

VARIAÇÃO GENÉTICA PARA CARACTERES QUANTITATIVOS EM POPULAÇÃO DE *Galesia integrifolia* (Spreng.) Harms.*

Miguel Luiz Menezes FREITAS**
Alexandre Magno SEBBENN**
Antonio Carlos Scatena ZANATTO**
Eurípedes MORAES**
Marcela Aparecida de MORAES**

RESUMO

Este estudo avaliou a variação genética para os caracteres quantitativos crescimento, sobrevivência e forma do fuste em um teste de progênies de *Galesia integrifolia* procedente de Alvorada do Sul (PR), na Estação Experimental de Luiz Antônio (SP). O teste de progênies foi implantado no delineamento experimental de blocos casualizados, com 25 progênies de polinização aberta, cinco plantas por parcela e seis blocos. O ensaio foi mensurado para os caracteres DAP, altura total, volume, forma do tronco e sobrevivência aos 20 anos de idade. Pela análise de variância detectaram-se diferenças significativas entre progênies para todos os caracteres, indicando a presença de variação genética entre progênies. Os coeficientes de variação genética foram relativamente altos para os caracteres DAP (6,75%) e volume (7,70%), moderado para altura (3,47%) e baixo para forma do tronco (1,41%) e sobrevivência (0,54%). Os coeficientes de herdabilidade em nível de plantas individuais e dentro de progênies foram baixos (0,009 a 0,07), indicando poucas possibilidades de melhoramento genético por seleção massal e dentro de progênies. O coeficiente de herdabilidade em nível de média de progênies variou de baixo a alto (0,09 a 0,67), o que indica um bom controle genético dos caracteres para seleção. Os resultados foram discutidos com ênfase na produção de sementes para restauração ambiental.

Palavras-chave: conservação genética; *Galesia integrifolia*; teste de progênie; espécie arbórea tropical; genética quantitativa.

1 INTRODUÇÃO

A espécie *Galesia integrifolia* Vell. Moq., popularmente conhecida como pau d'alho, pertence à família das Phytolaccaceae, apresenta ampla distribuição natural, indo desde o Estado do Ceará (latitude 04° S) até o Paraná (latitude 25° 30' S). Esta ampla distribuição geográfica envolvendo ambientes

ABSTRACT

This study evaluated the genetic variation for quantitative traits growth, survival and form in a progeny test of *Galesia integrifolia* from Alvorada do Sul (PR). The trial was established in the Luiz Antônio Experimental Station (SP) in a random block design, with 25 open pollinated progenies, five trees per plot and six blocks. The trees were measured for DBH, total height, volume, stem form and survival at 20 years of age. The variance analysis detected significant differences among progenies for all traits, indicating genetic variation among progenies. The coefficients of genetic variation were relatively high for DBH (6.75%) and volume (7.70%), intermediate for height (3.47%) and low for stem form (1.41%) and survival (0.54%). The coefficients of heritabilities at individual plants and within progeny levels were low for all traits (ranging from 0.009 to 0.07), indicating difficulties of improvement by massal selection and within progenies. The coefficients of heritabilities at progenies level were generally high for the traits (0.09 a 0.67), indicating an appropriate genetic control for selection. The results were discussed emphasizing the seed production for environmental restoration.

Key words: genetic conservation; *Galesia integrifolia* progeny test; Brazilian tree species; quantitative genetics.

com características edafoclimáticas muito diferentes é um indicativo de alta variação genética na espécie. Nestes ambientes, a árvore pode apresentar alturas que variam de 5 a 20 m e diâmetro à altura do peito (DAP) variando de 40 a 80 cm. Sua madeira é empregada principalmente em serrarias e produção de energia, prestando-se também para a fabricação de celulose e papel (Carvalho, 1994).

(*) Aceito para publicação em setembro de 2008.

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

(***) Graduanda em Agronomia da FEIS/UNESP, Ilha Solteira, SP, Brasil.

Contudo, a espécie encontra-se na lista das espécies arbóreas em risco de extinção da Food and Agriculture Organization of the United Nations - FAO (FAO, 1996), devido à forte pressão antrópica em sua área de ocorrência natural. Apesar de sua utilidade, poucos esforços vêm sendo feitos para conservar populações desta importante espécie arbórea endêmica brasileira.

Dentro deste contexto, um dos poucos esforços para conservar populações de *G. integrifolia* tem sido o do Instituto Florestal de São Paulo, que vem desde o final da década de 1970, aplicando a estratégia de conservação *ex situ* em populações sob risco de extinção. Bancos de germoplasma com o intuito de conservar os recursos genéticos de essências nativas, em razão do rápido desaparecimento dessas espécies, foram implantados em forma de testes de procedências e progênies em diversas Unidades do Instituto Florestal. Atualmente, além de *G. integrifolia*, outras 234 espécies arbóreas de ocorrência no território brasileiro estão sendo conservadas *ex situ* (Gurgel-Garrido *et al.*, 1997; Sebbenn *et al.*, 2001a).

O monitoramento da variabilidade genética nesses testes tem sido geralmente realizado pela avaliação de caracteres silviculturais de crescimento e forma do fuste, suportado por estudos de genética quantitativa, visto que fornece parâmetros que permitem inferir sobre a eficiência da amostragem, além de conhecer o controle genético dos caracteres estudados. Entre os diversos parâmetros genéticos estimados em testes de progênies, destacam-se o coeficiente de herdabilidade e o coeficiente de variação genético, que quantificam, respectivamente, a herança e a quantidade de variação genética presente na variação fenotípica total (Sebbenn *et al.*, 1998). Coeficientes de herdabilidade são parâmetros próprios de uma população em determinado ambiente, não sendo um caráter de uma espécie, podendo variar em diferentes idades e ambientes (Vencovsky & Barriga, 1992; Falconer & Mackay, 1997), de forma que para conhecer a extensão do controle genético de um caráter, é fundamental sua estimação em diferentes fases de desenvolvimento das plantas, em especial em espécies de ciclo vital longo como as arbóreas.

Assim, este trabalho teve por objetivos quantificar a variação genética de um teste de progênies de *G. integrifolia*, aos 20 anos de idade, a partir de caracteres quantitativos. Adicionalmente, objetivou-se avaliar a eficiência amostral adotada para a conservação genética *ex situ* e conhecer a herança dos principais caracteres de crescimento, a fim de dar subsídios para propor um esquema de seleção que combine pequenos ganhos genéticos em termos de adaptação e manutenção de ampla base genética.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Amostragem e Delineamento Experimental

Sementes de polinização aberta foram coletadas em 25 árvores matrizes de uma população natural de *G. integrifolia* em Alvorada do Sul, Estado do Paraná. O experimento foi estabelecido na Estação Experimental de Luiz Antonio, SP, do Instituto Florestal de São Paulo. A E. E. de Luiz Antonio localiza-se nas coordenadas 21° 40' S, 47° 49' W a uma altitude de 550 m acima do nível do mar. O clima da região é tropical (Cwa), a temperatura média anual do mês mais quente é de 22,7 °C e a do mês mais frio de 17,2 °C, o inverno é seco, a precipitação média anual é de 1.280 mm e o solo é do tipo Latossolo Vermelho. O teste foi instalado no delineamento experimental de blocos casualizados, com seis repetições, 25 progênies e cinco plantas por parcela, no espaçamento de 3 x 3 m. Também foi adotada uma bordadura externa de duas linhas da mesma espécie. As mudas foram plantadas em outubro de 1985 e o ensaio foi mensurado aos 20 anos de idade para os caracteres: diâmetro à altura do peito (DAP, em cm), altura total (h, em m), forma do fuste (variando de 1 – fuste muito tortuoso e bifurcado a 5 – fuste reto sem bifurcação, danos e doenças) e sobrevivência. Para a análise de variância, os valores da forma do fuste foram transformados em raiz quadrada. O volume real individual foi calculado conforme a expressão $Vr = 0,40(\pi DAP^2 / 4)h$.

2.2 Análise Estatística e Estimação de Parâmetros Genéticos

As análises de variância foram calculadas pelo procedimento GLM e a estimativa de componentes de variância pelo procedimento VARCOMP, utilizando o método de REML (*Restricted Maximum Likelihood*), ambos os procedimentos disponíveis no programa estatístico SAS (SAS, 1999). Para a análise de variância e estimativa de componentes de variância, adotou-se o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = m + t_i + b_j + e_{ij} + d_{ijk}$$

em que: Y_{ijk} = performance média do k -ésimo indivíduo, do j -ésimo bloco, da i -ésima progênie; m = média geral da variável em análise; t_i = efeito aleatório da i -ésima progênie ($i = 1, 2, \dots, I$); b_j = efeito do j -ésimo bloco ($j = 1, 2, \dots, J$); e_{ij} = efeito da interação entre a i -ésima progênie do j -ésimo bloco, ou efeito ambiental da ij -ésima parcela; d_{ijk} = efeito do k -ésimo indivíduo dentro da ij -ésima parcela. Todos os efeitos do modelo foram assumidos como aleatórios, sendo que K é o número de árvores por progênie, J é o número de blocos, I é o número de progênies e \bar{K} é a média harmônica do número de árvores por parcela.

Das análises de variância, foram estimados os componentes: σ_p^2 = variância genética entre progênies; σ_e^2 = variância devido à interação entre progênies e repetições (ambiental); σ_d^2 = variância fenotípica dentro de progênies; σ_F^2 = variância fenotípica total ($\sigma_F^2 = \sigma_p^2 + \sigma_e^2 + \sigma_d^2$); a variância genética aditiva (σ_A^2) foi calculada com base na expressão: $\hat{\sigma}_A^2 = \hat{\sigma}_p^2 / \hat{r}_{xy}$, sendo r_{xy} a estimativa do coeficiente de parentesco ou co-variância genética aditiva entre plantas dentro de progênies. Como não existem estimativas do coeficiente de parentesco entre plantas dentro de progênies de polinização aberta para a presente espécie, população e evento reprodutivo, assumiu-se um coeficiente de coancestria (Θ_{xy}) de 0,221, conforme estimativa média calculada para diversas espécies arbóreas tropicais polinizadas por animais (Sebbenn, 2006), como *G. integrifolia*.

Assim, assumindo ausência de endogamia, o coeficiente de parentesco foi estimado por $r_{xy} = 2\Theta_{xy}$ e a variância genética aditiva por $\hat{\sigma}_A^2 = \hat{\sigma}_p^2 / 0,442$.

As definições e cálculos dos coeficientes de herdabilidade, coeficientes de variação e medidas de correlações entre caracteres seguem Namkoong (1979). Os coeficientes de herdabilidade em nível de plantas individuais (h_i^2), entre progênies (h_m^2), dentro de progênies (h_d^2) e coeficiente de variação genética ($CV_g\%$) foram estimados por:

$$\hat{h}_i^2 = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2}, \quad \hat{h}_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_p^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{J} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{\bar{K}}},$$

$$\hat{h}_d^2 = \frac{(1 - \hat{r}_{xy})\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_d^2}, \quad \text{e} \quad CV_g\% = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_p^2}}{\hat{m}} \cdot 100.$$

Sendo \hat{m} a estimativa da média do caráter.

As correlações genéticas entre os caracteres foram calculadas de acordo com a expressão:

$$\hat{r}_{g_{xy}} = \frac{\hat{\sigma}_{f_x f_y}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{f_x}^2 \hat{\sigma}_{f_y}^2}}$$

em que $r_{g_{xy}}$ é o coeficiente de correlação genética entre os caracteres; $\sigma_{f_x f_y}$ é o produto genético dos caracteres x e y ; $\sigma_{f_x}^2$, $\sigma_{f_y}^2$ são as variâncias genéticas entre progênies para os caracteres x e y , respectivamente.

O tamanho efetivo antes e após a seleção (N_e) foi estimado a partir do coeficiente de coancestria de grupo (Θ_{xy}) pela expressão:

$$\hat{N}_e = \frac{0,5}{\hat{\Theta}_{xy}} \quad (\text{Cockerham, 1969}).$$

O coeficiente de coancestria de grupo (Θ_{xy}) foi estimado por:

$$\hat{\Theta}_{xy} = \frac{0,5(1 + \hat{F}_p)mn + \hat{\Theta}_{xy}mn(n-1)}{(nm)^2} \quad (\text{Lindgren et al., 1996}),$$

em que n é o número de plantas por progênie (variando de 1 a 30), m é o número de progênies (25), F_p é o coeficiente de endogamia na geração parental, assumido como zero, e Θ_{xy} é o coeficiente de coancestria médio dentro de progênies, assumido como 0,221 (Sebbenn, 2006).

TABELA 1 – Quadrados médios, média e incremento médio anual (IMA) para DAP, altura (ALT), volume (VOL), forma do fuste (FOR) e sobrevivência (SOB) aos 20 anos de idade em teste de progênies de *Gallesia integrifolia* em Luiz Antônio, SP.

Fonte de Variação	Quadrados Médios				
	DAP (cm)	ALT (m)	VOL (m ³)	FOR	SOB (%)
Blocos	4,1151**	5,5345**	0,0052**	0,0056**	0,4659ns
Progênies	0,9601**	0,2240*	0,0003*	0,0004*	0,2247**
Resíduo	0,5536	0,6535	0,0012	0,0064	0,6616
Média	21,89	13,63	0,2381	1,34	87,60
IMA	1,09	0,68	0,0119	–	–

*: $P \leq 0,05$; **: $P \leq 0,01$; ns: não significativo.

O teste F da análise de variância detectou diferenças altamente significativas ($P \leq 0,001$) entre blocos para todos os caracteres avaliados, com exceção de sobrevivência (TABELA 1), demonstrando que o delineamento experimental utilizado foi adequado para controlar o ambiente. Igualmente, foram detectadas diferenças significativas entre progênies para todos os caracteres, indicando a existência de variabilidade genética para os caracteres quantitativos estudados. Este resultado sugere que a estratégia amostral foi efetiva para detectar a variabilidade genética da população, além de indicar a possibilidade de manipulação da variação genética pela seleção entre progênies.

3.2 Taxa de Crescimento

O incremento médio anual (IMA) estimado para os caracteres aos 20 anos de idade pode ser

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Sobrevivência e Variação Genética

A sobrevivência de plantas no ensaio (TABELA 1) foi alta aos 20 anos de idade (87,6%), sugerindo uma boa adaptação da população nas condições ambientais da Estação Experimental de Luiz Antônio. Estes valores são superiores em termos absolutos aos observados no mesmo local para as espécies *Cariniana legalis* aos 17 anos (85,7%; Sebbenn *et al.*, 2001b), *Balfourodendron riedelianum* aos 21 anos (81,5%; Sebbenn *et al.*, 2001b), *Cordia trichotoma* aos 19 anos (78,9%; Freitas *et al.*, 2006) e *Myracrodruon urundeuva* aos 17 anos de idade (74%; Freitas *et al.*, 2007).

considerado relativamente alto, em comparação ao crescimento observado em outras espécies arbóreas tropicais (TABELA 1). Por exemplo, os IMAs em DAP (1,09 cm) e em altura (0,68 m) são maiores do que os observados em procedências e progênies de *Myroxylon peruiferum* (DAP = 0,74 cm e altura = 0,50 cm, Sebbenn *et al.*, 1998) e progênies de *M. urundeuva* (DAP = 0,77 cm e altura = 0,68 cm; Freitas *et al.*, 2007). Em contrapartida, o resultado do IMA foi inferior ao observado em *C. legalis* e *C. trichotoma*, em que ambos os experimentos apresentaram DAP = 1,32 cm e altura = 1,17 cm, respectivamente para os trabalhos de Sebbenn *et al.* (2001b) e Freitas *et al.* (2006). Comparativamente a algumas espécies exóticas, o IMA de *G. integrifolia* foi superior em DAP e altura em relação à espécie *Cordia alliodora* (Sebbenn *et al.*, 2007a), mas inferior a *Eucalyptus resinifera* (Sato *et al.*, 2007).

Por outro lado, embora a espécie tenha uma alta taxa de sobrevivência e relativamente alta taxa de crescimento, a forma do fuste não é geralmente adequada para produção de madeira. Contudo, com exceção da forma, os outros caracteres são adequados para sua utilização em reflorestamentos ambientais, dada a alta taxa de adaptação e crescimento. Vale ressaltar que adaptação e crescimento são fortemente influenciados pelas condições ambientais.

3.3 Estimativas de Parâmetros Genéticos

Os coeficientes de variação genética (TABELA 2) variaram de baixos a relativamente altos. Valores baixos foram encontrados para forma do fuste e sobrevivência (1,41% e 0,54%, respectivamente), moderados para altura (3,47%) e relativamente altos para os caracteres DAP (6,75%) e volume real (7,7%).

Os resultados obtidos para esta população de *G. integrifolia* são comparáveis aos relatados a partir de estudos efetuados com outras espécies arbóreas, com pequenas variações entre os caracteres. Mostraram-se superiores para DAP e altura àqueles encontrados em *B. riedelianum* (3,98% e 1,02%; Sebbenn *et al.*, 2007b), *E. resinifera* (2,6% e 3,0%; Sato *et al.*, 2007), *E. camaldulensis* (5,39% e 3,36%; Moraes *et al.*, 2007) e *Pinus patula* ssp. *tecunumanii* (1,93% e 1,47%; Sebbenn *et al.*, 2005). Valores muito próximos foram detectados para *M. urundeuva* (6,33% para DAP; Freitas *et al.*, 2007). Os coeficientes de variação genéticos relativamente altos para DAP e volume reforçam os resultados da análise de variância, em que a estratégia amostral foi eficiente para reter grande parte da variabilidade genética existente na população original.

TABELA 2 – Estimativa de parâmetros genéticos para os caracteres DAP, altura (ALT), volume (VOL), forma do fuste (FOR) e sobrevivência (SOB) aos 20 anos de idade em teste de progênes de *Gallesia integrifolia* em Luiz Antonio, SP.

Parâmetros	DAP (cm)	ALT (m)	VOL (m ³)	FOR	SOB
Coeficiente de variação genética – CV_g (%)	6,75	3,47	7,70	1,41	0,54
Herdabilidade individual – h_i^2	0,0585	0,0740	0,0356	0,0124	–
Herdabilidade entre progênes – h_m^2	0,3884	0,3921	0,2534	0,0954	0,6709
Herdabilidade dentro de progênes – h_d^2	0,0407	0,0565	0,0256	0,0093	–

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade em nível de plantas individuais e dentro de progênes foram baixas para todos os caracteres, variando de 0,0093 a 0,0740 (TABELA 2). Em termos de conservação genética, estes resultados sugerem que estes caracteres têm baixo potencial genético nesta população para responder à seleção natural. Igualmente, em uma perspectiva de melhoramento florestal, tais resultados sugerem que a estratégia de seleção massal pode ser pouco efetiva para a capitalização de ganhos genéticos.

Por outro lado, o coeficiente de herdabilidade em nível de média de progênes foi relativamente alto para os caracteres de crescimento e para a sobrevivência (variando de 0,0954 e 0,6709), sugerindo considerável influência genética para estes caracteres. As progênes de *Gallesia integrifolia* apresentaram variação genética substancial para responder tanto à seleção natural como à seleção artificial. Isso se deve, provavelmente, ao fato de que os caracteres avaliados nesse trabalho não foram previamente selecionados na população e apresentam ampla base genética.

A alta herdabilidade média entre progênies observada para sobrevivência evidencia o forte controle genético dessa característica na população. Isto pode estar associado a algum processo de endogamia, como autofecundação ou cruzamento entre parentes e pode indicar que algumas das árvores matrizes que deram origem às sementes utilizadas neste ensaio apresentam maior carga genética, em termos de alelos letais. Não foram encontrados na literatura relatos de estudos de auto-incompatibilidade e da taxa de cruzamento nesta espécie. Entretanto, é possível que parte das sementes tenha sido produzida por autofecundação, sendo uma das causas da maior mortalidade em sementes de algumas progênies. Além disso, pode ter ocorrido o cruzamento entre parentes devido à presença de estrutura genética espacial. Populações naturais, geralmente apresentam algum grau de estruturação genética interna, devido à dispersão das sementes muitas vezes ocorrerem nas vizinhanças das árvores matrizes (Sebbenn, 2006).

O caráter forma do fuste apresentou baixos coeficientes de herdabilidade. A espécie apresenta uma forma muito ruim, com tronco acentuadamente tortuoso. A nota média da forma, em uma escala de um a cinco (melhor forma) foi de apenas 1,34 (TABELA 1), sendo uma característica natural desta espécie. Como não foi realizada nenhuma seleção massal na coleta das sementes, ou seja, estas não foram coletadas de árvores com boa ou má forma, em especial, as baixas herdabilidades refletem as condições naturais da população onde foi realizada a coleta de sementes. Possivelmente, essa característica tortuosidade representou no passado alguma vantagem evolutiva e por isso, o caráter foi praticamente fixado na população, reduzindo a variância genética aditiva. Isto pode explicar os baixos valores de herdabilidade observados para esse caráter.

3.4 Correlações Genéticas Entre Caracteres

As correlações genéticas foram positivas, relativamente altas e significativas entre os caracteres DAP e volume (0,98; $P < 0,01$) e altura e volume (0,62; $P < 0,01$), mostrando fortes efeitos pleiotrópicos entre estes caracteres ou efeito de ligação gênica entre os locos, controlando o desenvolvimento destes caracteres.

Portanto, a possibilidade de seleção em um caráter e a obtenção de ganhos indiretos em outro é relativamente alta, ou seja, tanto DAP como altura da árvore são bons preditores do desempenho em volume. Por outro lado, a correlação entre DAP e altura foi relativamente baixa e não significativa (0,37; $P > 0,05$), embora positiva. Isso sugere que tanto o DAP como a altura não são bons preditores para ganhos indiretos. Em geral, o observado em espécies arbóreas são altas correlações genéticas entre DAP e altura. No presente trabalho, a acentuada tortuosidade do fuste pode ser a causa da alteração da relação hipsométrica usualmente observada em plantas arbóreas.

3.5 Tamanho Efetivo e Perspectiva para a Produção de Sementes

Duas informações fundamentais na conservação *ex situ* de populações são o coeficiente médio de coancestria entre plantas (Θ_{xy}) e o tamanho efetivo (N_e) retido no teste de progênies. O coeficiente médio de coancestria indica o nível de endogamia que pode ser gerado na população por cruzamentos aleatórios, enquanto o tamanho efetivo indica o potencial evolutivo da população conservada. O coeficiente médio de coancestria estimado na população foi menor do que 1% (0,009; FIGURA 1), sugerindo que sob cruzamentos aleatórios pode se esperar pouca endogamia nas sementes deste banco. O tamanho efetivo, por sua vez, indicou que as 657 árvores do teste de progênies representam 55 árvores não endogâmicas e parentes entre si (FIGURA 2). A baixa relação N_e/n ($55/657 = 0,08$) é normal para estrutura de progênies, principalmente considerando o alto coeficiente de coancestria assumido dentro de progênies (0,221). O potencial evolutivo de um tamanho efetivo de 55 plantas não endogâmicas e parentes é considerado razoável para a conservação a curto prazo (10 gerações) em espécies em gerações discretas (Frankel & Soulé, 1981). Contudo, para espécies com sobreposição de gerações, como as arbóreas, é necessário um tamanho efetivo de 150 árvores para atender os objetivos de conservação a curto prazo.

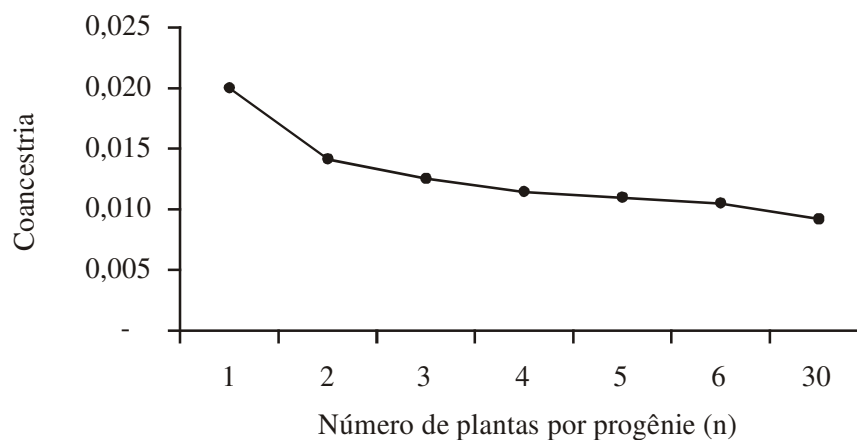


FIGURA 1 – Estimativa do coeficiente de coancestria para diferentes situações de seleção de árvores dentro de parcelas em teste de progênies de *Galesia integrifolia* na Estação Experimental de Luiz Antônio.

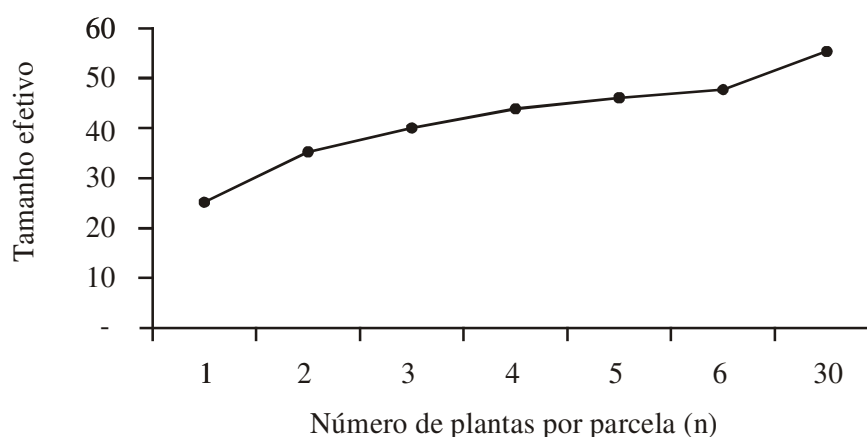


FIGURA 2 – Estimativa do tamanho efetivo para diferentes situações de seleção de árvores dentro de parcelas em teste de progênies de *Galesia integrifolia* na estação Experimental de Luiz Antônio.

A propagação, tanto via sementes como via propágulos vegetativos de material genético submetido à conservação, aumenta a chance de efetivamente conservar-se o material. Dentro desse contexto, a utilização de bancos para a conservação genética e produção de sementes é fundamental. No entanto, não é recomendada a coleta de sementes em testes de progênies sem prévia seleção (desbaste), para evitar endogamia biparental nas sementes, advinda do cruzamento entre árvores irmãs dentro das parcelas. Cruzamentos biparentais podem aumentar substancialmente o coeficiente de endogamia nas sementes. Por isso, neste trabalho,

simulou-se o desbaste tanto dentro como entre as parcelas. Dentro das parcelas foi selecionada uma única planta e entre parcelas, de uma a seis parcelas. O último ponto na FIGURA 1 refere-se ao teste sem o desbaste. O coeficiente de coancestria reduziu de aproximadamente 2% para 1,1% com a seleção de uma planta em cada parcela. Por sua vez, o tamanho efetivo aumentou de 25 para 47 árvores. O primeiro caso indicou que as 25 árvores mantidas na seleção corresponderiam a 25 árvores não parentes e endogâmicas e, no segundo caso, que as 150 árvores (25 x 6 repetições) corresponderiam a 55 árvores não parentes e endogâmicas.

Assim, a melhor estratégia seria a escolha da última situação, ou seja, a seleção de uma planta de cada progênie em cada parcela, procurando evitar parcialmente o cruzamento entre parentes e manter maior tamanho efetivo. Para fins de conservação, a seleção dentro das parcelas poderia ser aleatória. Portanto, o presente banco poderia ser usado para a produção de sementes com relativamente ampla base genética para recuperação ambiental.

4 CONCLUSÕES

1. Existe variação genética entre progênies na população para crescimento, forma do fuste e adaptação;
2. Os caracteres DAP, altura, volume e sobrevivência apresentam controle genético substancial;
3. Existem altas correlações genéticas entre os caracteres DAP e volume e entre altura e volume;
4. As estimativas do tamanho efetivo indicam que o teste de progênies retém um tamanho efetivo abaixo do ideal para uma espécie arbórea. Contudo, se submetido a um desbaste, poderia produzir sementes para a recuperação ambiental com baixos níveis de endogamia.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CARVALHO, P. E. R. **Espécies florestais brasileiras: recomendações silviculturais, potencialidade e uso da madeira.** Colombo: EMBRAPA-CNPQ; Brasília, DF: EMBRAPA-SPI, 1994. 640 p.

COCKERHAM, C. C. Variance of gene frequencies. **Evolution**, Lancaster, v. 23, n. 1, p. 72-84, 1969.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics.** Harlow: Longman Scientific & Technical, 1997. 469 p.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS - FAO. **Panel of experts on forest gene resources.** Ninth Session. Roma, 1996. 64 p.

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

FREITAS, M. L. M. *et al.* Formação de pomar de sementes a partir da seleção dentro de teste progênies de *Myracrodruon urundeuva*. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 19, n. 2, p. 65-72, 2007.

_____. Parâmetros genéticos em progênies de polinização aberta de *Cordia trichotoma* (Vell.) ex. Steud. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 18, n. único, p. 95-102, 2006.

GURGEL-GARRIDO, L. M. A. *et al.* Programa de melhoramento genético florestal do Instituto Florestal de São Paulo (Acervo). **IF Sér. Reg.**, São Paulo, n. 18, p. 1-53, 1997.

LINDGREN, D.; GEA, L.; JEFFERSON, P. Loss of genetic diversity by status number. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 45, p. 52-59, 1996.

MORAES, M. A. *et al.* Variação genética para caracteres silviculturais em progênies de polinização aberta de *Eucalyptus camaldulensis* em Luiz Antônio, SP. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 19, n. 2, p. 113-118, 2007.

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

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

SATO, A. S. *et al.* Seleção dentro de progênies de *E. resinifera* aos 21 anos de idade em Luiz Antonio-SP. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 19, n. 2, p. 93-100, 2007.

SEBBENN, A. M. *et al.* Results of an international provenance trial of *Cordia alliodora* in São Paulo, Brazil at a five and 23 years of age. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 56, n. 3-4, p.110-117, 2007a.

_____. Conservação *ex situ* e pomar de sementes em banco de germoplasma de *Balfourodendron riedelianum*. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 19, n. 2, p. 101-112, 2007b.

_____. *Ex situ* genetic conservation of tree species at the São Paulo Forest Institute, Brazil. **Forest Genetic Resources**, Roma, v. 29, p. 27-33, 2001a.

FREITAS, M. L. M. *et al.* Variação genética para caracteres quantitativos em população de *Gallesia integrifolia* (Spreng.) Harms.

SEBBENN, A. M. *et al.* Depressão por endogamia em populações de jequitibá-rosa. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 13, n. 1, p. 61-81, 2001b.

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, 121-134, 2001c.

SEBBENN, A. M. *et al.* Variação genética em procedências e progênies de *Pinus patula* ssp. *tecunumanii* no noroeste do Estado de São Paulo. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 17, n. 1, p. 1-15, 2005.

SEBBENN, A. M. Sistema de reprodução em espécies arbóreas tropicais e suas implicações para a seleção de árvores matrizes para reflorestamentos ambientais. In: HIGA, A. R.; SILVA, L. D. **Pomares de sementes de espécies florestais nativas**. Curitiba: FUPEF, 2006. p. 93-138.

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.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.