexo e subsidia as estimativas de progresso genético (RESENDE, 2002; ROCHA *et al.*, 2006). A menor contribuição dos efeitos genéticos na variação do caráter DAP deve-se ao efeito não significativo observado entre procedências (Tabela 3). Os valores observados do coeficiente de determinação devido ao ambiente comum da parcela (c_p^2), que quantifica a variabilidade ambiental dentro de parcela, foram inferiores ao valor de 0,10, que segundo Resende *et al.*, (1997), é compatível com experimentos considerados precisos (Tabela 4).

Valores elevados da herdabilidade média entre as procedências sugerem considerável progresso genético em resposta à seleção entre procedências (Tabela 4). Por outro lado, estimativas de herdabilidade individual no sentido restrito foram de baixa magnitude e acurácia, com valores de desvio-padrão superiores a 20% do valor das estimativas (RESENDE *et al.*, 1997). Valores de herdabilidade inferiores a 0,15 também foram relatados em outros trabalhos com a prática da seleção individual para os caracteres avaliados e que, segundo Zobel e Talbert (1984) deve-se principalmente ao mecanismo de herança complexa que influencia no desenvolvimento das árvores. A estruturação em famílias de polinização aberta a partir das melhores matrizes é uma estratégia que permite melhor explorar a variabilidade dentro de procedências.

Seleção de matrizes e progresso genético

A escolha do caráter VOL para seleção de matrizes baseou-se no fato da mesma ter apresentado variabilidade genética significativa entre procedências e maior acurácia de predição, associado ao fato de que é o caráter que mais se aproxima do produto final, que naturalmente apresenta correlação positiva e alta com ALT e DAP.

A procedência "Pará" foi a única população que apresentou média positiva dos efeitos genotípicos preditos para o caráter VOL. Embora a média dos efeitos genotípicos das outras procedências tenha sido negativa, a predição dos valores genéticos individuais permitiu identificar matrizes superiores dentro de procedências. A caracterização das matrizes de desempenho superior objetiva maximizar o ganho genético na próxima geração a partir da identificação de árvores matrizes selecionadas.

Em geral, a menor acurácia dos valores de herdabilidade observados para a unidade de seleção individual dentro de procedência não implica em erro na classificação das matrizes, e sim nas estimativas do progresso genético (RESENDE, 2002). Desta forma considerou-se que o ganho predito com a seleção entre procedências se aproxima com maior acurácia da média da próxima geração do que o progresso genético predito com a seleção individual (Tabelas 4 e 5).

A caracterização da área de produção de sementes e a identificação das melhores matrizes subsidiam a etapa seguinte da manipulação deste recurso genético, a estruturação das procedências em famílias de polinização aberta. A Tabela 5 mostra somente os indivíduos que apresentaram efeitos genéticos aditivos de contribuição positiva para a expressão do volume. Além das plantas provenientes da procedência "Pará" de efeito genotípico médio positivo, observou-se plantas da procedência "Rondônia" que também apresentaram contribuição positiva para o volume.

Dois critérios foram considerados para a seleção de matrizes: a intensidade de seleção e o número efetivo. O ganho genético é inversamente proporcional à intensidade de seleção, a qual quantifica o número de indivíduos selecionados (CRUZ *et al.*, 2003). O número de indivíduos selecionados foi determinado de modo a maximizar o limite inferior do intervalo de confiança do ganho genético corrigido para endogamia (RESENDE *et al.*, 1998). A maximização do limite inferior do intervalo de confiança do ga-

Tabela 4. Estimativas dos efeitos genotípicos, progresso genético e acurácia com a prática da seleção entre procedências de *Schizolobium amazonicum* dos Estados do Acre, Pará e Rondônia.

Table 4. Estimates of genotypic effects, genetic progress and selection accuracy among provenances of *Schizolobium amazonicum* from Acre, Para and Rondonia states.

Procedência	g	u+g	Nova média VSC/ha (m ³)	Ganho percentual
Pará	0,0583	0,3512	0,3512	0,199
Rondônia	-0,0159	0,2770	0,3141	0,070
Acre	-0,0425	0,2504	0,2929	0,000
A _c	0,97			

Em que: g: efeito genotípico predito, u: média da população, A_c: acurácia com a prática da seleção entre procedências, VSC/ha (m³): volume sem casca por hectare em m³.

nho genético corrigido para endogamia ocorreu com a seleção das onze melhores plantas; todas elas provenientes da procedência "Pará". A nova média prevista com a seleção destes indivíduos é de 0,39 m³; valor este 34% superior à média geral de volume das três procedências.

Além deste critério, também foi considerada a necessidade de se trabalhar com maior número de indivíduos para assegurar um número efetivo mínimo, que permita a realização de cruzamentos e maior eficiência nas etapas seguintes de seleção. Alguns autores

sugerem que o número efetivo mínimo de 30 matrizes seja mantido no estabelecimento de unidades de recombinação em plantas perenes e essências florestais (RESENDE, 2002). A associação destes critérios foi utilizada para seleção de vinte e duas melhores matrizes da procedência "Pará" e as oito melhores matrizes da procedência "Rondônia" baseado no ordenamento dos valores genéticos para compor o pomar de hibridização, com uma média de 0,38 m³ arv⁻¹, valor este 30% superior à média geral das três procedências.

Tabela 5. Estimativas dos parâmetros genéticos e do progresso genético com a seleção de indivíduos ordenados pelo valor do efeito genético aditivo predito para a característica volume (m³ árv⁻¹).

Table 5. Estimates of the genetic parameters and progress of the individual selection, in order of the values of genetic additive effect predicted for volume (m³ tree⁻¹).

Ordenamento	Bloco	Proc.	Árvore	f	a	u+a	Ganho	Nova média
1(*)	2	PA	3	1,0985	0,1377	0,4306	0,1377	0,4306
2(*)	1	PA	2	0,9734	0,1268	0,4197	0,1323	0,4251
3(*)	1	PA	1	0,8558	0,1141	0,4069	0,1262	0,4191
4(*)	2	PA	7	0,8558	0,1116	0,4044	0,1226	0,4154
5(*)	2	PA	8	0,7194	0,0969	0,3898	0,1174	0,4103
6(*)	2	PA	17	0,6936	0,0941	0,387	0,1135	0,4064
7(*)	1	PA	3	0,6188	0,0884	0,3812	0,1099	0,4028
8(*)	1	PA	9	0,5713	0,0834	0,3763	0,1066	0,3995
9(*)	2	PA	6	0,5948	0,0834	0,3762	0,104	0,3969
10(*)	2	PA	14	0,5948	0,0833	0,3761	0,102	0,3948
11(*)	1	PA	10	0,5035	0,076	0,3689	0,0996	0,3925
12(*)	2	PA	13	0,4607	0,0689	0,3618	0,097	0,3899
13(*)	2	PA	12	0,3807	0,0602	0,3531	0,0942	0,3871
14(*)	1	PA	8	0,3256	0,0569	0,3497	0,0915	0,3844
15(*)	2	PA	23	0,3256	0,0543	0,3472	0,0891	0,3819
16(*)	2	PA	21	0,3256	0,0543	0,3472	0,0869	0,3797
17(*)	2	PA	4	0,3082	0,0524	0,3453	0,0849	0,3777
18(*)	2	PA	1	0,2748	0,0488	0,3416	0,0829	0,3757
19(*)	2	PA	5	0,2432	0,0455	0,3384	0,0809	0,3738
20(*)	2	PA	18	0,2136	0,0423	0,3352	0,079	0,3718
21(*)	2	PA	20	0,2136	0,0423	0,3351	0,0772	0,3701
22(*)	1	RO	14	0,7999	0,0418	0,3346	0,0756	0,3685
23(*)	1	PA	4	0,1726	0,0403	0,3331	0,0741	0,3669
24	2	PA	22	0,1858	0,0392	0,3321	0,0726	0,3655
25	2	PA	9	0,1858	0,0392	0,3321	0,0713	0,3641
26	2	PA	11	0,1726	0,0379	0,3308	0,07	0,3629
27	2	PA	16	0,1599	0,0366	0,3294	0,0688	0,3616
28	2	PA	2	0,1599	0,0364	0,3292	0,0676	0,3605
29	2	PA	15	0,1476	0,035	0,3278	0,0665	0,3593
30	2	PA	19	0,1137	0,0315	0,3243	0,0653	0,3582
31	2	PA	10	0,1137	0,0314	0,3242	0,0642	0,3571
32	1	PA	7	0,075	0,0297	0,3225	0,0631	0,356
33	1	PA	11	0,0665	0,029	0,3218	0,0621	0,355
34	1	PA	5	0,0585	0,0281	0,3209	0,0611	0,354
35	1	PA	6	0,0585	0,0279	0,3208	0,0602	0,353
36(*)	2	RO	12	0,6936	0,0279	0,3207	0,0593	0,3521
37(*)	2	RO	10	0,6936	0,0279	0,3207	0,0584	0,3513
38(*)	2	RO	4	0,6432	0,0225	0,3153	0,0575	0,3503
39(*)	2	RO	6	0,5948	0,0172	0,31	0,0564	0,3493
40(*)	2	RO	15	0,5256	0,0097	0,3025	0,0553	0,3481
41(*)	1	RO	15	0,44	0,0029	0,2958	0,054	0,3468
42(*)	2	RO	7	0,4607	0,0027	0,2955	0,0528	0,3456

Em que: Proc: procedências, f: valor fenotípico individual (medição em campo); a: efeito genético aditivo predito; u+a: valor genético aditivo predito, PA: Pará, RO: Rondônia, *: árvores selecionadas como matrizes.

CONCLUSÕES

A acurácia do procedimento de seleção entre procedências apresentou magnitude elevada e suas estimativas de progresso genético foram consideradas para prever a média na próxima geração.

A seleção entre e dentro de procedências utilizando o método REML/BLUP mostrou-se eficiente resultando em estimativas de progresso genético de 20% com a seleção entre procedências e 30% com a seleção entre e dentro de procedências.

As procedências avaliadas apresentaram boa adaptabilidade geral, bom potencial para a produção de madeira na região e variabilidade genética suficiente para ser explorada com a estruturação das procedências em famílias.

O caráter volume mostrou-se mais apropriado que o DAP e a altura para a seleção das matrizes que irão constituir a área de produção de sementes de bandarra.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BIANCHETTI, A.; TEIXEIRA, C.A.D.; MARTINS, E.P. **Tratamentos para superar a dormência de sementes de bandarra (*Schizolobium amazonicum*) Huber ex. Ducke**. Porto Velho: Embrapa Rondônia, 1997. 2p. (Embrapa Rondônia Comunicado Técnico, 20).
- CARVALHO, J.R.C. Resposta de plantas de *Schizolobium amazonicum* [*S. parahyba* var. *amazonicum*] e *Schizolobium parahyba* [*Schizolobium parahybum*] à deficiência hídrica. *Revista Árvore*, Viçosa, v.20, n.6, p.907-914, 2005.
- CARVALHO, P.E.R. **Espécies florestais brasileiras: recomendações silviculturais potencialidades e uso da madeira**. Colombo: Embrapa Florestas, 1994. 640p.
- CLEMENT, C.R. Melhoramento de espécies nativas. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. **Recursos genéticos e melhoramento: plantas**. Rondonópolis: Fundação de Apoio à Pesquisa Agropecuária de Mato Grosso – Fundação MT, 2001. p.423- 441.
- CLEMENT, C.R.; LLERAS PÉREZ, E.; VAN LEEUWEN, J. O potencial das palmeiras tropicais no Brasil: acertos e fracassos das últimas décadas. *Agrociencia*, Montevideu, v.9, n.1, p.67-71, 2005.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2003. v.2, 585p.
- DUCKE, A. Notas sobre a flora neotrópica: 2- as leguminosas da Amazônia brasileira. *Boletim Técnico IAN*, Belém, n.18, p.1-248, 1949.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279p.
- GARCIA, C.H. Tabelas para classificação do coeficiente de variação. *Circular Técnica IPEF*, Piracicaba, n.171, p.1-11, 1989.
- LIMA, R.M.B.; AZEVEDO, C.P.; ROSSI, L.M.B.; GARCIA, L.C. Zoneamento edafo-climático para plantios de espécies florestais de rápido crescimento na Amazônia. In: **Resultados (I fase emergencial e fase): programa piloto para a proteção das florestas tropicais do Brasil**. Manaus, AM.: [s. n.], 1999. p.309–331. Disponível em: http://www.dominiopublico.gov.br/pesquisa/DetalheObraForm.do?select_action=&coobra=18056. Acessado em 22/07/2009.
- MARQUES, T.C.L.L.S.M.; CARVALHO, J.G.; LACERDA, M.P.C.; MOTA, P.E.F. Crescimento inicial do paricá (*Schizolobium amazonicum*) sob omissão de nutrientes e de sódio em solução nutritiva. *Cerne*, Lavras, v.10, n.2, p.184-195, 2004.
- NUNES, G.H.S.; REZENDE, G.D.S.P.M.; RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.S. Implicações da interação genótipos x ambientes na seleção de clones de eucalipto. *Cerne*, Lavras, v. 8, n.1, p.49-58, 2002.
- RAMALHO, R.S. **Dendrologia tropical: terminologia**. 2.ed. Viçosa: UFV, 1995. 52p.
- RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975p.
- RESENDE, M.D.V.; ARAÚJO, A.J.; WIECHETECK, M.S.S. Acurácia seletiva, intervalos de confiança e variâncias de ganhos genéticos associados a 22 métodos de seleção em *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. *Floresta*, Curitiba, v.25, n.1/2, p.3-16, 1997.
- RESENDE, M.D.V.; MORA, A.L.; HIGA, A.R.; PALUDZYSZYN FILHO, E. Efeito do tamanho amostral na estimativa da herdabilidade em espécies perenes. *Floresta*, Curitiba, v.28, p.51-63, 1998.

- RIZZINI, C.T. **Árvores e madeiras úteis do Brasil: manual de dendrologia brasileira.** São Paulo: Edgard Blucher, 1971. 292p.
- ROCHA, M.G.B.; PIRES, I.E. ; ROCHA, R.B.; XAVIER, A.; CRUZ, C.D. Avaliação genética de progênies de meios irmãos de *Eucalyptus grandis* utilizando procedimentos REML/BLUP e da ANOVA. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n.71, p.99-107, 2006.
- ROCHA, R.B.; MURO-ABAD, J.I.; ARAÚJO, E.F.; CRUZ, C.D. Avaliação do método centróide para estudo de adaptabilidade ao ambiente de clones de *Eucalyptus grandis*. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v.15, n.3, p.255-266, 2005.
- RONDON, E.V. Produção de biomassa e crescimento de árvores de *Schizolobium amazonicum* (Huber) Ducke sob diferentes espaçamentos na região de mata. **Revista Árvore**, Viçosa, v.26, n.5, p.573-576, 2002.
- SANTOS, P.L. Levantamento semi-detalhado dos solos do campo experimental de Ouro Preto D'Oeste. **Embrapa Amazônia Oriental Documentos**, Belém, n.8, p.1-38, 1999.
- SILVA, M.J.G. **Boletim climatológico de Rondônia – 1999.** Porto Velho: SEDAM/RO, 2000. v.2, 24p.
- SOUZA, C.R.; LIMA, R.M.B.; AZEVEDO, C.P.; ROSSI, L.M.B. Desempenho de espécies florestais para uso múltiplo na Amazônia. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v.36, n.77, p.7-14, 2008.
- THIERSCH, A. **A eficiência das distribuições diamétricas para a prognose da produção de *E. camaldulensis*.** 1997. 155p. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1997.
- TONINI, H.; ARCO-VERDE, M.F.; SCHWENGBER, D.; JÚNIOR, M.M. Avaliação de espécies florestais em área de mata no estado de Roraima. **Cerne**, Lavras, v.12, n.1, p.8-18, 2006.
- TONINI, H.; PEREIRA, M.R.N.; ARCO-VERDE, M.F.; OLIVEIRA JUNIOR, M.M. Seleção de equações para o paricá (*Schizolobium amazonicum* Huber ex Ducke), no estado de Roraima. **Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento**, Boa Vista, n.04, p.1-17, 2005.
- VIEIRA, A.H.; ROCHA, R.B.; BENTES GAMA, M.M.; TEIXEIRA, C.A.D.; MARCOLAN, A.L.; VIEIRA JÚNIOR, J.R. **Sistema de produção de bandarria para o Estado de Rondônia.** Porto Velho: Embrapa Rondônia, 2008. 20p. (Embrapa Rondônia Sistema de produção).
- ZOBEL, B.; TALBERT, J. **Applied forest tree improvement.** New York: John Wiley, 1984. 505p.

Recebido em 02/04/2009

Aceito para publicação em 14/08/2009