

CONSERVAÇÃO GENÉTICA *EX SITU* DE *Gallesia gorarema* Vell. Moq.
NO ESTADO DE SÃO PAULO*

Alexandre Magno SEBBENN**
Antonio Carlos Scatena ZANATTO**
Eurípedes MORAIS**

RESUMO

A intensa degradação, fragmentação e isolamento de populações naturais de espécies arbóreas no Estado de São Paulo levaram à necessidade da conservação genética *ex situ* do germoplasma remanescente, antes que ele se perca. Com esse intuito, o Instituto Florestal de São Paulo vem, desde 1981, conservando *ex situ* três populações de *Gallesia gorarema* (pau d'alho). O ensaio foi instalado na Estação Experimental de Luiz Antonio, utilizando o delineamento de blocos de famílias compactas, com três populações e 17 a 21 progênies/população, cinco indivíduos por subparcela e seis repetições. Os caracteres DAP, altura, volume e sobrevivência, aos 10 anos de idade, foram avaliados pelas médias, análise da variância e parâmetros genéticos. Foram detectadas variâncias genéticas significativas entre populações e progênies/população para todos os caracteres. Os componentes da variância revelaram que a maior parte da variabilidade genética se encontra distribuída dentro de populações. As correlações genéticas e fenotípicas foram altas entre os caracteres ($> 0,8$), sugerindo fortes efeitos pleiotrópicos e que a seleção em um caráter pode capitalizar ganhos indiretos em outro. As estimativas da resposta esperada com a seleção indicaram a possibilidade de ganhos genéticos expressivos, via seleção dentro de progênies, não colocando em risco a estratégia de conservação *ex situ* de *G. gorarema*. Finalmente, as estimativas do tamanho efetivo e baixa probabilidade de não retenção de alelos raros dentro das populações mostraram que a estratégia amostral adotada foi eficiente para reter *ex situ* parte do potencial evolutivo das populações.

Palavras-chave: conservação genética *ex situ*; *Gallesia gorarema*; teste de progênies e procedências; espécies arbóreas brasileiras; genética quantitativa.

ABSTRACT

Since 1981, the São Paulo Forest Institute (IFSP) has been conserving *ex situ* *Gallesia gorarema* (pau d'alho) populations in São Paulo State. The *ex situ* conservation bank is located at Luiz Antonio Experimental Station, in a compact family block design, with three populations, 17 to 21 families per population, five individuals per subplot and six replications. The DBH, height, volume and survival traits were measured at ten years old. Variation analysis for all traits revealed significant genetic differences among populations and families/population. The components of variation showed that the most of genetic variability was within population. The genetic and phenotypic correlations between traits were high (> 0.8) showing the possibility of selection in one trait while obtaining gain in another. The genetic gain within families showed the possibility to obtain expressive gains (minimum 5.7%). Finally, the effective size estimation and the low probability of not retaining rare alleles within populations revealed that the adopted sampling strategy was efficient to preserve the intrapopulation evolutionary potential and retain at least rare alleles within each population.

Key words: *ex situ* conservation; *Gallesia gorarema*; progenies and provenance trials; Brazilian tree species; quantitative genetics.

(*) Aceito para publicação em setembro de 2002.

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

1 INTRODUÇÃO

O Brasil é um dos países que possui uma das maiores biodiversidades de espécies arbóreas, apenas no Estado de São Paulo, estima-se que existam aproximadamente 2.000 diferentes espécies arbóreas (Kageyama *et al.*, 2001). Contudo, dessa vasta biodiversidade muito pouco tem sido aproveitado. Nos dois últimos séculos as florestas no Estado de São Paulo foram intensiva e desordenadamente exploradas. A área do Estado ocupada por florestas no final do século 19 era de aproximadamente 87%, mas em 1975 estimou-se que restavam somente 7% (Victor, 1975). A exploração visava apenas à retirada de madeiras valiosas e à abertura de campos para agricultura, em especial para o cultivo do café e da cana-de-açúcar. Com exceção de *Araucaria angustifolia*, praticamente nenhuma outra espécie arbórea nativa foi utilizada em reflorestamentos visando à produção de madeira. Essa intensa devastação, provavelmente, levou à perda de inúmeras espécies, inclusive aquelas de valor medicinal. Ainda hoje, muito pouco ou quase nada é feito em termos de reflorestamento visando à produção de madeira nativa ou estudos do potencial dessas espécies para utilização medicinal. Isto leva à necessidade de conservar os remanescentes florestais em condições naturais (*in situ*) e fora de seu ambiente (*ex situ*), para futura utilização, antes que os mesmos se extingam.

Muitas das espécies arbóreas de ocorrência no Estado de São Paulo encontram-se na lista das espécies em extinção da Food and Agriculture Organization of the United Nations - FAO (FAO, 1996). Dentre essas, ressalta-se *Gallesia gorarema* Vell. Moq. (Phytolaccaceae) ou pau d'alho, espécie de reconhecido valor comercial. Essa espécie se distribui naturalmente entre as coordenadas geográficas 04°S (CE) a 25°30'S (PR) (Carvalho, 1994).

Sua ampla distribuição geográfica e ocorrência em diferentes habitats contribuem para que a espécie apresente altos níveis de variabilidade genética. Entretanto, como a maior parte de seus ambientes naturais desapareceram por pressão antrópica, acredita-se que muito pouco desta variabilidade esteja hoje ainda presente.

Em condições naturais, *G. gorarema* apresenta de 10 a 20 m de altura e 40 a 80 cm de DAP, podendo atingir até 30 m de altura e 100 cm ou mais de DAP. O tronco apresenta sapopemas de tamanhos regulares e fuste com até 15 metros de altura. A madeira é de utilidade confirmada para serrarias, produção de energia e celulose e papel. A casca, folhas e raiz têm utilidade medicinal (Carvalho, 1994).

A conservação genética *ex situ* de *G. gorarema* visa manter amostras representativas de populações, para que, depois de caracterizadas e avaliadas, estejam disponíveis para o melhoramento genético ou pesquisas correlatas. Assim, este trabalho teve por objetivos avaliar a distribuição da variação genética entre e dentro de três populações de *G. gorarema*, a eficiência amostral adotada para sua conservação genética *ex situ*, conhecer a herança dos principais caracteres adaptativos e propor um esquema de seleção que capitalize ganhos genéticos para a produção de madeira, mas que mantenha parte da variação genética conservada.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Amostragem e Delineamento Experimental

Sementes de polinização aberta foram coletadas em três populações naturais de *G. gorarema* no Estado de São Paulo (TABELA 1). Na coleta, a identidade das progênies foi mantida e o número de progênies amostradas por população variou de 17 a 21 (TABELA 1).

TABELA 1 - Coordenadas geográficas das populações e número de progênies amostradas por população.

	Populações	Progênies	Lat. (° S)	Long. (° W)	Alt. (m)
1	Ribeirão Preto-SP	17	21°11'	47°51'	530
2	Campinas-SP	20	22°55'	47°03'	652
3	Bauru-SP	21	22°23'	48°50'	500

O experimento foi estabelecido em dois locais: Estação Experimental de Pederneiras e Estação Experimental de Luiz Antonio, SP, do Instituto Florestal de São Paulo. Contudo, um incêndio dizimou o ensaio de Pederneiras. Assim, aqui será avaliado apenas o ensaio de Luiz Antonio. A E.E. de Luiz Antonio localiza-se nas coordenadas 21°40'S, 47°49'W, altitude de 550 m, com clima tropical (Cwa), inverno seco, precipitação média anual de 1.280 mm e solo do tipo Latossolo Roxo. O delineamento experimental adotado foi o de blocos de famílias compactas com seis repetições, três populações (efeito de parcela), 17 a 21 progênies/população (efeito de subparcela) e cinco plantas por subparcela. O espaçamento utilizado foi o de 3,0 x 3,0 m. Também foi adotada uma bordadura de duas linhas da mesma espécie. As sementes foram coletadas em setembro de 1981 e as mudas foram plantadas em outubro de 1982. O ensaio foi medido em 1993 para sobrevivência, DAP (diâmetro a altura do peito - 1,3 m), altura total e volume. O volume foi estimado para árvores individuais por $V_r = [\pi (DAP / 100)^2 / 4]h$, em que h é a altura.

2.2 Estimativa de Componentes da Variância

Como o experimento era desbalanceado, devido ao número desigual de árvores sobreviventes por subparcelas e ao desigual número de progênies por população, utilizou-se o método de REML (Restricted Maximun Likelihood) para as estimativas dos componentes da variância. O procedimento REML do programa estatístico SAS (SAS, 1999) foi usado para encontrar os componentes da variância pelo modelo de máxima verossimilhança restrita, combinado com o comando VARCOMP.

Foi assumido um modelo aleatório para estimar os componentes da variância. O modelo usado foi:

$$Y_{ijkl} = \mu + b_i + t_j + f_{j:k} + (tb)_{ij} + (fb)_{j:ki} + e_{ijkl} \quad (1)$$

em que, Y_{ijkl} é o valor fenotípico do l -ésimo indivíduo da k -ésima progênie da j -ésima população na i -ésima repetição; μ é o termo fixo da média total; b_i é o efeito aleatório da i -ésima repetição; t_j é o efeito aleatório da j -ésima população;

$f_{j:k}$ é o efeito aleatório da k -ésima progênie na j -ésima população; $(tb)_{ij}$ é o efeito da interação entre a j -ésima população e a i -ésima repetição; $(fb)_{j:ki}$ é o efeito da interação entre a k -ésima progênie da j -ésima população e i -ésima repetição; e_{ijkl} é o efeito da l -ésima árvore dentro da k -ésima progênie da j -ésima população na i -ésima repetição. Esta última inclui os efeitos do erro; $i = 1 \dots b$ (b é o número de repetições); $j = 1 \dots t$ (t é o número de populações); $k = 1 \dots m$ (m é o número de progênies dentro das populações); $l = 1 \dots n$ (n é o número de árvores por progênie).

Os componentes de variância estimados foram: $\hat{\sigma}_p^2$ = variância genética entre populações; $\hat{\sigma}_{p/p}^2$ = variância entre progênies/população; $\hat{\sigma}_e^2$ = variância ambiental; $\hat{\sigma}_d^2$ = variância fenotípica dentro de progênies.

2.3 Estimativa de Parâmetros Genéticos

O cálculo da variância genética e fenotípica, herdabilidades, correlações genéticas e fenotípicas e ganhos esperados pela seleção seguem Namkoong (1979) e Falconer & Mackay (1997). O erro padrão das herdabilidades foi calculado pelo método proposto por Namkoong (1979). Os cálculos do tamanho efetivo populacional e da probabilidade de que alelos raros foram perdidos na amostragem foram obtidos com base em Vencovsky (1978) e Brown & Hardner (2000), respectivamente. As progênies foram assumidas como sendo de meias-irmãs e a variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), estimada por $\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_{p/p}^2$.

Os coeficientes de herdabilidade em nível de plantas individuais (\hat{h}_i^2), entre progênies (\hat{h}_f^2) e dentro de progênies (\hat{h}_d^2) foram estimados por:

$$\hat{h}_i^2 = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_F^2} \quad (3), \quad \hat{h}_f^2 = \frac{\hat{\sigma}_{p/p}^2}{\frac{\hat{\sigma}_d^2}{nb} + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{b} + \hat{\sigma}_{p/p}^2} \quad (4),$$

$$\hat{h}_d^2 = \frac{(3/4)\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_d^2} \quad (5)$$

em que, $\hat{\sigma}_F^2$ é a variância fenotípica total estimada por $\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_d^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_{p/p}^2$ (6).

As correlações fenotípicas e genéticas entre os caracteres foram estimadas para árvores individuais de acordo com as expressões:

$$\hat{r}_{P_{xy}} = \frac{\hat{\sigma}_{P_x P_y}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{P_x}^2 \hat{\sigma}_{P_y}^2}} \quad (7), \quad \hat{r}_{g_{xy}} = \frac{\hat{\sigma}_{f_x f_y}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{f_x}^2 \hat{\sigma}_{f_y}^2}} \quad (8)$$

onde $\hat{r}_{P_{xy}}$ e $\hat{r}_{g_{xy}}$ são os coeficientes de correlações fenotípicas e genéticas; $\sigma_{P_x P_y}$ e $\sigma_{f_x f_y}$ são os produtórios fenotípicos e genéticos dos caracteres x e y ; $\hat{\sigma}_{P_x}^2$, $\hat{\sigma}_{f_x}^2$ e $\hat{\sigma}_{P_y}^2$, $\hat{\sigma}_{f_y}^2$ são as variâncias fenotípicas e genéticas entre progênies/população dos caracteres x e y , respectivamente.

A resposta à seleção (\hat{R}) foi estimada por: $\hat{R} = i \hat{\sigma}_d \hat{h}_d^2$ (9), onde i é a intensidade de seleção em unidade de desvio padrão e $\hat{\sigma}_d$ é o desvio padrão da variância fenotípica dentro de progênies. Foram selecionadas $\frac{1}{5}$ das árvores dentro de progênies. A resposta à seleção em porcentagem [$\hat{R}(\%)$] foi estimada por: $\hat{R}(\%) = \frac{\hat{R}}{\bar{X}} \times 100$ (10).

O tamanho efetivo antes e após a seleção (\hat{N}_e) foi estimado para cada população por:

$$\hat{N}_e = \frac{4m\bar{n}}{\frac{\hat{\sigma}_n^2}{\bar{n}} + \bar{n} + 3} \quad (11)$$

sendo que, \bar{n} e $\hat{\sigma}_n^2$ representam o número de progênies/população, média do número de plantas por progênie e a variância no número de plantas por progênies.

A eficiência amostral da conservados *ex situ* foi medida pela probabilidade ($\hat{P}_{[MI]}$) de que um alelo de frequência q não ser amostrado em n indivíduos meios-irmãos originados de m árvores matrizes:

$$\hat{P}_{[MI]} = (1 - q)^{mn} \left[1 - 2q \left(1 - \frac{1}{2^n} \right) \right]^m \quad (13).$$

3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

3.1 Variação Genética, Componentes da Variância e Taxa de Crescimento

Foram detectadas diferenças altamente significativas ($P \leq 0,001$) pelo teste F da análise da variância, entre populações e progênies/população para todos os caracteres avaliados (TABELA 2). As variações genéticas significativas detectadas para o efeito de populações indicam que as diferenças entre as populações de *G. gorarema* são realmente contrastantes, caso contrário a análise da variância não teria detectado diferenças em apenas três populações. As variações genéticas entre populações e progênies/população também mostram que o banco de conservação *ex situ* reteve parte da variabilidade genética quantitativa e, portanto, está apto para conservação e melhoramento da espécie.

TABELA 2 - Quadrados médios para DAP, altura e volume aos 10 anos de idade em teste de progênies/população de *G. gorarema* em Luiz Antonio, SP.

Fonte de Variação	GL	Quadrados Médios		
		DAP (cm)	Altura (m)	Volume (m ³)
Blocos	5	27,7325	18,4691**	0,0092
População	2	235,9971***	199,9746***	0,4037***
Progênies/População	55	75,7281***	22,3409***	0,0774***
Resíduo	274	27,1052	12,5598	0,0287

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

(***) $P \leq 0,001$.

Os componentes de variância, calculados pelo método REML e suas relativas contribuições para a variância total são apresentados na TABELA 3.

O componente da variância atribuído a populações foi baixo para o DAP e Volume e nulo para altura, revelando que menos de 1% da variação genética se encontra entre populações. O componente atribuído à progênes/população apresentou valores consistentes para os caracteres, indicando que aproximadamente 6% da variação total encontra-se entre progênes/população. O componente atribuído à indivíduos/progênie mostrou que pelo menos 92% da variação total encontra-se dentro das progênes. Esses resultados agregam-se à grande maioria dos estudos de estrutura populacional de espécies arbóreas tropicais e temperadas via caracteres quantitativos (Hamrick, 1976; Christophe & Birot, 1979; Li *et al.*, 1993; Moraes, 1993; Zheng *et al.*, 1994; Kehlet & Roulund, 1998; Buliuckas *et al.*, 1999; Rehfeldt, 1999; Siqueira *et al.*, 2000; Sebbenn *et al.*, 1999a; 1999b; 2001) e via isoenzimas (Hamrick *et al.*, 1979; Hamrick & Godt, 1990). Estudos em espécies arbóreas têm mostrado que a maior parte da variação genética se encontra

distribuída dentro das populações. Essa estrutura populacional é típica de espécies alógamas ou de reprodução mista predominantemente alógamas, que apresentam altas taxas de fluxo gênico entre populações. A reprodução predominante por cruzamentos, combinada com o fluxo contínuo de genes entre populações, aumenta a similaridade genética entre as populações, reduzindo a tendência à diferenciação por seleção e/ou deriva genética. A baixa diferenciação genética entre as populações aqui estudadas reflete um padrão de estrutura populacional formado no passado. No final do século 19, grande parte do Estado de São Paulo era coberta por florestas contínuas (87%) e as populações possivelmente eram interligadas por um modelo de fluxo gênico do tipo "isolamento por distância". No modelo de isolamento por distância as trocas gênicas ocorrem entre populações vizinhas e a divergência genética entre populações tende a aumentar conforme aumenta a distância entre as populações. Como *G. gorarema* apresenta uma ampla distribuição geográfica (ocorre do Paraná ao Ceará) e as populações aqui em estudo compreendem apenas uma pequena parte dessa distribuição (Estado de São Paulo), era de se esperar baixa divergência genética entre as populações.

TABELA 3 - Componentes da variância e porcentagem relativa para populações ($\hat{\sigma}_p^2$), progênes/população ($\hat{\sigma}_{p/p}^2$) e dentro de progênes ($\hat{\sigma}_d^2$) em *G. gorarema*.

Fonte de variação	DAP (cm)		Altura (m)		Volume (m ³)	
	Variância	% relativa	Variância	% relativa	Variância	% relativa
$\hat{\sigma}_p^2$	0,1142	0,5	0	0	0,00019	0,7
$\hat{\sigma}_{p/p}^2$	1,7519	7,2	0,3517	6,0	0,00175	6,7
$\hat{\sigma}_d^2$	22,3544	92,3	5,5067	94,0	0,02429	92,6
$\hat{\sigma}_T^2$	24,2205	100,0	5,8584	100,0	0,02623	100,0

Na TABELA 4 são apresentadas as taxas de sobrevivência e crescimento médio dos caracteres para as populações. A sobrevivência foi alta (média 94%), sugerindo boa adaptação das populações ao local de experimentação. Os maiores crescimentos para os caracteres foram observados na população Ribeirão Preto-SP e os menores para a população Campinas-SP. Os crescimentos dos caracteres na população Ribeirão Preto foram de

10% a 22% superiores aos apresentados pela população Campinas. O melhor desempenho para a população Ribeirão Preto, possivelmente, está associado ao fato dessa população estar mais próxima ao local de experimentação (Luiz Antonio). Seu melhor desempenho seria atribuído à similaridade ambiental entre o local de origem da população e o local de experimentação, logo, pode estar associado à seleção para adaptação específica.

TABELA 4 - Taxa de sobrevivência, crescimento (média \pm erro padrão) e incrementos médios anuais (IMA) aos 10 anos de idade para populações de *G. gorarema*, em Luiz Antonio, SP.

População	Sobrevivência (%)	DAP (cm)	Altura (m)	Volume (m ³)
Ribeirão Preto-SP	94,8	14,28 \pm 5,19	11,39 \pm 3,14	0,230 \pm 0,184
Campinas-SP	95,9	12,98 \pm 4,93	10,32 \pm 3,05	0,178 \pm 0,149
Bauru-SP	92,1	13,79 \pm 5,11	11,34 \pm 2,97	0,216 \pm 0,180
Média	94,2	13,68 \pm 0,66	11,01 \pm 0,60	0,208 \pm 0,027
IMA	---	1,37	1,10	0,021

Igualmente aos crescimentos, o incremento médio anual (IMA) foi alto para a média das populações em todos os caracteres, sugerindo uma ótima adaptação e desenvolvimento da espécie em Luiz Antonio. O incremento médio anual em altura mantém-se superior a um metro. Siqueira *et al.* (1999), estudando uma população de *G. gorarema* procedente de Tenente Portela-PR, também plantada em Luiz Antonio, observaram IMA aos nove anos de idade, muito semelhantes aos aqui obtidos (1,1 m/ano). A espécie parece adaptar-se bem às condições de Luiz Antonio e à região, portanto, tem potencial para o reflorestamento com *G. gorarema*, visando à produção de madeira.

3.2 Correlações Genéticas e Fenotípicas, Herdabilidades e Ganhos na Seleção

As correlações genéticas e fenotípicas foram altas e significativas entre os caracteres, mostrando fortes efeitos pleiotrópicos e, portanto, a possibilidade de seleção em um caráter e a obtenção de ganhos indiretos em outro (TABELA 5). As correlações genéticas foram maiores do que as fenotípicas, indicando maior eficiência na seleção de uma caráter com o melhoramento indireto em outro, em teste de progênies, relativamente à seleção massal.

TABELA 5 - Correlações genéticas (\hat{r}_g - diagonal superior) e fenotípicas (\hat{r}_F - diagonal inferior) para *G. gorarema*, em Luiz Antonio, SP.

Caráter	DAP	Altura	Volume
DAP	-	0,90**	0,97**
Altura	0,84**	-	0,86**
Volume	0,94**	0,90**	-

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

O coeficiente de herdabilidade em nível de médias de progênies (\hat{h}_f^2) apresentou valores mais altos do que os coeficientes em nível de plantas individuais (\hat{h}_i^2) e dentro de progênies (\hat{h}_d^2) (TABELA 6), evidenciando que maiores ganhos poderão ser obtidos pela seleção entre progênies/população do que pela seleção massal no ensaio e dentro de progênies. O DAP mostrou as maiores herdabilidades, logo, também maior potencial para a seleção. Além disso, DAP é o caráter de mais fácil mensuração e deve, portanto, ser preferível para a seleção. De acordo com o erro padrão, todas as estimativas de herdabilidades foram significativamente diferentes de zero.

O coeficiente de variação genético (CV_g) foi alto para todos os caracteres ($> 5\%$), em especial para o DAP e o volume (TABELA 6). O CV_g varia consideravelmente entre diferentes espécies, populações, locais e idades de avaliação. Em espécies arbóreas, existem relatos de valores de até 22%, para os caracteres DAP e altura (Gurgel Garrido *et al.*, 1999; Sebbenn *et al.*, 1999c), mas de forma geral, estes valores têm sido inferiores a 10% (Gurgel Garrido *et al.*, 1994; 1999; Oliveira *et al.*, 2000; Sebbenn *et al.*, 1998; 1999b; 2000; Siqueira *et al.*, 1999; 2000). Pode-se então, afirmar com base nos valores de CV_g aqui observados, que o material genético tem potencial para a conservação e o melhoramento genético.

TABELA 6 - Herdabilidades em nível de plantas individuais (\hat{h}_i^2), média de progênies (\hat{h}_f^2), dentro de progênies (\hat{h}_d^2), coeficiente de variação genética (CV_g) e porcentagem de resposta à seleção dentro de progênies (\hat{R}), em *G. gorarema*.

Parâmetros	DAP	Altura	Volume
\hat{h}_i^2	0,280 (0,014)	0,191 (0,016)	0,261 (0,013)
\hat{h}_f^2	0,609 (0,015)	0,334 (0,044)	0,599 (0,015)
\hat{h}_d^2	0,235 (0,013)	0,192 (0,013)	0,216 (0,012)
CV_g	9,7%	5,4%	20,2%
\hat{R}	11,4%	5,7%	22,8%

() Erro padrão.

Como o principal objetivo deste trabalho era a conservação e não o melhoramento genético, a resposta esperada com a seleção foi estimada apenas para seleção dentro de progênies. A intensidade de seleção dentro das progênies foi de 20% ou a seleção de uma árvore por subparcela, totalizando seis árvores por progênie no ensaio (6:30). A seleção dentro de progênies manterá a taxa de crescimento maximizada, pela redução na competição por nutrientes e luz entre árvores e reduzirá a probabilidade de cruzamento entre irmãos. Os ganhos genéticos esperados pela seleção dentro de progênies foram altos para todos os caracteres (> 5%), em especial para o DAP e o volume (TABELA 6), indicando ótimos progressos com a seleção, sem a exclusão de progênies.

3.3 Tamanho Efetivo e Tamanho da Amostra

O tamanho efetivo variou entre populações (TABELA 7). A população Bauru apresentou o maior tamanho efetivo (76) e a população Ribeirão Preto o menor (61). Contudo, todas as populações atingiram mais de 90% do tamanho efetivo máximo possível esperado, caso tivessem sido coletadas infinitas sementes (> 10.000) em cada progênie ($\hat{N}_e = 4N_f$). A seleção de seis árvores por progênie reduziu o tamanho efetivo em aproximadamente 26% nas populações, mas manteve 67% do valor máximo esperado.

TABELA 7 - Tamanho efetivo (\hat{N}_e), porcentagem máxima do tamanho efetivo [\hat{N}_e (%)] e probabilidade (P) da amostra não conter um alelo de frequência 0,05 antes e após a seleção dentro de progênies em populações de *G. gorarema*.

Populações	Antes da seleção			Após a seleção ^a		
	\hat{N}_e	\hat{N}_e (%)	P	\hat{N}_e	\hat{N}_e (%)	P
1 Ribeirão Preto - SP	61,2	90,0	0,0	45,3	66,7	0,005
2 Campinas - SP	72,3	90,3	0,0	53,3	66,7	0,002
3 Bauru - SP	75,7	90,1	0,0	56,0	66,7	0,002
	Σ 178,5			Σ 154,6		

(a) Seleção de 6 indivíduos/progênie.

Antes da seleção, o valor de \hat{N}_e estava acima do mínimo requerido ($\hat{N}_e = 50$) para a conservação da variabilidade genética em locos com dois alelos, no curto prazo (Frankel & Soulé, 1981). Após a seleção, o tamanho efetivo para a população Ribeirão Preto (46) ficou um pouco abaixo do limite (50). Porém, esse fato não trará problemas para a conservação, porque a recombinação do material incluirá as três populações e o tamanho efetivo total conservado no ensaio (155) é muito superior ao mínimo requerido. A baixa diferenciação genética detectada entre populações permite a recombinação dos indivíduos de diferentes populações sem colocar em risco o aparecimento da depressão por cruzamento, ou em outros termos, da quebra de blocos gênicos adaptados a condições específicas de colonização da espécie. Outra vantagem será a ampliação do tamanho efetivo do conjunto de sementes (nova população recombinada) coletadas no “pomar de sementes por mudas” (nova população de recombinação).

Antes e após a seleção, a probabilidade de não reter um alelo com frequência 0,05 em um loco foi baixa para as três populações ($P < 0,006$), isto é, a probabilidade de retenção de alelos raros foi alta (TABELA 7). Esses resultados confirmam que a estratégia adotada para conservar a variabilidade genética dentro dessas três populações de *G. gorarema* foi eficiente e que a seleção dentro de progênies não colocará em risco o principal objetivo deste trabalho, a conservação genética.

4 CONCLUSÕES

1. Foram detectadas variâncias genéticas significativas entre populações e progênies/população para todos os caracteres.
2. Os componentes da variância evidenciaram que a maior parte da variabilidade genética encontra-se distribuída dentro de populações.
3. As correlações genéticas e fenotípicas foram altas entre os caracteres ($> 0,8$), mostrando fortes efeitos pleiotrópicos e que a seleção em um caráter pode capitalizar ganhos indiretos em outro.
4. As estimativas da resposta esperada com a seleção indicaram a possibilidade de ganhos genéticos expressivos via seleção dentro de progênies, sem por em risco a conservação dos recursos genéticos de *G. gorarema*.
5. As estimativas do tamanho efetivo e da probabilidade de retenção de alelos raros dentro das populações revelaram que a estratégia amostral foi eficiente para reter *ex situ* parte do potencial evolutivo da espécie.

5 AGRADECIMENTOS

Os autores são gratos à assistente técnica de pesquisa científica e tecnológica Yara Cristina Marcondes e ao técnico de apoio à pesquisa Carlos Eduardo Sposito pelo excelente trabalho de correção do presente artigo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BROWN, A. H. D.; HARDNER, C. M. Sampling the gene pools of forest trees for *ex situ* conservation. In: YOUNG, A.; BOSHIER, D.; BOYLE, T. (Ed.). **Forest conservation genetics: principles and practice**. Australia: CSIRO Publishing, 2000. p. 185-198.
- BULIUCKAS, V. *et al.* Genetic variation among and within populations of four Swedish hardwood species assessed in a nursery trial. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 48, n. 1, p. 17-25, 1999.
- CARVALHO, P. E. R. **Espécies florestais brasileiras: recomendações silviculturais, potencialidades e uso de madeira**. Colombo: EMBRAPA-CNPQ; Brasília, DF: EMBRAPA-SPI, 1994. 640 p.
- CHRISTOPHE, C.; BIROT, Y. Genetic variation within and between populations of Douglas fir. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 28, n. 5, p. 197-206, 1979.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. Harlow: Longman, 1997. 463 p.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS - FAO. **Panel of experts and forest gene resources:** ninth session. Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations - FAO, 1996. 64 p.

FRANKEL, O. H.; SOULÉ, M. S. **Conservation and evolution.** Cambridge: Cambridge University Press, 1981. 327 p.

GURGEL GARRIDO, L. M. do A.; RIBAS, C.; GARRIDO, M. A. de O. Variabilidade genética em *Pinus elliottii* Engelm. *elliottii*. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 6, p. 113-128, 1994.

_____. Variação genética em progênes e procedências de *Pinus caribaea* Mor. var. *bahamensis* Barr. et Golf. para a produção de resina e características de crescimento. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 11, n. 2, p. 105-121, 1999.

HAMRICK, J. L. Variation and selection in western montane species II. Variation within and between populations of White Fir on an elevation transect. **Theoretical and Applied Genetic**, Berlin, v. 47, p. 27-34, 1976.

_____.; LINHART, Y. B.; MITTON, J. B. Relationships between life history characteristic and electrophoretically detectable genetic variation in plants. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Davis, v. 10, p. 173-200, 1979.

HAMRICK, J. L.; GODT, M. J. W. Allozyme diversity in plant species. In: BROWN, A. H. D. *et al.* (Ed.). **Plant population genetics, breeding and genetic resources.** Sunderland: Sinauer Associates, 1990. p. 43-63.

KAGEYAMA, P. Y.; GANDARA, F. B.; VENCOSKY, R. Conservação *in situ* de espécies arbóreas nativas. In: NAS, L. L. *et al.* **Recursos genéticos e melhoramento.** Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 149-159.

KEHLET, J.; ROULUND, H. Genetic parameters for spiral grain in two 18-year-old progeny trials with Sitka Spruce in Denmark. **Canadian Journal Forest Research**, Edmonton, v. 28, p. 92-931, 1998.

LI, P. *et al.* Genetic variation in juvenile growth and phenology in a White Spruce provenance-progeny test. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 42, n. 1, p. 52-60, 1993.

MORAES, M. L. T. **Variabilidade genética por isoenzimas e caracteres quantitativos em duas populações naturais de aroeira *Myracrodruon urundeuva* F.F. & M.F. Allemão Anacardiaceae (Syn: *Astronium urundeuva* (Fr. Allemão) Engler.** 1993. 139 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba.

NAMKOONG, G. **Introduction to quantitative genetics in forestry.** Washington, D.C.: Forest Service, 1979. 342 p. (Technical Bulletin, 1588).

OLIVEIRA, S. A. *et al.* Variação genética em progênes de aroeira (*Myracrodruon urundeuva* Fr. All.) sob diferentes condições de cultivo. I - Aspectos silviculturais. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 12, n. 2, p. 155-166, 2000.

REHFELDT, G. E. Systematics and genetic structure of Washoe Pine: applications in conservation genetics. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 48, p. 167-173, 1999.

S.A.S. INSTITUTE INC. **SAS procedures guide.** Version 8 (TSMO). Cary: SAS Institute Inc., 1999. 454 p.

SEBBENN, A. M. *et al.* Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva - *Myroxylon peruiferum* L.F. Allemão. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 53, p. 31-38, 1998.

SEBBENN, A. M. *et al.* Teste de procedências de *Grevillea robusta* A. Cunn. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 11, n. 1, p. 65-73, 1999a.

SEBBENN, A. M. *et al.* Estrutura genética de *Pterogine nitens* Tul. (CAESALPINACEAE) através de caracteres quantitativos. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 57, p. 29-40, 1999b.

SEBBENN, A. M. *et al.* Interação genótipo ambiente na conservação *ex situ* de *Peltophorum dubium*, em duas regiões do Estado de São Paulo. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 11, n. 1, p. 75-89, 1999c.

SEBBENN, A. M.; SIQUEIRA, A. C. M. De F.; GURGEL GARRIDO, L. M. do A. Interação progênes x locais e variabilidade genética em jequitibá-rosa - *Cariniana legalis* (Mart.) O. Ktze. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 12, n. 1, p. 13-23, 2000.

SEBBENN, A. M.; KAGEYANA, 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.

SIQUEIRA, A. C. M. De F. *et al.* Comportamento silvicultural e genético de duas espécies arbóreas tropicais secundárias. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 11, n. 1, p. 53-64, 1999.

SIQUEIRA, A. C. M. De F. *et al.* Distribuição da variação genética entre e dentro de populações de *Balfourodendron riedelianum* (Engler) Engler para a conservação *ex situ*. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 12, n. 2, p. 89-103, 2000.

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

VICTOR, M. A. M. **A devastação florestal**. São Paulo: Sociedade Brasileira de Silvicultura, 1975. p. 28-32.

ZHENG, Y. O.; ENNOS, R.; WANG, H. R. Provenance variation and genetic parameters in a trial of *Pinus caribaea* Morelet var. *bahamensis* and Golf. **Forest Genetics**, Zvolen, v. 1, n. 3, p. 165-174, 1994