

VARIAÇÃO E PARÂMETROS GENÉTICOS EM DOIS BANCOS DE GERMOPLASMA DE
Tabebuia heptaphylla (Velloso) Toledo*

Miguel Luiz Menezes FREITAS**
Alexandre Magno SEBBENN**
Antonio Carlos Scatena ZANATTO**
EurIpedes MORAES**
Priscila Harumi HAYASHI***
Mario Luiz Teixeira de MORAES***

RESUMO

Os objetivos deste estudo foram investigar a variação genética e estimar parâmetros genéticos para caracteres de crescimento, forma e sobrevivência aos 22 e 21 anos de idade em dois testes de progênies de *Tabebuia heptaphylla*, implantados na Estação Experimental de Luiz Antônio, do Instituto Florestal de São Paulo. O teste I era composto por 19 progênies procedentes de Bauru-SP e o teste II por 15 progênies procedentes de Assis-SP. Diferenças significativas entre progênies foram observadas no teste I para os caracteres forma e sobrevivência e no teste II apenas para sobrevivência. A sobrevivência, em ambos os ensaios, foi relativamente alta (> 77%), indicando que ambas as populações apresentaram boa adaptação às condições ambientais de Luiz Antônio-SP. O coeficiente de variação genética entre progênies (CV_g) foi, geralmente, baixo ($\leq 4,6\%$), sugerindo que a estratégia de amostragem adotada para conservar a variação genética das populações não foi eficiente, ou estas populações contêm baixa variação genética. Os coeficientes de herdabilidade em nível de planta individual (h_i^2) e dentro de progênies (h_p^2) foram igualmente baixos (máximo de 0,09). O coeficiente de herdabilidade em nível de média de progênies (h_m^2) foi alto para a forma (mínimo 0,43) e sobrevivência (0,78), mostrando que o material testado em ambos os ensaios possui potencial genético para responder à seleção natural. A estimativa do número *status* antes da seleção no teste I e II indicou que os 570 e 450 indivíduos, respectivamente, representam em média 39 e 31 árvores de uma população na qual não existe parentesco nem endogamia. Após a seleção de seis plantas por progênie, o número *status* foi estimado e as 114 e 90 árvores selecionadas nos teste I e II, respectivamente, correspondem a 32 e 25 árvores não aparentadas e não endogâmicas. Os resultados em termos gerais indicaram baixa variação genética e pequeno número *status* retido em ambos os bancos de germoplasma.

Palavras-chave: conservação genética; genética quantitativa; pomar de sementes; árvores tropicais.

ABSTRACT

The aim of this study was to investigate the genetic variation and to estimate genetic parameters for growth, form and survival traits at 22 and 21 years of age in two progeny tests of *Tabebuia heptaphylla*, established in Luiz Antônio Experimental Station, belonging to the Forestry Institute of the State of São Paulo. The test I was established with 19 progenies from Bauru provenance and the test II by 15 progenies from Assis provenance. Significant differences among progenies were observed in the test I for form and survival and in test II for survival. The survival in both tests was relatively high (> 77%), indicating that both populations present good adaptation to environmental condition of Luiz Antônio. The coefficient of genetic variation (CV_g) was generally low ($\leq 4.6\%$), suggesting that the adopted sampling strategy to conserve the genetic variation of the populations was not efficient or both population have low genetic variation. The coefficients of heritability at individual plants (h_i^2) and within progenies levels (h_p^2) were equally low (maximum of 0.09). The coefficient of heritability at progeny means level (h_m^2) was high for stem form (minimum 0.43) and survival (0.78), showing that both tested material have genetic potential for selection. The estimative of the *status* number before the selection in test I and II indicated that the 570 and 450 individuals, respectively, correspond to 39 and 31 not endogamic and relative trees. After selection of six plants per progeny, the *status* number was reduced and the 114 and 90 selected trees in test I and II, respectively, correspond to 32 and 25 trees non endogamic and without relatedness. In general terms, the results indicated that low genetic variation and small *status* number was retained in both germoplasm banks.

Key words: genetic conservation; quantitative genetic; seed orchard; tropical tree.

(*) Aceito para publicação em março de 2008.

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

(***) FEIS/UNESP, Departamento de Fitotecnia, Economia e Sociologia Rural, Av. Brasil Centro, 56, 15385-000, Ilha Solteira, SP, Brasil.

1 INTRODUÇÃO

Popularmente conhecida como ipê-roxo, *Tabebuia heptaphylla* (Velloso) Toledo é uma espécie arbórea tropical endêmica da América do Sul que vêm sendo estudada sob o ponto de vista genético devido à redução no número e tamanho das populações. A espécie distribui-se naturalmente entre as latitudes 13° S, no Brasil (Bahia) a 32° S no Uruguai. Ocorre naturalmente no sul e oeste da Bahia, no Espírito Santo, Minas Gerais, Mato Grosso do Sul, Rio de Janeiro, Rio Grande do Sul, Santa Catarina e São Paulo e no Nordeste da Argentina, Sul Da Bolívia, Leste Do Paraguai e Uruguai (Carvalho, 2003). *T. heptaphylla* é uma espécie secundária tardia, passando a clímax (Longhi, 1995), tolerando a sombra no estágio juvenil. Devido ao seu porte, faz parte do extrato superior da floresta, possuindo alta longevidade. É comum na vegetação secundária, abrangendo capoeiras e capoeirões, possuindo como habitat Floresta Estacional Semidecidual e Decidual, Floresta Ombrófila Densa e Mista, Chaco Sul-Mato-Grossense e Pantanal Mato-Grossense. É uma árvore característica da Mata Latifoliada do Alto Uruguai, onde apresenta distribuição irregular e descontínua, sendo pouco freqüente e ocorrendo de preferência nas depressões dos terrenos e em solos rochosos. Árvore pode atingir até 30 m de altura e 90 cm de diâmetro. O tronco, mais ou menos reto e cilíndrico, possui casca pouco espessa e escura, fissurada longitudinalmente e descorticante em placas grandes.

A sua madeira é considerada de alta qualidade, e pode ser utilizada para diversos fins, como, por exemplo, construção civil e naval. Da casca, são extraídos os ácidos tânico e lapáchico, sais alcalinos e corantes que são usados para tingir algodão e seda. *T. heptaphylla* é muito utilizada em medicina popular (Carvalho, 2003). A espécie é também usada como ornamental pela coloração de rosa e lilás intenso, sendo muito utilizada em arborização urbana e também em recomposição de mata ciliar em locais sem inundações (Carvalho, 2003).

Apesar de não constar da lista de espécies em extinção do IBAMA, a procura pela madeira de *T. heptaphylla* e seus subprodutos vem causando diminuição de indivíduos e, conseqüentemente, das populações naturais, resultando em um gargalo genético nas populações, o que pode fatalmente levar a espécie à lista.

Testes de progênies e procedências de espécies arbóreas nativas foram implantados em diversas unidades experimentais do Instituto Florestal de São Paulo, a partir do final da década de 1970, com o intuito de conservação *ex situ*. Essa base genética retida no banco poderá ser explorada pela produção de sementes com ampla base genética para recuperação de áreas degradadas. A conservação *ex situ*, conjugada com metodologias que assegurem sua conservação, como reflorestamentos de áreas degradadas são necessárias para a conservação de populações naturais, assegurando o tamanho efetivo mínimo para que a população se mantenha em equilíbrio e se perpetue por várias gerações (Sebbenn, 2002).

Dentro desse contexto, os objetivos deste estudo foram quantificar a variação genética e estimar parâmetros genéticos para caracteres de crescimento, forma e sobrevivência em dois testes de progênies de *T. heptaphylla*, implantados na Estação Experimental de Luiz Antônio, com o intuito de transformar os ensaios em pomares de sementes.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Material Genético, Local de Experimentação e Delineamento Experimental

Os testes de progênies foram instalados em agosto de 1984 e outubro de 1985 na Estação Experimental de Luiz Antônio-SP, do Instituto Florestal de São Paulo, localizada nas coordenadas 21° 40' S, 47° 49' W e altitude de 550 m, com clima tropical (Cwa), temperatura média anual do mês mais quente de 22,7 °C e do mês mais frio de 17,2 °C, inverno seco, precipitação média anual de 1.280 mm. O relevo do local é plano com inclinação em torno de 5% e solo do tipo Latossolo Roxo. Os testes foram instalados no delineamento de blocos casualizados, com 6 blocos, totalizando 19 progênies procedentes de Bauru, SP – Teste I - e 15 progênies oriundas de Assis, SP – Teste II e usando 5 plantas por parcela em ambos os casos. O espaçamento utilizado foi o de 3 x 3 m. Também foi adotada uma bordadura de duas linhas com a mesma espécie ao redor do experimento, para reduzir o efeito de borda.

Os ensaios foram mensurados aos 22 e 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 cilíndrico e sobrevivência. Os valores da forma do fuste e sobrevivência foram transformados por raiz quadrada, para análise de variância. O volume real individual foi calculado conforme expressão $V_c = (\pi DAP^2 / 4)hf$, em que f é o fator de forma das árvores, assumido como 0,55.

2.2 Estimativa de Componentes de Variância

A análise de variância para verificar diferenças entre os tratamentos foi feita através do procedimento GLM e para a estimativa de componentes de variância pelo procedimento VARCOMP, utilizando o método de REML (*Restricted Maximun Likelihood*). Essas análises foram realizadas usando o programa estatístico SAS (SAS, 1999). O uso do método REML para estimar os componentes da variância, deve-se ao

desbalanceamento experimental em termos do número desigual de árvores sobreviventes por parcelas. Os valores perdidos foram estimados, e os componentes da variância foram ajustados para estes. Para 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 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. K é o número de árvores por progênies, 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. Com exceção do efeito de bloco, os demais efeitos do modelo foram assumidos como aleatórios. O esquema da análise de variância encontra-se na TABELA 1.

TABELA 1 – Esquema da análise de variância em nível de plantas individuais para um modelo balanceado utilizado para a análise de cada caráter.

FV	GL	QM	E(QM)
Blocos	$J-1$	QM_{blocos}	–
Progênies	$I-1$	$QM_{\text{progênies}}$	$\sigma_d^2 + \bar{K} \sigma_e^2 + J \bar{K} \sigma_p^2$
Resíduo	$(J-1)(I-1)$	$QM_{\text{resíduo}}$	$\sigma_d^2 + \bar{K} \sigma_e^2$
Dentro de progênies	$J I \sum_{i=1}^p (\bar{K} - 1)$	QM_{dentro}	σ_d^2

Em que J : número de blocos; I : número de progênies; \bar{K} : média harmônica do número de plantas por parcela; p : número de parcelas.

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; σ_d^2 : variância fenotípicas dentro de progênies; σ_f^2 : variância fenotípica total; σ_A^2 : variância genética aditiva entre progênies. A variância genética fenotípica foi estimada por $\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2$; a variância genética aditiva foi calculada com base na expressão:

$\hat{\sigma}_A^2 = \hat{\sigma}_p^2 / \hat{r}_{xy}$, sendo \hat{r}_{xy} a estimativa do coeficiente de parentesco ou covariância genética aditiva entre plantas dentro de progênies. Assumiu-se que o coeficiente de coancestria ($\hat{\Theta}_{xy}$) dentro de progênies era igual à média estimada para espécies arbóreas tropicais, ou seja, 0,220 (Sebbenn, 2006). Assim, como na ausência de endogamia, $\hat{r}_{xy} = 2\hat{\Theta}_{xy}$, o valor do coeficiente de parentesco usado para corrigir a variância genética aditiva foi de 0,440.

2.3 Estimativa de Herdabilidades e Coeficiente de Variação Genética

As definições e cálculos dos coeficientes de herdabilidade, coeficientes de variação e medidas de correlações entre caracteres e idades seguem Namkoong (1979).

Herdabilidade em nível de plantas individuais (h_i^2):

$$\hat{h}_i^2 = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2};$$

Herdabilidade entre progênies (h_m^2):

$$\hat{h}_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_p^2}{\hat{\sigma}_p^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{J} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{KJ}};$$

Herdabilidade dentro de progênies (h_d^2):

$$\hat{h}_d^2 = \frac{(1 - \hat{r}_{xy})\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_d^2};$$

Coeficiente de variação genética (CV_g):

$$CV_g = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_p^2}}{\hat{m}} \cdot 100;$$

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

2.4 Resposta à Seleção

A resposta esperada na seleção foi estimada para a intensidade de seleção de 20% das árvores dentro das progênies ($i_d = 1,2711$; Hallauer & Miranda Filho, 1988). A resposta à seleção dentro de progênies foi calculada pela expressão:

$$\hat{R}_{ed} = i \hat{\sigma}_d \hat{h}_d^2.$$

A resposta à seleção dentro de progênies em porcentagem [$R_{ed}(\%)$] foi estimada por:

$$\hat{R}_{ed}(\%) = \frac{\hat{R}_{ed}}{\hat{m}} \cdot 100,$$

em que \hat{m} é a média do caráter.

2.5 Coancestria de Grupo e Número Status

O coeficiente de coancestria de grupo (Θ_{xy}) foi estimado assumindo que a coancestria entre plantas de diferentes progênies é zero ($\theta_p = 0$) e que a coancestria dentro de progênies de polinização aberta entre meios-irmãos é de $0,220 \pm 0,0198$ (média \pm erro padrão da média a 95% de probabilidade), conforme estimado por Sebbenn (2006) para média das espécies arbóreas tropicais brasileiras. Assim, o coeficiente de coancestria de grupo (Θ_{xy}) foi estimado pela expressão:

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

sendo F o coeficiente de endogamia na população parental, assumido como zero, m o número de progênies e n o número de plantas selecionadas por progênie. O erro padrão da estimativa de coancestria foi usado para construir o intervalo de confiança a 95% de probabilidade. De posse do coeficiente de coancestria de grupo estimou-se o número status (N_s) da população de recombinação após a seleção. O número status refere-se ao número de indivíduos de uma população de cruzamentos aleatórios, sem endogamia e parentesco, que corresponde à população sob consideração (Lindgren *et al.*, 1996). Este parâmetro foi definido por Lindgren *et al.* (1996) como o inverso do coeficiente de coancestria de grupo ($N_s = 0,5/\Theta_{xy}$). O coeficiente de coancestria de grupo e o número status foram estimados antes e após a seleção de 20% das plantas dentro de progênies.

3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

3.1 Experimentação e Variação entre Progênes

Na TABELA 2 são apresentados os resultados das análises de variância para os caracteres silviculturais estudados nos testes I e II de *T. heptaphylla*. No teste I, observou-se que o efeito de blocos foi significativo a 5% de probabilidade para o caráter altura e a 1% de probabilidade para forma e sobrevivência. No teste II, o efeito de blocos foi significativo a 1% de probabilidade para volume e sobrevivência e a 5% para o DAP. Essas diferenças entre blocos indicam que o ambiente do ensaio não era homogêneo em toda sua extensão, provavelmente devido a variações no solo,

e que a utilização de blocos para controlar o ambiente foi eficiente para manter o controle da variação ambiental.

No teste I foram observadas diferenças significativas entre progênes em nível de 1% de probabilidade para os caracteres forma e sobrevivência. No teste II foram detectadas diferenças significativas entre progênes a 1% de probabilidade para sobrevivência. Esses resultados sugerem a possibilidade de manter a estrutura genética das populações quanto à forma do fuste no teste I e sobrevivência em ambos os testes, pela seleção entre progênes. As diferenças significativas entre progênes também sugerem a presença de variação genética nas populações conservadas *ex situ* e, portanto, que a estratégia de amostragem nas populações naturais reteve parte da variação natural.

TABELA 2 – Resultados da análise de variância (graus de liberdade e quadrados médios) para os caracteres diâmetro a altura do peito (DAP), altura, forma do fuste (Forma) e volume real, em dois testes de progênes de *T. heptaphylla*.

Fonte de Variação	GL	DAP (cm)	Altura (m)	Forma	Volume real(m ³ /árvore)	Sobrevivência (%)
Teste I						
Blocos	5	4,8890	13,5206*	0,1379**	2,55.10 ⁻⁵	0,0289**
Progênes	18	22,6889	8,9469	0,0879**	6,23.10 ⁻⁴	0,0243**
Resíduo	90	19,9991	11,9314	0,0450	6,24.10 ⁻⁴	0,0065
Dentro	331	16,8001	6,3026	0,0463	5,40.10 ⁻⁴	
Teste II						
Blocos	5	32,9183*	5,3852	0,0339	1,108.10 ⁻³ **	0,0107**
Progênes	14	15,6562	6,2700	0,0826	4,72.10 ⁻⁴	0,0115**
Resíduo	70	19,3308	13,2481	0,0560	6,62.10 ⁻⁴	0,0051
Dentro	260	22,1558	10,3534	0,0506	7,88.10 ⁻⁴	

Teste I: progênes procedentes de Bauru, SP; Teste II: progênes procedentes de Assis, SP; *: $P \leq 0,05$; **: $P \leq 0,01$.

Os resultados atuais aos 22 e 21 anos de idade confirmam aqueles previamente observados para altura nos testes I e II, os quais não apresentaram diferenças significativas entre progênes entre as idades de 1 e 12 anos e 3 e 11 anos, respectivamente (Ettori *et al.*, 1996). Para o caráter DAP, no teste I, também não haviam sido observadas diferenças

significativas entre progênes nas idades de 2 e 12 anos. Contudo, no teste II haviam sido observadas diferenças significativas (5% de probabilidade) para DAP entre as idades de 3 e 11 anos (Ettori *et al.*, 1996). Os resultados obtidos aos 20 anos mostraram que essas diferenças genéticas entre progênes aos 3 e 11 anos desapareceram.

3.2 Sobrevivência e Crescimento

Os valores do incremento médio anual para os caracteres de crescimento foram diferentes entre os dois testes de progênies (TABELA 3). Embora o teste I tenha sido implantado aproximadamente um ano antes do teste II, seu incremento médio anual foi maior. Considerando que ambos os testes foram instalados no mesmo sítio experimental, as diferenças se devem provavelmente à origem das sementes. O teste I foi implantado com material procedente de Bauru e o teste II de Assis. Portanto, os resultados sugerem que o material de Bauru apresentou melhor desempenho para os caracteres de crescimento. Por sua vez, os caracteres forma do fuste e sobrevivência apresentaram um desempenho médio muito semelhante nos dois ensaios. Considerando que a forma de fuste é medida com notas, que variam de 1 (pior) a 5 (melhor forma de fuste), a magnitude dos valores obtidos

(< 2) demonstra que ambas as populações apresentaram forma não muito adequada para exploração de madeira, ou seja, o tronco é muito tortuoso, embora possa ser utilizada para outra finalidade, como por exemplo, lenha.

Para a sobrevivência, os valores médios nos dois testes foram muito próximos e relativamente altos (> 77%), indicando que a espécie apresentou uma boa adaptação à área em estudo. Comparando-se os resultados com a literatura, observa-se que os dados obtidos nesses experimentos foram próximos aos obtidos por diversos autores com espécies nativas. Por exemplo, Sebbenn *et al.* (2002) observaram valores acima de 92,1% para três populações de *Gallesia gorarema*, Sebbenn *et al.* (2003) observaram sobrevivência variando de 84,2 a 96,0% para *Araucaria angustifolia*, e Freitas *et al.* (2006) observaram sobrevivência variando de 53,3 a 96,7% para uma população de *Cordia trichotoma*.

TABELA 3 – Valores das médias e do incremento médio anual (IMA) para as variáveis diâmetro a altura do peito (DAP), altura, forma, volume e sobrevivência em dois testes de progênies de *T. heptaphylla* plantados em Luiz Antônio, SP.

VARIÁVEL	TESTE I	IMA	TESTE II	IMA
DAP (cm)	13,69	0,62	12,36	0,59
ALTURA (m)	18,83	0,86	17,64	0,84
FORMA	1,92	–	1,91	–
VOLUME (m ³ /árvore)	0,0337	0,0015	0,0261	0,0012
SOBREVIVÊNCIA (%)	78,1	–	77,8	–

3.3 Estimativas e Parâmetros Genéticos

Na TABELA 4 são apresentados os valores estimados para os componentes da variância e parâmetros genéticos em ambos os testes, para os caracteres que não apresentaram correlações intraclasse. O caráter altura de plantas (ambos os testes) e DAP e volume real (teste II) apresentaram variação genética entre progênies nula. Assim, como não foi possível estimar parâmetros genéticos, as colunas correspondentes foram desconsideradas.

O coeficiente de variação genética entre progênies (CV_g) variou entre baixo a relativamente alto para os caracteres sobrevivência de plantas (< 1%) e volume real (4,6%). Isso sugere que a estratégia de amostragem adotada para conservar

a variação genética das populações Bauru e Assis, ou seja, a coleta de sementes de polinização aberta em apenas 19 árvores matrizes na população Bauru e em 15 árvores matrizes na população Assis não foi eficiente, ou estas populações contêm baixa variação genética natural, visto que a variação retida no banco é pequena. Um esquema ideal para amostragem da variação genética natural de uma população deveria envolver a coleta de sementes de pelo menos 25 árvores matrizes em cada população, mantendo-se uma distância entre as árvores que supere a presumível estrutura genética espacial, para evitar coletar sementes de árvores matrizes parentes, o que reduziria ainda mais o tamanho efetivo retido no banco de germoplasma (Sebbenn, 2002; 2006).

TABELA 4 – Estimativa de parâmetros genéticos para os caracteres diâmetro a altura do peito (DAP), forma do fuste (Forma), volume real por árvore e sobrevivência, em dois testes de progênies de *T. heptaphylla*, em Luiz Antônio–SP.

Parâmetros	Teste I			Teste II		
	DAP (cm)	Forma	Volume real (m ³ /indivíduo)	Sobrevivência	Forma	Sobrevivência
Variância entre progênies – σ_p^2	0,2101	0,0020	0,0000024	0,0030	0,0015	0,0011
Variância ambiental – σ_e^2	0,6047	0,0006	0,0000196	0,0065	0,0009	0,0051
Variância fenotípica dentro – σ_d^2	16,7716	0,0455	0,0005352	–	0,0508	–
Coefficiente de variação genética – CV_g (%)	3,35	2,32	4,60	0,78	2,03	0,78
Herdabilidade individual – h_i^2	0,03	0,09	0,01	–	0,07	–
Herdabilidade entre progênies – h_m^2	0,25	0,56	0,11	0,73	0,43	0,56
Herdabilidade dentro de progênies – h_d^2	0,02	0,06	0,01	–	0,04	–
Resposta à seleção dentro de progênies – R_{ed}	0,08	0,01	0,00	–	0,011	–
Resposta à seleção – R_{ed} (%)	0,61	0,78	0,50	–	0,081	–

Avaliando-se esses resultados quanto ao potencial para o melhoramento genético, os mesmos sugerem a possibilidade de se obter pequenos ganhos com a seleção entre progênies. O maior ganho genético poderia ser obtido para o caráter DAP no teste I. Comparando-se esses resultados com a literatura, constata-se que os valores observados são muito próximos aos obtidos por Freitas *et al.* (2006) para *Myracrodruon urundeuva* e Siqueira *et al.* (1993) para *Dipteryx alata*. Os resultados para o DAP são também intermediários ao previamente calculado no teste I (variaram de 2,69 a 4,28%) nas idades de 2 e 12 anos (Ettori *et al.*, 1996).

Os coeficientes de herdabilidade em nível de planta individual (h_i^2) e dentro de progênies (h_d^2) foram baixos para todos os caracteres estudados em ambos os ensaios, variando de 0,01 (volume) a 0,09 (forma). Isso indica que existe baixa variação genética nas populações conservadas *ex situ* e que estas têm baixo potencial evolutivo para responder à seleção natural. Em termos de melhoramento, também sugerem que o material de ambos os testes tem baixo potencial para a capitalização de ganhos genéticos pela seleção massal no ensaio ou entre plantas dentro de progênies. O coeficiente de herdabilidade em nível de média de progênies foi maior e variou de baixo para volume (0,11) a alto para sobrevivência (0,73), ambos no teste I. Esse resultado, por sua vez, mostra que em nível de progênies, o material testado em ambos os ensaios apresenta potencial genético para responder à seleção, embora o número de progênies testadas seja baixo (< 20). Da mesma forma, sugere que poderiam ser obtidos ganhos genéticos pela seleção entre progênies, em especial para os caracteres sobrevivência e forma do fuste. Em outros termos, a seleção das progênies com melhor forma do fuste e com maior taxa de sobrevivência poderia resultar em populações melhoradas de *T. heptaphylla* com melhor forma do fuste e maior taxa de sobrevivência.

3.4 Coeficiente de Coancestria e Número Status, Conservação Genética e Pomar de Sementes

O coeficiente de coancestria e o número *status* foram medidos para duas situações: a) antes da seleção, considerando todas as plantas sobreviventes nos ensaios, e b) após a seleção, considerando o cenário hipotético de seleção de seis plantas de cada progênie, uma árvore em cada uma das seis parcelas de cada progênie (TABELA 5). Os resultados mostram que o coeficiente de coancestria não foi muito diferente entre os ensaios, tanto antes como após a seleção. Antes da seleção, o coeficiente de coancestria no teste I, variou de 0,012 a 0,014, com média de 0,013 e no teste II, variou de 0,014 a 0,017, com média de 0,016. Isso indica que, sob cruzamentos aleatórios nos ensaios, se espera pouca endogamia em sementes coletadas de polinização aberta antes da seleção (máximo 1,9%). Após a seleção, o coeficiente de coancestria no teste I variou de 0,013 a 0,015, com média de 0,014, e no teste II, variou de 0,017 a 0,019, com média de 0,018. Portanto, o hipotético esquema de seleção não alterou substancialmente a estrutura de parentesco dos ensaios, e uma pequena endogamia poderá ser igualmente obtida na coleta de sementes de polinização aberta. Contudo, após a seleção existe a vantagem de a taxa de cruzamento entre parentes dentro das parcelas ser nula, visto que será retida apenas uma planta de cada progênie, ou seja, o parentesco dentro das parcelas será anulado, permanecendo apenas o parentesco entre plantas de mesma progênie, mas localizadas em diferentes blocos.

Como esperado, o teste I tinha um número *status* maior (38,9, variando de 36,2 a 42,0) do que o teste II (30,8, variando de 28,6 a 33,2), tendo em vista o maior número de progênies conservadas da população Bauru no teste I (19). Portanto, as 19 progênies do teste I e as 15 progênies do teste II, compostas cada uma por aproximadamente 30 descendentes (~570 e ~450 indivíduos, respectivamente para os testes I e II), representam, em média, 39 e 31 árvores respectivamente, de uma população na qual não existe parentesco nem endogamia.

TABELA 5 – Estimativa do coeficiente de coancestria e do número *status* (N_s) antes e após a seleção, em dois testes de progênies de *T. heptaphylla*, em Luiz Antônio–SP.

Ensaio	Teste I	Teste II
Coancestria atual	0,013 (0,012 a 0,014)	0,016 (0,014 a 0,017)
Coancestria após seleção	0,014 (0,013 a 0,015)	0,018 (0,017 a 0,019)
N_s (antes)	38,9 (36,2 a 42,0)	30,8 (28,6 a 33,2)
N_s (após)	31,1 (29,8 a 32,6)	24,5 (23,5 a 25,7)

Após a hipotética seleção, o número *status* sofreu redução. No teste I, o número *status* médio foi reduzido para 31,1 (variando de 29,8 a 32,6) e no teste II para 24,5 (variando de 23,5 a 25,7). O esquema de seleção proposto manterá uma árvore por parcela, isto é, seis árvores por progênie, reduzindo o número *status*. Assim, para o teste I, as 114 árvores remanescentes do desbaste seletivo deverão representar 32 árvores não endogâmicas e aparentadas de uma população, e no teste II, as 90 árvores (6 x 15 progênies) remanescentes do desbaste seletivo deverão representar 25 árvores nesta mesma condição. Contudo, a magnitude do número *status* foi baixa em ambos os ensaios antes e após a seleção e muito menor do que o desejável para a conservação de uma espécie arbórea no médio prazo, 10 gerações ($N_s = 150$, Nunney & Campbell, 1993). Portanto, o potencial evolutivo de *T. heptaphylla* retido nos ensaios é baixo.

4 CONCLUSÕES

1. Existe variação genética entre progênies para alguns caracteres em ambos os ensaios.
2. Sob cruzamentos aleatórios, espera-se baixa taxa de endogamia em sementes coletadas de polinização aberta em ambos os ensaios, antes e após a seleção.
3. Segundo estimativa dos coeficientes de herdabilidade e número *status*, o potencial evolutivo retido nos ensaios é baixo, devido ao pequeno número de progênies utilizadas para implantação dos bancos de germoplasma.

5 AGRADECIMENTO

O autor Alexandre Magno Sebbenn agradece ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq pela concessão da bolsa de Produtividade em Pesquisa.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CARVALHO, P. E. R. **Espécies arbóreas brasileiras**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 2003. v. 1, 1039 p.
- 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.
- 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, p. 95-102, 2006.
- HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University Press. 468 p.
- LINDGREN, D.; GEA, L.; JEFFERSON, P. Loss of genetic diversity by status number. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 45, p. 52-59, 1996.
- LONGHI, R. A. **Livro das árvores; árvores e arvoretas do Sul**. 2. ed. Porto Alegre: L&PM, 1995. 176 p.
- NAMKOONG, G. **Introduction to quantitative genetics in forestry**. Washington, D.C.: Forest Service, 1979. 342 p. (Technical Bulletin, 1588).

FREITAS, M. L. M. *et al.* Variação e parâmetros em dois bancos de germoplasma de *Tabebuia heptaphylla* (Velloso) Toledo.

NUNNEY, L.; CAMPBELL, K. A. Assessing minimum viable population size: demography meets population genetics. **Tree**, Oxford, v. 8, p. 234-239, 1993.

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

SEBBENN, A. M. Numero de árvores matrizes e conceitos genéticos na coleta de sementes para reflorestamentos com espécies nativas. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 14, n. 2, p. 115-32, 2002.

_____. 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.

_____.; ZANATTO, A. C. S.; MORAIS, E. Conservação genética *ex situ* de *Galesia gorarema* Vell. Moq. No Estado de São Paulo. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 14, n. 2, p. 95-014, 2002.

_____. *et al.* Genetic variation in provenance-progeny test of *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Ktze. in São Paulo, Brazil. **Silvae Genética**, v. 52, n. 5-6, p. 181-184, 2003.

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

Rev. Inst. Flor., São Paulo, v. 20, n. 1, p. 13-22, jun. 2008.