

VARIAÇÃO GENÉTICA ENTRE E DENTRO DE POPULAÇÕES DE *Balfourodendron riedelianum* (Engler) Engler PARA CONSERVAÇÃO *EX SITU**

Ana Cristina Machado De Franco SIQUEIRA**

Alexandre Magno SEBBENN**

Lígia de Castro ETTORI**

José Carlos Bolliger NOGUEIRA**

RESUMO

Com o objetivo da conservação genética *ex situ* de uma espécie arbórea tropical em risco de extinção, o Instituto Florestal de São Paulo implantou, no ano de 1984, um ensaio de famílias e de populações de *Balfourodendron riedelianum* em dois locais: Estação Experimental de Luiz Antonio e Estação Experimental de Pederneiras, SP. O delineamento utilizado foi o de blocos de famílias compactas com 3 populações, 19 famílias por população, 6 repetições e 5 plantas por parcela. Os ensaios foram avaliados pela análise de variância para altura total e DAP aos 4, 9 e 11 anos de idade. O crescimento médio e sobrevivência de plantas foi maior em Luiz Antonio, SP. A análise de variância individual dos caracteres revelou diferenças significativas entre populações em Pederneiras e, entre famílias dentro de populações, nos dois locais de ensaio, em todas as idades de avaliação. Os componentes de variância mostraram que a maior parte da variação genética encontra-se dentro das populações e, portanto, que a estratégia de conservação deva priorizar a amostragem de indivíduos dentro de famílias e famílias dentro de populações. Os parâmetros genéticos apresentaram estimativas promissoras para os caracteres avaliados nas análises individuais e conjunta para locais, sugerindo que as populações apresentam variação genética suficiente para a conservação. A estimativa do tamanho efetivo de populações indicou que a representatividade genética das populações sob conservação é suficiente para que o material não perca alelos raros por deriva genética, a curto prazo.

Palavras-chave: conservação genética *ex situ*; teste de progênicos e populações; *Balfourodendron riedelianum*, pau-marfim.

1 INTRODUÇÃO

Balfourodendron riedelianum (RUTACEAE) é conhecido no Estado de São Paulo pelo nome de pau-marfim e distribui-se naturalmente entre as latitudes 10°50'S (BA) a 29°40'S (RS), habitando principalmente a Floresta Estacional Semidecidual Submontana, onde ocupa o estrato superior, a Floresta Estacional Decidual e Floresta Ombrófila Mista (Floresta de Araucária), entre as altitudes de 80 a 1.000 metros. Apresenta altura de 15 a 25 metros e DAP de 30 a 50 centímetros, podendo atingir a altura

ABSTRACT

With the objective of the *ex situ* genetic conservation of a tropical tree species in risk of extinction, the Forest Institute of São Paulo implanted in the year of 1984, a trial of families and populations of *Balfourodendron riedelianum* in two sites in a compact family block design. The trials were appraised by the variance analysis of whole height and DBH at 4, 9 and 11 years of age. The mean growth of the traits and plant survival, were larger in Luiz Antonio. The individual analysis of variance of the traits revealed significant differences among populations in Pederneiras, and among families within populations in the two sites, and at all evaluation ages. The variance components showed that most of the genetic variation meets within populations and therefore, the conservation strategy should consider as priority the sampling of individuals within families and families within populations. The genetic parameters presented promising values for the traits in the individual analyses and joint analyses for places, suggesting that the populations present enough genetic variation for the conservation. The effective size estimate of populations indicated that the genetic representativity of the populations under conservation is enough so that the material won't lose rare alleles by genetic drift, at a short-term basis.

Key words: *ex situ* genetic conservation; families and populations trial; *Balfourodendron riedelianum*, pau-marfim.

de 35 m e o DAP de 100 cm. Seu tronco é reto e cilíndrico, levemente tortuoso e o fuste atinge até 15 m de altura. As flores são hermafroditas, polinizadas por pequenos insetos. No grupo sucessional a espécie é classificada como secundária tardia. Seu hábito de crescimento é monopodial na fase jovem, mesmo a pleno sol, apresentando fuste bem definido; após o corte o toco tem a capacidade de regeneração por rebrota. A árvore é usada como ornamental e para reflorestamentos em matas ciliares. Sua madeira é considerada nobre, sendo muito utilizada na marcenaria (Carvalho, 1994).

(*) Aceito para publicação em agosto de 2000.

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

Contudo, apesar de sua grande utilidade, a espécie encontra-se na lista da FAO das espécies arbóreas tropicais em perigo de extinção (FAO, 1996). Devido a isto, o Instituto Florestal de São Paulo está procurando conservar a espécie *ex situ* em forma de populações base, e *in situ*, nas reservas públicas (Siqueira & Nogueira, 1992). Assim, o objetivo deste trabalho é quantificar a variação genética entre e dentro de três populações de *B. riedelianum*, conservadas *ex situ*, desde 1984, em duas estações experimentais do Instituto Florestal de São Paulo, visando aferir a eficiência desta estratégia de conservação adotada.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

A erosão genética ou perda de genes está ocorrendo com diferentes intensidades, conforme a espécie. Em vários casos, todavia, a situação atual parece ser bastante crítica (Vencovsky, 1987). No Estado de São Paulo, o desenvolvimento da agricultura, agropecuária e da silvicultura de essências exóticas fez-se às custas da derrubada de extensas áreas de florestas naturais, tendo-se hoje apenas 7% da cobertura original. Tanto esses ciclos econômicos quanto o extrativismo de espécies de interesse econômico, fizeram com que a biodiversidade fosse bastante reduzida, restrita hoje aos remanescentes de florestas situadas em unidades de conservação, mantidas pelo poder público (Siqueira & Figliolia, 1998). No entanto, as pressões expansionistas do urbanismo e da agricultura continuam a ameaçar esses remanescentes, sendo importante a conservação genética de exemplares arbóreos que tenham valor atual ou futuro para a humanidade, em locais de garantida segurança.

Os princípios da conservação genética baseiam-se na distribuição da variabilidade genética entre e dentro de populações como condição essencial e insubstituível para a continuidade evolutiva das espécies. A redução da variabilidade genética não só diminui o potencial de ajustamento às mudanças naturais mas também às necessidades do homem (Frankel, 1977).

A concentração de esforços na conservação genética de essências arbóreas deve ser determinada pela magnitude relativa da variação genética existente

entre e dentro de populações, de modo a preservar o máximo de variabilidade das populações naturais (Dias & Kageyama, 1991).

A conservação genética *in situ* deve ser priorizada, devido a sua capacidade de manter o potencial evolutivo das espécies sob preservação; já a *ex situ* deve ser realizada em casos onde a *in situ* é impraticável, como no caso de populações de uma espécie cujo desaparecimento é inevitável. A estratégia de conservação *ex situ* objetiva manter amostras representativas de populações para que, após caracterizadas, avaliadas e multiplicadas, estejam disponíveis para o melhoramento genético e/ou pesquisas correlatas (Lleras, 1992). Entretanto, atenta-se para o fato de que a conservação genética não visa apenas a preservação de alelos para uso imediato ou futuro mas, também, manter complexos gênicos na sua integridade, dado que, hoje, sabe-se terem grande importância em programas de melhoramento em que o objetivo é desenvolver genótipos com capacidade de adaptação a condições extremas ou atípicas para a espécie (Vencovsky, 1987).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Locais de Estudo

O Instituto Florestal de São Paulo implantou, no ano de 1984, um ensaio combinado de populações e progênies de *B. riedelianum*, repetido em dois locais, visando à conservação *ex situ* da espécie. Os locais de experimentação são a Estação Experimental de Luiz Antonio, SP, caracterizada pela latitude de 21°40'S, longitude de 47°49'W, altitude de 550 metros, precipitação média anual de 1.365 mm, solo do tipo Latossolo Vermelho Amarelo, fase arenosa e Latossolo Roxo. O clima é do tipo Cwa, segundo Ventura *et al.*, (1965/66). A Estação Experimental de Pederneiras, SP, encontra-se entre as latitudes 22°22'S, longitude de 48°44'W, altitude de 500 m, precipitação média anual de 1.200 a 1.300 mm, solo do tipo Latossolo Vermelho Escuro fase arenosa e clima do tipo Cwa, segundo Ventura *et al.*, (1965/66).

3.2 Delineamento Experimental

O delineamento adotado foi o de blocos de famílias compactas, sendo que nas parcelas se encontram alocadas as populações e nas subparcelas as famílias. Testou-se em cada local três populações naturais: Alvorada do Sul-PR (Pop. 1), Gália-SP (Pop. 2) e Bauru-SP (Pop. 3). Em Luiz Antonio foram plantadas 19 famílias de cada população e em Pederneiras, 13 famílias da Pop. 1, 17 famílias da Pop. 2 e 18 famílias da Pop. 3. As sementes para o ensaio foram originadas de polinização aberta. Em cada local, utilizou-se de 6 blocos, com subparcelas lineares de 5 plantas, no espaçamento de 3,0 x 3,0 metros e uma bordadura externa de duas linhas. Os ensaios foram avaliados para os caracteres altura total (m) e DAP (cm), nas idades de 4 anos (só para altura), 9 e 11 anos (altura e DAP). O comportamento silvicultural foi avaliado pelo crescimento médio (M) e sobrevivência de plantas no ensaio. Os caracteres altura e DAP foram submetidos à análise de variância em nível de média de subparcelas (5 plantas), para cada local e conjuntamente para os locais.

3.3 Análise Estatística Individual

A análise de variância individual para os locais, em cada idade foi realizada conforme o modelo estatístico aleatório:

$$Y_{ijk} = m + t_i + b_j + (tb)_{ij} + t'_{k(i)} + e_{ijk}$$

onde:

Y_{ijk} é a média da família k , na população i , no bloco j ; m é a média geral dos caracteres na população; t_i é o efeito aleatório da população i ($i = 1, 2, \dots, I$), alocada nas parcelas; b_j é o efeito aleatório do bloco j ($j = 1, 2, \dots, J$); $(tb)_{ij}$ é o erro experimental em nível de parcelas; $t'_{k(i)}$ é o efeito aleatório da família k ($k = 1, 2, \dots, K$), dentro da população i ($i = 1, 2, \dots, I$), alocada nas subparcelas e, e_{ijk} é o efeito do erro em nível de subparcela. A variância fenotípica dentro das subparcelas foi obtida pela média ponderada dos quadrados médios dentro das subparcelas. A estrutura da análise individual para locais encontra-se na TABELA 1.

TABELA 1 - Quadro da análise de variância com as fontes de variação (FV), os graus de liberdade (GL), esperanças dos quadrados médios [E(QM)] e quadrados médios testadores de F.

FV	GL	QM	E(QM)	F
Blocos	$J - 1$	$Q1$	$(\hat{\sigma}_d^2 / \bar{n}) + \hat{\sigma}_{eB}^2 + K \hat{\sigma}_{eA}^2 + IK \hat{\sigma}_b^2$	$Q1/Q3$
Populações	$I - 1$	$Q2$	$(\hat{\sigma}_d^2 / \bar{n}) + \hat{\sigma}_{eB}^2 + K \hat{\sigma}_{eA}^2 + J \hat{\sigma}_{F/P}^2 + JK \hat{\sigma}_P^2$	$(Q2+Q9)/(Q3+Q5)^*$
Erro (a)	$(I - 1)(J - 1)$	$Q3$	$(\hat{\sigma}_d^2 / \bar{n}) + \hat{\sigma}_{eB}^2 + K \hat{\sigma}_{eA}^2$	----
Parcelas	$IJ - 1$	$Q4$	----	----
Fam./Pop.	$I \sum (K - 1)$	$Q5$	$(\hat{\sigma}_d^2 / \bar{n}) + \hat{\sigma}_{eB}^2 + J \hat{\sigma}_{F/P}^2$	$Q5/Q9$
Fam./Pop. 1	$(K_1 - 1)$	$Q6$	$(\hat{\sigma}_d^2 / \bar{n}) + \hat{\sigma}_{eB}^2 + J \hat{\sigma}_{F/P1}^2$	$Q6/Q9$
Fam./Pop. 2	$(K_2 - 1)$	$Q7$	$(\hat{\sigma}_d^2 / \bar{n}) + \hat{\sigma}_{eB}^2 + J \hat{\sigma}_{F/P2}^2$	$Q7/Q9$
Fam./Pop. 3	$(K_3 - 1)$	$Q8$	$(\hat{\sigma}_d^2 / \bar{n}) + \hat{\sigma}_{eB}^2 + J \hat{\sigma}_{F/P3}^2$	$Q8/Q9$
Erro (b)	$I \sum (K - 1)(J - 1)$	$Q9$	$(\hat{\sigma}_d^2 / \bar{n}) + \hat{\sigma}_{eB}^2$	----
Erro dentro	$J I \sum K (\bar{n} - 1)$	$Q10$	$\hat{\sigma}_d^2$	----
Total	$(JIK) - 1$	$Q11$		

Onde: J = número de blocos; I = número de populações; K = número de famílias por população; \bar{n} = média harmônica do número de plantas por subparcela.

(*) O teste F estimado para o efeito de populações não é exato.

Os componentes da variância foram obtidos pela decomposição dos quadrados médios da análise de variância individual, da seguinte forma: variância genética entre populações: $\hat{\sigma}_P^2 = (1/JK)[(Q2+Q9)/(Q3+Q5)]$; variância genética entre famílias/populações: $\hat{\sigma}_{F/P}^2 = (Q5-Q9)/J$; variância genética entre Fam./Pop. 1: $\hat{\sigma}_{F/P1}^2 = (Q6-Q9)/J$; variância genética entre Fam./Pop. 2: $\hat{\sigma}_{F/P2}^2 = (Q7-Q9)/J$; variância genética entre Fam./Pop. 3: $\hat{\sigma}_{F/P3}^2 = (Q8-Q9)/J$; variância ambiental dentro nas subparcelas: $\hat{\sigma}_{eB}^2 = Q9 - (Q10/\bar{n})$; variância genética aditiva na Pop. 1: $\hat{\sigma}_{A1}^2 = 4\hat{\sigma}_{F/P1}^2$; variância genética aditiva na Pop. 2: $\hat{\sigma}_{A2}^2 = 4\hat{\sigma}_{F/P2}^2$; variância genética aditiva na Pop. 3: $\hat{\sigma}_{A3}^2 = 4\hat{\sigma}_{F/P3}^2$; variância fenotípica dentro de famílias: $\hat{\sigma}_d^2 = Q10$.

3.4 Análise Estatística Conjunta

A análise conjunta para locais foi realizada considerando-se apenas as famílias comuns de cada população para os dois locais e que apresentassem pelo menos 5 repetições. O modelo estatístico misto utilizado na análise conjunta dos experimentos, considerando-se locais como efeito fixo e populações e famílias como efeito aleatório, foi:

$$Y_{ijkl} = m + t_i + l_j + b_{j1} + (tl)_{il} + (tb)_{ij(i)} + t'_{k(i)} + (t'l)_{kl(i)} + e_{ijkl}$$

onde:

Y_{ijkl} é o valor da família k , no bloco j , na população i , no local l ; m é a média geral do caracter na população; t_i é o efeito aleatório da população i ($i = 1, 2, \dots, I$), alocada nas parcelas; l_j é o efeito fixo de locais l ($l = 1, 2, \dots, L$); b_{j1} é o efeito aleatório do bloco j ($j = 1, 2, \dots, J$), dentro do local l ; $(tl)_{il}$ é o efeito da interação da população i no local l ; $(tb)_{ij(i)}$ é o erro experimental em nível de parcelas; $t'_{k(i)}$ é o efeito aleatório da família k ($k = 1, 2, \dots, K_i$) dentro da população i , alocada nas subparcelas; $(t'l)_{kl(i)}$ é o efeito da interação de famílias dentro de população por locais e, e_{ijkl} é o efeito do erro em nível de subparcela. O esquema da análise de variância conjunta para locais em cada idade encontra-se na TABELA 2.

Os componentes da variância foram obtidos pela decomposição dos quadrados médios da análise de variância conjunta, da seguinte forma:

variância genética entre populações: $\hat{\sigma}_P^2 = (1/JKL)[(Q3+Q10)/(Q4+Q6)]$; variância da interação populações por locais: $\hat{\sigma}_{L \times P}^2 = (1/JK)[(Q4 + Q14)/(Q5 + Q10)]$; variância genética entre famílias/populações: $\hat{\sigma}_{F/P}^2 = (Q6-Q14)/JL$; variância genética entre Fam./Pop. 1: $\hat{\sigma}_{F/P1}^2 = (Q7-Q14)/JL$; variância genética entre Fam./Pop. 2: $\hat{\sigma}_{F/P2}^2 = (Q8-Q14)/JL$; variância genética entre Fam./Pop. 3: $\hat{\sigma}_{F/P3}^2 = (Q9-Q14)/JL$; variância ambiental entre subparcelas: $\sigma_{eB}^2 = Q14 - (Q15/\bar{n})$; variância genética aditiva na Pop. 1: $\hat{\sigma}_{A1}^2 = 4\hat{\sigma}_{F/P1}^2$; variância genética aditiva na Pop. 2: $\hat{\sigma}_{A2}^2 = 4\hat{\sigma}_{F/P2}^2$; variância genética aditiva na Pop. 3: $\hat{\sigma}_{A3}^2 = 4\hat{\sigma}_{F/P3}^2$; variância fenotípica dentro de subparcelas: $\hat{\sigma}_d^2 = Q15$.

3.5 Estimativa dos Parâmetros Genéticos e Não Genéticos

As estimativas dos parâmetros genéticos e não genéticos foram obtidas a partir dos componentes de variância da análise individual e conjunta, conforme Vencovsky & Barriga (1992). Os parâmetros estimados foram o coeficiente de herdabilidade no sentido restrito em nível de plantas (\hat{h}^2), coeficiente de herdabilidade em nível de média de famílias (\hat{h}_m^2), coeficiente de herdabilidade dentro de famílias (\hat{h}_d^2), coeficiente de variação genética entre famílias (CV_g), coeficiente de variação ambiental (CV_e) e coeficiente de variação fenotípica dentro de subparcelas (CV_d).

O tamanho efetivo de populações (\hat{N}_e) foi estimado segundo expressão de Vencovsky (1978), expandida de Crow & Kimura (1970), para situações de seleção artificial, em espécies monóicas. A fórmula de \hat{N}_e para seleção em ambos os sexos em uma população com estrutura de famílias não endogâmicas é:

$$\hat{N}_e = \frac{4N_F\bar{n}}{\frac{\sigma_n^2}{\bar{n}} + \bar{n} + 3}$$

onde:

N_F é o número de famílias, \bar{n} é o número médio de indivíduos por família e σ_n^2 é a variância do número de indivíduos por família. Desta expressão pode-se observar que para maximizar o \hat{N}_e deve-se minimizar a σ_n^2 .

TABELA 2 - Quadro da análise de variância conjunta para locais com as fontes de variação (FV), os graus de liberdade (GL), as esperanças dos quadrados médios [E(QM)] e quadrados médios testadores de F.

FV	GL	QM	E(QM)	F
Blocos/Locais	$L(J-1)$	$Q1$	$(\hat{\sigma}_d^2 / \bar{n}) + \hat{\sigma}_{eB}^2 + K\hat{\sigma}_A^2 + IK\hat{\sigma}_b^2$	Q1/Q5
Locais (L)	$L-1$	$Q2$	$(\hat{\sigma}_d^2 / \bar{n}) + \hat{\sigma}_{eB}^2 + K\hat{\sigma}_{eA}^2 + (L/L-1)J\hat{\sigma}_{LxF/P}^2 + (L/L-1)JK\hat{\sigma}_{LxP}^2 + LJK\hat{\Phi}_L$	Q2/Q4
Populações (P)	$I-1$	$Q3$	$(\hat{\sigma}_d^2 / \bar{n}) + \hat{\sigma}_{eB}^2 + K\hat{\sigma}_{eA}^2 + (L/L-1)J\hat{\sigma}_{LxF/P}^2 + JL\hat{\sigma}_{F/P}^2 + (L/L-1)K\hat{\sigma}_{LxP}^2 + JKL\hat{\sigma}_P^2$	(Q3+Q10)(Q4+Q6)*
L x P	$(L-1)(I-1)$	$Q4$	$(\hat{\sigma}_d^2 / \bar{n}) + \hat{\sigma}_{eB}^2 + K\hat{\sigma}_{eA}^2 + (L/L-1)J\hat{\sigma}_{LxF/P}^2 + JK\hat{\sigma}_{LxP}^2$	(Q4+Q14)(Q5+Q10)*
Erro (a)	$L(I(d-1))$	$Q5$	$(\hat{\sigma}_d^2 / \bar{n}) + \hat{\sigma}_{eB}^2 + K\hat{\sigma}_{eA}^2$	----
Fam. Pop. (F/P)	$\Sigma(K_i-1)$	$Q6$	$(\hat{\sigma}_d^2 / \bar{n}) + \hat{\sigma}_{eB}^2 + (L/L-1)J\hat{\sigma}_{LxF/P}^2 + JL\hat{\sigma}_{F/P}^2$	Q6/Q10
Fam. Pop. 1 (F/P1)	(K_1-1)	$Q7$	$(\hat{\sigma}_d^2 / \bar{n}) + \hat{\sigma}_{eB}^2 + (L/L-1)J\hat{\sigma}_{LxF/P1}^2 + JL\hat{\sigma}_{F/P1}^2$	Q7/Q11
Fam. Pop. 2 (F/P2)	(K_2-1)	$Q8$	$(\hat{\sigma}_d^2 / \bar{n}) + \hat{\sigma}_{eB}^2 + (L/L-1)J\hat{\sigma}_{LxF/P2}^2 + JL\hat{\sigma}_{F/P2}^2$	Q8/Q12
Fam. Pop. 3 (F/P3)	(K_3-1)	$Q9$	$(\hat{\sigma}_d^2 / \bar{n}) + \hat{\sigma}_{eB}^2 + (L/L-1)J\hat{\sigma}_{LxF/P3}^2 + JL\hat{\sigma}_{F/P3}^2$	Q9/Q13
L x F P	$(L-1)(\Sigma(K_i-1))$	$Q10$	$(\hat{\sigma}_d^2 / \bar{n}) + \hat{\sigma}_{eB}^2 + (L/L-1)J\hat{\sigma}_{LxF/P}^2$	Q10/Q14
L x F P1	$(L-1)(K_1-1)$	$Q11$	$(\hat{\sigma}_d^2 / \bar{n}) + \hat{\sigma}_{eB}^2 + (L/L-1)J\hat{\sigma}_{LxF/P1}^2$	Q11/Q14
L x F P2	$(L-1)(K_2-1)$	$Q12$	$(\hat{\sigma}_d^2 / \bar{n}) + \hat{\sigma}_{eB}^2 + (L/L-1)J\hat{\sigma}_{LxF/P2}^2$	Q12/Q14
L x F P3	$(L-1)(K_3-1)$	$Q13$	$(\hat{\sigma}_d^2 / \bar{n}) + \hat{\sigma}_{eB}^2 + (L/L-1)J\hat{\sigma}_{LxF/P3}^2$	Q13/Q14
Erro (b)	$L(I(d-1)(\Sigma(K_i-1)))$	$Q14$	$(\hat{\sigma}_d^2 / \bar{n}) + \hat{\sigma}_{eB}^2$	----
Erro dentro	$LJK_i(\bar{n}-1)$	$Q15$	$\hat{\sigma}_d^2$	----
Total	LJK_i-1	$Q16$		

Onde: L = número de locais; J = número de blocos; I = número de populações; K = número de famílias por população; \bar{n} = média harmônica do número de plantas por subparcela; $\phi_L = \Sigma I^2 / (L-1)$, não representando, portanto, um parâmetro populacional.

(a) Os graus de liberdade para o teste F das fontes de variação de populações e da interação L x P, foram dados pelas estimativas de Satterthwaite, segundo Barbin (1998).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Crescimento e Sobrevivência

O crescimento médio das populações, em altura e DAP (TABELA 3), e em todas as idades de avaliação foi maior em Luiz Antonio (LA), comparativamente a Pederneiras (PE). Observa-se que a altura e o DAP, aos 11 anos de idade, em LA foi 43,9% e 34,5%, respectivamente, superior ao crescimento em PE. Isso mostra que LA apresenta menos restrições ambientais para o desenvolvimento de *B. riedelianum*,

podendo estar associado a maior fertilidade dos solos da região de LA (Latossolo Roxo) em comparação ao solo de PE (Latossolo Vermelho Escuro fase arenosa). Em LA, de modo geral, a Pop. 3 (Bauru) apresentou os maiores crescimentos para os caracteres avaliados e, em PE, a Pop. 2 (Gália) apresentou o maior crescimento. Já na análise conjunta para os dois locais, a Pop. 2 apresentou a melhor performance para ambos os caracteres aos 11 anos de idade. Este comportamento diferencial do crescimento em altura e DAP, das populações, nos dois locais, sugere a presença de interação populações x locais.

TABELA 3 - Média de altura e DAP em três populações de *B. riedelianum* na E. E. de Luiz Antonio e na E. E. de Pederneiras e análise conjunta para locais.

Local		Altura (m)			DAP (cm)	
		4 anos	9 anos	11 anos	9 anos	11 anos
Luiz Antonio ^a	Geral	4,11	9,08	9,71	9,73	10,73
	Fam./Pop. 1	4,17	8,50	9,07	9,12	10,01
	Fam./Pop. 2	4,09	9,10	9,84	10,01	11,03
	Fam./Pop. 3	4,07	9,52	10,15	9,93	11,07
Pederneiras ^a	Geral	2,31	4,68	5,45	5,50	7,03
	Fam./Pop. 1	1,88	4,46	4,12	3,88	5,35
	Fam./Pop. 2	2,33	5,11	5,86	6,25	7,80
	Fam./Pop. 3	2,57	5,01	5,85	5,79	7,31
Conjunta ^b	Geral	3,31	6,88	7,67	7,55	8,90
	Fam./Pop. 1	2,55	6,13	6,68	6,67	7,65
	Fam./Pop. 2	2,79	7,06	8,02	7,88	9,60
	Fam./Pop. 3	2,86	7,25	7,88	7,88	9,00

(a) Pop. 1 - Alvorada do Sul-PR; Pop. 2 - Gália-SP e Pop. 3 - Bauru-SP = 19 famílias.

(b) Pop. 1 = 13 famílias de Alvorada do Sul-PR; Pop. 2 = 17 famílias de Gália-SP; Pop. 3 = 18 famílias de Bauru-SP.

Comparando os crescimentos observados com os resultados apresentados por Carvalho (1994) para o comportamento silvicultural da espécie em plantios experimentais, no Sul e Sudeste do Brasil (TABELA 4), observa-se superioridade no desenvolvimento das plantas nos ensaios aqui em estudo sobre os plantios de Foz do Iguaçu-PR e superioridade do ensaio de LA sobre todos os crescimentos apresentados na TABELA 4. Contudo, o ensaio de PE apresentou crescimento um tanto inferior aos da referida tabela. Estas constatações reforçam a idéia de que LA apresenta boas condições para o desenvolvimento de *B. riedelianum*.

A avaliação da sobrevivência de plantas nos ensaios (TABELA 5), para as populações em estudo, mostrou maiores valores em LA aos 9 e 11 anos de idade, relativamente a PE, sugerindo também uma

melhor adaptação da espécie nas condições edafoclimáticas dessa localidade. Aos 11 anos de idade a sobrevivência em LA ficou na faixa dos 80% e em PE na faixa dos 60%. Alta mortalidade nos ensaios é restritiva na estimativa de parâmetros genéticos, pela superestimativa das médias dos caracteres nas subparcelas com maior mortalidade. Para tanto, nas análises de PE e conjunta para locais, aos 4 e 9 anos de idade, excluiu-se 9 famílias e uma repetição de cada família. Nas análises de PE e conjunta aos 11 anos de idade, manteve-se apenas as famílias comuns que tivessem 6 repetições em ambos os locais. Em LA excluiu-se uma repetição em todas as análises individuais. Acredita-se que esta prática minimize os vícios nas estimativas, causados pela alta mortalidade de plantas no ensaio.

SIQUEIRA, A. C. M. De F. *et al.* Variação genética entre e dentro de populações de *Balfourodendron riedelianum* (Engler) Engler para a conservação *ex situ*.

TABELA 4 - Comportamento silvicultural de *B. riedelianum* em plantios experimentais no Sul e Sudeste do Brasil.

Local	Idade (anos)	Espaçamento (m)	Sobrev. (%)	Altura (m)		DAP (cm)		Classe de solo
				média	IMA	média	IMA	
Foz do Iguaçu-PR	4	3 x 3	53,3	1,47	0,37	---	---	Lrd
Cianorte-PR	7	3 x 3	83,3	6,58	0,94	8,7	1,24	Lve
Telemaco Borba-PR	8	3 x 3	90,0	5,89	0,74	6,2	0,77	Lrd
Cascavel-PR	10	3 x 2	94,0	9,7	0,97	9,9	0,99	Lrd
São Simão-SP	14	---	97,4	10,96	0,78	9,6	0,69	Lrd

Lrd = Latossolo Roxo distrófico; Lve = Latossolo Vermelho Escuro; IMA = incremento médio anual.

Fonte: Carvalho, 1994.

TABELA 5 - Sobrevivência (%) de plantas de *B. riedelianum* na E. E. de Luiz Antonio (LA) e na E. E. de Pederneiras (PE).

Populações	4 anos		9 anos		11 anos	
	LA	PE	LA	PE	LA	PE
Alvorada	82,3	85,6	81,7	67,6	80,0	59,5
Gália	91,4	84,9	88,9	68,0	85,5	64,4
Bauru	86,3	94,8	83,7	79,2	83,5	77,8
Ensaio	85,8	88,8	85,1	73,5	83,5	65,4

4.2 Variação Genética Entre e Dentro de Populações

A distribuição da variação genética entre e dentro de populações de *B. riedelianum* para cada local foi estudada pela análise de variância individual e conjunta para locais (TABELAS 6 e 8, respectivamente). Em LA, a análise de variância individual (TABELA 6) não revelou diferenças significativas pelo teste F entre populações para os caracteres nas idades avaliadas. Já em PE detectou-se diferenças significativas em todas as idades de avaliação para ambos os caracteres. Para o efeito de famílias dentro de populações (Fam./Pop's), detectou-se diferenças significativas em nível de 1% de probabilidade nos dois locais de ensaio, para ambos os caracteres e em todas as idades de avaliação. O desdobramento dos quadrados médios de famílias dentro de populações (Fam./Pop. 1; Fam./Pop. 2 e Fam./Pop. 3) mostrou, em LA, que a alta variação genética detectada para altura aos 4 e 9 anos foi causada pela variação genética de famílias

dentro da população 3 (Fam./Pop. 3), para DAP aos 9 anos, pela variação genética de famílias dentro das populações 1 e 2 (Fam./Pop. 1, Fam./Pop. 2, respectivamente) e para a altura e DAP aos 11 anos, pela variação genética dentro das famílias dentro de todas as populações. Em PE, o desdobramento dos quadrados médios de famílias dentro de populações revelou que a variação genética para altura aos 4 e 9 anos e, para DAP aos 9 anos foi causada pela variação genética existente entre Fam./Pop. 2 e 3 e, para altura e DAP aos 11 anos pela variação genética de Fam./Pop. 3. Observou-se que os QM de Fam./Pop. 1, em PE, não revelaram variação genética para os caracteres em nenhuma idade de avaliação. De modo geral, estes resultados mostram que a Pop. 3 foi a que apresentou maior variação genética. As diferenças observadas entre os locais, na expressão da variação genética entre populações, estão possivelmente associadas a diferentes níveis de adaptação aos ambientes, sugerindo a presença de interação genótipo x ambiente.

TABELA 6 - Graus de liberdade (GL), quadrados médios (QM) com a significância do teste F e coeficiente de variação experimental (CV_{exp}) para altura e DAP em *B. riedelianum* em dois locais.

Local	GL	QM _{Altura}			QM _{DAP}		
		4 anos	9 anos	11 anos	9 anos	11 anos	
LA	Populações	2	0,6439 ns	42,0847 ns	42,9850 ns	40,8997 ns	54,9484 ns
	Fam./Pop's	54	0,3811 **	4,9227 **	2,7055 **	4,9934 **	5,2535 **
	Fam./Pop. 1	18	0,2852 ns	2,7010 ns	1,3714 **	4,7012 **	5,2535 **
	Fam./Pop. 2	18	0,3494 ns	2,5957 ns	1,2420 **	3,4614 *	4,6798 **
	Fam./Pop. 3	18	0,4372 **	4,7954 **	0,7271 *	2,2731 ns	2,8420 **
	CV_{exp} (%)		12,0	17,1	7,0	14,3	12,3
PE	Populações	2	10,0592 *	63,4398 **	34,1304 *	92,6853 **	69,2888 *
	Fam./Pop's	45	1,0379 **	4,9505 **	4,5887 **	7,7479 **	7,7575 **
	Fam./Pop. 1	12	0,4745 ns	1,1098 ns	1,6651 ns	1,6937 ns	2,4948 ns
	Fam./Pop. 2	16	0,7198 **	2,1663 **	1,8889 ns	3,7860 **	2,5927 ns
	Fam./Pop. 3	17	0,5517 *	2,8185 **	2,9374 **	4,8461 **	3,9752 *
	CV_{exp} (%)		24,8	22,3	20,8	24,6	18,9

LA = E. E. de Luiz Antonio; PE = E. E. de Pederneiras.

(*) e (**) Significativo em nível de 5 e 1% de probabilidade, respectivamente.

(ns) Não significativo.

Em LA, o coeficiente de variação experimental (CV_{exp}) variou de baixo (7,0%) a médio (17,1%), entre os caracteres e idades de avaliação. Em PE, os CV_{exp} apresentaram valores altos, superiores a 18,9%. Esses resultados mostram que o controle experimental foi mais eficiente em LA e que estimativas mais confiáveis são esperadas para este local de ensaio. Os altos coeficientes podem ter sido originados pela alta mortalidade de plantas em PE, o que causou um grande número de falhas nas subparcelas, ou ainda, serem inerentes da própria variação fenotípica da espécie.

Com o objetivo de uma melhor quantificação da distribuição da variação genética entre e dentro das populações, desdobrou-se os quadrados médios da análise de variância nos vários níveis hierárquicos em que o ensaio foi instalado (TABELA 7).

Os resultados na TABELA 7 evidenciaram, para todas as avaliações, que a maior parte da variação genética encontra-se distribuída dentro das populações ($\hat{\sigma}_{F/P}^2 + \hat{\sigma}_{I/F/P}^2$), relativamente à variação genética entre populações ($\hat{\sigma}_P^2$).

Dentro das populações, observou-se que em torno de 75% da variação genética encontra-se entre indivíduos dentro de famílias ($\hat{\sigma}_{I/F/P}^2$), em comparação à variação entre famílias dentro de populações ($\hat{\sigma}_{F/P}^2$). Em concordância a baixa variação entre populações, Ohashi *et al.* (1992) estudando a variação genética entre populações de *Euterpe oleracea* Mart., a partir de caracteres quantitativos, encontraram pequena variação genética entre e grande variação dentro de populações. Este padrão de distribuição da variação genética é o esperado para espécies alógamas, que apresentam eficientes mecanismos de dispersão de pólen e sementes. Estas características favorecem o fluxo gênico entre populações, homogeneizando suas freqüências alélicas e reduzindo a divergência genética por deriva ou seleção. A maior variação genética dentro de populações indica que a estratégia de conservação genética da espécie deve priorizar a amostragem dentro das populações, utilizando um grande número de famílias e de indivíduos dentro de famílias.

SIQUEIRA, A. C. M. De F. *et al.* Variação genética entre e dentro de populações de *Balfourodendron riedelianum* (Engler) Engler para a conservação *ex situ*.

TABELA 7 - Porcentagem relativa da variação genética entre populações ($\hat{\sigma}_P^2$), entre famílias dentro de populações ($\hat{\sigma}_{F/P}^2$) e entre plantas dentro de famílias dentro de populações ($\hat{\sigma}_{I/F/P}^2$) de *B. riedelianum*, para os caracteres altura e DAP, na E. E. de Luiz Antonio (LA), E. E. de Pederneiras (PE) e análise conjunta (Conj.).

Locais	Parâmetros	Altura (%) ^a			DAP (%) ^a	
		4 anos	9 anos	11 anos	9 anos	11 anos
LA	$\hat{\sigma}_P^2$	8,6	3,2	3,0	2,1	2,1
	$\hat{\sigma}_{F/P}^2$	22,9 **	24,2 **	24,2 **	24,5 **	24,5 **
	$\hat{\sigma}_{I/F/P}^2$	68,6	72,6	72,7	73,4	73,4
PE	$\hat{\sigma}_P^2$	17,9 *	1,4 **	3,3 *	0,9 **	3,1 *
	$\hat{\sigma}_{F/P}^2$	20,5 **	24,6 **	24,2 **	24,8 **	24,2 **
	$\hat{\sigma}_{I/F/P}^2$	61,5	73,9	72,5	74,3	72,6
Conj.	$\hat{\sigma}_P^2$	1,3	0,1	0,0	0,1	0,2
	$\hat{\sigma}_{F/P}^2$	24,7 **	25,0 **	25,0 **	25,0 **	24,9 **
	$\hat{\sigma}_{I/F/P}^2$	74,0	74,9	75,0	74,9	74,9

(a) A significância foi dada pelos resultados do teste F da análise de variância.

(*) e (**) Significativo em nível de 5 e 1% de probabilidade, respectivamente.

4.3 Interação Genótipo x Locais

A análise conjunta (TABELA 8) revelou diferenças significativas pelo teste F entre locais apenas para o DAP aos 11 anos de idade. Para populações não foram notadas diferenças significativas. Contudo, detectou-se interação populações x locais para os dois caracteres, em todas as idades de avaliação, sugerindo um comportamento diferencial das populações em relação aos locais. Para altura, foram evidenciadas diferenças significativas entre Fam./Pop. 2 e entre Fam./Pop. 3, aos 4 e 9 anos de idade, e para o DAP entre Fam./Pop. 2 aos 9 anos e Fam./Pop. 3 aos 11 anos. Para altura, a interação locais x famílias/populações foi significativa para Fam./Pop. 1 em todas as idades, para Fam./Pop. 2 aos 4 anos e para Fam./Pop. 3 aos 9 e 11 anos, respectivamente.

Para o DAP, detectou-se interação para Fam./Pop. 3 aos 9 anos e Fam./Pop. 2 e 3 aos 11 anos. A análise da interação genótipo x ambiente é mais importante em programas de melhoramento, onde se pretenda fazer seleção para algum caracter de valor econômico, do que para programas de conservação, visto que o material genético a ser conservado é o mesmo nos vários ambientes. No caso da utilização dos ensaios como populações base para o melhoramento genético de *B. riedelianum*, a seleção deveria ser realizada a nível de locais, com a escolha de genótipos específicos para cada ambiente.

O CV_{exp} da análise conjunta apresentou valores médios para os caracteres, em todas as idades de avaliação, mostrando um bom controle experimental e uma boa confiabilidade nas estimativas dos parâmetros genéticos.

TABELA 8 - Graus de liberdade (GL), quadrados médios (QM) com a significância do teste F e coeficiente de variação experimental (CV_{exp}) para altura e DAP de *B. riedelianum* da análise conjunta de locais.

	GL	QM _{Altura}			QM _{DAP}	
		4 anos	9 anos	11 anos	9 anos	11 anos
Locais (L)	1	28,9975	154,3567	175,2025	162,2847	1671,8921**
Populações (P)	2	10,4210	51,1662	56,9623	101,0862	102,8673
L x P	2	16,1176**	125,6394**	921,7321**	205,9302**	79,2966**
Fam./Pop's	48	0,7937**	3,9798**	5,1110**	6,7298**	8,7076**
Fam./Pop. 1	13	0,3877	0,7451	1,0654	2,8872	3,1284
Fam./Pop. 2	17	0,6902**	2,2227**	1,6311	5,4997**	1,4554
Fam./Pop. 3	18	0,5351*	1,8945**	1,9389	2,5647	2,8566**
L x Fam./Pop. 1	13	0,9534**	1,6437**	1,9142**	2,8153	1,3042
L x Fam./Pop. 2	17	0,6903**	1,1480	1,0475	2,1333	2,7518*
L x Fam./Pop. 3	18	0,3520	1,7243**	1,7969**	4,3373**	3,3337**
CV_{exp} (%)		17,0	13,1	11,9	17,7	13,9

(*) e (**) Significativo em nível de 5 e 1% de probabilidade, respectivamente.

4.4 Variação Genética Intrapopulacional

A variação genética intrapopulacional foi avaliada para cada local pelos coeficientes de herdabilidade e pelos coeficientes de variação genética e não genética (TABELA 9). Em LA, o coeficiente de herdabilidade em nível de planta no sentido restrito (\hat{h}_i^2) variou de 0,03 na Pop. 2, aos 9 anos para o carácter altura, a 0,39 na Pop. 3, aos 11 anos para altura e DAP, mostrando que estes caracteres, nestas populações, têm um controle genético baixo, sendo sua expressão fenotípica determinada em maior parte pelo ambiente. Este mesmo coeficiente de herdabilidade em PE, variou de 0,01 na Pop. 1, aos 9 anos para o DAP, a 0,43 para a Pop. 3, aos 9 anos para altura, também mostrando uma grande influência do ambiente na expressão dos caracteres com o aumento de idade das plantas. Ressalta-se que, na Pop. 1 em LA, o DAP aos 9 e a altura e o DAP aos 11 anos de idade, apresentaram os maiores coeficientes de herdabilidade, sendo que em PE nessas mesmas idades e caracteres, a Pop. 3 foi a que apresentou os maiores valores. Tal resultado mostra que em LA para a Pop. 1 e em PE para a Pop. 3, o controle

genético dos caracteres foi maior, em função talvez, de uma melhor interação do seu componente genético com as características específicas desses ambientes, possivelmente, fertilidade do solo.

O coeficiente de herdabilidade em nível de médias de famílias (\hat{h}_m^2), para ambos os locais, apresentou valores superiores aos encontrados para a herdabilidade em nível de planta (\hat{h}_i^2) e herdabilidade entre plantas dentro de famílias (\hat{h}_d^2), demonstrando que o controle genético dos caracteres em nível de famílias é alto, favorecendo, no caso de melhoramento, a seleção entre famílias dentro das populações.

Os coeficientes de variação genética (CV_g), apresentados na TABELA 9, variaram entre 2,1 e 7,0% em LA e, entre 1,0 e 15,2% em PE, mostrando maior expressão genética no último local. Esses valores podem ser considerados altos se comparados a algumas espécies exóticas como *Eucalyptus citriodora* (Pires *et al.*, 1990) e *Pinus kesiya* (Moraes *et al.*, 1990), e algumas espécies nativas como *Dipteryx alata* (Siqueira *et al.*, 1993) e *Tabebuia heptaphylla* (Ettori *et al.*, 1996), dependendo da idade e local de plantio.

SIQUEIRA, A. C. M. De F. *et al.* Variação genética entre e dentro de populações de *Balfourodendron riedelianum* (Engler) Engler para a conservação *ex situ*.

TABELA 9 - Coeficientes de herdabilidade em nível de planta no sentido restrito (\hat{h}_i^2), entre médias de famílias (\hat{h}_m^2), entre plantas dentro de parcelas (\hat{h}_d^2), coeficiente de variação genética (CV_g), ambiental (CV_e) e fenotípica dentro de parcelas (CV_d), para altura e DAP em três populações de *B. riedelianum*, em dois locais.

Pop.	Parâmetros	Altura			DAP		
		4 anos	9 anos	11 anos	9 anos	11 anos	
LA ^a	\hat{h}_i^2	1	0,06	0,04	0,39	0,36	0,39
		2	0,13	0,03	0,27	0,19	0,13
		3	0,23	0,26	0,10	0,04	0,04
	\hat{h}_m^2	1	0,17	0,12	0,66	0,59	0,63
		2	0,32	0,08	0,62	0,44	0,39
		3	0,46	0,50	0,36	0,15	0,18
	\hat{h}_d^2	1	0,06	0,06	0,39	0,37	0,39
		2	0,13	0,04	0,24	0,18	0,11
		3	0,23	0,26	0,09	0,04	0,03
	CV_g (%)	1	2,2	2,6	4,0	7,0	6,6
		2	3,4	2,1	3,7	5,2	4,1
		3	4,5	7,0	2,2	2,5	2,4
	CV_e (%)	1	8,8	13,6	5,0	10,0	8,1
		2	8,7	14,1	3,9	9,2	5,6
		3	8,9	12,2	4,2	9,1	5,1
	CV_d (%)	1	15,9	20,64	11,2	20,1	18,0
		2	16,2	19,18	13,2	21,5	21,3
		3	16,1	24,00	12,6	22,1	22,4
PE ^b	\hat{h}_i^2	1	0,13	0,01	0,11	0,31	0,14
		2	0,24	0,17	0,14	0,28	0,15
		3	0,16	0,25	0,33	0,43	0,31
	\hat{h}_m^2	1	0,29	0,30	0,28	0,68	0,33
		2	0,53	0,50	0,37	0,56	0,36
		3	0,39	0,62	0,59	0,65	0,58
	\hat{h}_d^2	1	0,13	0,01	0,12	0,33	0,13
		2	0,20	0,14	0,14	0,25	0,15
		3	0,15	0,21	0,34	0,40	0,30
	CV_g (%)	1	7,1	1,7	5,1	1,0	5,5
		2	11,8	10,0	6,2	12,4	5,8
		3	8,8	12,7	9,9	15,2	9,2
	CV_e (%)	1	19,0	18,6	15,4	20,0	13,6
		2	12,5	8,7	14,7	14,2	13,6
		3	16,1	5,5	14,4	15,2	12,1
	CV_d (%)	1	33,7	27,6	25,5	30,9	26,2
		2	45,5	46,6	28,9	43,0	26,3
		3	40,1	48,4	29,5	41,4	29,1

LA: E. E. de Luiz Antonio; PE: E.E. de Pederneiras.

(a) Todas as populações analisadas com 19 progênies.

(b) Pop. 1 = 13 famílias; Pop. 2 = 17 famílias; Pop. 3 = 18 famílias.

O coeficiente de variação ambiental (CV_e) apresentou valores em LA entre 3,9 e 14,1%. Porém, aos 11 anos de idade estes valores foram baixos para altura e DAP, mantendo-se para as três populações em torno de 5%, exceção para DAP na Pop. 1, onde o CV_e foi superior, em torno de 8%. Em PE o CV_e variou de 5,5 a 20%, sendo que aos 11 anos, para ambos os caracteres, estes valores foram médios para todas as populações, ficando em torno de 13,0 a 15,0%. Comparando a magnitude do CV_g com o CV_e pode-se afirmar que o ensaio foi bem conduzido, permitindo uma razoável expressão genética com baixa variação ambiental, o que, por sua vez, reforça a observação do CV_{exp} sobre a confiabilidade nas estimativas realizadas.

O coeficiente de variação fenotípica dentro de parcelas (CV_d) em LA apresentou valores médios, variando entre 11,0 e 25,0%, sendo que aos 11 anos estes valores foram maiores para o DAP em relação à altura. Em PE o CV_d foi alto, ficando entre 25,0 e 50,0%, sendo que aos 11 anos estes valores se mantiveram na faixa dos 20,0 a 30,0%, para todas as populações, indicando uma alta variação fenotípica dentro de subparcela. Portanto, pode-se prever que existe uma razoável proporção de variância genética aditiva dentro de famílias (σ^2_A), dado que em famílias de meios-irmãos de polinização aberta, $\frac{3}{4}$ da σ^2_A encontra-se dentro de famílias. A σ^2_A é o componente responsável pela transmissão dos caracteres de geração para geração (herança), sendo que valores altos predizem sucessos na seleção.

As \hat{h}_i^2 e \hat{h}_d^2 , obtidas da análise conjunta de locais (TABELA 10), apresentaram valores baixos para os caracteres nas três populações e idades de avaliação, mostrando que o controle genético desses é fraco, sendo sua expressão muito influenciada pelo efeito da interação genótipo x ambiente. Já o coeficiente \hat{h}_m^2 apresentou valores um tanto superiores, atingindo em algumas populações e idades específicas, valores médios, mostrando, nesses casos, maior contribuição genética das famílias na expressão fenotípica dos caracteres. O CV_g , de modo geral, foi razoável (3 a 5%) para os dois caracteres, sugerindo que a variação genética nas populações da espécie é promissora para a estratégia de conservação *ex situ*. Todavia, atenta-se para o fato

de que a espécie é perene de vida longa, e que sua variação genética está sendo monitorada por caracteres quantitativos fortemente influenciados pelo ambiente. Logo, estes resultados podem se alterar com o passar dos anos, sendo assim importante a reavaliação do ensaio em fases mais avançadas, a fim de se confirmar os resultados aqui observados. Sugere-se, também, que a variação genética dessas populações seja monitorada através de marcadores genéticos, a fim de uma melhor caracterização das populações.

O CV_e apresentou valores baixos e o CV_d valores variando de médios a altos, indicando condições ótimas para a inclusão dessas populações em futuros programas de melhoramento com a espécie.

Ainda, os resultados observados para os coeficientes de herdabilidade, de variação genética e ambiental na análise individual e conjunta para locais, sugere que a estratégia de amostragem para a conservação genética *ex situ* permitiu reter níveis razoáveis de variabilidade genética dentro das populações de *B. riedelianum*.

4.5 Tamanho Efetivo Populacional

O tamanho efetivo (\hat{N}_e) de forma simplificada, refere-se ao número de plantas diferentes do ponto de vista genético que compõem uma amostra e que efetivamente participam para a formação da próxima geração (Souza Jr., 1995). Sua estimativa tanto em programas visando o melhoramento como em conservação genética de populações de uma espécie é fundamental, visto que o mesmo se refere à representatividade genética da amostra, ou seja, nos dá uma idéia do quanto a amostragem física representou a genética.

Na TABELA 11 observa-se uma grande diferença entre o tamanho físico (n) e o \hat{N}_e , das populações testadas, sendo que, em média, no ensaio de LA o \hat{N}_e representou apenas 13,8% do n e em PE, representou 15,8%. A grande diferença entre o n e \hat{N}_e deve-se ao parentesco dentro das famílias. Um \hat{N}_e de mesma magnitude poderia ser obtido, utilizando-se um menor número de plantas por subparcela mas com um maior número de famílias por população.

SIQUEIRA, A. C. M. De F. *et al.* Variação genética entre e dentro de populações de *Balfourodendron riedelianum* (Engler) Engler para a conservação *ex situ*.

TABELA 10 - Coeficiente de herdabilidade em nível de planta no sentido restrito (\hat{h}_i^2), entre médias de famílias (\hat{h}_m^2), entre plantas dentro de famílias (\hat{h}_d^2), coeficiente de variação genética (CV_g), ambiental (CV_e) e fenotípica dentro de parcelas (CV_d), para análise conjunta de locais, para altura e DAP, em populações de *B. riedelianum*.

Pop. ^a	Parâmetros	Altura			DAP	
		4 anos	9 anos	11 anos	9 anos	11 anos
Alvorada	\hat{h}_i^2	0,03	----	0,03	0,09	0,12
Gália		0,13	0,17	0,11	0,25	----
Bauru		0,08	0,11	0,14	0,06	0,08
Alvorada	\hat{h}_m^2	0,07	----	0,11	0,27	0,55
Gália		0,35	0,55	0,43	0,63	----
Bauru		0,38	0,38	0,38	0,14	0,28
Alvorada	\hat{h}_d^2	0,02	----	0,04	0,09	0,11
Gália		0,11	0,14	0,10	0,24	----
Bauru		0,08	0,09	0,13	0,05	0,07
Alvorada	CV_g (%)	2,56	----	1,82	4,24	4,09
Gália		5,89	9,84	3,36	9,77	----
Bauru		4,50	8,62	3,96	3,51	3,72
Alvorada	CV_e (%)	9,96	17,91	8,69	13,47	9,27
Gália		10,48	7,78	7,40	11,37	7,98
Bauru		11,68	9,10	6,74	10,80	5,97
Alvorada	CV_d (%)	28,03	30,87	16,27	24,16	20,88
Gália		30,40	44,88	18,73	28,28	23,01
Bauru		28,13	48,74	18,63	27,58	23,97

(a) Alvorada = 13 famílias; Gália = 17 famílias; Bauru = 18 famílias.

TABELA 11 - Tamanho amostral (n) e tamanho efetivo de populações (\hat{N}_e) de *B. riedelianum* em dois locais de experimentação.

Populações	Luiz Antonio		Pederneiras	
	n	\hat{N}_e	n	\hat{N}_e
Pop. 1 - Alvorada do Sul, PR.	456,0	65,5	339,0	60,6
Pop. 2 - Gália, SP.	487,0	65,3	367,0	60,5
Pop. 3 - Bauru, SP.	476,0	65,7	443,0	60,5
Ensaio	1.429,0	196,6	1.149,0	181,6

Comparando-se o \hat{N}_e entre populações, para os dois locais, verifica-se que todas as populações foram representadas por um mesmo número de plantas.

O \hat{N}_e das amostras sob conservação genética pode ser utilizado como um parâmetro indicativo da eficiência da conservação. A perda de alelos por deriva genética é um grande problema em trabalhos de conservação e, para minimizar tal problema, deve-se manter o \hat{N}_e em um nível que preserve a frequência alélica das amostras. Frankel & Soulé (1981) sugeriram, para trabalhos de conservação, um \hat{N}_e em torno de 50 indivíduos para que não ocorra a perda de alelos raros a curto prazo (poucas gerações), e de 500 indivíduos para a conservação a longo prazo. Assumindo-se o \hat{N}_e proposto por esses autores, observa-se que as estimativas obtidas para as populações em ambos os experimentos, foram superiores a 50, sugerindo que nesses ensaios não haverá a perda de variabilidade genética a curto prazo, mesmo considerando a grande probabilidade de que ocorra recombinação entre indivíduos aparentados dentro das famílias das populações, dado que o conjunto gênico será submetido a forte seleção natural, possivelmente favorecendo indivíduos não endogâmicos e híbridos interpopulacionais.

5 CONCLUSÕES

O crescimento médio em altura e DAP de *B. riedelianum*, em todas as populações e idades de avaliação, foi maior em Luiz Antonio comparativamente à Pederneiras, sendo que, de modo geral, a população Bauru apresentou os maiores crescimentos em Luiz Antonio e a população Gália, em Pederneiras.

A sobrevivência de plantas foi maior no ensaio de Luiz Antonio, sugerindo uma melhor adaptação da espécie às condições edafoclimáticas dessa localidade.

A análise de variância revelou diferenças significativas entre populações em Pederneiras, para os dois caracteres nas idades de avaliação. Também detectou-se diferenças significativas entre famílias dentro de populações, nos dois locais de ensaio, para os caracteres em todas as idades de avaliação.

Os componentes de variância mostraram que a variação genética se encontra distribuída de forma hierárquica decrescente, estando a maior parte da variação distribuída entre indivíduos dentro de famílias, seguida de famílias dentro de populações e em menor parte, entre populações.

A análise de variância conjunta para locais revelou interação genótipo x locais indicando que, no caso de melhoramento dessas populações, a seleção deverá ser realizada para cada local independentemente.

Os parâmetros genéticos mostraram níveis razoáveis de variabilidade genética dentro das populações, sugerindo eficiência na estratégia de conservação *ex situ* da espécie.

As estimativas do tamanho efetivo sugerem que não haverá perda de variabilidade genética a curto prazo, nas populações sob conservação.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BARBIN, D. **Componentes de variância: teorias e aplicações.** Piracicaba: FEALQ, 1998. 120p.
- CARVALHO, P.E.R. **Espécies florestais brasileiras: recomendações silviculturais, potencialidades e uso da madeira.** Colombo: CNPF; Brasília: EMBRAPA, 1994. 640p.
- CROW, J.F.; KIMURA, M. **An introduction to population genetics theory.** New York: Harper and Row, 1970. 591p.
- DIAS, L.A.S.; KAGEYAMA, P.Y. Variação genética em espécies arbóreas e conseqüências para o melhoramento florestal. **Agrotropica**, v.3, n.3, p.119-127, 1991.
- ETTORI, L. de C. *et al.* Variabilidade genética em populações de ipê-roxo - *Tabebuia heptaphylla* (Vell.) Tol. - para conservação *ex situ*. **Rev. Inst. Flor.**, v.8, n.1, p.61-70, 1996.
- FAO. **Panel of experts and forest gene resources. Ninth Session.** Roma: Food and Agriculture Organization of the United Nation, 1996. 64p.
- FRANKEL, O.H. Philosophy and strategy of genetic conservation in plants. In: **WORLD CONSULTATION ON FOREST TREE BREEDING**, 3, Canberra, 1977. **Documents.** Canberra: CSIRO, 1977. v.1, p.6-11.

SIQUEIRA, A. C. M. De F. *et al.* Variação genética entre e dentro de populações de *Balfourodendron riedelianum* (Engler) Engler para a conservação *ex situ*.

- FRANKEL, O.H.; SOULÉ, M.S. **Conservation and evolution**. Cambridge: Cambridge University Press, 1981. 327p.
- LLERAS, E. Conservação de recursos genéticos florestais. In: CONGRESSO NACIONAL SOBRE ESSÊNCIAS NATIVAS, 2, São Paulo, 1992. **Anais**. São Paulo: Unipress, 1992. pt.4, p.1179-1184.
- MORAES, M.L.T. de; KAGEYAMA, P.Y.; JACOMINO, A.P. Parâmetros genéticos em progênies de *Pinus kesiya* Royle ex Gordon, em diferentes idades na região de Servíria - MS. In: CONGRESSO FLORESTAL BRASILEIRO, 6, Campos do Jordão, 1990. **Anais**. São Paulo: SBS/SBEF, 1990. v.3, p.496-502.
- OHASHI, S.T.; KAGEYAMA, P.Y.; COSTA, L.G.S. Variação genética entre populações de *Euterpe olaracea* Mart. do estuário amazônico. In: CONGRESSO NACIONAL SOBRE ESSÊNCIAS NATIVAS, 2, São Paulo, 1992. **Anais**. São Paulo: Unipress, 1992. pt.4, p.1246-1251.
- PIRES, I.E. *et al.* Variabilidade genética em progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus citriodora* Hook, em condições de viveiro. In: CONGRESSO FLORESTAL BRASILEIRO, 6, Campos do Jordão, 1990. **Anais**. São Paulo: SBS/SBEF, 1990. v.3, p.471-473.
- SIQUEIRA, A.C.M. De F.; FIGLIOLIA, M.B. Conservação genética, produção e intercâmbio de sementes de espécies tropicais. In: SIMPÓSIO SOBRE "ESPÉCIES NÃO TRADICIONAIS PARA PLANTIOS COM FINALIDADES PRODUTIVAS E AMBIENTAIS", Curitiba, 1998. Colombo: EMBRAPA, 1998. p.7-22.
- _____; NOGUEIRA, J.C.B. Essências brasileiras e sua conservação genética no Instituto Florestal de São Paulo. In: CONGRESSO NACIONAL SOBRE ESSÊNCIAS NATIVAS, 2, São Paulo, 1992. **Anais**. São Paulo: Unipress, 1992. pt.4, p.1187-1192.
- _____; _____; KAGEYAMA, P.Y. Conservação de recursos genéticos *ex situ* de cumbaru (*Dipteryx alata*) Vog. - LEGUMINOSAE. **Rev. Inst. Flor.**, v.5, n.2, p.231-43, 1993.
- SOUZA Jr., C.L. **Manutenção de coleções de bancos de germoplasmas**. Piracicaba: Departamento de Genética, ESALQ/USP, 1995. 28p. (Publicação Didática)
- VENCOVSKY, R. Effective size of monoecious populations submitted to artificial selection. **Journal of Genetics**, v.1, n.3, p.181-191, 1978.
- _____. Tamanho efetivo populacional na coleta e preservação de germoplasmas de espécies alógamas. **IPEF**, n.35, p.79-84, 1987.
- _____; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: SBG, 1992. 486p.
- VENTURA, A.; BERENGUT, G.; VICTOR, M.A.M. Características edafo-climáticas das dependências do Serviço Florestal do Estado de São Paulo. **Silvic. S. Paulo**, v.4, p.57-140, 1965/1966.