



Anais do XIII Evento de Iniciação Científica da Embrapa Florestas – Evinci

Documentos 267

16 e 17 de julho de 2014 - Colombo, PR, Brasil

Estrutura genética de populações de *Grevillea robusta* A. Cunn. ex. R. Br. estabelecidas no sul do Brasil

Fernando Albertin

Acadêmico do curso de Engenharia Agrônoma, Universidade Federal do Paraná

Antonio Nascim Kalil Filho

Engenheiro-agrônomo, Doutor, Pesquisador da Embrapa Florestas

Valderês Aparecida de Sousa

Engenheira florestal, Doutora, Pesquisadora da Embrapa Florestas

Resumo: A grevilea, de ocorrência natural na Austrália, foi introduzida no Brasil no século XIX visando utilização como quebra-vento de cultivos de café. Hoje sua madeira é útil para dormentes, painéis, compensados e móveis. Este trabalho objetivou comparar quanto à estrutura genética, seis populações oriundas de diferentes latitudes da Austrália, sendo cinco delas utilizadas no programa de melhoramento da Embrapa Florestas. A coleta destas, recente, observou critérios que minimizam a endogamia, além de considerar o tamanho efetivo. Já a população-testemunha, coletada em meados do século XIX sem a observância dos critérios mencionados, apresentava indícios de depressão endogâmica quanto à germinação e tortuosidade do tronco. A metodologia utilizada consistiu de análise de sete *loci* de seis isoenzimas: *MDH*, *PGM*, *DIA*, *PO*, *SOD* e *SKDH*. A testemunha não diferiu das demais populações quanto ao número médio de alelos por *locus*. A heterozigosidade média (H_e) estimada da população-testemunha (0,482) foi menor em relação ao mesmo parâmetro para as cinco outras populações, respectivamente de 0,531; 0,540; 0,528; 0,499 e 0,484, mostrando que H_e foi capaz de evidenciar a menor variabilidade genética da testemunha em relação às populações de introdução recente. Dos 42 *loci* isoenzimáticos das seis populações estudadas, 11 deles encontravam-se em equilíbrio de Hardy-Weinberg (HW) e 31 em desequilíbrio (74%), ao nível de 5% de probabilidade. A testemunha foi a única que se encontrava em desequilíbrio de HW para todos os *loci*. Dos 42 *loci* estudados nas seis populações, 62% apresentavam excesso de homozigotos, enquanto 38% apresentavam excesso de heterozigotos. A testemunha apresentou seis *loci*, indicando excesso de homozigotos. A ordem decrescente de endogamia, do maior para o menor F_{is} (coeficiente de endogamia) ocorreu na seguinte sequência de *loci*: *Skdh-1*, *Dia-2*, *Mdh-3*, *Pgm-2*, *Po-1*, *Sod-1* e *Po-2*. Os valores de F_{st} (índice de fixação) mostram pouca diferenciação entre populações para os *loci* *Po-2*, *Sod-1* e *Skdh* e moderada diferenciação para os *loci* *Mdh-3*, *Pgm-2* e *Dia-2* nas populações em estudo. Conclui-se que a testemunha apresentou a menor variabilidade e excesso de homozigotos. Os demais *loci* apresentaram variabilidade genética suficiente, passível de utilização em programas de melhoramento.

Palavras-chave: variabilidade genética, isoenzimas, endogamia.

Apoio/financiamento: Projeto financiado pela Embrapa.