

VARIABILIDADE GENÉTICA PARA CARACTERES JUVENIS DE PROGÊNIOS DE *Cedrela fissilis* VELL.: SUBSÍDIO PARA DEFINIÇÃO DE ZONAS DE COLETA E USO DE SEMENTES¹

Fabricio Antonio Biernaski², Antonio Rioyei Higa³ e Luciana Duque Silva⁴

RESUMO – Este trabalho teve como objetivo avaliar diferenças genéticas entre três grupos de matrizes de *Cedrela fissilis* a partir de variáveis quantitativas juvenis em teste de progênies, para delinear zonas de coleta e uso de sementes da espécie na região de estudo, bem como avaliar a variabilidade genética do material amostrado. Instalou-se um teste de progênies, em viveiro, a partir de sementes de 48 matrizes amostradas nos Municípios de Rio Negrinho, Mafra e São Bento do Sul, no Estado de Santa Catarina; e em Lapa, Rio Negro, Campo do Tenente e Antonio Olinto, no Estado do Paraná. Das matrizes coletadas, 33 encontravam-se distribuídas em três grupos espaciais e 15 dispersas na região. O delineamento em blocos casualizados com oito repetições e 20 plantas por parcela foi empregado. Os dados avaliados incluíram: índice de velocidade de emergência, diâmetro do colo e altura das mudas (aos 61, 102 e 145 dias após a semeadura); sobrevivência, número de folhas por muda, massa seca da parte aérea e da raiz e área foliar da terceira folha totalmente expandida a contar do ápice. A metodologia de máxima verossimilhança restrita foi utilizada para a análise estatística, com o auxílio do software SELEGEN. Verificou-se que os caracteres juvenis apresentam elevado controle genético, podendo ser utilizados para avaliação da variabilidade genética de amostras de populações da espécie. Os três grupos de matrizes delimitados espacialmente não apresentam diferenças genéticas significativas, sendo possível inferir que as três áreas pertencem a uma mesma zona de coleta e uso de sementes

Palavras-chave: Teste de progênies, Caracteres juvenis, Zonas de coleta e uso de sementes.

GENETIC VARIABILITY FOR JUVENILE CHARACTERS OF *Cedrela fissilis* VELL. PROGENIES: A SUBSIDY FOR DEFINITION OF SEED COLLECTION ZONE

ABSTRACT – The objective of this study was to evaluate the genetic differences among three matrix groups of *Cedrela fissilis* based on quantitative juvenile variables on a progeny test to define seed collecting zones and use of seeds of this species in the study region as well as to evaluate genetic variability of the sampled material. A progeny test was established in a nursery with seeds from 48 seed trees collected in the municipalities of Rio Negrinho, Mafra and São Bento do Sul, state of Santa Catarina, and in the municipalities of Lapa, Rio Negro, Campo do Tenente and Antonio Olinto, state of Paraná. Of the collected seed trees, 33 sampled trees were distributed in three sites and 15 trees were dispersed in the studied region. It was used a complete random block design, with 8 replicates and 20 plants per plot. Evaluated data included: emergency rate; seedling base diameter and height (61, 102 and 145 days after the seeds were sowed); seedling survival; number of leaves per seedling; aerial section dry mass and root dry mass; and the foliar area of the third fully expanded leaf measured from the apical meristem. The Maximum Restricted Likelihood Method (REML) was used, using the software SELEGEN for analysis. It was found that the juvenile characters are strongly genetically controlled and they can be used to estimate genetic variability of population samples of *Cedrela fissilis*. The three groups of trees spatially limited did not significantly differ among each other, allowing to conclude that the three areas are part of the same tree seed transfer zone.

Keywords: Progeny test, Juvenile characters and Seed zones.

¹ Recebido em 13.07.2010 e aceito para publicação em 15.11.2011.

² KLABIN S/A, Brasil. Especialista em melhoramento genético de pinus. E-mail: <fbiernaski@klabin.com.br>.

³ Universidade Federal do Paraná, UFPR, Brasil. E-mail: <antonio.higa@gmail.com>.

⁴ Universidade de São Paulo, USP, Brasil. E-mail: <lucianaduques@usp.br>.

1. INTRODUÇÃO

A variabilidade genética de uma espécie encontra-se distribuída entre e dentro de populações, sendo sua estrutura resultante da ação conjunta dos processos evolutivos como mutação, migração, seleção e cruzamentos (LOVELESS; HAMRICK, 1984). Grupos de indivíduos da mesma espécie estabelecidos em diferentes regiões com características ambientais próprias tendem a diferenciar-se geneticamente em forma de populações. Isso ocorre como reflexo da limitação do fluxo gênico e das distintas pressões de seleção sofridas por cada população (FREITAS; BEREL, 2003).

Com isso, verificou-se que a variação genética das espécies está associada com a sua distribuição geográfica. Assim, para garantir a utilização adequada de sementes em programas de restauração florestal é importante definir zonas de coleta e uso de sementes (ZCU), que são subdivisões regionais estabelecidas para identificar origens de sementes e controlar o movimento de sementes para plantio (CUNNINGHAM, 1975). Escolher a fonte adequada de sementes para reflorestar determinada região é importante por diversas razões: produção de uma floresta saudável e duradoura; limitar danos causados por desastres climáticos ou pragas; produção rápida de produtos; e manutenção do “pool” gênico local. Essa preocupação teve início com o plantio de extensas áreas florestais nos Estados Unidos da América entre 1920 e 1940, sendo identificado que a sobrevivência e o crescimento das árvores não eram satisfatórios, dependendo da fonte de sementes utilizada. Atualmente, o país possui mapas de ZCU detalhados para as espécies arbóreas (RANDALL; BERRANG, 2002). No Brasil, esse conceito vem sendo, muitas vezes, desconsiderado em programas de restauração florestal (HIGA; DUQUE SILVA, 2006).

A definição dos limites das ZCU deve ser realizada a partir de dados experimentais que identifiquem a variação genética, ou pela análise de fatores ambientais que provavelmente exercem maior influência sobre as forças seletivas criadoras de tal variação genética (CUNNINGHAM, 1975). Testes combinados de procedência e progênies são utilizados com a finalidade de identificação de variação genética entre e dentro de populações (ETTORI et al., 1995; ETTORI et al., 1996; SEBBENN; ZANATTO; MORAIS, 2002; SEBBENN et al., 2003; ETTORI et al., 2004). Nesse contexto, a avaliação da estrutura genética entre populações com

o auxílio de testes genéticos pode ser utilizada como parâmetro para definição das referidas zonas de coleta e uso de sementes (CUNNINGHAM, 1975; BOWER; AITKEN, 2008).

Os aspectos ecológicos das espécies também influenciam na variabilidade genética entre populações, por afetarem seu fluxo gênico (LOVELESS; HAMRICK, 1984). Com isso, dependendo do sistema reprodutivo da espécie, a estrutura genética das populações será diferente e a variabilidade, distribuída de forma distinta entre os indivíduos que compõem a população. O tipo e comportamento do agente polinizador e dispersor de sementes também apresentam grande influência, devido ao fluxo gênico diferenciado. Espécies com agentes polinizadores que atingem grandes distâncias (como vento, aves ou morcegos) e, ou, dispersores que distribuam as sementes por grandes extensões (como vento) possuem maior variabilidade genética dentro de populações, uma vez que o extenso fluxo gênico pode impossibilitar uma ampla diferenciação entre as populações (MORI, 2003).

Cedrela fissilis pertence à família Meliaceae, e sua área de distribuição natural se estende desde o Sul do Brasil (32° S) até a Costa Rica, na América Central (12° N) (CARVALHO, 2003). Apresenta vasta e expressiva dispersão por praticamente todas as florestas dos Estados do Paraná, de Santa Catarina e do Rio Grande do Sul (KLEIN, 1984). Nas florestas nativas do Sul do Brasil, sua frequência varia de uma a três árvores por hectare, sendo uma essência parcialmente esciófila no estágio juvenil e heliófila no estágio adulto (CARVALHO, 2003). Seu sistema de cruzamento é predominantemente alógamo (GANDARA, 1996; PÓVOA, 2002; KAGEYAMA et al., 2003), possuindo flores com ambos os sexos, mas unissexuais por aborto de um dos sexos, comportando-se como monoica (STYLES, 1972). A polinização é realizada por pequenos insetos, possivelmente mariposas (MORELLATO, 1991) e abelhas (STEINBACH; LONGO, 1992). O fluxo gênico via pólen pode ocorrer em longas distâncias, acima de 950 m (GANDARA, 1996); em relação às sementes, estas são aladas e dispersas pelo vento.

A madeira de *Cedrela fissilis* assemelha-se à do mogno (*Swietenia macrophylla*), apresentando alto valor e uso extremamente diversificado devido às suas características (CARVALHO, 2003). A espécie apresentou importante papel na economia brasileira, estando entre as madeiras mais exportadas na década de 1970 (BRUCE, 1976).

Ao longo dos anos, sua exploração foi realizada de maneira extrativista, havendo carência de informações sobre processos que viabilizem o seu plantio em programas de reconstituição e, ou, plantios para fins comerciais (XAVIER et al., 2003). Atualmente, é amplamente recomendada para projetos de recomposição ambiental em sua área de ocorrência natural (KALIL FILHO et al., 2002; MARTINS, 2005; INSTITUTO AMBIENTAL DO PARANÁ, 2009). A exemplo de sua grande utilização, Barbosa et al. (2003) afirmaram que o cedro é a oitava espécie mais plantada em programas de restauração florestal em São Paulo, participando de 53% dos projetos de restauração naquele Estado.

Assim, este trabalho teve por objetivo identificar diferenças genéticas entre três grupos de matrizes de *Cedrela fissilis* a partir de dados juvenis do teste de progênies, a fim de delinear zonas de coleta e o uso de sementes da espécie na região de estudo, bem como avaliar a variabilidade genética do material amostrado.

2. MATERIAL E MÉTODOS

A área de estudo encontra-se nos Municípios de Rio Negrinho, Mafra e São Bento do Sul, no Estado de Santa Catarina; e de Lapa, Rio Negro, Antonio Olinto e Campo do Tenente, no Estado do Paraná (25°45' a 26°20' latitude Sul, 49°16' a 50°09' longitude Oeste). A região está inserida na Floresta Ombrófila Mista, com paisagem caracterizada por mosaicos de vegetação nativa perturbada e em estágios diferenciados de regeneração, com o uso do solo pela agricultura de pequeno e médio portes, assim como reflorestamentos de pinus e eucaliptos.

Realizou-se uma amostragem de 48 árvores de *Cedrela fissilis*, sadias, distanciadas entre si no mínimo 100 m e com produção de frutos, das quais se obtiveram as sementes e os dados de georreferenciamento em 2008. As árvores amostradas apresentavam comportamento dominante, com diferentes níveis de concorrência, assim como também foram amostradas árvores de bordadura e árvores livres de concorrência em campo aberto. Procurou-se não amostrar árvores isoladas por grandes áreas de cultivos agrícolas, pastagens ou povoamentos florestais de espécies exóticas, para evitar a coleta de sementes endogâmicas. A amostragem foi realizada em diferentes remanescentes florestais, de tal forma que possibilitasse a identificação de três grupos de matrizes por distância espacial (grupo 1

com 9 matrizes, grupo 2 com 14 matrizes e grupo 3 com 10 matrizes), a fim de verificar a existência de diferenças genéticas entre eles. As demais matrizes (15) se encontravam dispersas no restante da região de estudo. A distribuição espacial das matrizes amostradas, assim como a delimitação dos três grupos, pode ser visualizada na Figura 1.

Nos dias 11 e 12 de setembro de 2008, realizou-se a semeadura das progênies, em forma de teste de progênies, para avaliação do desenvolvimento inicial do material. O experimento foi instalado em Rio Negrinho, SC, localizado a 26° 16' 08" Sul e 49° 34' 51" Oeste, a 867 m de altitude. Os dados meteorológicos médios da área são os seguintes: precipitação média anual

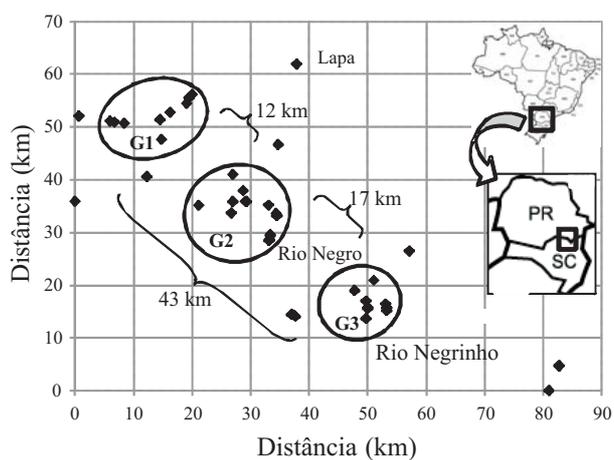


Figura 1 – Mapa mostrando a região de estudos nos Estados do Paraná e de Santa Catarina e distribuição espacial das matrizes (33 matrizes nos grupos espaciais, mais 15 matrizes dispersas na região) de *Cedrela fissilis* amostradas, demonstrando os três grupos de matrizes delimitados espacialmente (destacados com círculos): G1 – grupo 1 com 9 matrizes; G2 – grupo 2 com 14 matrizes; e G3 – grupo 3 com 10 matrizes. Devido à escala da figura, alguns pontos ficaram sobrepostos.

Figure 1 - Map showing the study area in the States of Paraná and Santa Catarina, and spatial distribution of the sampled *Cedrela fissilis* trees (33 trees in the spatial groups, plus 15 trees spread in the region) showing the three groups of trees spatially defined (highlighted with circles): G1 - group 1 with 9 trees; G2 - group 2 with 14 trees; G3 - group 3 with 10 trees. Due to the figure scale some points were superimposed.

de 1.734 mm, temperatura média de 18 °C, temperatura máxima de 23 °C e temperatura mínima de 13 °C, com a ocorrência de até 10 geadas por ano (EPAGRI, 2009).

O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso, com 48 tratamentos (progênies), 20 plantas por parcela linear, oito repetições e bordadura dupla. A semeadura foi realizada em tubetes de 100 cm³, com duas sementes por recipiente, com a utilização de substrato comercial Rohrbacher Florestal® (composto por casca de pinus, vermiculita, NPK e calcário), adicionando-se 250 g de adubo de liberação lenta Osmocote® 18:5:9 para cada saco de 25 kg de substrato. Após a semeadura, as mesas com os tubetes foram transferidas para uma estufa com cobertura plástica e sombrite de 50%, nas partes superior e lateral. O material recebeu irrigação por aspersão durante cinco a 20 min, duas vezes ao dia, dependendo da fase de desenvolvimento das mudas e das condições climáticas. Após 49 dias da instalação do experimento, realizou-se a repicagem do material, permanecendo a primeira plântula germinada de cada tubete. Em seguida, antes de as plantas entrarem em competição, efetuou-se a alternagem, aumentando o espaçamento entre as mudas, permanecendo 50% da lotação inicial. Aos 81 dias após a semeadura, realizou-se a segunda alternagem, permanecendo 25% da lotação inicial. Aos 124 dias da semeadura, as mudas foram transferidas para área de pleno sol, na fase de rustificação. Nessa fase, as mudas recebiam irrigação diária, duas vezes ao dia, durante 20 min.

Efetou-se a coleta de dados de porcentagem de emergência, índice de velocidade de emergência (IVE), diâmetro do colo e altura das mudas (aos 61, 102 e 145 dias após a semeadura), sobrevivência, número de folhas por muda, massa seca da parte aérea e da raiz e área foliar da terceira folha totalmente expandida, a contar do ápice.

O IVE foi calculado de acordo com Maguire (1962):

$$IVE = \sum_i^j \frac{N_{ij}}{D_{ij}}$$

em que IVE = índice de velocidade de emergência, N_{ij} = número de sementes emergidas no período e D_{ij} = dia da contagem.

A análise dos dados foi realizada pela metodologia de máxima verossimilhança restrita e o efeito dos tratamentos, testado pela análise de Deviance (ANADEV), com o auxílio do software Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada (SELEGEN) (RESENDE, 2006).

O modelo estatístico considerado para a estimativa da existência de diferença entre os grupos de matrizes delimitados espacialmente foi $y = Xm + Za + Wp + Tb + e$, em que y é o vetor de dados, m o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), b o vetor dos efeitos de população (aleatórios) e e o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência dos referidos efeitos (RESENDE, 2006).

Para a estimativa de parâmetros genéticos de toda a população amostrada, o modelo estatístico utilizado foi $y = Xb + Za + Wc + e$, em que y é o vetor de dados, b o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), c o vetor dos efeitos de parcela (aleatórios) e e o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência dos referidos efeitos.

Os coeficientes de variação genética entre (CV_g) e dentro (CV_d) de progênies foram estimados pela esperança de quadrados médios a partir de dados médios de parcela de acordo com procedimentos descritos por Vencovsky e BARRIGA (1992). Seguem as expressões utilizadas:

$$CV_g = \frac{\sigma_p^2}{u} \cdot 100 \quad CV_d = \frac{\sigma_d^2}{u} \cdot 100$$

em que σ_p^2 é a estimativa da variância genética entre progênies, σ_d^2 a variância dentro de progênies e u a média geral do caráter.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Diferenças entre grupos de matrizes delimitados espacialmente, a partir de dados das progênies

Com base nos resultados da análise de dados, verificou-se que, entre as 13 variáveis avaliadas, somente o diâmetro do colo aos 60 dias (D1) apresentou diferença estatística significativa entre os grupos de matrizes pela Análise de Deviance (ANADEV) (Tabela 1).

O coeficiente de determinação dos efeitos de grupos (c_{proc}^2 %) determina o percentual médio de diferença entre os grupos. Para a maioria das variáveis, esse

Tabela 1 – Média dos caracteres avaliados dos três grupos de *Cedrela fissilis* delimitados espacialmente e significância dos grupos por Análise de Deviance.**Table 1** – Averages for the characters assessed for the three groups of *Cedrela fissilis* delimited spatially and significance of the groups by Analysis of Deviance.

Variável	A1	D1	A2	D2	A3	D3	Sobrev	AF	NF	MSA	MSR	IVE	%E
Média G1	6,92	1,68	12,44	3,88	19,33	5,99	98,82	43,35	8,50	1,97	1,43	6,66	93,92
Média G2	6,47	1,53	12,11	3,63	19,45	5,91	98,26	41,15	8,91	2,05	1,43	5,97	91,72
Média G3	6,97	1,58	12,32	3,67	20,32	5,79	97,81	38,19	9,10	2,06	1,44	7,35	90,81
C ² proc%	4,10	7,45	0,15	2,68	0,50	0,18	0,01	3,18	1,19	0,07	0,04	7,09	0,15
Sig Proc	ns	*	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns

Estatisticamente significativo a 95% de probabilidade pela Análise de Deviance (*); Não significativo pela Análise de Deviance (ns); Coeficiente de determinação dos efeitos de grupos (c²proc%); Significância estatística dos efeitos dos grupos de matrizes pela Análise de Deviance (Sig Proc); Altura da muda (cm) aos 61 dias (A1), 102 dias (A2) e 145 dias (A3); Diâmetro do colo da muda (mm) aos 61 dias (D1), 102 dias (D2) e 145 dias (D3); Sobrevivência (%) aos 145 dias (Sobreviv); Área foliar (cm²) da terceira folha do ápice para a base da muda, aos 175 dias (AF); Número total de folhas por muda aos 172 dias (NF); Massa de matéria seca aérea (g) por muda aos 172 dias (MSA); Massa de matéria seca do sistema radicial (g) por muda aos 172 dias (MSR); Índice de velocidade de emergência, dados médios por parcela (IVE); e Porcentagem de emergência, dados médios de parcela (%E).

coeficiente ficou abaixo de 3%; para a única variável que apresentou diferença significativa pela ANADEV (D1), o índice foi de 7,45%. Como somente uma variável mostrou diferença significativa entre os grupos pela ANADEV, é possível inferir que o fato possa ter ocorrido devido ao acaso, indicando não haver diferença entre as progênies dos grupos de matrizes, considerando-se os caracteres avaliados.

Provavelmente, os motivos de não se identificar diferenciação genética entre os grupos podem estar relacionados às similaridades nas pressões de seleção sofridas pelos três grupos, uma vez que estes se encontravam relativamente próximos (cerca de 12 km entre os limites dos grupo 1 e grupo 2; 17 km entre os limites dos grupo 2 e grupo 3; e 43 km entre os limites dos grupo 1 e grupo 3) (Figura 1), não representando diferencial de latitude e longitude expressivo. A diferença de altitude entre os grupos também não foi muito expressiva, com uma altitude média de 916 m para o grupo 1, 868 m para o grupo 2 e 880 m para o grupo 3. Essas diferenças ambientais entre as localidades dos grupos de árvores provavelmente não foram suficientes para promover pressões de seleção diferenciadas que pudessem favorecer genes específicos.

Cunningham (1975), Ying e Yanchuk (2006) e Martinez et al. (2007) demonstraram que a definição de zonas de coleta e uso de sementes pode ser realizada a partir de informações biofísicas (altitude, latitude, clima, solo etc.), que se consideram importantes causadoras de pressões de seleção e que provavelmente levam à diferenciação genética entre populações.

Firkowski (1983) encontrou diferenças significativas entre procedências de *Cedrela fissilis* para caracteres juvenis coletados em viveiro entre cinco procedências para diâmetro do colo e altura de mudas com 1 e 2 anos de idade e para massa de matéria seca de mudas aos 2 anos. A diferenciação entre procedências no referido estudo poderia ser explicada pela grande distância (acima de 200 km) entre as populações amostradas (Jaracatia-PR, Roncador-PR, Pinhal-PR, Telêmaco Borba-PR e Chapecó-SC), pela grande variação de altitude (400 a 760 m), de latitude (entre 23°00' a 26°40') e de longitude (entre 53°20' e 50°35') entre as áreas amostradas. Essas áreas chegavam a fazer parte de tipologias florestais distintas (Floresta Ombrófila Mista e Floresta Estacional Semidecidual), o que certamente provocou pressões de seleção diferenciadas e dificuldade de fluxo gênico entre as populações, promovendo tal diferenciação.

Outro aspecto a ser considerado é a possibilidade de trocas gênicas entre os grupos, que pode evitar a diferenciação dos grupos de matrizes. No entanto, como os principais vetores de polinização são pequenos insetos como abelhas, provavelmente estes não tenham alcance de dezenas de quilômetros para possibilitar um fluxo gênico direto entre os três grupos de matrizes. Estudos com marcadores moleculares sugeriram um fluxo gênico por polinização em *Cedrela fissilis* de aproximadamente 950 m (GANDARA, 1996). A dispersão de sementes, que é realizada pelo vento, provavelmente também não seja tão eficiente para possibilitar um fluxo gênico direto entre as progênies

dos grupos. Contudo, se considerar a situação durante a evolução da espécie, há a possibilidade de trocas gênicas indiretas entre os grupos, podendo evitar a diferenciação genética entre eles. O conceito de *stepping stone* (ilhas de conexão) poderia ser levado em conta nesse caso. Bittencourt (2007) explicou tal conceito como o “balanço entre fluxo gênico em pequenas distâncias geográficas e deriva genética dentro das populações locais”. Esse balanço poderia ocorrer a partir de fluxos gênicos indiretos passados de fragmento a fragmento.

A ecologia da espécie também colabora para a inexistência de diferenças significativas entre os grupos. Póvoa (2002) verificou que em *Cedrela fissilis* a maior parte da variabilidade genética encontrava-se dentro das populações e não entre elas, afirmando estar de acordo com a síndrome de dispersão de pólen e sementes.

Loveless e Hamrick (1984) realizaram extenso levantamento de trabalhos referentes à influência dos aspectos ecológicos das espécies na estrutura genética de populações, obtendo uma generalização de tais influências para espécies vegetais em geral. A partir das características ecológicas apresentadas por *Cedrela fissilis*, é possível relacionar e destacar os aspectos a seguir: **sistema de cruzamento predominantemente alógamo**: espécies de polinização cruzada tendem a apresentar reduzida divergência genética entre populações devido ao fluxo de pólen; **espécie monoica**: o incremento de cruzamentos não correlacionados e o fluxo de pólen reduzem as possibilidades de diferenciação; **dispersão de sementes anemocóricas**: pequenos montantes de migração em longa distância podem prevenir a diferenciação; **floração sazonal e sincrônica**: apresenta potencial para extensivo fluxo gênico, reduzindo a probabilidade de diferenciação; **ciclo de vida longo**: reduz efeito de deriva e incrementa chances de migração, dificultando a divergência; **estágio sucessional tardio**: estruturas de populações de vida longa promovem migração e reduzem a deriva, diminuindo a diferenciação; **baixa densidade populacional**: baixas densidades podem promover fluxo de pólen em longas distâncias, incrementando a homogeneidade; e **distribuição espacial uniforme**: promove migração e homogeneidade. Apenas a característica de **entomofilia** discorda

dos resultados deste trabalho, pois a possibilidade de movimentação limitada de pólen e o forrageamento local realizado por insetos pequenos tendem à diferenciação entre populações. Porém, segundo Reis (2009), ainda há incertezas sobre o efetivo polinizador de *Cedrela fissilis* (informação pessoal). Contudo, é provável que os demais fatores em conjunto tenham atuado em maior intensidade para evitar a ocorrência de diferenciação entre os grupos avaliados.

Ao detectar diferenças genéticas entre populações para caracteres adaptativos, recomenda-se o estabelecimento de diferentes zonas de coleta e uso de sementes (BOWER; AITKEN, 2008; SÁENZ-ROMERO; TAPIA-OLIVARES, 2007). Por não haver diferenças significativas entre os grupos de progênies das matrizes delimitados espacialmente, pode-se considerar a área de amostragem como uma única zona de coleta e uso de sementes. Com isso, é possível utilizar sementes coletadas das matrizes amostradas para a restauração florestal em toda a área de abrangência da amostragem, sem afetar o “pool” gênico da espécie no local, com base nas avaliações realizadas na fase juvenil.

3.2. Parâmetros genéticos

Após observar que os três grupos de matrizes não diferiram geneticamente entre si, efetuou-se a estimativa de parâmetros genéticos de todas as matrizes amostradas (Tabela 2), ignorando-se os grupos.

Com base nos resultados das análises de dados, foi possível observar que o delineamento e controle experimental foram adequados, por apresentar acurácias altas (acima de 90% na maioria das variáveis). Segundo Resende (2002), valores de acurácia a partir de 70% significam que os valores estimados são confiáveis quando comparados com os valores reais. Também, verificou-se alto controle genético dos caracteres avaliados, expresso pelos altos coeficientes de herdabilidade (Tabela 2).

Para a maioria dos caracteres avaliados, os coeficientes de herdabilidade (herdabilidade individual no sentido restrito, herdabilidade aditiva dentro de parcela e herdabilidade da média de progênies) podem ser considerados altos (Tabela 2). Segundo Falconer (1987), caracteres quantitativos são altamente influenciados pelo ambiente e, quanto menor o efeito ambiental sobre o genótipo, maior a herdabilidade, que

representa a fração do caractere controlada geneticamente. Assim, esses altos coeficientes de herdabilidade indicam expressivo controle genético sobre os caracteres avaliados. Com isso, é possível inferir que os caracteres morfológicos juvenis de *Cedrela fissilis* podem ser utilizados para avaliação da variabilidade genética de populações amostradas da espécie. As altas herdabilidades também devem representar o reflexo das pequenas variações ambientais do experimento em viveiro.

A maior parte de variabilidade genética encontra-se dentro de famílias, seguida pela variação entre famílias, em relação a todos os caracteres avaliados, conforme os coeficientes de variação genética entre e dentro de famílias (CVg% e CVd%). O CVd variou de 11,86 a 23,70%, e o CVg da maioria das variáveis ficou entre 4,05 e 13,65%, sendo os extremos 1,29% para sobrevivência e 24,12% para o IVE (Tabela 2). Valores de coeficientes de variação genética dentro de famílias superiores aos coeficientes entre famílias são os resultados normalmente encontrados em teste de progênies, estando de acordo com o levantamento realizado por Etori et al. (1996) de 29 testes de progênies de 13 espécies arbóreas nativas do Brasil entre 1 e 2 anos de idade. A partir dos dados tabulados pelos

autores, é possível verificar os seguintes valores médios: CVd de 22,3% e CVg de 4,1% para altura, CVd de 39,1% e CVg de 6,8% para DAP. Com isso, verifica-se que os resultados de CVg e CVd obtidos neste estudo para *Cedrela fissilis* estão de acordo com os valores de variação genética obtidos de espécies arbóreas nativas.

A Análise de Deviance indicou diferenças estatísticas significativas para praticamente todas as variáveis, sugerindo a existência de diferenças genéticas entre as progênies analisadas. Sebbenn et al. (1998) e Sebbenn e Etori (2001), ao encontrarem diferenças genéticas significativas dos caracteres analisados, consideraram em seus trabalhos que o material genético é adequado para a conservação genética *ex situ* da população. Deve-se lembrar de que a avaliação deste trabalho foi precoce, devendo ser acompanhado do desenvolvimento do material ao longo de seu desenvolvimento em campo. Se tal padrão da variação genética se mantiver com o passar dos anos até a fase adulta, pode-se considerar que o material genético amostrado apresenta boa variabilidade genética, sendo adequado para a utilização em programas de melhoramento genético e de restauração florestal.

Tabela 2 – Estimativa de parâmetros genéticos de 13 caracteres juvenis avaliados em 48 progênies de *Cedrela fissilis*.
Table 2 – Genetic parameters estimates for 13 juvenile characters assessed in 48 progenies of *Cedrela fissilis*.

Parâmetro	A1	D1	A2	D2	A3	D3	Sobrev	AF	NF	MSA	MSR	IVE	%E
h ² a	0,91	0,75	0,52	0,42	0,39	0,41	0,02	0,33	0,38	0,11	0,11	¹	¹
h ² ad	0,95	0,76	0,48	0,32	0,36	0,33	0,02	0,26	0,29	0,08	0,08	¹	¹
h ² md	0,97	0,94	0,84	0,90	0,85	0,93	0,48	0,60	0,75	0,40	0,38	0,99	0,89
Acprog	0,98	0,97	0,92	0,95	0,92	0,96	0,69	0,77	0,87	0,64	0,62	0,99	0,94
CVd% ²	13,12	12,48	13,30	13,80	15,46	11,86	13,14	23,70	14,78	19,71	18,98	¹	¹
CVg% ²	9,53	7,95	6,87	5,87	6,97	5,07	1,29	9,08	5,96	4,16	4,05	24,12	5,83
Média	6,79	1,60	12,38	3,69	19,86	5,85	98,22	40,55	8,82	2,03	1,44	6,63	91,64
Sig Gen	**	**	**	**	**	**	**	**	**	*	*	**	**

Estatisticamente significativo a 95% (*) e 99% (**) de probabilidade, pela Análise de Deviance; Não significativo pela Análise de Deviance (ns); Parâmetros não estimados por se tratar de dados médios por parcela (¹); Parâmetros estimados por esperança de quadrados médios (²); Dados médios por parcela (³); Herdabilidade individual no sentido restrito (h²a); Herdabilidade aditiva dentro de parcela (h²ad); Herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa (h²mp); Acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa (Acprog); Coeficiente de variação genética dentro (CVd%) e entre (CVg%) famílias; Média do caráter (Média); Significância estatística dos efeitos genéticos pela Análise de Deviance (Sig Gen); Altura da muda (cm) aos 61 dias (A1), 102 dias (A2) e 145 dias (A3); Diâmetro do colo da muda (mm) aos 61 dias (D1), 102 dias (D2) e 145 dias (D3); Sobrevivência (%) aos 145 dias (Sobreviv); Área foliar (cm²) da terceira folha do ápice para a base da muda, aos 175 dias (AF); Número total de folhas por muda aos 172 dias (NF); Massa de matéria seca aérea (g) por muda aos 172 dias (MSA); Massa de matéria seca do sistema radicial (g) por muda aos 172 dias (MSR); Índice de velocidade de emergência (IVE); e Porcentagem de emergência (%E).

4. CONCLUSÃO

· As progênies representantes dos três grupos de matrizes delimitados espacialmente não apresentaram diferenças genéticas significativas. Caso essa tendência se confirme no material adulto pela correlação genética juvenil x adulto, é possível utilizar as sementes para restauração florestal na região de abrangência deste estudo, sem prejuízo ao “pool” gênico local da espécie, pois a área pertence a uma mesma zona de coleta e uso de sementes.

· Os caracteres juvenis de *Cedrela fissilis* avaliados em fase de viveiro apresentaram elevado controle genético, podendo ser utilizados para avaliação da variabilidade genética de amostras de populações da espécie.

5. AGRADECIMENTOS

À empresa Battistella Florestal, por fornecer pessoal e recursos para a realização deste trabalho; e ao CNPq, pela bolsa de estudos.

6. REFERÊNCIAS

- BARBOSA, L. M. et al. Recuperação florestal com espécies nativas no Estado de São Paulo: pesquisas apontam mudanças necessárias. **Florestar Estatístico-Artigos Técnicos**, v.6, n.14, p.28-34, 2003.
- BITTENCOURT, J. V. M. Proposta para conservação genética da *Araucaria angustifolia*. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v.55, n.1, p.87-93, 2007.
- BOWER, Q. D.; AITKEN, S. N. Ecological genetics and seed transfer guidelines for *Pinus albicaulis* (Pinaceae). **American Journal of Botany**, v.95, n.1, p.66-76, 2008.
- CARVALHO, P. E. R. **Espécies arbóreas brasileiras**, Colombo: Embrapa Florestas, 2003.
- CUNNINGHAM, R. A. Provisional tree and shrub seed zones for the Great Plains. **Great Plains Agricultural Council Publication**, v.71, p.1-15, 1975.
- EMPRESA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA E EXTENSÃO RURAL DE SANTA CATARINA – EPAGRI. Estação Meteorológica de Rio Negrinho-Santa Catarina, 2009.
- ETTORI, L. C. et al. Conservação “ex situ” dos recursos genéticos de ipê-amarelo (*Tabebuia vellosi* Tol.) através de teste de procedência e progênies. **Revista do Instituto Florestal**, v.7, n.2, p.157-168, 1995.
- ETTORI, L. C. et al. Variabilidade genética em populações de ipê-roxo – *Tabebuia heptaphylla* (Vell.) Tol. para conservação “ex situ”. **Revista do Instituto Florestal**, v.8, n.1, p.61-70, 1996.
- ETTORI, L. C.; SATO, A. S.; SHIMIZU, J. Y. Variação genética em procedências e progênies mexicanas de *Pinus maximinoi*. **Revista do Instituto Florestal**, v.16, n.1, p.1-9, 2004.
- FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de Martinho de Almeida e Silva e José Carlos Silva. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1987.
- FIRKOWSKI, C. **Avaliação da variação genética e fenotípica entre procedências e progênies de *Cedrela fissilis***. 1983. 138f. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 1983.
- FREITAS, L. B.; BEREL, F. **Genética e evolução vegetal**. Porto Alegre: Universidade Federal do Rio Grande Sul, 2003.
- GANDARA, F. B. **Diversidade genética, taxa de cruzamento e estrutura espacial dos genótipos em uma população de *Cedrela fissilis* Vell. (Meliaceae)**. 1996. 81f. Dissertação (Mestrado em Ciências) - Universidade Estadual de Campinas, Campinas, 1996.
- HIGA, A. R.; DUQUE SILVA, L. Apresentação. In: HIGA, A. R.; DUQUE SILVA, L. **Pomar de sementes de espécies florestais nativas**. Curitiba: Fundação de Pesquisas Florestais do Paraná, 2006.
- INSTITUTO AMBIENTAL DO PARANÁ - IAP. **Espécies secundárias recomendadas para recuperação de ecossistemas florestais degradados**. Curitiba. 2009. Disponível em: <<http://www3.pr.gov.br/mataciliar/inftecnicas.php#marca2>>. Acesso em 22 de jun. de 2009.

- KAGEYAMA, P. Y. et al. Diversidade genética em espécies arbóreas tropicais de diferentes estágios sucessionais por marcadores genéticos. **Scientia Florestalis**, v.64, p.93-107, 2003.
- KALIL FILHO, N. A. et al. Espécies recomendadas para a restauração da Mata Atlântica. In: GALVÃO A. P. M.; MEDEIROS, A. C. S. (Eds). **Restauração da Mata Atlântica em áreas de sua primitiva ocorrência natural**. Colombo: Embrapa, 2002.
- KLEIN, R. M. **Meliaceas**. Itajaí: Herbario Barbosa Rodrigues, 1984.
- LOVELESS, M. D.; HAMRICK, J. L. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. **Annual Review Ecology Systematics**, v.15, p.65-95, 1984.
- MAGUIRE, J. D. Speed of germination aid in selection and evaluation for seedling emergence and vigor. **Crop Science**, v.2, n.2, p.176-177, 1962.
- MARTINS, S. S. **Recomposição de matas ciliares no Estado do Paraná**. 2.ed. Maringá: Clichetec, 2005.
- MORELLATO, L. P. C. **Estudo da fenologia de árvores, arbustos e lianas de uma floresta semi-decídua no sudeste do Brasil**. 1991. 176f. Tese (Doutorado em Biologia) – Universidade Estadual de Campinas, Campinas, 1991.
- MORI, E. S. Genética de populações arbóreas: orientações para seleção e marcação de matrizes. **Instituto Florestal. Série Registros**, v.25, p.35-44, 2003.
- PÓVOA, J. S. R. **Distribuição da variação genética de *Cedrela fissilis* Vell., em fragmentos florestais, no sul de Minas Gerais, por meio de isoenzimas**. 2002. 105f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2002.
- RANDALL, W. K.; BERRANG, P. **Washington tree seed transfer zones**. Washington: Washington State Department of Natural Resources/Forest Service, 2002.
- REIS, A. **Minicurso de melhoramento florestal de espécies nativas**. Curitiba: Universidade Federal do Paraná, 2009.
- RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002.
- RESENDE, M. D. V. **O Software Selegen-Reml/Blup**. Campo Grande: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, 2006.
- SÁENZ-ROMERO, C.; TAPIA-OLIVARES, B. L. Genetic variation in frost damage and seed zone delineation within an altitudinal transect of *Pinus devoniana* (*P. michoacana*) in Mexico. **Silvae Genetica**, v.57, n.3, p.165-170, 2008.
- SEBBENN, A. M. et al. Variação genética entre e dentro de procedências e progênes de *Araucaria angustifolia* no sul do estado de São Paulo. **Revista do Instituto Florestal**, v.15, n.2, p.109-124, 2003.
- SEBBENN, A. M. et al. Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva - *Myroxylon peruiferum* L. F. Allemão. **Scientia Florestalis**, n.53, p.31-38, 1998.
- SEBBENN, A. M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAIS, E. Conservação genética *ex situ* de *Gallesia gorarema* Vell. Moq. no Estado de São Paulo. **Revista do Instituto Florestal**, v.14, n.2, p.95-104, 2002.
- SEBBENN, A. M.; ETTORI, L. C. Conservação genética *ex situ* de *Essenbeckia leiocarpa*, *Myracrodruon urundeuva* e *Peltophorum dubium* em teste de progênes misto. **Revista do Instituto Florestal**, v.13, n.2, p.201-211, 2001.
- STEINBACH, F.; LONGO, A. N. Lista preliminar das espécies da flora apícola nativa da Fazenda Faxinal. **Revista do Instituto Florestal**, v.4, n.1, p.347-349, 1992. (Edição de Anais do 2º Congresso Nacional sobre Essências Nativas, São Paulo, 1992)
- STYLES, B. T. The flower biology of the Meliaceae and its bearing on tree breeding. **Silvae Genetica**, v.21, n.5, p.175-182, 1972.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992.

YING, C. C.; YANCHUK, A. D. The development of British Columbia's tree seed transfer guidelines: Purpose, concept, methodology, and implementation. **Forest Ecology and Management**, v.227, n.1, p.1-13, 2006.

XAVIER, A.; SANTOS, G. A.; OLIVEIRA, M. L. Enraizamento de miniestaca caulinar e foliar na propagação vegetativa de cedro-rosa (*Cedrela fissilis* Vell.). **Revista Árvore**, v.27, n.3, p.351-356, 2003.