

**CONSERVAÇÃO *EX SITU* E POMAR DE SEMENTES  
EM BANCO DE GERMOPLASMA DE *Balfourodendron riedelianum*\***

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

**RESUMO**

A conservação *ex situ* tem sido adotada como uma estratégia para preservar populações de espécies em risco de extinção. Os objetivos deste trabalho foram investigar a variação genética para caracteres quantitativos e a seleção dentro de progênies, em um banco de conservação *ex situ* de *Balfourodendron riedelianum*, implantado na Estação Experimental de Luiz Antônio na forma de teste de procedências e progênies. O delineamento adotado foi o de blocos de famílias compactas, com 3 procedências, 19 progênies por procedência, 6 repetições e 5 plantas por subparcelas. O teste foi mensurado aos 21 anos de idade para o DAP, altura, forma do fuste, volume e sobrevivência. Foram detectadas diferenças significativas entre procedências para DAP, forma do fuste e volume, e entre progênies dentro de procedências para DAP, altura e volume. As estimativas da diferenciação genética entre e dentro de procedências indicou que a maior parte da variação genética (> 95%) se encontra dentro de procedências. Os coeficientes de herdabilidade em nível de plantas individuais e dentro de progênies foram baixos para os caracteres (variando de 0,001 a 0,067), sugerindo baixo potencial para a seleção massal no experimento ou dentro de progênies. O coeficiente de herdabilidade em nível de média de progênies foi substancial para DAP (0,290) e volume (0,331), sugerindo que as procedências têm variação herdável para responder à seleção natural. A estimativa do número *status* para o conjunto das procedências foi alta, tanto antes ( $N_s = 124,3$ ) como após a seleção ( $N_s = 106,9$ ), indicando que um alto potencial evolutivo foi retido no banco de germoplasma e será mantido após a seleção. Os resultados também sugerem que sementes colhidas no pomar proposto conterão alta variabilidade genética e baixa endogamia.

Palavras-chave: espécies arbóreas tropicais; parâmetros genéticos; teste de procedências e progênies; variabilidade genética.

**ABSTRACT**

*Ex situ* conservation has been adopted as a strategy to preserve species populations under extinction risk. The aims of this work were to investigate the genetic variation for quantitative traits and the selection within progenies, in a *Balfourodendron riedelianum ex situ* conservation bank, established at the Luiz Antônio Experimental Station in a provenance and progeny test scheme. A compact family block design was adopted, with 3 provenances, 19 progenies per provenance, 6 replicates and 5 plants per subplot. The trial was measured at 21 years of age for DBH, height, stem form, volume and survival. Significant differences among provenances for DBH, stem form and volume, and among progenies within provenances for DBH, height and volume were detected. The estimative of genetic differentiation among and within provenances indicated that large part of genetic variation (> 95%) is found within provenances. The coefficient of heritability at individual level and within progenies were low for the traits (ranging from 0.001 to 0.067), suggesting low potential for massal selection in the trial and within progenies. The coefficient of heritability, at progeny level, was substantial for DBH (0.290) and volume (0.331), indicating that the provenances have inheritable variation to respond for natural selection. The estimative of the *status* number was high in both before ( $N_s = 124.3$ ) and after selection ( $N_s = 106.9$ ), indicating that high evolutive potential was retained in the germplasm bank and will be retained after the selection. The results also suggest that the seeds harvested in the proposed seed-orchard would contain high genetic variability and low inbreeding.

Key words: tropical tree species; genetic parameters; provenance and progeny test; genetic variability.

(\*) Aceito para a publicação em outubro de 2007.

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

(\*\*\*) Graduada em Agronomia, Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira/UNESP, Caixa Postal, 31, 15385-000, Ilha Solteira, São Paulo, Brasil.

## 1 INTRODUÇÃO

A intensa fragmentação da paisagem do Sudeste brasileiro e de outras regiões do país colocou muitas espécies arbóreas em risco de extinção. A fragmentação reduz o tamanho das populações, a densidade populacional, aumenta a distância entre coespecíficos e pode extinguir populações. Isso causa a perda de alelos, em especial dos raros, reduz a heterozigosidade, isola reprodutivamente populações e indivíduos, reduz o fluxo gênico, aumenta a diferenciação genética entre populações, o parentesco e a endogamia, e reduz o tamanho efetivo das populações remanescentes (Young *et al.*, 1996; Nason & Hamrick, 1997; Young & Boyle, 2000). Esses efeitos são ainda mais pronunciados em espécies arbóreas que ocorrem nos trópicos, visto que a grande maioria ocorre em baixa densidade populacional, em menos de uma árvore/ha (Nason & Hamrick, 1997).

Dentre as muitas espécies arbóreas brasileiras ameaçadas de extinção, tem-se o *Balfourodendron riedelianum* (Engler) Engler (*Rutaceae*) ou pau-marfim (Food and Agriculture Organization of the United Nations - FAO, 1996). A espécie apresenta ampla distribuição geográfica [latitudes 10° 50' S (BA) a 29° 40' S (RS)], habita principalmente a Floresta Estacional Semidecidual Submontana, onde ocupa o extrato superior, a Floresta Estacional Decidual e Floresta Ombrófila Mista (Floresta de Araucária), entre as altitudes de 80 a 1.000 m. Apresenta, comumente, altura de 15 a 25 m e DAP de 30 a 50 cm, podendo atingir 35 metros de altura e 100 cm de DAP. Seu tronco é reto e cilíndrico, levemente tortuoso e o fuste atinge até 15 m de altura. As flores são hermafroditas, polinizadas por pequenos insetos. No grupo sucessional, a espécie é classificada como secundária tardia. Seu hábito de crescimento é monopodial na fase jovem, mesmo a pleno sol, apresentando fuste bem definido; após o corte a cepa tem a capacidade de regeneração por rebrota. A árvore é usada como ornamental e para reflorestamentos em matas ciliares. Sua madeira é considerada nobre, sendo muito utilizada na marcenaria (Carvalho, 1994).

A conservação *ex situ* tem sido adotada como uma estratégia para preservar populações de espécies da extinção. Bancos de germoplasma têm sido implantados em forma de testes de procedências e progênies em diversas instituições brasileiras, com destaque para o Instituto Florestal de São Paulo, onde atualmente 24 espécies arbóreas de ocorrência no território brasileiro estão sendo conservadas *ex situ* (Gurgel Garrido *et al.*, 1997; Sebbenn *et al.*, 2001a).

Avaliações periódicas da variação genética nos bancos, a partir da estimativa de parâmetros genéticos para caracteres quantitativos, revelaram que importante variação foi retida e que as estratégias de amostragem de germoplasma têm sido eficientes para preservar essas populações da extinção (Siqueira *et al.*, 1993; 1999; 2000; Etori *et al.*, 1996; 1999; Sebbenn *et al.*, 2001a; 2003; 2004; Freitas *et al.*, 2006; 2007). Contudo, a conservação *ex situ* por si só não garante a conservação das espécies. Catástrofes naturais, como, por exemplo, incêndios, podem causar a perda dos bancos genéticos. Portanto, é fundamental recombinar essa variação genética em pomares de sementes e expandi-la através de reflorestamentos ambientais. Tal estratégia garante maior conservação dessas espécies.

A transformação de testes de procedências e progênies em pomares de sementes por mudas é uma estratégia comum e eficiente em programas de melhoramento florestal para a produção de sementes melhoradas a curto prazo. Nesse caso, as melhores árvores das melhores procedências e progênies são selecionadas para compor a população de recombinação nos pomares. A recombinação, a partir de cruzamentos entre esses indivíduos selecionados, dá origem a sementes com qualidade genética superior para os caracteres usados na seleção. A transformação de bancos de germoplasma em pomares de sementes constitui-se uma estratégia eficiente para expandir a variação genética retida nos bancos, a partir da utilização de suas sementes em reflorestamentos ambientais, contribuindo para a preservação das espécies na natureza. Contudo, diferente das estratégias de seleção utilizadas no melhoramento florestal, que visam à seleção de árvores superiores para caracteres de interesse econômico, portanto, restringindo e direcionando a base genética no sentido desejado, a seleção em bancos de germoplasma deve ser realizada em baixa intensidade e apenas dentro de procedências e/ou progênies. Assim, a variabilidade genética retida nos bancos será mantida, recombinada durante o processo de reprodução e expandida a partir de reflorestamentos realizados com sementes do pomar. Em bancos implantados em forma de testes de procedências e progênies, utilizando várias plantas por parcela, a seleção deve ser realizada dentro das parcelas, a fim de reduzir o parentesco dentro das parcelas, evitando o cruzamento entre irmãos e a geração de endogamia biparental na geração descendente (sementes do pomar).

Algumas vantagens de produzir sementes em pomares são a ampla base genética que pode ser gerada pela recombinação do material, a facilidade de coleta, o controle da genealogia do material, a facilidade de se realizar tratamentos culturais e a possibilidade de certificação das sementes.

Os objetivos principais deste trabalho foram estimar parâmetros genéticos para caracteres de crescimento, forma e adaptação, em um teste de procedências e progênie de *B. riedelianum* implantado na Estação Experimental de Luiz Antônio, do Instituto Florestal de São Paulo, e apresentar um esquema de seleção de genótipos para transformar o ensaio em um pomar de sementes por mudas. Adicionalmente, possibilitou também averiguar: *i*) a distribuição da variação genética entre e dentro das procedências e progênes; *ii*) o comportamento silvicultural da espécie no local de experimentação; *iii*) o potencial evolutivo da população a partir de caracteres quantitativos.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1 Local de Estudo

Em 1984, o Instituto Florestal de São Paulo implantou um banco de germoplasma de *B. riedelianum* em forma de teste de procedências e progênes na Estação Experimental de Luiz Antonio, SP, com o intuito de conservar *ex situ* algumas populações da espécie. A Estação Experimental de Luiz Antonio localiza-se na latitude de 21° 40' S, longitude de 47° 49' W e altitude de 550 m. A precipitação média anual é de 1.365 mm, o solo é do tipo Latossolo Vermelho Amarelo, fase arenosa e Latossolo Vermelho. O clima é do tipo Cwa, segundo Ventura *et al.* (1965/66).

### 2.2 Delineamento Experimental

O delineamento experimental adotado foi o de blocos de famílias compactas (*Compact family block design*, Wright, 1978), sendo que nas parcelas se alocaram as procedências e nas subparcelas as progênes. Foram testadas três procedências: Alvorada do Sul-PR, Gália-SP e Bauru-SP. De cada procedência foram amostradas e plantadas sementes de polinização aberta de 19 árvores matrizes. No experimento, foram utilizados seis blocos, com subparcelas lineares de cinco plantas, no espaçamento de 3,0 x 3,0 m e uma bordadura externa de duas linhas.

### 2.3 Mensuração do Ensaio

O ensaio foi mensurado aos 21 anos de idade (2005) para os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (h), forma do fuste (variando de 1 – fuste muito tortuoso e bifurcado a 5 – fuste reto sem bifurcação, danos e doenças), volume e sobrevivência. Os valores da forma do fuste e sobrevivência foram transformados por raiz quadrada, para análise de variância. O volume cilíndrico individual foi calculado conforme expressão  $V_c = (\pi DAP^2 / 4)h$ .

### 2.4 Análises de Variância

As análises de variância, para verificar se existiam diferenças estatisticamente significativas entre as procedências e progênes dentro de procedências para os caracteres avaliados, foram realizadas utilizando-se o procedimento GLM do programa SAS (SAS, 1999). Para a estimativa de componentes de variância, empregou-se o procedimento VARCOMP associado ao método REML (*Restricted Maximum Likelihood*) do programa estatístico SAS (SAS, 1999). O método REML foi adotado para estimar os componentes da variância devido ao número desigual de árvores sobreviventes por subparcelas. O seguinte modelo estatístico foi adotado para estimar os componentes de variância:

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

em que,  $Y_{ijkl}$  é o valor fenotípico do  $l$ -ésimo indivíduo da  $k$ -ésima progênie da  $j$ -ésima procedência na  $i$ -ésima repetição;  $\mu$  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 procedência;  $f_{j:k}$  é o efeito aleatório da  $k$ -ésima progênie na  $j$ -ésima procedência;  $(tb)_{ij}$  é o efeito da interação entre a  $j$ -ésima procedência e a  $i$ -ésima repetição;  $(fb)_{j:ki}$  é o efeito da interação entre a  $k$ -ésima progênie da  $j$ -ésima procedência e a  $i$ -ésima repetição;  $e_{ijk}$  é o efeito da  $l$ -ésima árvore dentro da  $k$ -ésima progênie da  $j$ -ésima procedência 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 procedências);  $k = 1 \dots f$  ( $f$  é o número de progênes por procedência);  $l = 1 \dots n$  ( $n$  é o número de plantas por progênie). Com exceção da média, todos os efeitos foram assumidos como aleatórios. A variância fenotípica dentro das subparcelas foi obtida pela média ponderada dos quadrados médios dentro das subparcelas.

## 2.5 Estimativa de Componentes de Variância

Os componentes da variância obtidos pela decomposição dos quadrados médios da análise de variância foram:  $\sigma_p^2$  = variância genética entre procedências;  $\sigma_{p(p)}^2$  = variância genética entre progênies dentro de procedências;  $\sigma_e^2$  = variância da interação entre blocos e progênies dentro de procedência (variância ambiental);  $\sigma_d^2$  = variância fenotípica dentro de progênies. A variância fenotípica dentro de procedências foi estimada por  $\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_{p(p)}^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2$  e a variância genética aditiva foi estimada por  $\hat{\sigma}_A^2 = \hat{\sigma}_{p(p)}^2 / \hat{r}_{xy}$ , sendo  $r_{xy}$  a estimativa do coeficiente de parentesco ou covariância genética aditiva entre plantas dentro de progênies, assumido como 0,440, conforme estimativa do coeficiente de coancestria médio obtido a partir de diversas espécies arbóreas tropicais (Sebbenn, 2006).

## 2.6 Estimativa de Parâmetros Genéticos

Dos componentes de variância foram estimadas a divergência genética entre procedências ( $Q_{ST}$ ) e a divergência genética entre progênies dentro de procedências ( $Q_{p(p)}$ ):

$$\hat{Q}_{ST} = \frac{\hat{\sigma}_p^2}{\hat{\sigma}_d^2 + \hat{\sigma}_{p(p)}^2 + \hat{\sigma}_p^2}, \quad \hat{Q}_{p(p)} = \frac{\hat{\sigma}_{p(p)}^2}{\hat{\sigma}_d^2 + \hat{\sigma}_{p(p)}^2 + \hat{\sigma}_p^2}.$$

Os cálculos do coeficiente de variação genética, herdabilidades e ganhos esperados pela seleção foram estimados com base Namkoong (1979). O coeficiente de variação genética ( $CV_g$ ) foi estimado por:

$$CV_g = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_{p(p)}^2}}{\bar{x}} \times 100,$$

em que,  $\bar{x}$  é a média do caráter. Os coeficientes de herdabilidade em nível de plantas individuais ( $h_i^2$ ),

média de progênies ( $h_m^2$ ) e dentro de progênies ( $h_d^2$ ) foram estimados por:

$$\hat{h}_i^2 = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_F^2}, \quad \hat{h}_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_{p(p)}^2}{\frac{\hat{\sigma}_d^2}{nb} + \frac{\hat{\sigma}_{eA}^2}{b} + \hat{\sigma}_{p(p)}^2}, \quad \hat{h}_d^2 = \frac{(1 - \hat{r}_{xy})\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_d^2}.$$

A resposta esperada pela seleção foi estimada apenas para a seleção dentro de progênies, visto que o principal objetivo do ensaio é a conservação *ex situ* das populações da espécie. Contudo, a coleta de sementes do banco permite distribuir a variação genética conservada *ex situ* em diversos plantios, garantindo ainda mais a conservação das populações da espécie. Mas, para a produção de sementes no ensaio, é necessário reduzir o parentesco dentro das subparcelas a zero, para evitar o cruzamento entre parentes. Como cada subparcela é formada por cinco plantas irmãs, foi selecionada apenas uma para fazer parte da população de recombinação no pomar. Assim, restariam seis plantas por progênies (irmãos) após a seleção, uma em cada subparcela. A resposta à seleção dentro de progênies ( $R_d$ ) foi estimada por:

$$\hat{R}_d = i_d \hat{\sigma}_d \hat{h}_d^2,$$

em que,  $i_d$  é a intensidade de seleção em unidade de desvio-padrão, aplicada entre e dentro de progênies e  $\hat{\sigma}_d$  é o desvio-padrão da variância fenotípica dentro de progênies. A seleção dentro das subparcelas foi realizada utilizando-se uma intensidade de seleção de 20% ( $i_d = 1,2711$ ), ou seja, uma planta de cada subparcela. Assim, reduz-se a zero o parentesco dentro das subparcelas e a possibilidade de geração de endogamia biparental. A resposta à seleção em porcentagem [ $\hat{R}(\%)$ ] foi estimada por:

$$\hat{R}(\%) = \frac{\hat{R}}{\bar{x}} 100$$

em que,  $\bar{x}$  é a média do caráter.

## 2.7 Coancestria de Grupo e Número Status

O coeficiente de coancestria de grupo e o número *status* foram estimados antes e após a seleção de 20% das plantas dentro de progênies. O coeficiente de coancestria de grupo ( $\Theta_{xy}$ ) foi estimado para cada procedência individualmente e, posteriormente, somado entre as procedências. Para essa estimativa, assumiu-se que a coancestria entre plantas de diferentes progênies era zero ( $\theta_{xy} = 0$ ) e que o coeficiente de coancestria dentro de progênies se encontrava entre o esperado em meios-irmãos e irmãos-completos. Atribuiu-se o valor médio (0,220) estimado para uma média de 30 espécies arbóreas (Sebbenn, 2006). O coeficiente de coancestria de grupo ( $\Theta_{xy}$ ) foi calculado pela expressão:

$$\hat{\Theta}_{xy} = \frac{[mn0,5(1+F) + \hat{\theta}_{xy}mn(n-1)]}{(mn)^2},$$

sendo  $F$  o coeficiente de endogamia na população parental, assumido como zero, e  $m$  e  $n$  o número de progênies e o número de plantas selecionadas por progênies, respectivamente. Do coeficiente  $\Theta_{xy}$  estimou-se o número *status* ( $N_s$ ) da população de recombinação após a seleção por:

$$N_s = \frac{0,5}{\hat{\Theta}_{xy}} \quad (\text{Lindgren } et al., 1996).$$

O número *status* refere-se ao número de indivíduos de uma população de cruzamentos aleatórios, sem endogamia e parentesco, correspondente à população sob consideração (Lindgren *et al.*, 1996).

## 3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

### 3.1 Experimentação e Variação entre Procedências e Progênies

O teste F da análise de variância detectou diferenças significativas para o efeito de blocos para os caracteres altura e forma do fuste (TABELA 1), indicando que a adoção do delineamento experimental, baseado em blocos ao acaso, foi eficiente para controlar o ambiente, garantindo homogeneidade ambiental dentro dos blocos. O teste F da análise de variância também revelou diferenças significativas entre procedências para os caracteres DAP, forma do fuste e volume, sugerindo que existe variação genética entre as procedências conservadas *ex situ*. Diferenças significativas foram também observadas entre progênies dentro de procedências para os caracteres DAP, altura e volume, indicando que parte da variação genética intrapopulacional destas procedências foi retida no banco. Em termos de melhoramento genético, esses resultados sugerem que ganhos genéticos para os caracteres que apresentaram diferenças significativas podem ser capitalizados pela seleção da melhor procedência e das melhores progênies dentro da melhor procedência. Quanto à conservação genética, os resultados indicaram que a variação genética existente entre e dentro de procedências foi conservada no presente banco de germoplasma.

O caráter sobrevivência não apresentou diferenças significativas, indicando que a mortalidade no ensaio foi aleatória e não está associada especificamente a nenhuma procedência ou progênie.

TABELA 1 – Resultados da análise de variância (graus de liberdade e quadrados médios) para os caracteres DAP, altura, forma do fuste, volume e sobrevivência (Sobrev) em procedências e progênies de *B. riedelianum*, em Luiz Antônio–SP.

Fonte de variação	GL	DAP (cm)	Altura (m)	Forma do fuste	Volume (m <sup>3</sup> /árvore)	Sobrev (%)
Blocos	5	22,5856	23,6758*	0,5019**	0,0790	0,0209
Procedências	2	159,4406**	11,5858	0,5384**	0,4450**	0,0081
Progênies/procedência	54	24,9398**	8,2509*	0,0703	0,8067**	0,0101
Resíduo	272	22,1075	7,1887	0,0862	0,0679	0,0103
Dentro	1392	12,2884	4,9958	0,0591	0,0434	–

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

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

### 3.2 Diferenciação Genética Entre e Dentro de Procedências

Embora tenham sido detectadas diferenças significativas entre procedências e progênies dentro de procedências, as estimativas da diferenciação genética entre procedências (TABELA 2) e entre progênies dentro de procedências foram baixas, variando entre os caracteres de 0,6% a 3,4%. Portanto, 95% da variação total (variação genética entre procedências e entre progênies, mais a variação fenotípica dentro de progênies) estava distribuído dentro de progênies. Essa variação dentro de progênies é composta por um componente genético aditivo,

um componente genético de dominância e um micro-ambiental entre plantas dentro de progênies. Infelizmente, com base no presente delineamento experimental, não é possível isolar o componente genético existente entre plantas dentro de progênies do componente micro-ambiental para se estimar quanto da variação genética total está distribuída entre plantas dentro de progênies. Contudo, esse padrão de baixa variação genética entre procedências e entre progênies, e alta variação fenotípica dentro de progênies, está dentro do padrão de variação observado para outras espécies arbóreas estudadas por caracteres quantitativos (Sebbenn *et al.*, 2003; 2004; 2007).

TABELA 2 – Estimativa da divergência genética entre e dentro de procedências de *B. riedelianum*, em Luiz Antônio–SP.

Parâmetros	DAP (cm)	Altura (m)	Forma do fuste	Volume (m <sup>3</sup> /árvore)
Diferenciação entre procedências – $Q_{ST}$	0,020	0,006	0,018	0,021
Diferenciação entre progênies/procedência – $Q_{P/P}$	0,028	0,009	0,001	0,034

### 3.3 Comportamento Silvicultural

A diferença na performance dos caracteres entre as procedências foi baixa (TABELA 3). O crescimento médio em altura foi praticamente o mesmo para todas as procedências. A sobrevivência foi similar, variando de 79,3 a 83,2% entre as procedências. Para os caracteres DAP e volume, a procedência Bauru apresentou o maior crescimento, em comparação com as duas outras procedências, mas a diferença é pequena, máximo de 14% para crescimento em volume entre a procedência Alvorada do Sul e Bauru. A melhor forma do fuste foi observada na procedência Gália e a pior na Bauru.

Comparando-se o incremento médio anual - IMA dos caracteres no experimento de *B. riedelianum* com outras espécies arbóreas nativas crescendo na mesma Estação Experimental e com idades ao redor de 21 anos (TABELA 3), verifica-se que, em geral, *B. riedelianum* apresenta uma performance silvicultural melhor do que

*Myracrodruon urundeuva*, mas inferior ao observado em *Cordia trichotoma* e *Cariniana legalis*. *B. riedelianum* tem em média IMA em DAP (1,00 cm), altura (0,72 m) e volume (0,019 m<sup>3</sup>/árvore) maior do que o observado em *M. urundeuva* (DAP = 0,77 cm; altura = 0,68 m; e volume = 0,009 m<sup>3</sup>/árvore). A média da forma do fuste de *B. riedelianum* (1,94) é também melhor do que a detectada em *M. urundeuva* (1,40) e a sobrevivência de *B. riedelianum* aos 21 anos (81,5%) foi também superior à observada em *M. urundeuva* aos 17 anos de idade (74%). Por outro lado, *B. riedelianum* tem IMA em DAP e altura menor do que o observado em *C. trichotoma* e *C. legalis*. A forma do fuste de *B. riedelianum* foi similar à observada em *C. legalis*, mas muito inferior ao observado em *C. trichotoma*, esta última também apresentou IMA em volume (0,030 m<sup>3</sup>/árvore) muito superior ao observado em *B. riedelianum*. A sobrevivência de *B. riedelianum* foi superior a *C. trichotoma*, mas inferior a observada em *C. legalis*.

Comparando-se o IMA dos caracteres de *B. riedelianum* com aquele observado em espécies arbóreas exóticas em desenvolvimento na Estação Experimental de Luiz Antônio, também com idades ao redor de 21 anos (TABELA 3), verifica-se que, em geral, *B. riedelianum* apresenta uma performance silvicultural muito superior ao observado em *Cordia alliodora*, e inferior ao observado em *Araucaria cunninghamii* e *Eucalyptus resinifera*. O IMA em DAP, altura e volume de *B. riedelianum* foi 49, 47 e 68% superior ao observado em *C. alliodora*. Contudo, a forma do fuste e a sobrevivência foram maiores em *C. alliodora* do que em *B. riedelianum*. O IMA para DAP de *A. cunninghamii* foi similar ao observado em *B. riedelianum*, mas em altura e volume foi muito superior. Ainda, a forma do fuste de *A. cunninghamii* e a sobrevivência superam em muito àquelas observadas em *B. riedelianum*. Em comparação a *E. resinifera*, *B. riedelianum* tem uma performance muito inferior para todos os caracteres comparados. Em suma, *B. riedelianum* geralmente tem uma performance silvicultural muito melhor do que o observado em *M. urundeuva* e *C. alliodora*, mas inferior ao observado em *C. trichotoma*, *C. legalis*, *A. cunninghamii* e *E. resinifera*.

Este experimento foi avaliado pela última vez aos 11 anos de idade (Siqueira *et al.*, 2000). Nesse estudo, os autores relataram uma sobrevivência no ensaio de 85,8% aos quatro anos de idade, 85,1% aos nove anos e 83,5% aos 11 anos. Comparados aos 83,2% observados aos 21 anos, verifica-se que a mortalidade se manteve praticamente estável nos últimos 17 anos e que foi maior nos quatro primeiros anos de plantio. A origem dessa mortalidade pode ser genética, devido à depressão endogâmica, às doenças, problemas na formação das mudas, plantio ou à predação. Não existem estudos do sistema de reprodução, estrutura genética espacial ou sobre os efeitos da endogamia (depressão endogâmica) na espécie. Contudo, espécies arbóreas tropicais, em geral, têm alta taxa de cruzamentos, as populações são geneticamente estruturadas no espaço, o que permite a ocorrência de cruzamentos entre parentes e desencadeia a depressão endogâmica (Sebbenn, 2006). Isso poderia explicar parte da mortalidade observada nos primeiros anos de experimentação. Indivíduos endogâmicos seriam eliminados do plantio devido à expressão de genes letais ou semiletais.

TABELA 3 – Médias dos caracteres DAP, altura, forma do fuste, volume cilíndrico e sobrevivência em procedências e progênies de *B. riedelianum* em Luiz Antônio–SP.

Amostra	Idade (anos)	DAP (cm) [IMA]	Altura (m) [IMA]	Forma do fuste	Volume (m <sup>3</sup> /árvore) [IMA]	Sobrevivência (%)
<i>B. riedelianum</i>						
Media geral do experimento	21	15,2 [1,00]	20,9 [0,72]	1,94	0,407 [0,019]	81,5
Progênies/Alvorada do Sul	21	14,6 [1,00]	21,0 [0,69]	1,97	0,374 [0,018]	81,9
Progênies/Gália	21	15,4 [0,99]	20,8 [0,73]	2,02	0,415 [0,020]	79,3
Progênies/Bauru	21	15,6 [0,99]	21,0 [0,74]	1,83	0,434 [0,021]	83,2
Espécies nativas						
<i>Cordia trichotoma</i> <sup>a</sup>	19	25,0 [1,32]	22,1 [1,17]	3,30	1,055 [0,030]	78,9
<i>Cariniana legalis</i> <sup>b</sup>	17	13,5 [1,32]	12,3 [1,17]	1,92	0,176 [0,010]	85,7
<i>Myracrodruon urundeuva</i> <sup>c</sup>	17	13,1 [0,77]	11,5 [0,68]	1,40	0,155 [0,009]	74,0
Espécies exóticas						
<i>Araucaria cunninghamii</i> <sup>d</sup>	20	19,2 [0,96]	19,7 [0,98]	3,26	0,570 [0,053]	86,7
<i>Eucalyptus resinifera</i> <sup>e</sup>	21	38,6 [1,84]	22,5 [1,07]	–	2,633 [0,125]	–
<i>Cordia alliodora</i> <sup>f</sup>	23	11,7 [0,51]	8,8 [0,38]	1,98	0,096 [0,006]	88,7

a: Freitas *et al.* (2006); b: Sebbenn *et al.* (2001b); c: Freitas *et al.* (2007); d: Sebbenn *et al.* (2005); e: Sato *et al.* (2007); f: Sebbenn *et al.* (2007).

### 3.4 Estimativa de Parâmetros Genéticos

O coeficiente de variação genética (TABELA 4) foi baixo para os caracteres forma do fuste (0,36%) e altura (1,02%), e médio para DAP (3,98%) e volume (9,04%), se comparado ao observado em *C. trichotoma*, onde este coeficiente variou para os mesmos caracteres entre 2,33 a 14,51% (Freitas *et al.*, 2006). Igualmente, as estimativas dos coeficientes de herdabilidade em nível de plantas individuais e dentro de progênies foram baixos para os caracteres, variando de 0,001 a 0,067, sugerindo que a seleção massal no experimento ou dentro de progênies pode resultar em baixos ganhos genéticos. O coeficiente de herdabilidade em nível de média de progênies foi baixo para os caracteres altura (0,137) e forma do fuste (0,014), mas considerável para DAP (0,290) e volume (0,331), o que sugere, para estes dois últimos caracteres,

razoável controle genético e a possibilidade de capitalizar-se ganhos genéticos pela seleção das melhores progênies dentro das procedências. Esse resultado também indica que as procedências têm potencial evolutivo para responder à seleção natural causada por mudanças ambientais. A seleção natural pode favorecer o desenvolvimento de algumas progênies e prejudicar outras. Em concordância à magnitude dos coeficientes de variação genética e herdabilidade dentro de progênies, os maiores ganhos genéticos obtidos pela seleção da melhor planta de cada subparcela foram observados para os caracteres DAP e volume. A baixa magnitude desses ganhos indica uma pequena alteração no fenótipo da população descendente. Ressalta-se que esses ganhos são preditos para plantios de *B. riedelianum* com idade de 21 anos, crescendo em ambientes com as mesmas características ambientais da Estação Experimental de Luiz Antônio.

TABELA 4 – Estimativa de parâmetros genéticos para os caracteres DAP, altura, forma do fuste (Forma), volume cilíndrico por árvore e sobrevivência, em testes de procedências e progênies de *B. riedelianum* em Luiz Antônio–SP.

Parâmetro	DAP (cm)	Altura (m)	Forma do Fuste	Volume (m <sup>3</sup> /árvore)
Coeficiente de variação genética – $CV_g$ (%)	3,98	1,02	0,36	9,04
Herdabilidade individual – $h_i^2$	0,055	0,019	0,002	0,067
Herdabilidade entre progênies – $h_m^2$	0,290	0,137	0,014	0,331
Herdabilidade dentro de progênies – $h_d^2$	0,038	0,011	0,001	0,046
Resposta à seleção dentro de progênies – $R_d$	0,168	0,033	0,000	0,011
Resposta total à seleção – $R_{ed}$ (%)	1,11	0,16	0,02	2,78

### 3.5 Número *Status*, Conservação Genética e Pomar de Sementes

A estimativa do número *status* para o conjunto das procedências foi alto ( $\hat{N}_s = 124,3$ ), indicando que um alto potencial evolutivo foi retido no banco de germoplasma (TABELA 5). Assumindo uma população com gerações discretas (sem sobreposição de gerações), a perda de variabilidade genética em dez gerações, em termos de heterozigosidade em um loco com dois alelos, por deriva genética aleatória para este tamanho de população, seria de apenas 4% (FIGURA 1). Para uma espécie como *B. riedelianum*, que pode viver até cem anos

[100 cm/1 cm: DAP = 100 cm (Carvalho, 1994);  $IMA_{DAP} = 1,0$  cm, TABELA 3), dez gerações podem representar mil anos. Portanto, se a população do banco, formada por três procedências de *B. riedelianum*, tivesse gerações discretas, dez gerações originadas deste banco perderiam apenas 4% de heterozigosidade em um loco com dois alelos em um período de até mil anos. Contudo, espécies arbóreas têm gerações contínuas, isto é, existe sobreposição de gerações e o cruzamento entre parentes (entre pais e filhos, entre irmãos, etc.) pode acelerar a perda de variação genética pelo aumento da endogamia, logo a perda de variabilidade genética em 10 gerações pode ser maior que os 4% estimados.

TABELA 5 – Estimativa do coeficiente de coancestria de grupo e número *status* antes e após a seleção para o conjunto das populações de *B. riedelianum* em Luiz Antônio–SP.

Ensaio	$\hat{\Theta}_{xy}$	$\hat{N}_s$	$\hat{N}_s / N$
Antes da seleção	0,0121	124,3	0,27
Após a seleção	0,0140	106,9	0,94

$\hat{\Theta}_{xy}$  = coancestria de grupo;  $\hat{N}_s$  = Número *status*;  $\hat{N}_s / N$  = relação entre o número *status* e o número senso total no ensaio.

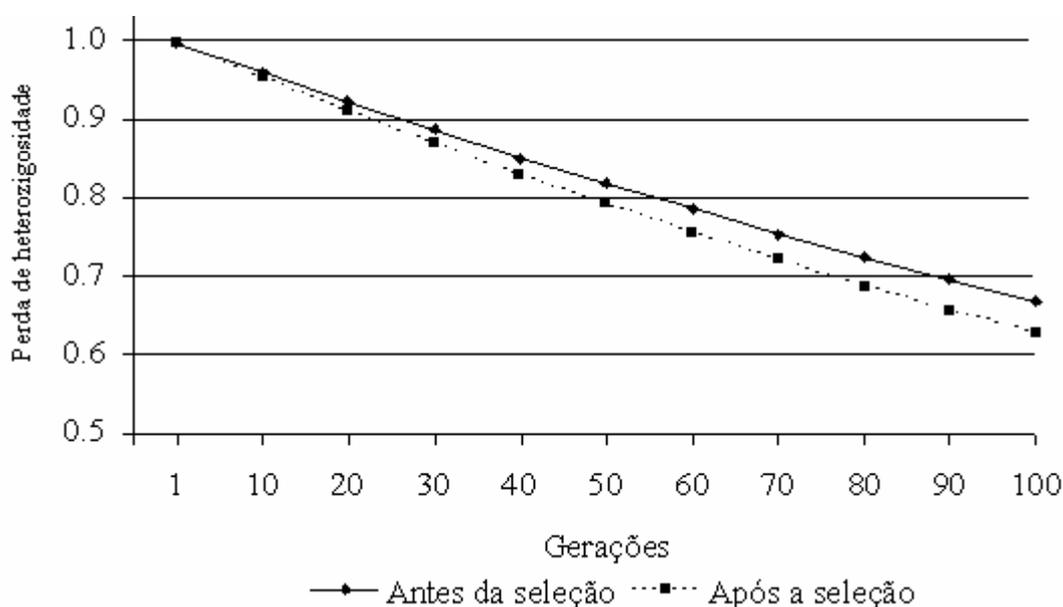


FIGURA 1 – Perda de variação genética [heterozigosidade  $(H_{e(t)} / H_{e(0)}) = [1 - (1/2N_s)]^t$ ], em que,  $H_{e(0)}$  e  $H_{e(t)}$  são as heterozigosidades esperadas em equilíbrio de Hardy-Weinberg nas gerações zero ( $t=0$ ) e  $t$ ] esperada entre gerações, em um loco onde segregam dois alelos, de uma população com gerações discretas, para o número *status* calculado antes (124,3) e após a seleção (106,7) em *B. riedelianum*.

A estimativa do número *status* antes da seleção indica que as 1.422 árvores (3 procedências x 19 progênies por procedência x 5 plantas por subparcela x 6 repetições x 0,832, que é a taxa de sobrevivência), conservadas no banco de germoplasma, correspondem a apenas 124 árvores não endogâmicas e parentes de uma população ( $\hat{N}_s / N = 0,27$ ). Isso se deve ao fato de que o banco é composto por estruturas de progênies, assim, existe parentesco entre plantas dentro de progênies.

Originalmente existiam 30 indivíduos de cada progênie, com a mortalidade este número foi reduzido para uma média de 25 árvores irmãs dentro de cada progênie. No cálculo do número *status* foi assumido que o coeficiente de coancestria entre plantas dentro de progênies (0,220) se encontrava naquele esperado entre indivíduos meios-irmãos (0,125) e irmãos-completos (0,250), visto que não existem estimativas reais com *B. riedelianum*. Entretanto, essa é uma estimativa realística.

Em progênies de polinização aberta de uma hipotética população panmítica (população infinita, reproduzindo-se por cruzamentos aleatórios, sem seleção natural e alteração de alelos por mutação), os descendentes serão parentes no grau de meios-irmãos e o coeficiente de coancestria dentro de progênies atingirá seu valor mínimo, ou seja, 0,125. Contudo, populações naturais de espécies arbóreas não se ajustam às características de uma população panmítica ideal. As presenças de autofecundações, cruzamentos entre parentes e cruzamentos correlacionados aumentam o coeficiente de coancestria dentro de progênies (Sebbenn, 2006). A fragmentação e o corte seletivo de árvores reduzem o tamanho das populações, a densidade populacional e aumentam a distância entre coespecíficos reprodutivos, afetando o sistema da reprodução das espécies como, por exemplo, aumentando a taxa de autofecundação (Doliges & Joly, 1997; Aldrich & Hamrick, 1998; Rocha & Aguilar, 2001; Cascante *et al.*, 2002; Obayashi *et al.*, 2002; Dick *et al.*, 2003; Fuchs *et al.*, 2003; Lowe *et al.*, 2005) e proporção de cruzamentos correlacionados (Rocha & Aguilar, 2001; Fuchs *et al.*, 2003). Autofecundações e cruzamentos correlacionados reduzem o número efetivo de doadores de pólen e, conseqüentemente, aumentam o coeficiente de coancestria dentro das progênies. Estimativas do coeficiente de coancestria dentro de progênies de polinização aberta em espécies arbóreas tropicais, calculados a partir de parâmetros do sistema de reprodução, e com base em dados de marcadores genéticos, reportam valores para o coeficiente de coancestria variando entre 0,147 (*Hymenaea courbaril*) a 0,381 (*Hymenaea stignocarpa*), com média estimada entre 30 espécies de 0,220 (Sebbenn, 2006). Portanto, a estimativa obtida para o número *status* é realística e o número *sensu* retido provavelmente aproxima-se do calculado.

Com o esquema de seleção proposto para transformar o banco de germoplasma em um pomar de sementes por mudas, o número *sensu* foi reduzido para 324 árvores e o número *status* para 106,9. Contudo, embora ambos os números tenham sido reduzidos, a relação entre eles aumentou substancialmente (0,94) e a perda estimada de variação genética foi pouco afetada (FIGURA 1). Esse fato ocorreu devido à redução no número de indivíduos parentes dentro do banco.

A relação  $\hat{N}_s / N$  poderia, ainda, ter sido aumentada para um, se apenas uma planta de cada progênie tivesse sido selecionada, assim, o parentesco dentro do banco seria zero. Contudo, isso reduziria o número total da população de recombinação para apenas 57 árvores, o que poderia afetar a produção de sementes em quantidade suficiente para reflorestamentos. Futuros desbastes podem ser aplicados se forem detectadas altas proporções de cruzamentos entre parentes. Finalmente, considerando-se que a endogamia em uma geração é igual ao coeficiente de coancestria na geração parental, a taxa de endogamia esperada sob cruzamentos aleatórios no pomar proposto é baixa (0,014), e as sementes conterão um alto potencial evolutivo para reflorestamentos ambientais.

#### 4 CONCLUSÕES

1. Existe variação genética entre procedências para os caracteres DAP, forma do fuste e volume e entre progênies dentro de procedências para os caracteres DAP, altura e volume.
2. A maior parte da variação genética detectada entre procedências encontra-se distribuída entre plantas dentro de progênies.
3. O controle genético dos caracteres de crescimento e forma é fraco em nível de plantas individuais, mas é considerável em nível de média de progênies, em especial para os caracteres DAP e volume.
4. Sementes, coletadas no pomar de sementes proposto, devem apresentar alta variabilidade genética e baixa taxa de endogamia.

#### 5 AGRADECIMENTOS

Os autores são gratos ao graduando em Engenharia Agrônoma Flávio Cese Arantes (UNESP, Campus de Ilha Solteira), pelo apoio à mensuração do experimento. O autor Alexandre Magno Sebbenn também agradece ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq pela concessão da bolsa de Produtividade em Pesquisa.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALDRICH, P. R.; HAMRICK, J. L. Reproductive dominance of pasture trees in a fragmented tropical forest mosaic. **Science**, Cambridge, v. 281, p. 103-105, 1998.

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

CASCANTE, A., M. *et al.* Effects of dry tropical forest fragmentation on the reproductive success and genetic structure of the tree *Samanea saman*. **Conservation Biology**, Gainesville, v. 16, p. 137-147, 2002.

DICK, C. W.; ETCHOLECU, G.; AUSTERLITZ, F. Pollen dispersal of Neotropical trees (*Dinizia excelsa*: Fabaceae) by native insects and African honeybees in pristine and fragmented Amazonian rainforest. **Mol. Ecol.**, Oxford, v. 12, p. 753-764, 2003.

DOLIGEZ, A., JOLY, H. I. Mating system of *Carapa procera* (Meliaceae) in the French Guiana tropical forest. **Am. J. Bot.**, Oklahoma, v. 84, p. 461-470, 1997.

ETTORI, L. C. *et al.* Variabilidade genética em populações de ipê-roxo - *Tabebuia heptaphylla* (Vell.) Tol. - para conservação *ex situ*. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 8, n. 1, p. 61-70, 1996.

ETTORI, L. C. *et al.* Variabilidade genética em duas populações de *Cordia trichotoma*. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 11, n. 2, p. 179-187, 1999.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS - FAO. **FAO panel of experts on forest gene resources - ninth session**. Rome, 1996. 64 p. (Report).

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

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.

FUCHS, E. J.; LOBO, J. A.; QUESADA, M. Effects of forest fragmentation and flowering phenology on the reproductive success and mating patterns of the tropical dry forest tree *Pachira quinata*. **Conservation Biology**, Gainesville, v. 17, p. 149-157, 2003.

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.

LOWE, A. J. *et al.* Genetic resource impacts of habitat loss and degradation; reconciling empirical evidence and predicted theory for Neotropical trees. **Heredity**, Lund, v. 95, p. 255-273, 2005.

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

NASON, J. D.; HAMRICK, J. L. Reproductive and genetic consequences of forest fragmentation: two case studies of neotropical canopy trees. **J. Heredity**, Cary, v. 88, p. 264-276, 1997.

OBAYASHI, K. *et al.* The ecological concept of disturbance and its expression at various hierarchical levels. **Inter. J. Plan. Sci.**, Chicago, v. 163, p. 151-158, 2002.

ROCHA, O. J. R.; AGUILAR, G. Variation in the breeding behaviour of the dry forest tree *Enterolobium cyclocarpum* (Guanacaste) in Costa Rica. **Am. J. Bot.**, Oklahoma, v. 89, p. 1600-1606, 2001.

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.

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

SEBBEN, 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.

SEBBEN, A. M. *et al.* Genetic variation in provenance-progeny test of *Araucaria angustifolia* in São Paulo state, Brazil. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 52, p. 181-184, 2003.

SEBBEN, A. M. *et al.* Variação genética em cinco procedências de *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Ktze. no sul do Estado de São Paulo. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 16, n. 2, p. 91-99, 2004.

SEBBEN, A. M. *et al.* Genetic variation in *Araucaria cunninghamii* provenances in Luiz Antonio-SP, Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 5, p. 435-442, 2005.

SEBBEN, 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.

SEBBEN, A. M. *et al.* Results of an international provenance trial of *Cordia alliodora* in São Paulo, Brazil at five and 23 years of age. **Silvae Genetica**, Frankfurt, 2007. (No prelo)

SIQUEIRA, A. C. M. F.; NOGUEIRA, J. C. B.; KAGEYAMA, P. Y. Conservação de recursos genéticos *ex situ* de cumbaru (*Dipteryx alata* Vog.) - Leguminosae. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 5, n. 2, p. 231-43, 1993.

SIQUEIRA, A. C. M. 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. F. M. *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.

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. 57-140, 1965/1966.

WRIGHT, J. W. A simplified design for combined provenance and progeny testing. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 27, n. 2, p. 68-70, 1978.

YOUNG, A.; BOYLE, T. Forest fragmentation. In: **Forest conservation genetics: principles and practice**. YOUNG, A.; D.; BOSCHER, T.; BOYLE (Ed.). Collingwood: CSIRO Publishing, 2000. p. 123-157.

\_\_\_\_\_.; \_\_\_\_\_.; BROWN, T. The population genetic consequences of habitat fragmentation for plants. **Trends in Ecology and Evolution**, London, v. 11, p. 413-418, 1996.