

VARIAÇÃO GENÉTICA E SELEÇÃO EM TESTE DE PROCEDÊNCIAS DE  
*Grevillea robusta* A. Cunn.\*

Alexandre Magno SEBBENN\*\*  
Hideyo AOKI\*\*  
Mario Luiz Teixeira de MORAES\*\*\*

RESUMO

A seleção visando à produção de sementes em testes de procedências é uma alternativa em casos de necessidade imediata de sementes ou na impossibilidade de reamostragem das procedências selecionadas. Os objetivos deste estudo foram as avaliações dos comportamentos genético e fenotípico dos caracteres de crescimento, em seis procedências australianas de *Grevillea robusta*, aos 11 anos de idade, na Floresta Estadual de Avaré, SP, visando à seleção massal intrapopulacional. O teste F da análise de variância detectou variações significativas entre procedências para todos os caracteres, sugerindo a possibilidade de ganhos com a seleção das melhores procedências. Por sua vez, a análise da distribuição da variação genética entre e dentro de procedências revelou que pelo menos 97,2% da variação total encontra-se dentro de procedências, indicando a possibilidade de ganhos genéticos com a seleção intrapopulacional. Os crescimentos médio em DAP, altura e volume cilíndrico indicaram as procedências Wallaby Creek QLD e Subio Por936 QLD como as de melhores performances. As correlações genéticas e fenotípicas entre os caracteres foram altas (> 0,8) e significativas, permitindo ganhos indiretos em um caráter com a seleção em outro. A estimativa da resposta à seleção de 28,4% das melhores árvores revelou a possibilidade de ganhos razoáveis para os caracteres: 0,87% para DAP, 0,98% para altura e 3,26% para volume cilíndrico. O tamanho efetivo estimado após a seleção é suficiente para manter a variabilidade genética no ensaio.

Palavras-chave: teste de procedência; *Grevillea robusta*, variação genética; seleção, tamanho efetivo.

ABSTRACT

Selection seeking seeds production in provenance tests is an alternative in case of immediate necessity of seeds or impossibility of resampling of selected provenances. The aim of this study was to evaluate the genetic and phenotypic behavior of growth traits and selection, in six Australian provenances of *Grevillea robusta*, at 11 years old, in Avaré State Forest, SP. The analysis of individual variance showed significant variation for all traits at 1% of probability among provenances, suggesting the gains possibility with selection of the best provenances. Analysis of distribution of genetic variation among and within provenances revealed that 97.2% of variation was within provenances, indicating the possibility of genetic gains with selection within provenances. Medium growth in DBH, height and cylindrical volume indicated the Wallaby Creek QLD and Subio Por936 provenances as the best performance. The genetic and phenotypic correlations between traits were high (> 0.8) and significant, allowing indirect gains in a trait with selection in another. The estimation of selection response of 28.4% of the best trees revealed the possibility of reasonable gains to traits: 0.87% to DBH, 0.98% to height and 3.26% to cylindrical volume. The estimate of effective number is enough to retain the genetic variability in trials.

Key words: provenance test; *Grevillea robusta*, genetic variation; selection, effective size.

(\*) Aceito para a publicação em fevereiro de 2003.

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

(\*\*\*) Universidade Estadual Paulista - UNESP, Av. Brasil Centro, 56, 15385-000, Ilha Solteira, SP, Brasil.

## 1 INTRODUÇÃO

*Grevillea robusta* A. Cunn. (Proteaceae) é uma espécie arbórea originária das áreas costeiras subtropicais de New South Wales e Queensland na Austrália. A espécie foi introduzida em São Paulo no final do século XIX (Baggio, 1983), estando bem aclimatada no Brasil (Correa, 1926). *G. robusta* é de rápido crescimento, adaptada às condições climáticas do Estado de São Paulo, onde vem sendo cultivada há algumas décadas com sucesso, para a produção de madeira de boa qualidade. Sua principal utilização no Brasil, especialmente no sul do Estado de São Paulo e norte do Paraná, tem sido a formação de quebra-vento arbóreo para a agricultura. O interesse pela *G. robusta* foi despertado pelo seu uso em cortinas quebra-vento e proteção de geadas, principalmente em lavouras de café. Reconhecida como espécie ideal para sistemas agroflorestais, devido à pouca competitividade com as culturas agrícolas, tem sido utilizada em sombreamento de pastagens com benefícios reconhecidos. Constitui-se em uma espécie alternativa de grande aceitação, devido ao rápido crescimento, plasticidade, rusticidade e boa qualidade da madeira (Ferreira & Martins, 1998). Útil também para a marcenaria, apicultura e lenha, a *G. robusta* é mais freqüentemente associada às lavouras de café, chá e cacau, como sombreadora ou quebra-vento (Willey, 1975; Baggio, 1983).

Os testes de procedências, em geral, constituem a segunda etapa de um programa de melhoramento de uma espécie arbórea exótica. Nessa fase de experimentação, materiais genéticos coletados em diferentes populações são testados conjuntamente em ambientes comuns, visando à seleção da melhor ou melhores procedências para as condições onde se pretende desenvolver o programa de melhoramento. Após essa fase, as procedências selecionadas são reamostradas no seu local de origem, visando à coleta de progênies para a terceira etapa do programa: a seleção das melhores progênicas e indivíduos dentro de progênies.

Contudo, em situações nas quais a reamostragem das procedências é difícil ou impossível, devido à falta de recursos, perda das procedências originais ou necessidade imediata de material genético, uma alternativa é praticar a seleção no próprio teste de procedência. Um exemplo disso vem ocorrendo com *G. robusta* no sul do Estado de São Paulo. A falta de recursos para a reamostragem das procedências selecionadas para a região de Avaré (Sebbenn *et al.*, 1999) e a constante procura por sementes da espécie incentivam a seleção no próprio teste de procedências.

Os objetivos do presente trabalho foram estudar o comportamento genético e fenotípico dos caracteres de crescimento, as associações genéticas e fenotípicas entre eles, a distribuição da variação genética entre e dentro de procedências e a seleção dos melhores indivíduos dentro de procedências de *G. robusta*, visando à produção de sementes melhoradas.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

O teste de procedências de *G. robusta* foi instalado em 1991, na Floresta Estadual de Avaré (Lat. 20°03'S, 48°54'N, altitude 630 m, precipitação de 1.290 mm, clima Cw e solo tipo Latossolo Vermelho) a partir de seis procedências australianas e uma de Assis, SP (testemunha), através de financiamento da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo - FAPESP, para a importação de sementes da Commonwealth Scientific and Industrial Research Organization - CSIRO, Austrália. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com quatro repetições, parcelas quadradas de 16 plantas úteis, espaçamento 3,0 x 3,0 m e bordadura externa de três linhas. As características dos locais de origem das procedências e o número de árvores (matrizes) que deram origem às sementes utilizadas no ensaio são apresentados na TABELA 1.

TABELA 1 – Coordenadas geográficas e número de matrizes (*m*) por procedências nas quais efetuou-se a coleta das sementes utilizadas no ensaio.

Procedências	<i>m</i>	Latitude S.	Longitude N.	Altitude (m)
Linville QLD (1)	10	26°49°	152°16°	140
Emu Vale QLD (2)	10	28°14°	152°17°	545
Subio Por936 QLD (3)	15	27°17°	152°04°	600
Wallaby Creek QLD (4)	15	26°55°	152°13°	120
Albert River QLD (5)	10	28°16°	153°06°	300
12.6K FR Woodembong QLD (6)	11	28°26°	152°45°	200
Assis, SP - Testemunha (7)	—	22°40°	50°25°	562

Os dados de DAP e altura (ALT) foram medidos aos 11 anos de idade. O caráter volume cilíndrico foi estimado a partir do diâmetro e da altura por:  $VC = [\pi(DAP/100)^2/4]h$ , em que  $h$  é a altura das árvores. As análises da variância foram realizadas em nível de plantas para cada caráter. As estimativas dos componentes da variância foram obtidas aplicando-se o procedimento VARCOMP do programa estatístico SAS (SAS, 1999). As análises de variância foram realizadas com base no modelo linear:

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

em que:  $Y_{ijk}$  = valor fenotípico da planta  $k$ , na procedência  $i$ , no bloco  $j$ ;  $m$  = média geral do caráter no ensaio;  $b_j$  = efeito fixo do bloco  $j$  ( $j = 1, 2, \dots, J$ );  $t_i$  = efeito aleatório da procedência  $i$  ( $i = 1, 2, \dots, I$ );  $e_{ij}$  = efeito aleatório do erro entre parcelas;  $d_{ijk}$  = efeito aleatório do erro dentro de parcela ( $k = 1, 2, \dots, K$ ). O esquema da análise da variância encontra-se na TABELA 2. A variância fenotípica dentro de procedências ( $\hat{\sigma}_{dp}^2$ ) foi estimada pela média ponderada dos quadrados médios entre plantas dentro das parcelas.

TABELA 2 – Quadro da análise da variância individual por caráter para o delineamento de blocos casualizados.

FV	GL	QM	E(QM)
Blocos	$J-1$	QM <sub>1</sub>	-
Procedências	$I-1$	QM <sub>2</sub>	$\sigma_d^2 + J\sigma_e^2 + J\bar{K}\sigma_p^2$
Erro entre parcelas	$(J-1)(I-1)$	QM <sub>3</sub>	$\sigma_d^2 + J\sigma_e^2$
Dentro de procedências	$JI(\bar{K} - 1)$	QM <sub>4</sub>	$\sigma_d^2$
Total	$JI\bar{K} - 1$	-	-

Onde:

$J$  = número de blocos;

$I$  = número de procedências;

$\bar{K}$  = média harmônica do número de plantas por parcela;

$\hat{\sigma}_p^2 = (QM_2 - QM_3)/J\bar{K}$  = variância genética entre procedências;

$\hat{\sigma}_e^2 = (QM_3 - QM_4)/J$  = variância ambiental entre parcelas;

$\sigma_d^2$  = variância fenotípica dentro de procedências;

$\hat{\sigma}_F^2 = \sigma_d^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_p^2$  - variância fenotípica total.

As correlações genéticas ( $\hat{r}_g$ ) e fenotípicas ( $\hat{r}_F$ ) entre os caracteres foram estimadas de valores individuais de acordo com as seguintes equações:

$$\hat{r}_g = \frac{\hat{\sigma}_{g_x g_y}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{g_x}^2 \hat{\sigma}_{g_y}^2}} \quad \hat{r}_F = \frac{\hat{\sigma}_{F_x F_y}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{F_x}^2 \hat{\sigma}_{F_y}^2}}$$

sendo,  $\sigma_{g_x g_y}$  e  $\sigma_{F_x F_y}$  os produtórios genéticos e fenotípicos cruzados dos caracteres  $x$  e  $y$ ;  $\hat{\sigma}_{F_x}^2$ ,  $\hat{\sigma}_{g_x}^2$  e  $\hat{\sigma}_{F_y}^2$ ,  $\hat{\sigma}_{g_y}^2$  são as variâncias genéticas e fenotípicas dos caracteres  $x$  e  $y$ , respectivamente. Os produtórios cruzados foram estimados da análise de covariância.

A resposta à seleção ( $\hat{R}_S$ ) foi estimada por:

$$\hat{R}_S = i \hat{\sigma}_F \hat{h}_i^2$$

em que,  $i$  é a intensidade de seleção em unidades de desvio padrão,  $\hat{\sigma}_F$  é o desvio padrão fenotípico e  $\hat{h}_i^2$  é o coeficiente de herdabilidade dos valores aditivos dos indivíduos. Como as procedências não foram representadas por estruturas de progênies, não foi possível estimar  $\hat{h}_i^2$ , sendo assumido valores conservadores para os caracteres: DAP = 0,08, altura e volume cilíndrico = 0,05. Foram selecionadas 28% das árvores dentro de procedência ( $i = 1,2022$  - Hallauer & Miranda Filho, 1988, p. 166).

A resposta à seleção em porcentagem [ $\hat{R}$  (%)] foi estimada por:  $\hat{R}_S(\%) = (\hat{R}_S / x)100$ , em que,  $x$  é a média populacional antes da seleção.

O tamanho efetivo ( $\hat{N}_e$ ) foi estimado, considerando a espécie como de cruzamentos aleatórios, sendo as progênies dentro do conjunto gênico aparentadas no grau de meios-irmãos.

Também foi assumido que no processo de formação do conjunto amostral, para representar as procedências, cada matriz contribuiu com o mesmo número de sementes (controle gamético feminino). O tamanho efetivo foi então estimado com base em Vencovsky (1978).

$$\hat{N}_e = \frac{4m\bar{n}}{\bar{n} + 3}$$

em que  $m$  é o número de progênies;  $\bar{n}$  é a média do número de plantas por progênie.

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

O coeficiente de variação experimental ( $CV_{exp}$ ) variou de 13,9% a 54,4% para os caracteres (TABELA 3). A altura e o DAP apresentaram  $CV_{exp}$  variando entre 13,9% a 24%, respectivamente e o volume cilíndrico apresentou  $CV_{exp}$  de 54,4%, mostrando que a precisão experimental é razoável para os dois primeiros caracteres, mas baixa para o volume cilíndrico.

TABELA 3 – Quadrados médios e resultados do teste F, coeficiente de variação experimental ( $CV_{exp}$ ), sobrevivência, média e variância genética entre ( $\hat{\sigma}_p^2$ ) e fenotípica dentro ( $\hat{\sigma}_d^2$ ) de procedências para DAP, altura e volume cilíndrico, em *G. robusta* na Floresta Estadual de Avaré.

	DAP (cm)	Altura (m)	VC (m <sup>3</sup> )
QM Procedência	50,3065**	32,7018**	0,0904**
QM Erro	25,3065	21,5195	0,0501
$CV_{exp}$ (%)	24,0	13,9	54,4
Média (Proc.)	14,89	13,60	0,267
$\hat{\sigma}_p^2$	0,3991 (3,0%)	0,1921 (5,2%)	0,0006 (2,8%)
$\hat{\sigma}_d^2$	12,8016 (97,0%)	3,4746 (94,8%)	0,0211 (97,2%)

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

Sobrevivência = 97,1%; Porcentagem de árvores bifurcadas = 17,3%.

( ) Percentual do componente de variância, relativo à variância total,  $\hat{\sigma}_T^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_d^2$ .

O teste F da análise de variância detectou diferenças significativas em nível de 1% de probabilidade entre procedências para todos os caracteres, indicando a possibilidade de ganhos na seleção entre procedências (TABELA 3). Apesar das diferenças genéticas detectadas entre procedências, a distribuição da variação entre ( $\hat{\sigma}_p^2$ ) e dentro

( $\hat{\sigma}_d^2$ ) de procedências mostrou baixa diferenciação genética entre procedências para todos os caracteres (máximo 5,2%), e que a maior parte da variação encontra-se dentro de procedências (mínimo 94,8%). Este mesmo padrão já havia sido documentado no ensaio aos quatro anos de idade na avaliação dos caracteres DAP e altura (Sebbenn *et al.*, 1999).

Maior variação genética dentro de procedências, com base em caracteres quantitativos, também foi detectada em *Abies concolor* (Hamrick, 1976), *Myracrodruon urundeuva* (Moraes, 1993), *Picea glauca* (Li *et al.*, 1993), *Pinus caribaea* var. *bahamensis* (Zheng *et al.*, 1994), *Acer platanoides*, *Alnus glutinosa*, *Fagus sylvatica* e *Fraxinus excelsio* (Buliuckas *et al.*, 1999), *Balfourodendron riedeliamum* (Siqueira *et al.*, 2000) e *Cariniana legalis* (Sebbenn *et al.*, 2000). Esse resultado está também de acordo com o obtido a partir de dados de isoenzimas na maioria das espécies arbóreas (Hamrick & Godt, 1990). A magnitude da variação fenotípica dentro de progênies ( $\hat{\sigma}_d^2$ ) indica a possibilidade de ganhos expressivos com a seleção dentro de procedências.

A sobrevivência no ensaio foi alta (97,1%) e as plantas mortas estavam aleatoriamente distribuídas nas procedências. Isto mostra que todas as procedências apresentaram boa adaptação às condições edafoclimáticas de Avaré. A incidência de árvores bifurcadas foi alta (17,3%), sendo que a seleção visará eliminar este caráter da população.

Os caracteres apresentaram padrão de classificação em crescimento semelhante entre si nas diferentes procedências (TABELA 4). As procedências 4 e 3 (Wallaby Creek e Subio Por936) apresentaram a melhor performance para todos os caracteres e as procedências 7 e 5 (Assis e Albert River) apresentaram o pior desempenho para todos os caracteres. Logo, com exceção da procedência 5 (Albert River) para altura, todas as demais tiveram crescimentos superiores a testemunha. O crescimento da testemunha, possivelmente esteja associado ao fato de que as primeiras introduções de *G. robusta* no Estado de São Paulo e Brasil foram realizadas com sementes originadas de uma ou poucas árvores matrizes de procedência desconhecida, e a pobre performance poderia ser o resultado da origem inadequada e/ou da endogamia gerada por gerações de cruzamentos entre parentes. Este é um ponto muito importante, que pode ser esclarecido com auxílio de marcadores moleculares. A avaliação de materiais provenientes das primeiras introduções com base em genes marcadores citoplasmáticos, como cpDNA e mtDNA, pode detectar ou dar uma idéia aproximada do número de árvores matrizes que deram origem às plantações da espécie no Brasil.

TABELA 4 – Crescimento médio das procedências de *G. robusta* e erro padrão da média para os caracteres DAP, altura (ALT) e volume cilíndrico (VC) na Floresta Estadual de Avaré.

DAP ± erro (cm)	ALT ± erro (m)	VC ± erro (m <sup>3</sup> )
(4) 15,92 ± 0,46	(4) 14,04 ± 0,26	(3) 0,315 ± 0,024
(3) 15,82 ± 0,57	(3) 13,97 ± 0,32	(4) 0,305 ± 0,019
(6) 14,93 ± 0,49	(1) 13,86 ± 0,34	(1) 0,267 ± 0,019
(1) 14,81 ± 0,45	(6) 13,50 ± 0,31	(6) 0,264 ± 0,020
(2) 14,32 ± 0,37	(2) 13,48 ± 0,22	(2) 0,233 ± 0,030
(7) 14,11 ± 0,32	(5) 12,79 ± 0,34	(5) 0,218 ± 0,021
(5) 13,56 ± 0,50	(7) 11,98 ± 0,23	(7) 0,198 ± 0,011

( ): Número da procedência. 1: Linville QLD; 2: Emu Vale QLD; 3: Subio Por936 QLD; 4: Wallaby Creek QLD; 5: Albert River QLD; 6: 12.6K FR Woodembong QLD; 7: Assis, SP - Testemunha.

Comparando-se a performance das procedências com o observado aos quatro anos de idade em Avaré (Sebbenn *et al.*, 1999), observam-se algumas alterações na classificação com o passar de sete anos de experimentação, desestimulando a seleção precoce. Aos quatro anos de idade, as procedências 6 e 3 (Woodembong e Subio Por936) foram as melhores para o DAP e as procedências 5 e 2 (Albert River e Emu Vale) as melhores para altura de plantas. Nesse mesmo período, as piores foram

as procedências 1 e 5 (Linville e Albert River) para DAP e as procedências 7 e 3 (Assis e Subio Por936) para altura, sugerindo a presença de interação genótipo x anos, fraca para DAP e alta para altura.

As estimativas das correlações genéticas ( $\hat{r}_g$ ) e fenotípicas ( $\hat{r}_F$ ) foram altas entre os caracteres ( $> 0,8$ ), em especial as genéticas, demonstrando a possibilidade de ganhos indiretos em um caráter com seleção em outro (TABELA 5).

TABELA 5 – Correlações genéticas ( $\hat{r}_g$  - diagonal superior) e fenotípicas ( $\hat{r}_F$  - diagonal inferior) para ensaio de procedências de *G. robusta*.

	DAP	Altura	Volume cilíndrico
DAP	–	0,96**	0,98**
Altura	0,83**	–	1,00**
Volume cilíndrico	0,96**	0,93**	–

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

A seleção no teste de procedências foi realizada da seguinte forma: como o teste foi constituído de seis procedências australianas, formadas a partir de conjuntos de sementes coletadas de, no mínimo, 10 árvores, e uma testemunha de Assis, SP, de procedência desconhecida, da testemunha foi selecionado somente o melhor indivíduo de cada parcela, totalizando quatro plantas no ensaio (TABELA 6). Das quatro melhores procedências australianas (procedências 1, 3, 4 e 6) foram selecionadas seis plantas por parcela, totalizando 24 plantas/procedência, e das duas piores procedências (procedências 2 e 5), foram selecionadas três plantas por parcela, totalizando 12 plantas/procedência. Portanto, a intensidade de seleção ( $i$ ) foi de 28,3% (124 de 438 plantas) e as frequências gênicas da população melhorada serão dominadas pela contribuição dos alelos contidos nos melhores indivíduos das procedências selecionadas.

A intensidade de seleção foi determinada, visando manter o tamanho efetivo próximo a 50, o qual, teoricamente, mantém 90%,

da variabilidade genética atual em 10 gerações em locos com dois alelos, em uma população de cruzamentos aleatórios e com gerações discretas (Frankel & Soulé, 1981). Para a estimativa do  $\hat{N}_e$  assumiu-se que, após a coleta das sementes, foi realizado o controle gamético feminino, sendo que cada matriz contribuiu com o mesmo número de sementes para o conjunto de sementes que representam cada procedência. Assim, o tamanho efetivo do ensaio atinge o valor de 91,6 e o tamanho efetivo selecionado atinge o valor de 38,4. Substituindo-se este último valor na expressão que estima a perda da variação genética por deriva genética [ $(H_o / H_t) = (1 - 1/2N_e)^t$  - Crow & Kimura, 1970], para um intervalo de 10 gerações ( $t$ ), conclui-se que o tamanho efetivo selecionado poderá manter 87,7% da variação genética atual, em locos com dois alelos, considerando gerações discretas. Contudo, como em espécies arbóreas as gerações são contínuas, isto é, ocorrem sobreposições de gerações, é esperado que a perda seja um pouco maior.

TABELA 6 – Número de matrizes ( $m$ ), plantas por procedências ( $nm$ ), plantas por matriz ( $pl/m$ ), tamanho efetivo ( $\hat{N}_e$ ), plantas selecionadas por parcela (parcelas) e plantas selecionadas no ensaio (ensaio), em *G. robusta*.

Proc.	Antes da Seleção				Após a Seleção			
	$m$	$nm$	$pl/m$	$\hat{N}_e$	parcela	ensaio	$pl/m$	$\hat{N}_e$
1	10	60	6,0	15,0	6	24	2,4	7,7
2	10	64	6,4	15,6	3	12	1,2	4,3
3	15	62	4,1	13,0	6	24	1,6	5,8
4	15	64	4,3	13,3	6	24	1,6	5,8
5	10	63	6,3	15,5	3	12	1,2	4,3
6	11	62	5,6	14,9	6	24	2,2	7,3
7	1	63	63	3,9	1	4	4	3,2
Total	72	438	–	91,6	–	124	–	38,4

O esquema de seleção proposto permitiu a obtenção de progressos genéticos razoáveis (TABELA 7). O maior avanço foi observado para o caráter volume cilíndrico (3,26%). Os demais caracteres apresentaram ganhos inferiores a 1%. Tendo em vista a alta correlação genética entre os caracteres ( $\geq 0,96$ ),

a seleção para o caráter DAP, poderá resultar em progresso indireto em altura e volume. Se o ganho em DAP foi de 0,87%, multiplicando este valor pela correlação genética entre DAP e altura (0,96) e DAP e volume (0,98), tem-se que o ganho indireto será de 0,83% para altura e 0,85% para volume.

TABELA 7 – Desvios padrão fenotípico ( $\hat{\sigma}_F$ ), coeficiente de herdabilidade em nível de plantas individuais ( $h_i^2$ ) e resposta à seleção em percentual ( $\hat{R}_S$ ) para DAP, altura (ALT) e volume cilíndrico (VC), em procedências de *G. robusta*.

Parâmetro	DAP (cm)	ALT (m)	VC (m <sup>3</sup> )
$\hat{\sigma}_F$	1,3308	2,2248	0,145
$h_i^2$	0,08	0,05	0,05
$\hat{R}_S$ (%)	0,87	0,98	3,26

$i = 1,2022$  - intensidade de seleção em unidades de desvio padrão para a seleção de 28,4% das plantas.

#### 4 CONCLUSÕES

1. O teste F da análise da variância detectou variações genéticas significativas entre procedências para todos os caracteres, sugerindo a possibilidade de ganhos com a seleção das melhores procedências. Por sua vez, a análise da distribuição da variação genética entre e dentro de procedências revelou que, pelo menos 97,2% da variação genética total encontra-se dentro de procedências, sendo, portanto, possível também a obtenção de ganhos genéticos com a seleção dentro de procedências.
2. Os crescimentos médios em DAP, altura e volume cilíndrico indicaram as procedências Wallaby Creek e Subio Por936 como as de melhores desenvolvimento.
3. As correlações genéticas e fenotípicas foram altas e significativas entre os caracteres, sugerindo a possibilidade de ganhos indiretos em um caráter com a seleção em outro. A estimativa da resposta à seleção revelou a possibilidade de ganhos razoáveis para os caracteres.
4. O tamanho efetivo estimado após a seleção é suficiente para manter a variabilidade genética no ensaio, no curto prazo.

#### 5 AGRADECIMENTOS

Os autores são gratos à Yara Cristina Marcondes, da Gráfica do IFSP, pela valiosa correção na ortografia deste artigo e à FAPESP pelo custeio da importação das sementes.

#### REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BAGGIO, A. S. **Sistema agroflorestal *Grevillea* x café: início de nova era na agricultura paranaense**. Curitiba: EMBRAPA-UFPPFCS, 1983. 15 p. (Circular Técnica, 9).
- BULIUCKAS, V. *et al.* Genetic variation among and within populations of four Swedish hardwood species assessed in a nursery trial. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 48, n. 1, p. 17-25, 1999.
- CORREA, M. P. **Dicionário de plantas úteis do Brasil e das exóticas cultivadas**. Rio de Janeiro: Serviço de Informações Agrícolas, 1926. v. 3, p. 490-491.
- CROW, J. F.; KIMURA, M. A. **An introduction to population genetics theory**. London: Harper & Row, 1970. 591 p.

FERREIRA, C. A.; MARTINS, E. G. O. Potencial da grevilea (*Grevillea robusta* A. Cunn.) para reflorestamento. In: SIMPÓSIO SOBRE "ESPÉCIES NÃO TRADICIONAIS PARA PLANTIOS COM FINALIDADES PRODUTIVAS E AMBIENTAIS", 1998, Curitiba. Colombo: EMBRAPA, 1998. p. 171-178.

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

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: State University Press, 1988. 469 p.

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

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

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

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

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

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

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

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

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

WILLEY, R. N. The use of shade in coffee, cocoa and tea. **Horticultural Abstracts**, St. Joseph, v. 45, n. 12, p. 791-798, 1975.

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