

ESTIMATIVAS DE GANHOS NA SELEÇÃO EM POPULAÇÕES DE *Cariniana legalis* (Mart.) O. Ktze. INCORPORANDO INFORMAÇÕES DO SISTEMA DE REPRODUÇÃO*

Alexandre Magno SEBBENN**
Paulo Yoshio KAGEYAMA***
Antonio Carlos Scatena ZANATTO**

RESUMO

As estimativas de herdabilidades e ganhos esperados na seleção em populações de *Cariniana legalis* (Mart.) O. Ktze. foram comparadas para os modelos de cruzamentos aleatórios (MI), misto com parentesco na geração parental (MS: $\hat{\theta} \neq 0$) e misto sem parentesco (MS: $\hat{\theta} = 0$), objetivando o melhoramento e a conservação genética *ex situ*. O ensaio foi instalado em dois locais do Estado de São Paulo, no delineamento de blocos de famílias compactas, a partir de 55 progênies procedentes de três populações naturais. Foram mensurados quatro caracteres quantitativos, forma do fuste, DAP, altura total e volume cilíndrico, aos 17 anos de experimentação, e avaliados por isoenzimas aproximadamente 1/3 dos indivíduos ensaiados. Determinou-se que *C. legalis* é de sistema misto, com predominância de cruzamentos (t_m variando de 0,910 a 1,0), ocorrendo também cruzamentos entre aparentados e biparentais, resultando em progênies compostas por misturas de meios-irmãos, irmãos-completos e irmãos de autofecundação. Foram detectadas variâncias genéticas significativas entre progênies/populações para todos os caracteres. As estimativas de herdabilidades e os ganhos esperados na seleção apresentaram-se superestimados no modelo aleatório, em comparação ao modelo misto com e sem parentesco. A superestimativa dos ganhos foi de 17% em relação ao modelo cruzamentos misto com parentesco e 20% em relação ao modelo misto sem parentesco. Isto mostra a importância de incorporar informações do sistema de reprodução nas estimativas de parâmetros genéticos por caracteres quantitativos em espécies de reprodução mista.

Palavras-chave: *Cariniana legalis*; teste de progênies e populações; eletroforese de isoenzimas; sistema de reprodução; parâmetros genéticos; melhoramento florestal.

ABSTRACT

Estimations of heritabilities and genetic gains from random outcrossing model (MI), mixed with kinship model (MS: $\hat{\theta} \neq 0$) and mixed without kinship model (MS: $\hat{\theta} = 0$) were compared in populations of *Cariniana legalis* (Mart.) O. Ktze., aiming the improvement and *ex situ* conservation genetics. The trial was implanted in two localities of São Paulo State, at compact family block design, with 55 families from three natural populations. They were measured four quantitative traits, stem shape, DBH, height, and cylindrical volume, at 17 years of experimentation and evaluated by isozymes, approximately 1/3 of all individuals assayed. *C. legalis* is preferentially cross pollinated (t_m varying at 0.910 to 1.0), but it practices some preferential and biparental outcrossing. Thus, the families are mixed of half-sib, full-sib and selfing. It was detected significant genetic variation among progeny within population. The heritabilities and genetic gain estimated from random model showed overestimation. Genetic gain estimation were overestimated in approximately 17% when random mating model was utilized in relation to mixed mating with kinship model and 20% in relation to mixed mating without kinship model. This showed the importance of mating system information in the estimation of quantitative genetic parameters from mixed mating system species.

Key words: *Cariniana legalis*; progenies and population trials; isozymes electrophoresis; mating system; genetic parameters; genetic forest improvement.

(*) Aceito para a publicação em junho de 2002.

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

(***) ESALQ/USP, Departamento de Ciências Florestais, Av. Pádua Dias, 15, 13418-900, Piracicaba, SP, Brasil.

1 INTRODUÇÃO

A utilização de progênies de polinização aberta tem sido muito difundida em programas de melhoramento genético florestal devido à facilidade, baixo custo e rapidez de obtenção. Em tal situação, assume-se que os cruzamentos são aleatórios e os coeficientes de herdabilidade podem ser estimados admitindo que covariância genética entre plantas dentro de progênies ($COV_g = 2\theta_{xy}\sigma_A^2$) estima $\frac{1}{4}$ da variância genética aditiva. Isto é verdade apenas quando os genitores não forem aparentados e endogâmicos, não ocorrer autofecundação e todas as plantas de uma progênie forem geradas por pólen de diferentes pais, sendo sua relação de parentesco de meios-irmãos ($\theta_{xy} = 0,125$). Essas pressuposições dificilmente são satisfeitas na natureza e a covariância genética real entre progênies deve ser maior que $\frac{1}{4}$ (Namkoong, 1966; Squillace, 1974). Os desvios dos cruzamentos aleatórios são causados por misturas de cruzamentos e autofecundação (sistema misto), cruzamentos biparentais, entre aparentados, populações estruturadas em famílias e endogamia na geração parental.

Vários trabalhos derivaram expressões para a estimativa da variância genética e covariância entre parentes em espécies de sistemas mistos de reprodução, podendo-se citar Ghai (1982), Cockerham & Weir (1984) e Ritland (1989). Em espécies arbóreas, o modelo de Cockerham & Weir (1984) tem sido utilizado para estimar o coeficiente de correlação genética aditiva entre indivíduos dentro progênies (r_{xy}) associado à variância genética aditiva (Resende *et al.*, 1995a; Costa *et al.*, 2000). Esse modelo estima a correlação genética aditiva ($r_{xy} = 2\theta_{xy}$), assumindo que a reprodução só ocorre por cruzamentos aleatórios e autofecundações e as progênies constituem misturas de meios-irmãos e irmãos de autofecundação. Como em espécies arbóreas os cruzamentos biparentais são comuns (Bessegga *et al.*, 2000; Millar *et al.*, 2000; Sebbenn *et al.*, 1998, 2000a, b; Seoane *et al.*, 2001), especialmente nas polinizadas por animais, este modelo nem sempre é suficiente. O modelo de Ritland (1989)

estima o coeficiente de correlação genética aditiva

$$\{r_{xy} = \frac{1}{4}(1 + f_p)[4s + (t_m^2 + s t_m^2 r_s)(1 + r_p)]\}$$

assumindo tanto a possibilidade de cruzamentos aleatórios e autofecundações como de cruzamentos biparentais e as progênies podem constituir misturas de meios-irmãos, irmãos-completos e irmãos de autofecundações. Entretanto, para se utilizar esse modelo é necessário estimar os parâmetros do sistema de reprodução a partir de marcadores genéticos codominantes.

Os objetivos deste estudo são comparar as estimativas dos coeficientes de herdabilidade e de ganhos na seleção em populações de *Cariniana legalis* (jequitibá-rosa), assumindo progênies de cruzamentos aleatórios (meios-irmãos: MI), cruzamentos mistos com parentesco na geração parental (MS: $\hat{\theta} \neq 0$) e cruzamentos mistos sem parentesco (MS: $\hat{\theta} = 0$). A espécie possui flores hermafroditas, e não há relatos de autoincompatibilidade, portanto, as sementes podem ser produzidas tanto por cruzamentos como por autofecundações.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Experimentação, Amostragem e Eletroforese de Isoenzimas

O ensaio foi implantado em 1982 na Estação Experimental de Luiz Antonio (EELA) e na Estação Experimental de Pederneiras (EEPE) com progênies de *C. legalis* coletadas em três populações naturais do Estado de São Paulo (TABELA 1). O delineamento experimental adotado foi o de blocos de famílias compactas, com 6 repetições e subparcelas lineares com 5 plantas. O ensaio foi rodeado por uma bordadura de duas linhas da mesma espécie e o espaçamento entre plantas foi o de 3,0 x 2,0 metros. Devido ao pequeno número de mudas produzidas em 5 progênies da população Vassununga, em Pederneiras, esta população foi representada por 22 progênies e em Luiz Antonio por 17. Em Luiz Antonio foi também realizada uma desrama, na idade de 8 anos (1990).

SEBBENN, A. M.; KAGEYAMA, P. Y.; ZANATTO, A. C. S. Estimativas de ganhos na seleção em populações de *Cariniana legalis* (Mart.) O. Ktze. incorporando informações do sistema de reprodução.

TABELA 1 - Características das populações e dos locais de condução dos experimentos, com suas respectivas progênes.

	Número de progênes		Lat. S.	Long. W.	Alt. (m)	Área (ha)	Clima
	EELA	EEPE					
Pop. Campinas	17	17	22°55'	47°03'	681	10	Cwa
Pop. Ibicatu	16	16	22°47'	47°49'	500	76	Cwa
Pop. Vassununga	17	22	21°41'	47°39'	610	191	Cwa
Luiz Antonio	50*	-	21°40'	47°49'	550	1,1	Cwa
Pederneiras	-	55*	22°22'	48°44'	500	1,2	Cwa

Fonte: Ventura *et al.* (1965/1966).

(*) Total de progênes em cada um dos locais de experimentação.

Lat. = latitude; Long. = longitude; Alt. = altitude.

Os ensaios foram avaliados aos 17 anos de idade (1999) para quatro caracteres quantitativos e quatorze locos isoenzimáticos. Os caracteres avaliados foram: forma do fuste (FF), diâmetro à altura do peito (DAP - 1,3 m), altura total (ALT) e volume cilíndrico (VC). Os dados de FF foram obtidos por critérios subjetivos de notas, atribuindo-se: Nota 1 para tronco com defeito muito grave, bifurcado e muito tortuoso; Nota 2 para tronco com defeito grave, bifurcado e com tortuosidade acima da média; Nota 3 para tronco com defeito bastante visível, sem bifurcação e com tortuosidade média; Nota 4 para tronco com defeito pouco visível, sem bifurcação e com tortuosidade abaixo da média, e Nota 5 para tronco sem defeito, bifurcação e tendendo a retidão ou reto. A caracterização isoenzimática foi realizada com amostras de tecidos foliares de 1.232 árvores (39,1% do total de plantas ensaiadas), amostradas em ambos os ensaios, procurando-se caracterizar, em média 20 plantas por progênie. A eletroforese foi a horizontal, conduzida em gel de 2/3 de amido de milho (penetrose 30) a 13% combinado com 1/3 de amido de batata (Sigma). As isoenzimas reveladas foram: Fosfatase ácida (ACP-E.C. 3.1.3.2), Alfa-Esterase (α -EST-E.C. 3.1.1.1), 6-Fosfogluconato desidrogenase (PGDH-E.C. 1.1.1.44), Fosfogluco isomerase (PGI-E.C. 5.3.1.9), Isocitrato desidrogenase (IDH-E.C. 1.1.1.42), Malato desidrogenase (MDH-E.C. 1.1.1.37),

Peroxidase (PO-E.C. 1.11.1.7), Xiquimato desidrogenase (SKDH-E.C. 1.1.1.25) e Glucose-6-fosfato desidrogenase (G6PDH-E.C. 1.1.1.49). A técnica de eletroforese e coloração das isoenzimas seguiu Alfenas (1998).

2.2 Análise Estatística

O sistema de reprodução das populações de *C. legalis* foi analisado pelo modelo de cruzamento misto de Ritland & Jain (1981), com o auxílio do programa "Multilocus MLTR" de Ritland (1994)*. Foram estimadas a taxa de cruzamento multilocos (\hat{t}_m), a taxa de cruzamento unilocos (\hat{t}_s), a taxa de cruzamento entre aparentados ($\hat{t}_m - \hat{t}_s$), as freqüências alélicas dos óvulos e do pólen (o e p), a correlação de paternidade (\hat{r}_p) e a correlação de cruzamentos (\hat{r}_s). As freqüências alélicas dos óvulos foram assumidas como representativas das freqüências alélicas das populações naturais de origem do material. Com isso, foi possível calcular o coeficiente de parentesco ($\hat{\theta}$) entre as árvores matrizes que deram origem às sementes, pela divergência genética entre populações, \hat{F}_{ST} , com base em Nei (1977).

(*) RITLAND, K. Multilocus mating system program MLTR: version 1.1. Canada: University of Toronto, 1994. (Não publicado).

SEBBENN, A. M.; KAGEYAMA, P. Y.; ZANATTO, A. C. S. Estimativas de ganhos na seleção em populações de *Cariniana legalis* (Mart.) O. Ktze. incorporando informações do sistema de reprodução.

A análise da variância individual para os locais foi realizada conforme o modelo estatístico:

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

em que: Y_{ijk} = média da progênie k , na população i , no bloco j ; m = média geral do caráter nas populações; t_i = efeito aleatório da população i ($i = 1, 2, \dots, I$); b_j = efeito aleatório do bloco j ($j = 1, 2, \dots, J$); $(tb)_{ij}$ = erro experimental em nível de parcelas; $t'_{k(i)}$ = efeito aleatório da progênie k ($k = 1, 2, \dots, K$), dentro da população i ($i = 1, 2, \dots, I$), e e_{ijk} = efeito do erro em nível de subparcela.

A análise de variância conjunta para locais foi realizada considerando-se apenas as progênies comuns aos dois locais de ensaio (50 progênies). O modelo estatístico utilizado, considerando-se locais como efeito fixo e populações e progênies como efeito aleatório, foi:

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

em que: Y_{ijkl} = valor da progênie k , no bloco j , na população i , no local l ; m = média geral do caráter nas populações; t_i = efeito aleatório da população i ($i = 1, 2, \dots, I$); l_l = efeito fixo de locais l ($l = 1, 2, \dots, L$); b_{jl} = efeito aleatório do bloco j ($j = 1, 2, \dots, J$), dentro do local l ; $(tl)_{il}$ = efeito da interação da população i no local l ; $(tb)_{ij(l)}$ = erro experimental em nível de parcelas; $t'_{k(i)}$ = efeito aleatório da progênie k ($k = 1, 2, \dots, K_i$), dentro da população i ; $(t'l)_{kl(i)}$ = efeito da interação de progênies/população por locais, e e_{ijkl} = efeito do erro em nível de subparcela. A variância fenotípica dentro das subparcelas ($\hat{\sigma}_d^2$) foi obtida pela média ponderada dos quadrados médios dentro das subparcelas. A decomposição da interação em partes simples e complexa foi obtida de acordo com Cruz & Regazzi (1997). Para a análise da variância do caráter FF, as notas foram transformadas em nível de plantas para $\sqrt{x_i + 0,5}$ (Steel & Torrie, 1980), sendo x a nota dada à árvore i .

A variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) foi estimada para três modelos: a) modelo aleatório (MI); b) modelo misto com parentesco na geração parental (MS: $\hat{\theta} \neq 0$), e c) modelo misto sem parentesco (MS: $\hat{\theta} = 0$), sendo $\hat{\theta}$ o coeficiente de parentesco da geração parental. O modelo a pressupõe que as progênies são meios-irmãos e a variância genética aditiva é estimada por:

$\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_p^2$ (Namkoong, 1966), em que $\hat{\sigma}_p^2$ é a variância genética entre progênies. Os modelos b e c admitem que as progênies foram geradas por misturas de cruzamentos aleatórios, cruzamentos biparentais e autofecundações, sendo as progênies misturas de meios-irmãos (MI), irmãos-completos (IC) e irmãos de autofecundação (IA). Para os modelos b e c também admitiu-se que a taxa de autofecundação foi constante em todos os cruzamentos individuais. A $\hat{\sigma}_A^2$ foi estimada para os modelos mistos (b e c), por:

$$\text{Modelo } b: \hat{\sigma}_A^2 = \hat{\sigma}_p^2 / (\hat{r}_{xy} - \hat{r}_{pp}) \text{ (Squillace, 1974)}$$

$$\text{Modelo } c: \hat{\sigma}_A^2 = \hat{\sigma}_p^2 / \hat{r}_{xy} \text{ (Ritland, 1989)}$$

sendo,

$$\hat{r}_{xy} = \frac{1}{4} (1 + \hat{f}_p) [4 \hat{s} + (\hat{t}_m^2 + \hat{s} \hat{t}_m \hat{r}_s) (1 + \hat{r}_p)]$$

(Ritland, 1989)

em que: \hat{r}_{xy} = é o coeficiente de correlação genética aditiva entre plantas dentro de progênies; \hat{r}_{pp} é o coeficiente de correlação genética aditiva entre os parentais, estimado por $\hat{r}_{pp} = 2\hat{F}_{ST}$; \hat{F}_{ST} é o coeficiente de parentesco entre os genitores; \hat{f}_p é o coeficiente de endogamia da geração parental; \hat{s} é a taxa de autofecundação; \hat{t}_m é a taxa de cruzamento multilocus; \hat{r}_s é a correlação de autofecundação, e \hat{r}_p é a correlação de paternidade.

Os coeficientes de herdabilidade entre progênies (\hat{h}_f^2), individual dentro de progênies (\hat{h}_d^2), individual nos blocos (\hat{h}_b^2) e entre subparcelas (\hat{h}_p^2) foram estimados de acordo com Resende & Higa (1994). As correlações genéticas, ambientais e fenotípicas foram obtidas de acordo com Falconer (1987) e o tamanho efetivo populacional de acordo com Vencovsky (1978): $\hat{N}_e = 4m\bar{n} / [3 + \bar{n} + (\hat{\sigma}_n^2 / \bar{n})]$, em que, m é o número de progênies selecionadas e \bar{n} e $\hat{\sigma}_n^2$ são a média e a variância no número de plantas selecionadas por progênie, respectivamente.

SEBBENN, A. M.; KAGEYAMA, P. Y.; ZANATTO, A. C. S. Estimativas de ganhos na seleção em populações de *Cariniana legalis* (Mart.) O. Ktze. incorporando informações do sistema de reprodução.

Os ganhos preditos na seleção, para o caráter DAP, foram estimados pelo índice de seleção multi-efeito, I (Resende & Higa, 1994):

$$I = \hat{h}_d^2 (Y_{jkz} - \bar{Y}_{jk}) + \hat{h}_f^2 (\bar{Y}_{.k} - \bar{Y}_{...}) + \hat{h}_p^2 (\bar{Y}_{jk} - \bar{Y}_{.k} - \bar{Y}_{j..} + \bar{Y}_{...}) + \hat{h}_b^2 (\bar{Y}_{j..} - \bar{Y}_{...})$$

em que: Y_{jkz} = valor fenotípico do indivíduo z , na progênie k , no bloco j ; $\bar{Y}_{...}$ = efeito da média geral do caráter; $\bar{Y}_{.k}$ = média da progênie k no ensaio; $\bar{Y}_{j..}$ = média do bloco j no ensaio, e $\bar{Y}_{jk..}$ = média da progênie k no bloco j . Os ganhos genéticos referem-se à média dos valores genéticos dos indivíduos selecionados para o índice. O intervalo de confiança do ganho genético e a estimativa da acurácia foram obtidos segundo Resende *et al.* (1995b).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A taxa de cruzamento multilocos (\hat{t}_m) foi alta para as populações e conjunto das populações ($> 0,90$), mostrando que a espécie se reproduz por cruzamento misto com predominância de alogamia (TABELA 2). A taxa de cruzamento unilocos (\hat{t}_s) foi menor que \hat{t}_m em todas as populações (mínimo 0,83), indicando a presença de cruzamentos entre aparentados ($\hat{t}_m - \hat{t}_s$) nas populações (mínimo 0,059). O parentesco médio estimado dentro das populações foi baixo ($\hat{\theta} = 2,3\%$) e o coeficiente de endogamia foi nulo, logo, nas populações existe parentesco ($\hat{\theta} \neq 0$) mas não endogamia ($\hat{f}_o = 0$).

A correlação da estimativa de t (\hat{r}_s) foi baixa (máximo 0,101), revelando que os indivíduos de autofecundação estão aleatoriamente distribuídos nas progênies e não existe a tendência de algumas progênies se reproduzirem mais por autofecundações do que outras. A correlação da estimativa de p (\hat{r}_p) ou a probabilidade de se encontrar indivíduos irmãos-completos dentro

das progênies foi alta (mínimo 0,212), mostrando que ocorreram cruzamentos biparentais e que as progênies são em parte irmãos-completos. Determinou-se que a maior parte das progênies era de meios-irmãos (mínimo 66,9%) e irmãos-completos (mínimo 19,1%) e a menor de irmãos de autofecundações (máximo 9,9%). Em concordância, a estimativa do coeficiente de parentesco entre plantas dentro de progênies ($\hat{\theta}_F$) foi maior que a esperada em progênies de meios-irmãos (0,125). Os cruzamentos entre aparentados e biparentais, combinados com o parentesco detectado entre matrizes violam as pressuposições de cruzamentos aleatórios e ausência de parentesco na geração parental, assumidos em teste de progênies de polinização aberta.

Em progênies de meios-irmãos retiradas de populações em Equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW), a covariância genética entre indivíduos dentro de progênies ($COV_p = \sigma_p^2$) estima $1/4$ da variância genética aditiva (σ_A^2). Se ocorrerem autofecundações e cruzamentos biparentais a covariância dentro de progênies redistribui os efeitos aditivos entre e dentro de progênies e incorpora outros efeitos, como a variância genética de dominância (σ_D^2), covariância dos efeitos aditivos e de dominância dos homozigotos (D_1), variância genética dos efeitos de dominância dos homozigotos (D_2) e efeitos da depressão por endogamia elevada ao quadrado (\tilde{H}). Mesmo que as espécies sejam perfeitamente alogamas ($\hat{t}_m = 1,0$), mas ocorram cruzamentos biparentais, a covariância genética entre progênies já redistribui σ_A^2 entre e dentro de progênies e estima parte dos efeitos aditivos e parte dos efeitos de dominância. A redistribuição da σ_A^2 entre e dentro de progênies e a incorporação da σ_D^2 levam às superestimativas na σ_A^2 , coeficientes de herdabilidade e ganhos esperados na seleção, quando estimadas como progênies de meios-irmãos.

TABELA 2 - Estimativas dos parâmetros do sistema de reprodução e parentesco em populações de *C. legalis*.

	Populações			
	Campinas	Ibicatu	Vassununga	Conjunta
\hat{t}_s	0,899	0,916	0,830	0,941
\hat{t}_m	0,990	0,976	0,901	0,995
$\hat{t}_m - \hat{t}_s$	0,091	0,059	0,070	0,053
\hat{r}_s	0,101	0,093	0,076	0,101
\hat{r}_p	0,324	0,295	0,212	0,347
$\hat{P}_{MI} = \hat{t}_m (1 - \hat{r}_p)$	0,669	0,688	0,710	0,650
$\hat{P}_{IC} = \hat{r}_p \hat{t}_m$	0,321	0,288	0,191	0,345
$\hat{P}_{IS} = \hat{s}$	0,001	0,024	0,099	0,005
$\hat{\theta} = \hat{F}_{ST}$	0,023	0,023	0,023	0,023
\hat{f}_o	0	0	0	0
\hat{r}_{xy}	0,335	0,333	0,347	0,339
$\hat{\theta}_F$	0,131	0,148	0,155	0,139

Nota: \hat{t}_s = taxa de cruzamento unilocos; \hat{t}_m = taxa de cruzamento multilocos; $\hat{t}_m - \hat{t}_s$ = taxa de cruzamento entre aparentados; \hat{r}_s = correlação de autofecundação; \hat{r}_p = correlação de paternidade; \hat{P}_{MI} = proporção de meios-irmãos; \hat{P}_{IC} = proporção de irmãos-completos; \hat{P}_{IS} = proporção de irmãos de autofecundação; $\hat{\theta}$ = parentesco na geração parental; \hat{f}_o = coeficiente de endogamia na geração parental; \hat{r}_{xy} = coeficiente de correlação genética aditiva; $\hat{\theta}_F$ = parentesco dentro das progênies.

O teste F da análise de variância individual e conjunta para locais não revelou diferenças genéticas significativas entre populações para os quatro caracteres avaliados, com exceção da forma do fuste (FF) na EEPE (TABELA 3). Um estudo preliminar da distribuição da variação genética entre e dentro das populações determinou, para a média dos locais, que no máximo 13% da variação genética do

caráter volume cilíndrico encontravam-se entre as populações (Sebbenn *et al.*, 2001). Para o DAP e a altura os autores não observaram valores superiores a 1%. A ausência de variação genética e as baixas divergências genéticas detectadas entre populações para os caracteres quantitativos permitem tratar as populações como uma só e selecionar com base na variação genética entre progênies das três populações.

SEBBENN, A. M.; KAGEYAMA, P. Y.; ZANATTO, A. C. S. Estimativas de ganhos na seleção em populações de *Cariniana legalis* (Mart.) O. Ktze. incorporando informações do sistema de reprodução.

TABELA 3 - Significância do teste F para os quadrados médios (QM) da análise de variância individual e conjunta para locais e decomposição da interação genótipo ambiente em parte simples (S) e complexa (C), em três populações de *C. legalis*.

Fonte de variação	GL	QM			
		FF	DAP (cm)	ALT (m)	VC (m ³)
EELA-Luiz Antonio ¹					
Populações (Pop.)	2	0,0829	38,8504	21,8880	0,0415
Progênes/Pop.	47	0,0554**	11,7726**	5,9904**	0,0186**
Resíduo	235	0,0284	5,6807	3,0448	0,0105
Média LA		1,92 ± 0,31	13,49 ± 5,00	12,26 ± 3,42	0,230 ± 0,215
EEPE-Pederneiras ¹					
Populações (Pop.)	2	0,6470*	55,6853	9,9185	0,0360
Progênes/Pop.	52	0,0608**	8,4449**	2,9173**	0,0057**
Resíduo	260	0,0277	3,8094	1,3193	0,0028
Média PE		1,83 ± 0,29	13,11 ± 4,29	10,79 ± 2,47	0,182 ± 0,106
Análise conjunta ^a					
Locais (L)	1	0,3216**	5,2316**	77,5390**	0,0677**
Populações (P)	2	0,0292	4,4005	1,0262	0,0035
Prog./Pop. (F/P)	47	0,0679*	14,2722**	5,2839*	0,0149**
L x F/P	47	0,0453**	5,9881	3,1505*	0,0093*
Resíduo	470	0,0246	4,7971	2,1690	0,0067
S	50	3,7%	98,6%	91,4%	1,0%
C	50	96,3%	1,4%	8,6%	99,0%

FF = forma do fuste; DAP = diâmetro à altura do peito; ALT = altura; VC = volume cilíndrico.

(1) Locais de experimentação.

(a) Utilizaram-se apenas os tratamentos que eram comuns aos dois ensaios.

(*) $P \leq 0,05$.

(**) $P \leq 0,01$.

Para progênes/populações foram detectadas diferenças genéticas significativas pelo teste F (1%), em todos os caracteres, mostrando a possibilidade de progressos genéticos com a seleção entre progênes. Contudo, foram observadas interações do tipo progênes/populações x locais para FF (1%), ALT (5%) e VC (5%). Para o FF e o VC as interações foram do tipo complexa e para ALT do tipo simples. A interação genótipo x ambiente, do tipo complexa, refere-se ao comportamento diferencial dos genótipos em relação aos ambientes e, portanto, a interação detectada pode trazer dificuldades na seleção de progênes para os caracteres FF e VC.

O crescimento médio dos caracteres foi maior na EEPE, demonstrando que este local apresenta características edafoclimáticas mais favoráveis

à adaptação, desenvolvimento e aptidão para o reflorestamento com *C. legalis*. A melhor performance das populações de *C. legalis* na EELA pode ser atribuída à melhor qualidade do solo (Latosolo Roxo), relativamente ao solo da EEPE (Latosolo Amarelo) e a desrama realizada na EELA aos oito anos de experimentação.

As estimativas das herdabilidades obtidas para os diferentes modelos e métodos de seleção, variaram entre e dentro de locais e entre caracteres (TABELA 4). Pederneiras, de modo geral, apresentou as maiores estimativas, sugerindo a possibilidade de maiores ganhos com a seleção. A herdabilidade em nível de média de progênes (\hat{h}_f^2) foi maior que as demais herdabilidades para todos os caracteres, evidenciando que a seleção entre progênes pode trazer os maiores progressos em relação aos outros níveis de seleção.

TABELA 4 - Coeficiente de herdabilidade no sentido restrito dentro de progênes (\hat{h}_d^2), entre progênes (\hat{h}_f^2), entre subparcelas (\hat{h}_p^2) e individual dentro de blocos (\hat{h}_b^2), assumindo progênes de meios-irmãos (MI), progênes de reprodução mista com parentesco na geração parental (MS; $\hat{\theta} \neq 0$) e sem parentesco (MS; $\hat{\theta} = 0$).

	Progênes	FF		DAP		ALT		VC	
		EELA	EEPE	EELA	EEPE	EELA	EEPE	EELA	EEPE
\hat{h}_d^2	MI	0,0389	0,2492	0,0764	0,1969	0,1892	0,2522	0,0486	0,0158
	MS; $\hat{\theta} \neq 0$	0,0309	0,1998	0,0605	0,1579	0,1499	0,2022	0,0385	0,0127
	MS; $\hat{\theta} = 0$	0,0288	0,1861	0,0564	0,1470	0,1397	0,1883	0,0359	0,0118
\hat{h}_f^2	MI	0,1496	0,5481	0,3245	0,5457	0,5496	0,5411	0,2184	0,0736
	MS; $\hat{\theta} \neq 0$	0,1450	0,5298	0,3145	0,5274	0,5328	0,5231	0,2118	0,0711
	MS; $\hat{\theta} = 0$	0,1438	0,5247	0,3120	0,5224	0,5284	0,5180	0,2100	0,0704
\hat{h}_p^2	MI	0,0358	0,2500	0,0614	0,1674	0,1618	0,2608	0,0398	0,0129
	MS; $\hat{\theta} \neq 0$	0,0259	0,1840	0,0444	0,1232	0,1170	0,1919	0,0288	0,0095
	MS; $\hat{\theta} = 0$	0,0233	0,1656	0,0400	0,1109	0,1054	0,1728	0,0259	0,0085
\hat{h}_b^2	MI	0,0193	0,1331	0,0511	0,1320	0,1205	0,1299	0,0304	0,0100
	MS; $\hat{\theta} \neq 0$	0,0138	0,0980	0,0364	0,0971	0,0858	0,0956	0,0216	0,0073
	MS; $\hat{\theta} = 0$	0,0126	0,0882	0,0333	0,0874	0,0785	0,0860	0,0198	0,0066

EELA = Estação Experimental de Luiz Antonio; EEPE = Estação Experimental de Pederneiras. FF = forma do fuste; DAP = diâmetro à altura do peito; ALT = altura; VC = volume cilíndrico.

Apesar das estimativas das herdabilidades para o modelo aleatório (MI) não serem altas, estavam superestimadas. As herdabilidades decresceram do modelo aleatório (MI), para o modelo de cruzamentos mistos com parentesco (MS; $\hat{\theta} \neq 0$) e sem parentesco (MS; $\hat{\theta} = 0$). As maiores superestimativas foram apresentadas para as herdabilidades dentro de progênes (\hat{h}_d^2), em nível de subparcelas (\hat{h}_p^2) e individual dentro de blocos (\hat{h}_b^2). Em relação ao modelo misto com parentesco (MS; $\hat{\theta} \neq 0$), a superestimativa foi de aproximadamente 26% e em relação ao modelo misto sem parentesco (MS; $\hat{\theta} = 0$) de 33%. A herdabilidade em nível de média de progênes (\hat{h}_f^2)

praticamente não foi afetada pela correção efetuada pelos parâmetros do sistema de reprodução e parentesco entre matrizes. A superestimativa de \hat{h}_f^2 não foi superior a 5%. Comportamento semelhante foi observado por Costa *et al.* (2000), comparando as estimativas de herdabilidade para produção de borracha em *Hevea brasiliensis*, pelo modelo aleatório com o modelo misto completo (assumindo efeitos aditivos e de dominância na variância genética entre progênes) e o modelo misto aditivo (assumindo apenas efeitos aditivos). Os autores observaram superestimativas de até 18,7% entre os modelos aleatório e o misto aditivo. O modelo misto usado por Costa *et al.* (2000) é o modelo de Cockerham & Weir (1984), o qual admite que progênes de reprodução mista são compostas por

SEBBENN, A. M.; KAGEYAMA, P. Y.; ZANATTO, A. C. S. Estimativas de ganhos na seleção em populações de *Cariniana legalis* (Mart.) O. Ktze. incorporando informações do sistema de reprodução.

misturas de meios-irmãos e irmãos de autofecundação, excluindo as progênies de irmãos-completos e corrigindo os coeficientes dos componentes quadráticos apenas para a taxa de autofecundação. No caso da *C. legalis*, este modelo não teria efeito. A taxa de cruzamento estimada para o conjunto das populações foi praticamente 1,0 (TABELA 2), logo, as estimativas seriam próximas às obtidas para o modelo aleatório. O modelo misto de Ritland (1989), utilizado para a *C. legalis*, é mais completo e admite como sistema misto não só a presença de autofecundações, mas também a de cruzamentos biparentais, podendo as progênies constituírem misturas de meios-irmãos, irmãos-completos e irmãos de autofecundação. Verifica-se, assim, que não basta a taxa de cruzamento ser 1,0 para as estimativas das herdabilidades estarem corretas. É importante, também, conhecer a proporção de cada tipo de progênie. Estudos preliminares do sistema de reprodução, via marcadores genéticos codominantes (isoenzimas, RFLP e SSR), podem fornecer parâmetros adequados para a estimativa correta da variância genética aditiva, herdabilidades e ganhos na seleção, em espécies de sistema misto.

As correlações genéticas entre os caracteres foram positivas e, na maioria das situações, altas, em ambos os locais de ensaio,

evidenciando a possibilidade de ganhos indiretos em um caráter com a seleção em outro (TABELA 5). As maiores correlações genéticas foram observadas entre os caracteres DAP, ALT e VC, e as menores para o FF, prevendo que a seleção em um caráter de crescimento leva simultaneamente a ganhos indiretos no outro. O FF, de modo geral, apresentou as menores correlações genéticas com os caracteres de crescimento, porém, seus valores foram positivos (mínimo 0,37) e significativos, indicando também a possibilidade de ganhos indiretos a partir da seleção em outros caracteres. As correlações ambientais foram altas e significativas entre os caracteres para a maioria das estimativas, mostrando que melhores características ambientais beneficiam o desempenho dos caracteres. As correlações fenotípicas comportaram-se semelhantes às correlações ambientais, revelando que os caracteres são muito influenciados pelos efeitos ambientais e que a seleção somente com base em observações fenotípicas pode redundar em menor eficiência seletiva.

Como o DAP está altamente correlacionado com os demais caracteres, e este é de fácil mensuração, e ainda, pelo fato de que a madeira da *C. legalis* é principalmente indicada às serrarias (Carvalho, 1994), este caráter foi escolhido como objeto da seleção.

TABELA 5 - Correlações genéticas (\hat{r}_g), ambientais (\hat{r}_e) e fenotípicas (\hat{r}_f) entre caracteres, em *C. legalis* na E.E. de Luiz Antonio (EELA) e E.E. de Pederneiras (EEPE).

	EELA			EEPE		
	\hat{r}_g	\hat{r}_e	\hat{r}_f	\hat{r}_g	\hat{r}_e	\hat{r}_f
FF x DAP	0,54**	0,60**	0,60**	0,69**	0,07*	0,12**
FF x ALT	0,84**	0,74**	0,74**	0,58**	0,14**	0,18**
FF x VC	0,37**	0,51**	0,51**	0,72**	0,05	0,10**
DAP x ALT	0,75**	0,85**	0,85**	0,77**	0,79**	0,79**
DAP x VC	0,96**	0,93**	0,93**	1,00**	0,93**	0,94**
ALT x VC	0,64**	0,80**	0,80**	0,85**	0,78**	0,78**

(*) $P \leq 0,05$.

(**) $P \leq 0,01$.

Os ganhos preditos na seleção (\hat{G}_S) foram altos, mas variaram entre os modelos e os locais (TABELA 6). Pederneiras apresentou os maiores ganhos (mínimo 8,5%), as maiores acurácias seletivas (\hat{r}_A) e os menores intervalos de confiança dos ganhos. Os ganhos preditos foram praticamente o dobro na EEPE, comparativamente aos observados na EELA. Os maiores ganhos na EEPE foram causados pelo maior número de progênies ensaiadas (55) e maior variação genética, como detectado pelas estimativas de herdabilidade para o caráter DAP (TABELA 4). As acurácias

foram médias, $0,3 \geq \hat{r}_A \leq 0,7$ (Resende, 1997) sugerindo razoável predição nos valores genéticos dos indivíduos e progressos genéticos com a seleção.

A intensidade de seleção aplicada foi baixa porque o principal objetivo do ensaio era a conservação genética *ex situ*. Por isso, foram mantidas na seleção 82% das progênies ensaiadas na EELA e 85% na EEPE. A seleção dentro de progênies foi mais intensa, mantendo-se no máximo três plantas de uma mesma progênie, em diferentes blocos, a fim de minimizar a probabilidade de cruzamentos entre parentes.

TABELA 6 - Progressos genéticos esperados na seleção (\hat{G}_S) e acurácia seletiva (\hat{r}_A) para o caráter DAP, em diferentes estruturas de progênies e tamanho efetivo (\hat{N}_e) da população selecionada, em *C. legalis*, em dois locais de ensaio.

	EELA			EEPE		
	\hat{G}_S (%)	\hat{r}_A	\hat{N}_e	\hat{G}_S (%)	\hat{r}_A	\hat{N}_e
MI	6,0 (3,5 a 8,4)	0,3628	73,8	11,0 (8,1 a 13,9)	0,5157	84,9
MS; $\hat{\theta} \neq 0$	4,9 (2,8 a 7,0)	0,3690	---	9,0 (6,5 a 11,5)	0,5043	---
MS; $\hat{\theta} = 0$	4,6 (2,5 a 6,8)	0,3659	---	8,5 (5,9 a 11,1)	0,5047	---

(): Intervalo de confiança da estimativa do ganho, a 95% de probabilidade.

EELA = Estação Experimental de Luiz Antonio: seleção de 108 árvores em 41 progênies.

EEPE = Estação Experimental de Pederneiras: seleção de 123 árvores em 47 progênies.

MS; $\hat{\theta} \neq 0$: modelo de reprodução mista com parentesco na geração parental.

MS; $\hat{\theta} = 0$: modelo de reprodução mista sem parentesco na geração parental.

O tamanho efetivo após a seleção manteve-se alto (mínimo 74) e é suficiente para manter a variabilidade genética conservada no curto prazo por aproximadamente 10 gerações (Frankel & Soulé, 1981; Yanchuk, 2001). Apesar da seleção reduzir o tamanho efetivo do banco de conservação, traz a vantagem de produzir sementes de *C. legalis* com base genética ampla, para fins de reflorestamentos ambientais, aumentando ganhos, evitando o cruzamento entre irmãos dentro das subparcelas e mantendo os incrementos dos caracteres. A preservação do banco intacto inviabilizaria a coleta de sementes, devido à geração de endogamia pelo cruzamento entre parentes, retardaria os crescimentos e o ensaio sofreria a perda de indivíduos por seleção natural.

As estimativas dos ganhos esperados na seleção foram superestimadas em aproximadamente

17% em relação ao modelo cruzamentos mistos com parentesco na geração parental e em 20% em relação ao modelo misto sem parentesco. Surles *et al.* (1990) obtiveram superestimativas de ganhos na ordem de 38%, quando progênies de polinização aberta de *Robinia pseudoacacia* foram avaliadas como meios-irmãos. Costa *et al.* (2000) compararam modelos de reprodução e métodos de seleção para a produção de borracha em *Hevea brasiliensis*, em três locais de experimentação, também observaram superestimativas nos ganhos genéticos. Para o índice multiefeitos, os autores obtiveram superestimativas de no mínimo 12,6% quando consideraram o modelo aleatório em vez do modelo completo (considera a σ_A^2 e a σ_D^2) e de 20,2% em vez do modelo aditivo (considera apenas a σ_A^2).

SEBBENN, A. M.; KAGEYAMA, P. Y.; ZANATTO, A. C. S. Estimativas de ganhos na seleção em populações de *Cariniana legalis* (Mart.) O. Ktze. incorporando informações do sistema de reprodução.

Ressalta-se que os modelos de reprodução mista utilizados pelos autores eram os de Cockerham & Weir (1984), conforme já discutido, só consideram a presença de progênies de meios-irmãos e irmãos de autofecundação. Esse modelo não corrigiria expressivamente as estimativas de ganhos em *C. legalis*, dado que a taxa de cruzamento estimada para o conjunto das populações foi praticamente 1,0. Neste caso, o modelo de Ritland (1989) torna-se mais adequado. Contudo, os resultados de Surlles *et al.* (1990), Costa *et al.* (2000) e os aqui obtidos, evidenciam a importância das correções nas estimativas de ganhos, em espécies de reprodução mista, pelos parâmetros do sistema de reprodução.

O termo “reprodução mista” tem sido difundido no melhoramento de plantas como a mistura de cruzamentos aleatórios com autofecundação e o modelo aleatório como progênies de cruzamentos aleatórios. Mesmo em espécies que apresentem autoincompatibilidade ou outros mecanismos que favoreçam às altas taxas de cruzamento (1,0), como a dioécia, é difícil admitir cruzamentos aleatórios em populações naturais e pomares de sementes, em função de vários fatores que interferem no processo de polinização, como: i) assincronismo no florescimento; ii) dispersão restrita de pólen; iii) diferenças na maturidade reprodutiva (é provável que árvores maiores liberem mais pólen do que as menores); iv) baixo número de árvores polinizadoras (populações pequenas), e v) comportamento dos polinizadores visitando árvores próximas (em caso de polinização por animais). Por isso, dificilmente progênies coletadas de polinização aberta serão constituídas exclusivamente de meios-irmãos, sendo muito provável também, a presença de um grande número de irmãos-completos e irmãos de autofecundação. Infelizmente, existem poucas estimativas da correlação de paternidade em espécies arbóreas, dificultando os cálculos das diferentes proporções de progênies coletadas via polinização aberta em populações naturais. Em *Eucalyptus marginata* foi detectado que, em média, 20,2% das progênies eram meios-irmãos, 60,8% irmãos-completos e 19,0% irmãos de autofecundação (Millar *et al.*, 2000). Em várias espécies do gênero *Prosopis*, o mínimo de progênies de irmãos-completos detectados foi de 62% (Bessega *et al.*, 2000).

Em *Tabebuia cassinoides*, aproximadamente 48,6% das progênies eram de meios-irmão, 35,3% irmãos-completos e 16,1% irmãos de autofecundação (Sebbenn *et al.*, 2000b). Em *Esenbeckia leiocarpa* foram detectados que 83,4% das progênies eram irmãos-completos e apenas 12,7% meios-irmãos (Seoane *et al.*, 2001). Nestas espécies, a utilização do modelo aleatório clássico de meios-irmãos, invariavelmente, implicaria em erros nas estimativas dos parâmetros genéticos. Portanto, reforça-se a idéia da necessidade de estimar parâmetros do sistema de reprodução para calcular parâmetros genéticos em programas de melhoramento com espécies florestais, especialmente nas polinizadas por animais.

Finalmente, a seleção dentro de populações e a recombinação entre populações dará origem a um “pomar de sementes por mudas”, do tipo multipopulações. A base genética da nova população será maior que as das populações de origem, aumentando ganhos para os caracteres de valor econômico e servindo como população base de conservação genética *ex situ* e melhoramento.

4 CONCLUSÕES

1. Foram detectadas diferenças genéticas entre populações significativas pelo teste F da análise da variância, somente para o caráter forma do fuste na Estação Experimental de Pederneiras. Para progênies dentro de populações foram observadas diferenças genéticas significativas para todos os caracteres, indicando a possibilidade de progressos genéticos com a seleção entre progênies.
2. As correlações genéticas entre os caracteres foram altas, mostrando que a seleção em um caráter pode trazer ganhos indiretos em outros.
3. Foram detectadas superestimativas altas de ganhos genéticos na seleção quando as progênies foram assumidas como meios-irmãos em vez de sistema misto de reprodução com e sem parentesco, demonstrando a necessidade da inclusão de parâmetros do sistema de reprodução e parentesco populacional nas estimativas de ganhos genéticos em progênies de polinização aberta.

SEBBENN, A. M.; KAGEYAMA, P. Y.; ZANATTO, A. C. S. Estimativas de ganhos na seleção em populações de *Cariniana legalis* (Mart.) O. Ktze. incorporando informações do sistema de reprodução.

5 AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem à técnica de laboratório Elza Martins Ferraz e aos estagiários Fernanda Gosser Brasso e Gabriel Bortoleto Bichuette pelo auxílio nas eletroforeses de isoenzimas; ao técnico em agropecuária Gelson Dias Fernandes, ao estudante de Engenharia Florestal Marcio Fedele (ESALQ/USP) e ao biólogo Fernando Schimith pelo auxílio nos trabalhos de campo e aos dois revisores anônimos pelas excelentes críticas e sugestões no manuscrito. Também agradecem ao CNPq pela concessão da bolsa de doutoramento ao primeiro autor e à FAPESP pelo financiamento do projeto (nº 1998/2448-7).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALFENAS, S. A. **Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins: fundamentos e aplicações em plantas e microorganismos.** Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1998. 574 p.
- BESSEGA, C. *et al.* Mating system parameters in species of genus *Prosopis* (Leguminosae). **Hereditas**, Lund, v. 132, p. 19-27, 2000.
- CARVALHO, P. E. R. **Espécies florestais brasileiras: recomendações silviculturais, potencialidades e uso de madeira.** Colombo: EMBRAPA-CNPq; Brasília, DF: EMBRAPA-SPI, 1994. 640 p.
- COCKERHAM, C. C.; WEIR, B. S. Covariances of relatives stemming a population undergoing mixed self and random mating. **Biometrics**, Alexandria, v. 40, p. 157-164, 1984.
- COSTA, R. B. da *et al.* Selection and genetic gain in rubber tree (*Hevea*) populations using a mixed mating system. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 23, n. 3, p. 671-679, 2000.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa: UFV, 1997. 390 p.
- FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa.** Viçosa: UFV, 1987. 279 p.
- FRANKEL, O. H.; SOULÉ, M. S. **Conservation and evolution.** Cambridge: Cambridge University Press, 1981. 327 p.
- GHAI, G. L. Covariances among relatives in populations under mixed self-fertilization and random mating. **Biometrics**, Alexandria, v. 38, p. 87-92, 1982.
- MILLAR, M. A. *et al.* Mating system studies in jarrah, *Eucalyptus marginata* (Myrtaceae). **Australian Journal of Botany**, Melbourne, v. 48, p. 475-479, 2000.
- NAMKOONG, G. Inbred effects on estimation of genetic additive variance. **Forest Science**, Bethesda, v. 12, p. 8-13, 1966.
- NEI, M. *F*-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. **Annals of Human Genetics**, New York, v. 41, p. 225-233, 1977.
- RESENDE, M. D. V. Avanços da genética biométrica florestal. In: ENCONTRO SOBRE TEMAS DE GENÉTICA E MELHORAMENTO, 14., Piracicaba, 1997. **Anais...** Piracicaba: ESALQ/USP, 1997. p. 20-46.
- _____; HIGA, A. R. Maximização da eficiência de seleção em testes de progênies de *Eucalyptus* através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, v. 28, n. 29, p. 37-55, 1994.
- _____; VENCOSKY, R.; FERNANDES, J. S. C. Selection and gain in populations of *Eucalyptus* with a mixed mating system. In: **EUCALYPTUS PLANTATIONS CONFERENCE**, 1995, Hobart. **Proceedings...** Australia: International Union of Forest Research Organizations - IUFRO, 1995a. p. 191-193.
- RESENDE, M. D. V. *et al.* Acurácia seletiva, intervalos de confiança e variâncias de ganho genéticos associados a 22 métodos de seleção em *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Revista Floresta**, Colombo, v. 24, n. 1, p. 35-45, 1995b.
- RITLAND, K. Correlated matings in the partial selfer *Mimulus guttatus*. **Evolution**, Lawrence, v. 43, n. 4, p. 848-859, 1989.
- _____; JAIN, S. A model for the estimation of outcrossing rate and gene frequencies using independent loci. **Heredity**, Oxford, v. 47, p. 35-52, 1981.

SEBBENN, A. M.; KAGEYAMA, P. Y.; ZANATTO, A. C. S. Estimativas de ganhos na seleção em populações de *Cariniana legalis* (Mart.) O. Ktze. incorporando informações do sistema de reprodução.

SEBBENN, A. M.; KAGEYAMA, P. Y.; VENCOSKY, R. Variabilidade genética, sistema reprodutivo e estrutura genética espacial em *Genipa americana* L. através de marcadores isoenzimáticos. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 53, p. 15-30, 1998.

SEBBENN, A. M. *et al.* Taxa de cruzamento em populações de *Cariniana legalis* (Mart.) O. Ktze.: implicações para a conservação e o melhoramento genético. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 58, p. 15-24, 2000a.

SEBBENN, A. M. *et al.* Efeitos do manejo florestal sobre a estrutura genética de caixeta - *Tabebuia cassinooides*, no Vale do Ribeira, SP. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 58, p. 127-143, 2000b.

SEBBENN, A. M.; KAGEYAMA, P. Y.; ZANATTO, A. C. S. Estrutura genética de populações de jequitibá-rosa (*Cariniana legalis*) por caracteres quantitativos e isoenzimas. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 13, n. 2, p. 121-134, 2001.

SEOANE, C. E. C.; SEBBENN, A. M.; KAGEYAMA, P. Y. Sistema reprodutivo em populações de *Esenbeckia leiocarpa*. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 13, n. 1, p. 19-26, 2001.

SQUILLACE, A. E. Average genetic correlations among offspring from open-pollinated forest trees. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 23, p. 149-156, 1974.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. 2. ed. New York: McGraw-Hill Book, 1980. 633 p.

SURLES, S. E. *et al.* Genetic relatedness in open-pollinated families of two leguminous tree species, *Robinia pseudoacacia* L. and *Gleditsia triacanthos* L. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 80, p. 49-56, 1990.

VENCOSKY, R. Effective size of monoecious populations submitted to artificial selection. **Brazil Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v. 1, n. 3, p. 181-191, 1978.

VENTURA, A.; BERENGUT, G.; VICTOR, M. A. M. Características edafoclimáticas das dependências do Serviço Florestal do Estado de São Paulo. **Silvic. S. Paulo**, São Paulo, v. 4, p. 57-139, 1965/1966.

YANCHUK, A. D. A quantitative framework for breeding and conservation of forest tree genetic resources in British Columbia. **Canadian Journal of Forestry Resources**, Edmonton, v. 31, p. 566-576, 2001.