

Avaliação genética de progênes de meio-irmãos de *Eucalyptus grandis* por meio dos procedimentos REML/BLUP e da ANOVA

Genetic evaluation of half-sib *Eucalyptus grandis* progenies by means of the REML/BLUP least squares procedures

Maria das Graças de Barros Rocha, Ismael Eleotério Pires,
Rodrigo Barros Rocha, Aloisio Xavier, Cosme Damião Cruz

Resumo

Com o objetivo de selecionar genitores para a próxima geração foram avaliados indivíduos de 245 progênes de meio-irmãos de *Eucalyptus grandis* de 13 procedências do norte da Austrália. O ensaio foi estabelecido em blocos casualizados, com cinco repetições e parcelas lineares de seis plantas no espaçamento 3,0 x 2,0 m, em Guanhães, MG. A predição dos valores genéticos dos indivíduos foi feita por meio do procedimento BLUP (melhor predição linear não viesada), as variâncias, por meio dos procedimentos REML (máxima verossimilhança restrita), e da análise de variância (ANOVA), constatando a existência de variabilidade genética e possibilidade de ganhos por seleção nas características diâmetro à altura de peito (DAP), altura total (ALT) e volume individual (VOL). Os coeficientes de variação genética aditiva apresentaram valores maiores na característica volume (VOL), seguido do diâmetro à altura do peito (DAP), sendo similares nos dois procedimentos de avaliação (REML e ANOVA). Foram obtidas estimativas de herdabilidade individuais no sentido restrito na ordem de 0,2247 para diâmetro à altura do peito (DAP), 0,2778 altura total (ALT) e de 0,2111 para volume individual (VOL), respectivamente. Optou-se pela seleção, com base na característica diâmetro à altura do peito (DAP), através do ranqueamento dos valores genéticos preditos pelo procedimento REML/BLUP. A seleção propiciou um ganho genético na população de melhoramento, Pomar de Sementes por Mudanças (PSM), e de produção, Pomar de Sementes Clonal (PSC), da ordem de 16,1% e de 18,9% com tamanho efetivo de 480 e 17, respectivamente. A maximização do limite inferior do intervalo de confiança e ganho genético corrigido para a endogamia ocorreu com a seleção dos 29 melhores indivíduos portadores dos maiores valores genéticos preditos.

Palavras-Chave: Melhoramento florestal, *Eucalyptus grandis*, parâmetros genéticos, Meio-irmãos

Abstract

A total of 245 progenies of *Eucalyptus grandis* from 13 Australian provenances were tested in order to estimate their genetic values. The trial was established in a randomized complete block design, with five replications and linear plots containing six plants each, in a 3.0 x 2.0 m spacing at Guanhães, in the State of Minas Gerais, Brazil. The genetic value of the plants was predicted by the BLUP (best linear unbiased prediction) procedure and the variance estimation by using the REML (restricted maximum likelihood) and minimum squares procedures. The traits diameter at breast height (DAP), total height (ALT) and individual volume (VOL) were evaluated. The statistical analysis revealed the existence of genetic variability in the population. The additive genetic variance coefficients showed greater values for the trait volume (VOL), followed by the diameter at breast height (DAP), both similar to each other respective analysis method. The heritability values at an individual level were 0.2247; 0.2778, and 0.2111 for the traits diameter at breast height (DAP), total height (ALT), and individual volume (VOL), respectively. The estimated gain was computed only for the diameter at breast height (DAP), making possible to establish a ranking of the predicted genetic values by the REML/BLUP procedure. The selection led a genetic gain in the breeding population (seedling seed orchard) and production population (clonal seed orchard) of 16.1% and 18.9% with an effective size of 480 and 17, respectively. The maximization of the confidence interval lower limit and adjusted genetic gain for endogamy occurred with the selection of the 29 best individuals, corresponding to those ones with the highest predicted genetic gains.

Keywords: *Eucalyptus grandis*, Genetic parameters, Forest improvement

INTRODUÇÃO

O *Eucalyptus grandis* ocorre de forma contínua entre latitudes de 32°S na região costeira de Nova

Gales do Sul a 26°S no sul de Queensland na Austrália, numa faixa de 100 quilômetros (ELDRIDGE *et al.*, 1993). As primeiras procedências de *E. grandis* introduzidas no Brasil são originadas

de regiões mais ao sul da Austrália (latitudes de 32°S), tendo sido plantadas em grandes áreas na década de 70. Essas procedências destacam-se por sua boa performance, rápido crescimento, boas características de celulose e pela susceptibilidade ao cancro, causado pelo fungo *Cryphonectria cubensis*. Em regiões mais secas, com déficit hídrico acentuado, observa-se ainda mortalidade de árvores resultante da má adaptação ao clima seco (MORA e GARCIA, 2000).

No início da expansão do plantio de eucalipto no Brasil, o Horto Florestal de Rio Claro, SP foi o grande fornecedor de sementes de *E. grandis*, além das sementes importadas das procedências de Coff's Harbour (NSW, Austrália), Zimbabwe e da África do Sul. O material do Horto Florestal de Rio Claro originou-se do desbaste em 12 parcelas de espécies distintas, uma ao lado da outra, sem nenhum isolamento, e com intenso sincronismo de floração entre elas, resultando num plantio F1 heterogêneo e com características híbridas.

O êxito do melhoramento genético está associado à capacidade de acerto na escolha dos melhores indivíduos que serão os genitores das próximas gerações (CRUZ e CARNEIRO, 2003). Uma das maneiras de identificar os indivíduos portadores de genes desejáveis se faz com a avaliação genética dos candidatos à seleção. A seleção deve ser feita nos valores genéticos aditivos dos indivíduos que serão utilizados na recombinação e nos valores genotípicos dos indivíduos que serão clonados, sendo necessária a obtenção da estimativa da variância genética aditiva para a reprodução sexuada e também da variância não aditiva para a reprodução assexuada.

Dentre os principais procedimentos para a estimação dos parâmetros genéticos em testes de progênies, destaca-se a análise de variância (ANOVA) e o procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita / melhor predição linear não viesada). Na ANOVA os componentes de variância são obtidos pela decomposição dos quadrados médios com base nas suas esperanças matemáticas (CRUZ e CARNEIRO, 2003). Segundo Resende (2002a), o procedimento mais adequado para a predição dos valores genéticos em plantas perenes é o BLUP individual, que consiste, basicamente, na predição de valores genéticos dos efeitos aleatórios do modelo estatístico associado às observações fenotípicas, ajustando os dados aos efeitos fixos e ao número desigual de informações nas parcelas por meio de metodologia de modelos

mistos (HENDERSON *et al.*, 1959). A predição de valores genéticos usando o BLUP assume que os componentes de variância são conhecidos. Entretanto, na prática não se conhecem os verdadeiros componentes de variância, que devem ser estimados com o procedimento da máxima verossimilhança restrita (REML), desenvolvido por Patterson e Thompson (1971).

Este trabalho teve como objetivo a estimação dos valores genéticos de progênies de *E. grandis*, aos 58 meses de idade, na região do vale do Rio Doce, Minas Gerais pelo método REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita / melhor predição linear não viesada).

MATERIAL E MÉTODOS

Material experimental

Foram utilizadas 245 progênies de meio-irmãos de *E. grandis* de 13 procedências das regiões ao norte da Austrália, estado de Queensland e cinco testemunhas oriundas das Áreas de Produção de Sementes de *E. grandis* pertencentes à CENIBRA – CELULOSE NIPO-BRASILEIRA S.A, denominadas de T1 (APS 01- Sabinópolis), T2 (APS 03 - Divinópolis), T3 (APS 06 - São Domingos do Prata), T4 (APS 06 - Peçanha) e T5 (APS 08- Sabinópolis).

O teste de progênies de *E. grandis* foi instalado em dezembro de 1993, em Guanhães, MG, em latitude de 18°48'06"S e longitude de 42°58'22"W. O delineamento experimental adotado foi o de blocos ao acaso com 5 repetições e parcelas lineares de 6 plantas, no espaçamento de 3 x 2 metros.

O solo predominante é o Latossolo Vermelho Amarelo distrófico, horizonte A moderado, álico (90% de saturação de alumínio) de textura argilosa (70% de argila), solos ácidos com baixa saturação por bases, valores de Ca e Mg extremamente baixos (0,02 e 0,03 eqmg/100cc). O relevo é suavemente ondulado, com declives em altitudes variando de 800 a 1000 metros. De acordo com a classificação climática de Köppen o clima é Aw, tropical chuvoso de savana, ou seja inverno seco e chuvas máximas no verão e a vegetação associada é classificada como floresta temperada úmida.

Segundo Souza *et al.* (2003), a temperatura média anual é de 22,2 °C e varia de 18 °C em julho a 25 °C em fevereiro. A temperatura média das máximas é de 27,7 °C, sendo fevereiro a de maior valor 30,5 °C e a média das mínimas de 15,7 °C observadas nos meses de junho, ju-

lho e agosto. A precipitação total média anual é de 1154 mm, sendo novembro, dezembro e janeiro o período mais chuvoso, com um total precipitado de 572 mm, e o mais seco, de 32 mm, nos meses de junho, julho e agosto. A umidade relativa do ar varia de mínima de 50% no mês de setembro a 62% no mês de dezembro, com média anual de 58%.

Avaliação

O teste de progênies foi avaliado aos 58 meses de idade quanto ao crescimento em altura total (ALT), diâmetro à altura do peito (DAP) e volume (VOL). O volume foi estimado utilizando a seguinte fórmula:

$$VOL = \frac{\pi(DAP)^2 \cdot ff}{40000} \cdot ALT$$

em que: $\pi = 3,1416$ e fator de forma $ff = 0,5$.

Na Tabela 1 são apresentados os dados de procedências, número de progênies por procedência (nf) e número médio de indivíduos por progênie (\bar{n}) e coordenadas geográficas das regiões de origem.

Análise de variância e estimativas de parâmetros genéticos

Para análise de variância e teste de F foi adotado o modelo estatístico em blocos casualizados descrito por Cruz e Carneiro (2003), desprezando-se o efeito de procedências.

Os coeficientes de herdabilidade individual no sentido restrito em nível de plantas individuais e em nível de médias de progênies foram estimados desprezando-se a ocorrência de endogamia, conforme Vencovsky e Barriga (1992).

As estimativas dos coeficientes de variação genética aditiva entre plantas, coeficiente de variação fenotípica entre plantas e coeficiente de variação experimental foram obtidas conforme Vencovsky e Barriga (1992).

Análise REML/BLUP

A avaliação genética foi feita no teste de progênies por meio do procedimento REML/BLUP, utilizando-o para estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos, com uso do programa computacional Selegen-REML/BLUP desenvolvido por Resende (2002b).

Estimação de parâmetros genéticos

Na predição dos valores genéticos utilizou-se o modelo linear misto, considerando o modelo aditivo univariado com várias procedências, conforme Resende (2000):

$$Y = Xb + Za + Wc + e$$

em que:

Y = vetor de dados;

X = matriz de incidência para o efeito fixo de bloco;

b = vetor dos efeitos de bloco, tomado como fixo;

Z = matriz de incidência para o efeito aleatório de indivíduos;

a = vetor dos efeitos genéticos aditivos tomados como aleatório;

W = matriz de incidência para o efeito de parcela;

c = vetor dos efeitos aleatórios de parcelas;

e = vetor de erros aleatórios.

As pressuposições acerca da distribuição de estruturas de médias e variâncias para cada vetor, são dados por:

Tabela 1. Dados de procedências, número de progênies por procedência (nf) e número médio de indivíduos por progênie (\bar{n}) de *Eucalyptus grandis*. (Origins, number of progenies per origin (nf), mean number of individual per progenie (\bar{n}) of *Eucalyptus grandis*)

Procedência	Latitude	Longitude	Altura (m)	(nf)	(\bar{n})
1-M T Fraser, 7 km W. of Julatten –QLD	16°35'S	145°36'E	1000	10	26
2-Tinaroo Creek Road, Atherton – QLD	17°06'S	145°36'E	1200	15	23
3-Mt Spec S. Forest, Paluma – QLD	19°01'S	146°08'E	900	11	23
4-SSW Atherton toward Herberton – QLD	17°19'S	145°25'E	1100	24	22
5-M t Lewis region, WNW of Julatten – QLD	16°35'S	145°17'E	1000	16	26
6-Tinaroo creek Road, SW of Mareeba – QLD	17°05'S	145°17'E	1100	7	25
7-Davies creek Road, E of Mareeba – QLD	17°03'S	145°37'E	800	10	23
8-Atherton toward Herberton-Wild River-QLD	17°22'S	145°24'E	920	11	24
9-East of Wondecla – QLD	17°23'S	145°24'E	900	17	23
10-Atherton QLD, Baldy State Forest – QLD	17°19'S	145°08'	1000	26	22
11-Mt Spec State Forest near Paluma – QLD	18°52'S	146°08'E	950	42	22
12-South of Ravenshoe – QLD	17°42'S	145°29'E	850	47	24
13-10 km South of Ravenshoe – QLD	17°51'S	145°29'E	950	9	23
14 / Testemunhas (APS – CENIBRA)	18°48'S	42°58'W	810	5	25
Total				245	

$$y \sim N(Y, V); a \sim N(0, A\sigma_a^2); c_1 \sim N(0, I\sigma_{c_1}^2);$$

$$c_2 \sim N(0, I\sigma_{c_2}^2); e \sim N(0, I\sigma_e^2)$$

$$\text{Cov}(a, c'_1) = 0; \text{Cov}(a, c'_2) = 0; \text{Cov}(a, e') = 0;$$

$$\text{Cov}(c_1, c'_2) = 0; \text{Cov}(c_1, e') = 0; \text{Cov}(c_2, e') = 0$$

Desta forma, as equações de modelo misto são:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'U \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W & Z'U \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 & W'U \\ U'X & U'Z & U'W & U'U + I\lambda_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{c}_1 \\ \hat{c}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ U'y \end{bmatrix}$$

em que:

c_1 = vetor dos efeitos aleatórios de parcelas referentes a progênies;

U = matriz de incidência dos valores genéticos de procedências;

c_2 = vetor dos efeitos aleatórios de parcelas referentes a procedências;

$$\lambda_1 = \frac{\hat{\sigma}_e^2}{\hat{\sigma}_a^2} = \frac{I - h^2 - c_1^2 - c_2^2}{h^2};$$

$$\lambda_2 = \frac{\hat{\sigma}_e^2}{\hat{\sigma}_{c_1}^2} = \frac{I - h^2 - c_1^2 - c_2^2}{c_1^2};$$

$$\lambda_3 = \frac{\hat{\sigma}_e^2}{\hat{\sigma}_{c_2}^2} = \frac{I - h^2 - c_1^2 - c_2^2}{c_2^2};$$

Os estimadores iterativos dos componentes de variância por REML via algoritmo em:

$$\sigma_e^2 = [y'y - \hat{b}'X'y - \hat{a}'Z'y - \hat{c}_1'W'y - \hat{c}_2'U'y]/[N - f(x)]$$

$$\hat{\sigma}_a^2 = [\hat{a}'A^{-1}\hat{a} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(A^{-1}C^2)]/q$$

$$\sigma_{c_1}^2 = [\hat{c}_1'\hat{c}_1 + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}C^{33}]/s_1$$

$$\sigma_{c_2}^2 = [\hat{c}_2'\hat{c}_2 + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}C^{44}]/s_2$$

em que:

s_1, q e s_2 = número de parcelas referentes a progênies, número de procedências e número de parcelas referentes à procedência, respectivamente.

As variâncias dos ganhos genéticos e seus respectivos intervalos de confiança foram estimadas conforme Resende e Bertolucci (1995), assumindo os componentes de variância como estimados com precisão:

$$\hat{V}(\hat{G}_s) = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{N_e}$$

em que, $\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva no sentido restrito e N_e = número efetivo.

O tamanho efetivo populacional foi obtido de acordo com Resende e Bertolucci (1995), como segue:

$$N_e = \frac{4N_f\bar{k}_f}{\bar{k}_f + 3 + (\hat{\sigma}_{k_f}^2/k^2)}$$

em que:

\bar{k}_f = número médio de indivíduos selecionados por progênie ($\bar{k}_f = N/N_f$);

$\hat{\sigma}_{k_f}^2$ = variância do número de indivíduos selecionados por progênie;

N_f = número de progênies selecionadas.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Estimativas de parâmetros genéticos

Médias e análise de variância

Na Tabela 2 estão apresentados os resultados da análise de variância e teste F para as características DAP, ALT e VOL avaliadas em nível de plantas individuais bem como, as médias e os respectivos coeficientes de variação experimentais (CV_{exp}) em progênies de meio-irmãos de *E. grandis*, aos 58 meses de idade.

A análise de variância revelou a existência de diferenças significativas entre progênies de meio-irmãos de *E. grandis* aos 58 meses de idade, para as características DAP, ALT e VOL pelo teste de F, em nível de 1% de probabilidade. Desta maneira, pode-se concluir que existe variabilidade genética entre progênies e que há possibilidades de obtenção de ganhos genéticos pela seleção nesta população.

Os coeficientes de variação experimentais apresentaram valores que podem ser considerados normais e estão dentro dos padrões encontrados para *Eucalyptus* spp (GARCIA, 1989), evidenciando boa precisão experimental.

Tabela 2. Resultados da análise de variância para diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (ALT) e volume individual (VOL) em progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus grandis*, aos 58 meses de idade. (Variance analyses of the diameter at breast height (DAP), total height (ALT) and individual volume (VOL) in half sib progenies of *Eucalyptus grandis*)

Fonte de Variação	GL	Quadrados Médios		
		DAP(cm)	ALT(m)	VOL(m³)
Blocos	4	109,8915	1026,8923	0,06827
Progênies	284	35,9733**	42,8168**	0,01076**
Entre parcelas	1136	14,7414	18,0845	0,00468
Dentro de parcelas	7125	6,6778	5,1169	0,00190
Média		11,81	18,13	0,0911
CV_{exp} (%)		9,8	8,10	23,62

** = Significativo a 1% de probabilidade, pelo teste F.

Componentes de variância

Na Tabela 3 estão apresentadas as estimativas da variância genética aditiva, variância ambiental entre parcelas, variância fenotípica entre plantas dentro de progênies e dentro do bloco para as características DAP, ALT e VOL em progênies de meio-irmãos de *E. grandis*.

As estimativas das variâncias genéticas aditi-

vas foram similares para as características DAP e ALT nos dois procedimentos, máxima verossimilhança restrita (REML) e quadrados mínimos E(QM), bem como as variâncias fenotípicas, evidenciando a possibilidade de uso de ambos na predição de valores genéticos dos indivíduos candidatos à seleção. Entretanto, os valores estimados para a variância ambiental entre parcelas foram discrepantes. Este fato pode ser inferido com relação ao desbalanceamento dos dados, em consequência de falhas nas parcelas. Neste caso, o procedimento REML apresentou valores menores, possivelmente por levar em consideração basicamente os efeitos aleatórios do modelo estatístico associado às observações fenotípicas, ajustando os dados aos efeitos fixos e ao número desigual de informações nas parcelas por meio de metodologia de modelos mistos (HENDERSON e QUAAAS, 1976).

Nas três características em estudo DAP, ALT e VOL os níveis de controle genético foram similares, guardando as devidas escalas, por serem características correlacionadas. Isto evidencia que, em se tratando de seleção para crescimento, há

boas chances de sucesso nas três pela seleção em apenas uma. Porém, pela facilidade de medição e precisão dos dados, o DAP deve ser a característica recomendada para seleção direta.

Estimativas dos coeficientes de variação

Na Tabela 4 estão apresentadas as estimativas dos coeficientes de variação genética aditiva, de variação fenotípica entre plantas dentro de progênies e de variação fenotípica entre plantas dentro do bloco, bem como a relação entre o coeficiente de variação fenotípica entre plantas dentro de progênies e o coeficiente de variação entre parcelas para as características DAP, ALT e VOL, em progênies de meio-irmãos de *E. grandis*, aos 58 meses de idade.

O coeficiente de variação genética aditivo mostrou alto controle genético para VOL seguido do DAP e ALT, tanto no procedimento REML quanto no E(QM). Vale destacar que este coeficiente de variação é um parâmetro por permitir a comparação da variabilidade genética entre características, dentro de uma mesma população, numa mesma idade.

Tabela 3. Estimativas da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$), variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_c^2$), variância fenotípica entre plantas dentro de progênies ($\hat{\sigma}_d^2$); variância fenotípica entre plantas dentro do bloco ($\hat{\sigma}_f^2$), para as características diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (ALT) e volume (VOL) em progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus grandis*, aos 58 meses de idade. (Additive genetic variance ($\hat{\sigma}_a^2$), environmental variance between plots ($\hat{\sigma}_c^2$), phenotypic variance between plants within progenies ($\hat{\sigma}_d^2$) and phenotypic variance between plants within blocks ($\hat{\sigma}_f^2$) of half sibs progenies of *Eucalyptus grandis* field tests with 58 months)

Parâmetros	Características					
	DAP(cm)		ALT(m)		VOL(m ³)	
	REML	E(QM)	REML	E(QM)	REML	E(QM)
$\hat{\sigma}_a^2$	2,2314	2,8309	2,4687	3,2963	0,0006	0,0008
$\hat{\sigma}_c^2$	0,4574	1,3439	1,2799	2,1612	0,0002	0,0005
$\hat{\sigma}_d^2$	7,1393	6,6778	5,0464	5,1169	0,00021	0,0019
$\hat{\sigma}_f^2$	9,9306	8,7852	8,8972	8,6922	0,00029	0,0026

REML: máxima verossimilhança restrita; E(QM): esperança de quadrados médios.

Tabela 4. Estimativas do coeficiente de variação genética aditiva $CV_a(\%)$, do coeficiente de variação ambiental entre parcelas $CV_c(\%)$, do coeficiente de variação fenotípica entre plantas dentro de progênies $CV_d(\%)$, do coeficiente de variação fenotípica $CV_f(\%)$, e a relação entre do coeficiente de variação fenotípica entre plantas dentro de progênies e do coeficiente de variação entre parcelas (CV_d/CV_c) das características diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (ALT) e volume (VOL) em progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus grandis*, aos 58 meses de idade. (Genetic variation coefficient $CV_a(\%)$, environment variation coefficient $CV_c(\%)$, phenotypic variation coefficient inside progenies $CV_d(\%)$, phenotypic variation coefficient $CV_f(\%)$ and the relation between phenotypic variation coefficient among plants insideprogenie and the plot variation coefficient (CV_d/CV_c) of half sibs progenies of *Eucalyptus grandis* field tests with 58 months)

Parâmetros	Características					
	DAP(cm)		ALT(m)		VOL(m ³)	
	REML	E(QM)	REML	E(QM)	REML	E(QM)
CV_a	12,65	14,25	8,67	10,01	26,89	31,05
CV_c	5,73	9,82	6,25	8,11	15,68	24,55
CV_d	22,62	21,88	12,41	12,48	16,06	47,85
CV_f	26,68	25,10	16,48	16,26	18,87	55,98
$CV_{exp}(\%)$	5,73	9,82	6,24	8,11	15,53	23,62
(CV_d/CV_c)	3,94	2,22	1,98	2,00	1,20	2,28

REML: máxima verossimilhança restrita; E(QM): esperança de quadrados médios.

Tomando a relação entre CV_d/CV_c o maior valor foi obtido para diâmetro seguido de volume e altura. Segundo Pires (1996), quando esta relação entre o coeficiente de variação dentro de parcelas e o coeficiente de variação entre parcelas for igual a 1,0 indica que a variância genética dentro das progênes é nula, porém quando maior, indica situação favorável à seleção dentro. A partir desta consideração a característica DAP é a que apresenta maior possibilidade de sucesso com a seleção.

Estimativas dos coeficientes de herdabilidade

A herdabilidade corresponde à proporção da variabilidade total que é de natureza genética ou à fração do diferencial de seleção que é retida na descendência (STURION *et al.*, 1994). Na Tabela 5 estão apresentadas as estimativas dos coeficientes de herdabilidade individual no sentido restrito e os coeficientes de determinação dos efeitos ambientais de parcelas.

As estimativas de herdabilidade individual ficaram abaixo de 0,40 para todas as características, no procedimento REML. Estas estimativas foram ainda menores quando comparadas com o método dos quadrados mínimos. Estes resultados estão coerentes com aqueles obtidos por Kageyama e Vencovsky (1983), para progênes de meio-irmãos de *Eucalyptus grandis* aos 60 meses de idade, usando o método dos quadrados mínimos.

O coeficiente de determinação devido ao ambiente comum da parcela (c_p^2) quantifica a variabilidade dentro dos blocos, onde alto valor deste coeficiente significa alta variabilidade ambiental entre as parcelas. Nos experimentos de boa qualidade em plantas perenes, este coeficiente deve estar em torno de 0,10 ou seja, de toda variação fenotípica dentro dos blocos, apenas 10% é devida à variância ambiental entre parcelas (RESENDE, 2002a). Desta maneira, as características diâmetro e volume apresentaram baixa variação ambiental entre parcelas, enquanto a altura apresentou valor de 14,38%, sendo considerada alta.

Ganho genético

Optou-se por conduzir a seleção utilizando a característica DAP que apresenta uma alta correlação genética com a ALT e o VOL. Além disso, nas avaliações de DAP ocorrem menores erros de medição, se comparadas com a ALT e o VOL por consequência.

As estimativas de ganho genético para todas

as características avaliadas foram obtidas com base no valor genético predito dos indivíduos, que resulta dos efeitos genéticos preditos mais a média geral do experimento com uso do procedimento BLUP.

População de melhoramento (PSM)

O ganho genético foi obtido pela seleção dos indivíduos portadores dos maiores valores genéticos preditos para a característica DAP. Na Tabela 6 estão apresentados os ganhos genéticos das populações de melhoramento e de produção, as novas médias (valor genético aditivo predito), o número de indivíduos selecionados, a percentagem de seleção e o tamanho efetivo populacional para a característica DAP, em progênes de meio-irmãos de *E. grandis*, aos 58 meses de idade.

A seleção praticada na característica DAP conduziu a ganhos de 16,1 % para a população de melhoramento e de 18,9 % para a população de produção. A seleção pelos valores genéticos preditos tende a selecionar muitos indivíduos de determinadas progênes, em função do maior peso dado à informação de progênie e este fato não representaria grandes problemas nas populações de melhoramento desde que, nas próximas gerações houvesse oportunidade para a seleção contra os indivíduos endogâmicos com características desfavoráveis (RESENDE e HIGA, 1990). Apesar disto, foi deixado apenas um indivíduo de cada progênie selecionada no bloco. Este cuidado, além de evitar o cruzamento entre meio-irmãos, permite maior entrada de luz na população, favorecendo o florescimento mais uniforme com maior participação dos indivíduos no fluxo gênico. O tamanho efetivo populacional estimado foi de 480 na população de melhoramento. Um número efetivo (N_e) igual a 60 é considerado adequado para obtenção de ganhos nos próximos ciclos seletivos (RESENDE, 1990), maior que 30 é considerado satisfatório (PEREIRA e VENCOVSKY, 1988) e entre 50 e 60 é o recomendado pela Embrapa Florestas (1991). O resultado aqui obtido é altamente satisfatório para manutenção dos ganhos ao longo dos ciclos de seleção.

População de produção (PSC)

Na Tabela 7 estão apresentados os resultados referentes ao estabelecimento da população de produção (PSC) de *E. grandis*, considerando o tamanho efetivo populacional e estimativas de ganhos genéticos para diferentes números de indivíduos selecionados.

Tabela 5. Estimativas dos coeficientes de herdabilidade individual no sentido restrito (h^2_a), dos coeficientes de determinação dos efeitos de parcelas (c^2_p) para as características diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (ALT) e volume (VOL) em progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus grandis*, aos 58 meses de idade. (Restrict Individual heritability coefficients estimates (h^2_a) and of progenies means (h^2_{mp}), determination coefficient of the plots effects (c^2_{parc}) of half sib progenies of *Eucalyptus grandis* in field tests with 58 months)

Parâmetros	Características					
	DAP(cm)		ALT(m)		VOL(m ³)	
	REML	E(QM)	REML	E(QM)	REML	E(QM)
h^2_a	0,2247	0,3222	0,2778	0,3792	0,2111	0,3077
c^2_p	0,0461	-	0,1438	-	0,0558	-

Tabela 6. Ganho genético das populações de melhoramento e de produção (Ganho_{sc}), percentual de seleção (%seleção), tamanho efetivo populacional (N_e) e as novas médias (valor genético aditivo predito) para a característica diâmetro à altura do peito (DAP) em progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus grandis*, aos 58 meses de idade. (Genetic gains of breeding and production populations (Ganho_{sc}), percentual of selection (%seleção), effective population size (N_e) and the news means for DAP trait of half sib progenies of *Eucalyptus grandis* in field tests with 58 months.)

Parâmetros	População de melhoramento (PSM)	População de produção (PCS)
Ganho _{sc} (%)	16,1	18,9
Nova média	13,7	14,04
Indivíduos selecionados	897	29
% seleção	10,4	0,34
N_e	480	17

Tabela 7. Resultado de ganho de seleção esperado com o estabelecimento da população de produção (PCS) de *Eucalyptus grandis* considerando diferentes números de indivíduos selecionados em progênies de meio-irmãos aos 58 meses de idade. (Obtainment of the production population considering different number of individuals selected in half sib progenies of *Eucalyptus grandis* in field tests with 58 months)

Indivíduos selecionados	DAP (cm)			N_e	r_{aa}
	Ganho	Ganho (%)	VG Predito		
03	2,56	21,78	14,10	2,42	0,53
10	3,39	20,32	13,99	6,46	0,55
20	2,28	19,40	13,93	11,79	0,54
30	2,22	18,89	13,87	13,75	0,53
50	2,12	18,04	13,79	31,49	0,54
100	1,96	16,67	13,61	58,11	0,53

r_{aa} = acurácia seletiva associada ao método de melhor predição não viesada (BLUP) para o caráter diâmetro à altura do peito.

Quanto menor o número de indivíduos selecionados maior é o ganho genético. Entretanto, ao determinar o número de indivíduos para recombinação na população de produção, procura-se a maximização do ganho genético, levando-se em consideração o tamanho efetivo populacional adequado para que haja segurança na seleção, considerando a endogamia na geração de plantio. Resende e Bertolucci (1995) recomendam um limite seletivo observando a variância do ganho, que indica o grau de confiabilidade da seleção. Nas expressões utilizadas por Resende (2002a) verifica-se que a variância do ganho reduz-se a medida em que aumenta o número de indivíduos selecionados, assim, deve-se encontrar um número ótimo de indivíduos que maximize o limite inferior do intervalo de confiança do ganho genético para a endogamia potencial. Para encontrar um número desejado de indivíduos que participarão na recombinação, este autor sugere a construção de intervalos de confiança para o ganho genético corrigido para a endogamia na geração de plantio.

Na Tabela 8 estão apresentados os intervalos de confiança (IC) do ganho genético associados aos 30 melhores indivíduos selecionados pelo teste de t, com 95% de confiança em progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus grandis*, aos 58 meses de idade.

No estabelecimento da população de produção (PCS-pomar clonal de sementes) foram selecionados 29 indivíduos portadores dos maiores valores genéticos aditivos para a característica diâmetro à altura do peito (DAP). Na seleção dos indivíduos para recombinação na população de produção para a maximização do ganho genético, levou-se em consideração o tamanho efetivo populacional adequado para a endogamia potencial na geração de plantio (RESENDE e BERTOLUCCI, 1995). A maximização do limite inferior do intervalo de confiança do ganho genético corrigido para a endogamia ocorreu com a seleção dos 29 melhores indivíduos, portadores dos maiores ganhos genéticos para DAP, portanto a recombinação destes indivíduos na população de produção promoverá um ganho de 17,16 % para esta característica.

Tabela 8. Intervalos de confiança (IC) associados aos 30 melhores indivíduos selecionados pelo DAP em progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus grandis*, aos 58 meses de idade. (Confidence intervals of the 30 selected genotypes considering the DAP trait in half sib progenies of *Eucalyptus grandis* in field tests with 58 months)

Ord.	Fam.	Gs	Ne	F= 1/2Ne	Gsc	Gsc(%)	IC(%)
1	6	22,08	1,00	0,5000	1,32	11,04	-13,54 ___ 35,62
2	9	21,74	1,60	0,3125	1,78	14,95	-4,48 ___ 34,39
3	69	20,99	2,40	0,2083	1,98	16,62	0,75 ___ 32,49
4	69	20,57	3,40	0,1471	2,09	17,54	4,21 ___ 30,88
5	133	20,40	4,41	0,1134	2,15	18,09	6,38 ___ 29,80
6	3	19,06	5,35	0,0835	2,08	17,47	6,84 ___ 28,10
7	20	19,06	6,30	0,0794	2,09	17,55	7,75 ___ 27,34
8	215	19,06	7,25	0,0690	2,11	17,74	8,61 ___ 26,87
9	7	19,06	8,20	0,0610	2,13	17,90	9,31 ___ 26,48
10	6	18,98	9,16	0,0546	2,14	17,94	9,82 ___ 26,06
11	215	18,81	9,74	0,0513	2,13	17,94	9,97 ___ 25,72
12	3	18,81	10,40	0,0481	2,08	17,84	9,88 ___ 25,13
13	215	18,39	10,90	0,0459	2,09	17,50	10,10 ___ 24,99
14	7	18,39	11,50	0,0435	2,08	17,54	10,18 ___ 24,68
15	115	18,22	12,50	0,0400	2,08	17,43	10,54 ___ 24,44
16	3	18,22	13,00	0,0385	2,09	17,49	10,70 ___ 24,34
17	153	18,22	13,90	0,0360	2,08	17,52	10,97 ___ 24,16
18	16	18,22	14,80	0,0338	2,09	17,56	11,13 ___ 23,91
19	231	18,14	15,80	0,0316	2,08	17,52	11,30 ___ 23,67
20	7	18,05	16,30	0,0307	2,07	17,48	11,33 ___ 23,51
21	71	17,97	17,20	0,0291	2,07	17,42	11,44 ___ 23,29
22	7	17,88	18,40	0,0272	2,07	17,36	11,67 ___ 23,13
23	49	17,88	18,50	0,0270	2,07	17,40	11,69 ___ 23,12
24	69	17,88	19,20	0,0260	2,06	17,40	11,65 ___ 22,87
25	196	17,71	20,10	0,0249	2,05	17,26	11,71 ___ 22,68
26	49	17,63	20,80	0,0240	2,05	17,19	11,82 ___ 22,60
27	49	17,63	21,32	0,0234	2,05	17,21	11,90 ___ 22,54
28	218	17,55	22,24	0,0224	2,04	17,22	11,94 ___ 22,37
29	5	17,55	23,20	0,0215	2,05	17,16	12,07 ___ 22,27
30	133	17,38	23,90	0,0209	2,03	17,02	11,99 ___ 22,05

CONCLUSÕES

- A análise de variância e o teste de F revelaram a existência de variabilidade genética entre e dentro de progênies de *E. grandis* para as características diâmetro à altura do peito, altura total e volume evidenciando possibilidade de ganho genético com a seleção;
- Os coeficientes de herdabilidade em nível de plantas, estimados pelo procedimento REML, foram cerca de 30% menores que os obtidos pelo método dos quadrados mínimos E (QM), para as três características em estudo, porém são mais confiáveis;
- A seleção praticada na característica DAP, possibilitará o estabelecimento de uma população de melhoramento (PSM) com ganho genético na ordem de 16%, enquanto o estabelecimento de uma população de produção (PSC) possibilitará ganhos na ordem de 18%.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem à CENIBRA – CELULOSE NIPO-BRASILEIRA S.A. pelo fornecimento dos dados e apoio ao desenvolvimento deste trabalho.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. v.2, 585p.
- ELDRIDGE, K.; DAVIDSON, J.; HARDWOOD, C. **Eucalypt domestication and breeding**. Oxford: Clarendon Press, 1993. 288p.
- EMBRAPA FLORESTAS. **Relatório de cooperação técnica (Embrapa/Cenibra) em melhoramento genético de *Eucalyptus grandis***. Colombo, 1991. 20p. (Não publicado).

- GARCIA, C.H. Tabelas para classificação do coeficiente de variação. **Circular Técnica IPEF**, Piracicaba, n.171, p.1-11, 1989.
- HENDERSON, C.R.; KEMPTHOTNE, O.; SEARLE, S.R.; KROSIGK, A. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics**, Arlington, v.15, n.6, p.192-218, 1959.
- HENDERSON, C.R.; QUAAS, R.L. Multiple trait evaluation using relatives records. **Journal of Animal Science**, Savoy, v.43, p.1188-1197, 1976.
- KAGEYAMA, P.Y.; VENCOVSKY, R. Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) ex Maiden. **IPEF**, Piracicaba, n.24, p.9-26, 1983.
- MORA, A.L.; GARCIA, C.H. **A cultura do eucalipto no Brasil**. São Paulo: Sociedade Brasileira de Silvicultura, 2000. 112p.
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, Oxford, v.58, p.545-554, 1971.
- PEREIRA, M.B.; VENCOVSKY, R. Limites da seleção recorrente: 1- fatores que afetam o acréscimo das frequências alélicas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.23, n.7, p.769-780, 1988.
- PIRES, I.E. **Eficiência da seleção combinada no melhoramento genético de *Eucalyptus* spp.** 1996. 116p. Tese (Doutorado em Ciências Florestais) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1996.
- RESENDE, M.D.V. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 101p. (Embrapa Florestas. Documentos, n.47).
- RESENDE, M.D.V. Delineamento de experimentos de seleção para a maximização da acurácia seletiva e do progresso genético. **Boletim Pesquisa Florestal**, Colombo, n.21, p.1-25, 1990.
- RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Florestas, 2002a. 975 p.
- RESENDE, M.D.V. **SELEGEN-REML/BLUP - Seleção Genética Computadorizada: manual do usuário**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002b. 67p.
- RESENDE, M.D.V.; BERTOLUCCI, F.L.G. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: IUFRO CONFERENCE "EUCALYPT PLANTATIONS: IMPROVING FIBRE YIELD AND QUALITY", 1995, Hobart. **Proceedings...** Hobart: CRC for Temperate Hardwood Forestry, 1995. p.167-170.
- RESENDE, M.D.V.; HIGA, A.R. Estratégias de melhoramento para eucaliptos visando a seleção de híbridos. **Boletim Pesquisa Florestal**, Colombo, n.21, p.49-60, 1990.
- SOUZA, M.J.H.; RIBEIRO, A.; LEITE, F.P. Balanço hídrico e caracterização climática de Guanhães, Nova Era e Rio Doce. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE AGROMETEOROLOGIA, 13, Santa Maria, 2003. **Anais...** Santa Maria, 2003. v.1, p.131-132
- STURION, J.A.; RESENDE, M.D.V.; CARPANEZZI, A.A.; ZANON, A. Variação genética e seleção para características de crescimento em teste de progênies de Mimosa scabrella var. aspericarpa. **Boletim Pesquisa Florestal**, Colombo, n.28/29, p.73-83, 1994.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 406p.

Recebido em 20/05/2005

Aceito para publicação em 26/04/2006

