IPEF: FILOSOFIA DE TRABALHO DE UMA ELITE DE EMPRESAS FLORESTAIS BRASILEIRAS

ISSN 0100-3453

CIRCULAR TÉCNICA Nº 156

Março 1988

PROGRAMA COOPERATIVO DO IPEF

"PRODUÇÃO DE HÍBRIDOS"

P. Eduardo T. dos Santos*
Mário Ferreira**
Paulo Y. Kageyama**

1. INTRODUÇÃO

A importância da hibridação no melhoramento genético florestal vem se destacando em vários países do mundo.

No Brasil, apesar de utilizarmos desde há muito tempo atrás sementes conhecidas como "híbridos de Rio Claro" em reflorestamentos, só mais recentemente é que a hibridação artificial passou a ser encarada como uma ferramenta para o melhorista.

A hibridação permite o aparecimento de novas combinações genéticas oriundas do cruzamento de dois parentais geneticamente divergentes ou dessemelhantes. Esses parentais podem ser progênies, populações, clones, espécies, etc..

Os termos hibridação e heterose são bastante afins, pois a heterose (ou vigor de híbrido) representa a superioridade do híbrido em relação aos seus progenitores.

Os melhoristas florestais estão atentos à exploração em seus programas de pesquisa dos benefícios da heterose, seja para elevar o valor de características relacionadas ao rendimento, seja para reunir atributos específicos de interesse que estão separados nos progenitores.

* Engenheiro do IPEF.
** Professores do Departamento de Ciências Florestais da ESALQ/USP

Na atualidade, são poucas as empresas florestais que estão desenvolvendo trabalhos com híbridos artificiais. Contudo, existe um interesse crescente nesse campo do melhoramento genético florestal.

O objetivo deste trabalho é apresentar a linha mestra referente ao programa de melhoramento genético envolvendo hibridação que o IPEF - Empresas Associadas estão desenvolvendo em seu projeto cooperativo.

2. PROPOSTAS DE TRABALHO

As propostas de trabalho apresentadas pelo IPEF para o programa cooperativo de melhoramento "Produção de Híbridos" foram as seguintes:

1ª) melhoramento das populações para produção de híbridos interpopulacionais.
2ª) melhoramento das populações para a obtenção de híbridos intrapopulacionais.
3ª) ensaios para avaliar a heterose de híbridos.
4ª) estudos sobre híbridos espontâneos e naturais.
A seguir, se abordará cada proposta de maneira detalhada.

2.1. Melhoramento das populações para produção de híbridos interpopulacionais

2.1.1. Aspectos gerais.

A hibridação interpopulacional é uma alternativa muito importante para o melhorista encontrar genótipos novos que exibam vantagens adaptativas em determinadas situações em relação às populações parentais.

Ao hibridarmos duas populações distintas ou dessemelhantes, na geração filial podem ocorrer três situações: a) aumento da variabilidade genética, expressa pelo coeficiente de variação fenotípica, permitindo a seleção de tipos extremos que não apareceriam nas populações parentais, b) combinação de características favoráveis das populações parentais na descendência, quando acompanhada de seleção (estas características podem estar relacionadas com a adaptação, produção, qualidade da madeira, características silviculturais, etc.) e c) aparecimento da heterose ou vigor de híbrido, quando para uma determinada característica o valor médio desse caráter na geração F é superior à média dos pais.

A hibridação interespecífica tem se mostrado útil no aproveitamento de áreas marginais sujeitas a algum tipo de "stress" ambiental. Nessas situações, as populações parentais não tem tido bom comportamento.

Por outro lado, nos ambientes mais propícios ao pleno desenvolvimento das árvores, os híbridos interespecíficos tem sido vantajosos quando é possível a combinação de características favoráveis das populações parentais, as quais já mostram boa adaptação, sendo que nesses casos a heterose no sentido restrito tem sido rara.

Como os híbridos são geralmente mais plásticos do que as populações puras, devido à associação de genomas com complexos adaptativos diferentes, a sua capacidade de sobrevivência e de crescimento em áreas marginais seguramente é maior.

Os híbridos interpopulacionais envolveriam híbridos interespecíficos e interprocedências. A seleção recorrente recíproca seria o esquema apropriado para o

melhoramento das populações visando o aumento da resposta heterótica quando efetuados os cruzamentos interpopulacionais.

Na prática, esses cruzamentos poderiam ser efetuados de três maneiras distintas:a) na forma de dialélico parcial ou fatorial, b) empregando testadores ("topcross"), c) empregando mistura de pólen ("policross").

Os genótipos a serem cruzados poderiam ser oriundos de pomares clonais ou de testes de progênies de auto fecundação ou de polinização livre.

Utilizando-se os cruzamentos dialélicos, como temos o controle total dos progenitores, os ganhos genéticos seriam maiores em relação aos cruzamentos do tipo "topcross" ou "policross". Operacionalmente, o "policross" seria o menos laborioso, pois envolveria um menor número de polinizações controladas. No caso do "topcross" devemos dispor de pelo menos dois testadores geneticamente diferentes para melhor avaliar a capacidade geral de combinação.

A alternativa mais prática seria o esquema "policross", pois, conforme salientado acima, é o mais fácil de ser executado a nível de campo.

A polinização controlada é a melhor estratégia para se garantir ganhos genéticos continuamente. Contudo, deve ser salientado que a polinização livre também pode desempenhar um papel importante como uma forma de se avaliar preliminarmente o potencial de cruzamentos visando produção de híbridos. Assim, numa etapa posterior, se efetuariam cruzamentos controlados apenas entre aqueles materiais que demonstraram bom potencial.

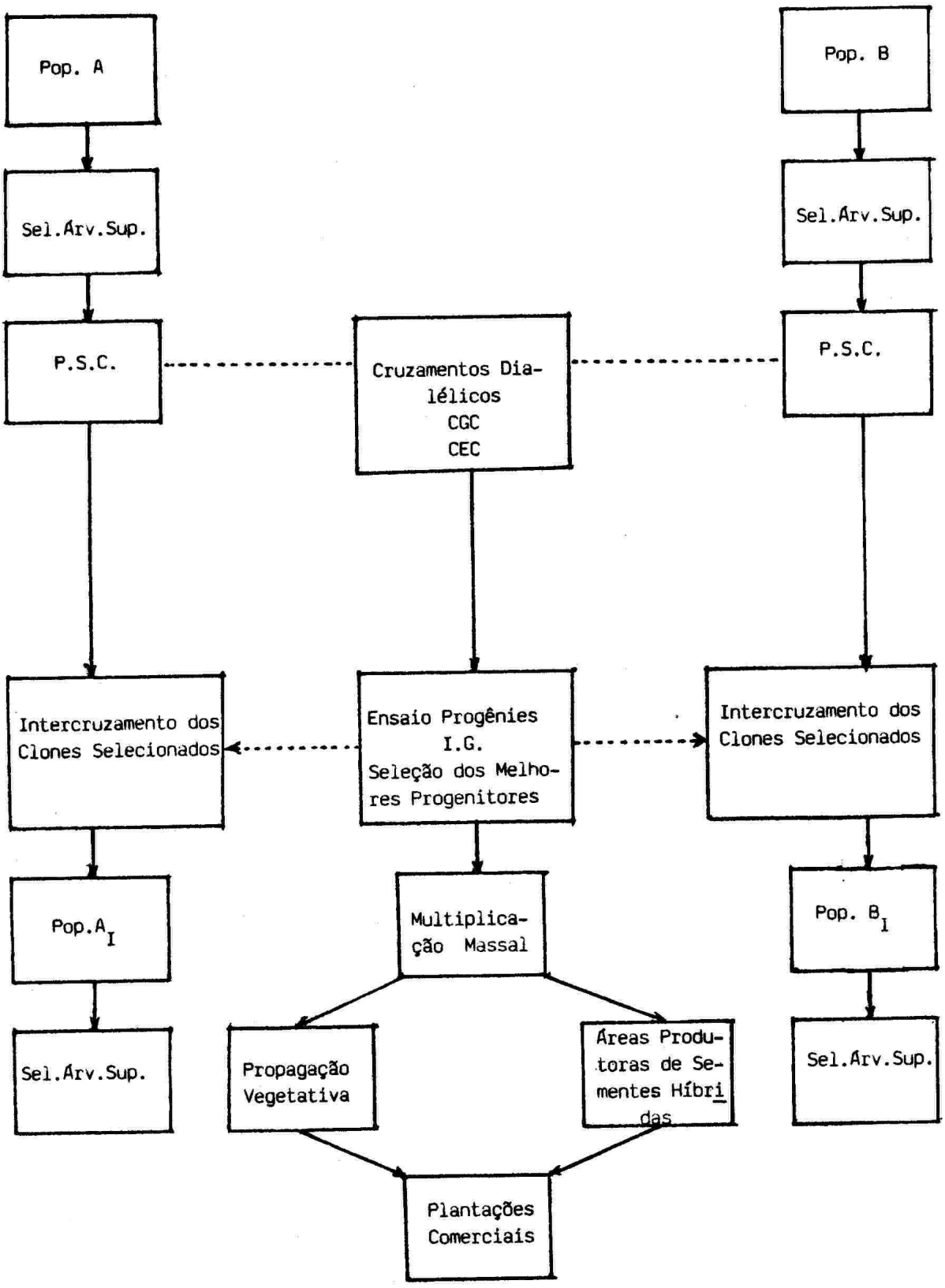
2.1.2. Esquemas de seleção recorrente recíproca

Nos esquemas apresentados a se seguir, os pontos de partida seriam duas populações-base A e B. Uma vez efetuada a seleção fenotípica dos indivíduos superiores, os mesmos seriam propagados vegetativamente visando a formação de pomares de sementes clonais (P.S.C.). A avaliação desses indivíduos por meio de testes de progênies permitiria descartar os clones inferiores.

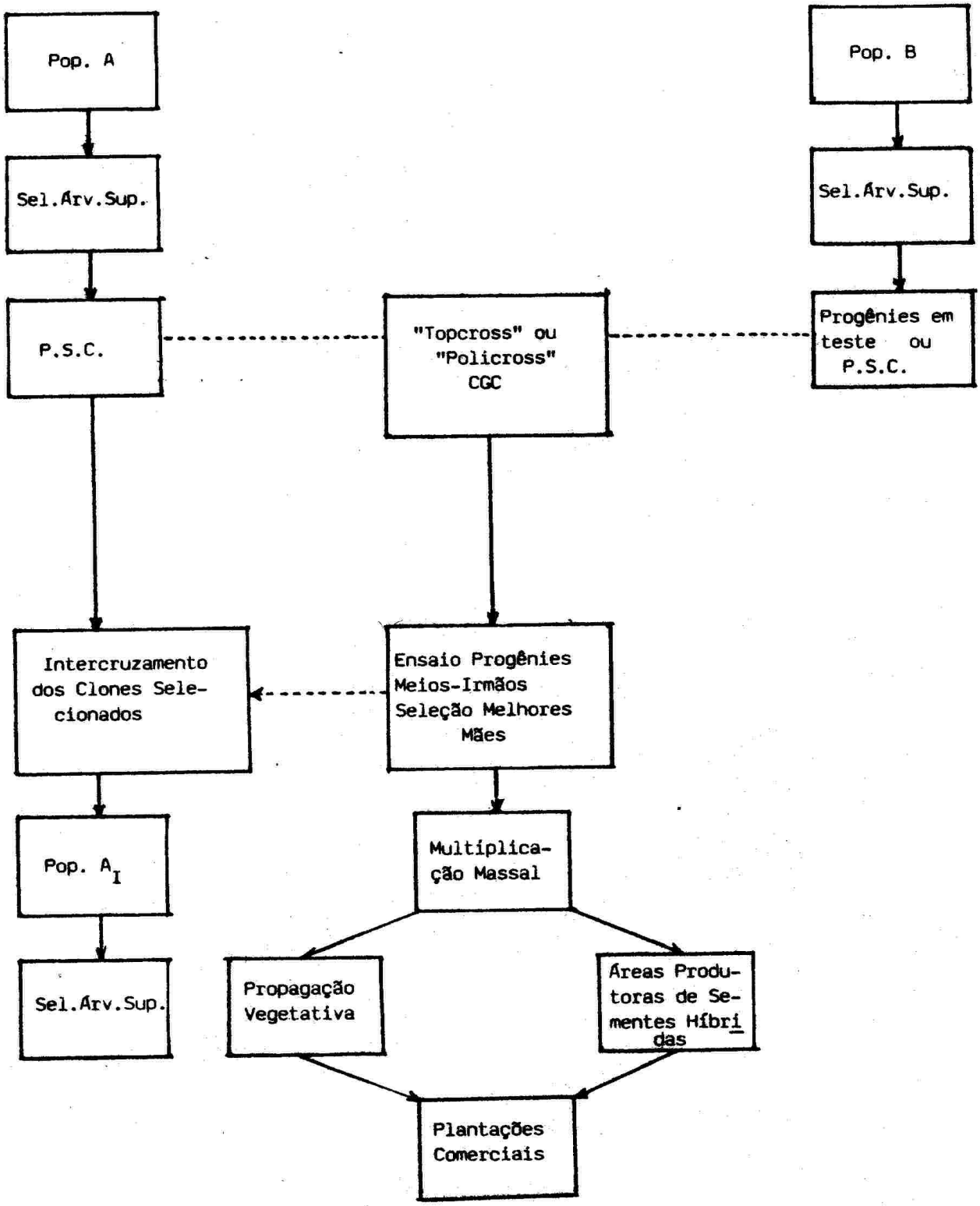
A etapa seguinte seria a obtenção de cruzamentos controlados entre os clones dos pomares das duas populações, para a avaliação de suas capacidade geral e/ou específica de combinação (CGC, CEC), através dos testes de progênie. As progênies selecionadas indicariam quais foram os melhores progenitores. O intercruzamento dos clones selecionados daria origem às populações melhoradas A_I e B_I, iniciando-se então um novo ciclo.

A multiplicação massal dos indivíduos selecionados nos testes de progênie seria feita vegetativamente, por estaquia ou cultura de tecidos. Por via sexual, as progênies selecionadas seriam multiplicadas através da formação de áreas produtoras de sementes híbridas (pomares biclonais, por exemplo), em que seriam obtidas massalmente sementes híbridas de polinização aberta.

Seleção recorrente recíproca por cruzamentos dialélicos

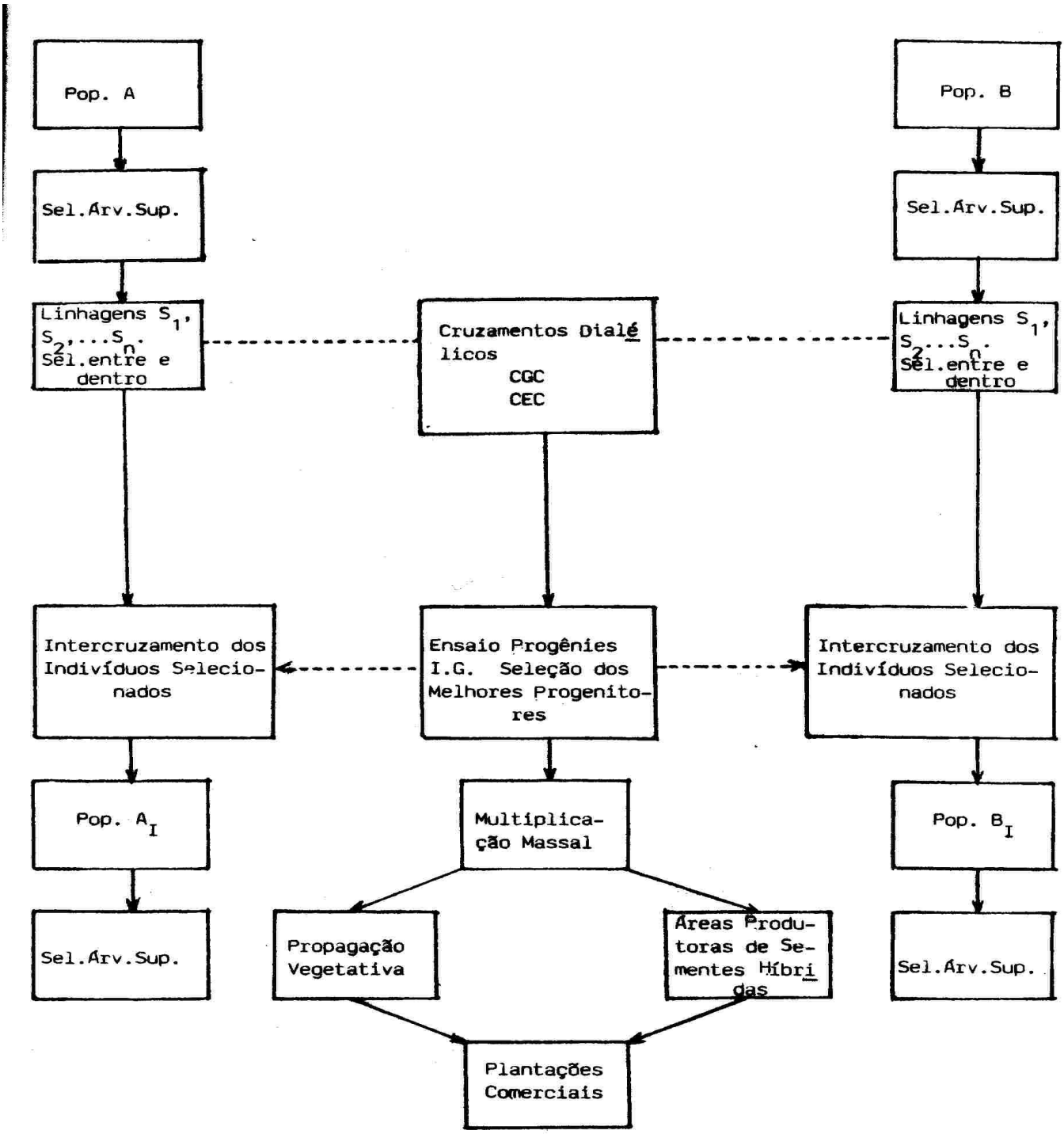


Seleção recorrente recíproca por "topcross" ou "policross"



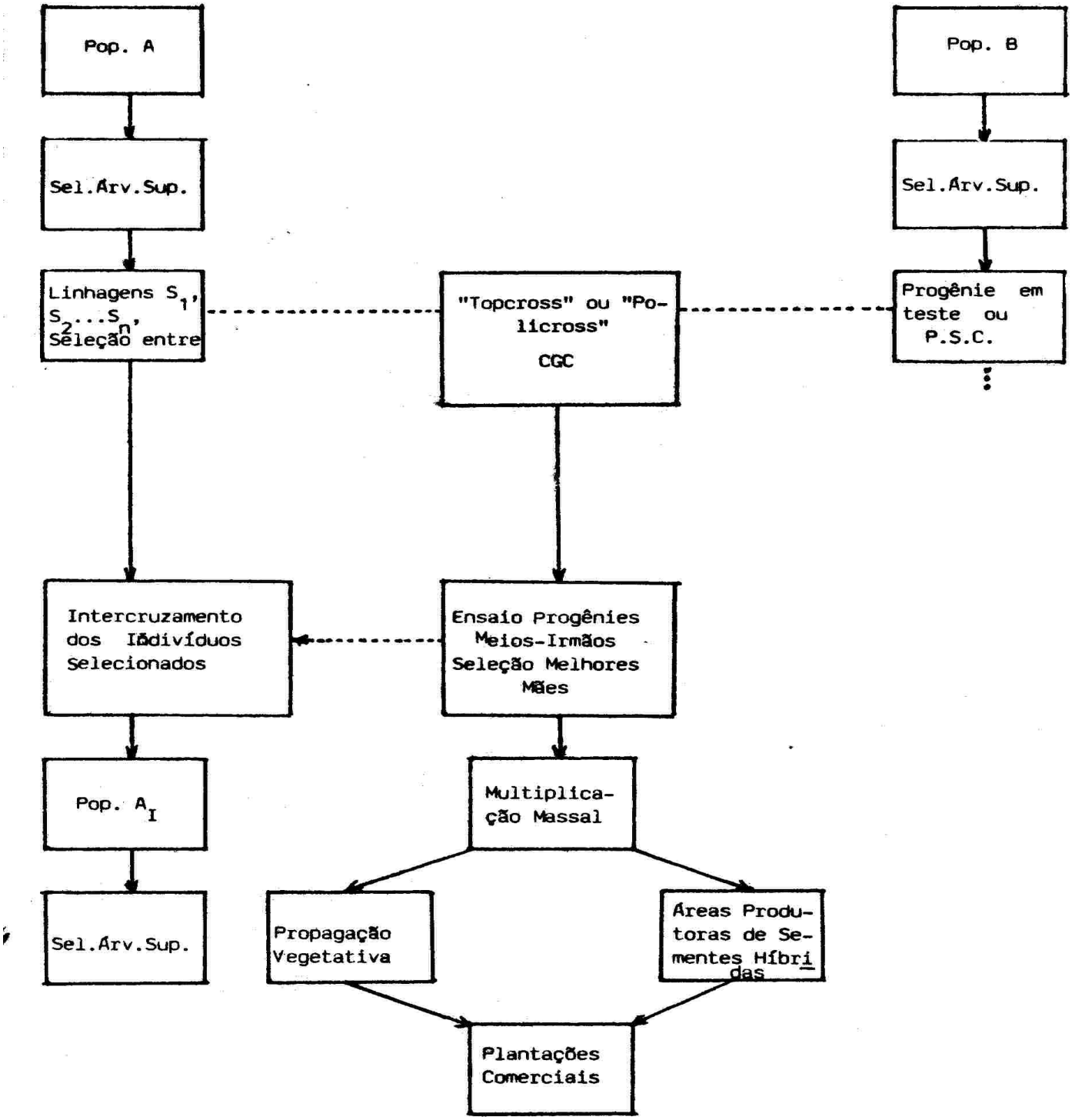
Obs.: Neste esquema, os cruzamentos devem ser feitos nos dois sentidos, ou seja, a população B assumiria o papel da população A e vice-versa, a fim de que as duas possam ser melhoradas visando a obtenção de híbridos com maior heterose a cada geração.

Seleção recorrente recíproca por cruzamento dialélicos com linhagens



Obs.: O melhoramento envolvendo autofecundação é promissor, porém, vale ressaltar que essa metodologia até agora foi pouco explorada para espécies arbóreas. Neste caso, haverá necessidade de se avaliar criteriosamente os efeitos ligados à depressão por endogamia, assim como considerar as novas situações que surgirão para se efetuar a seleção dos genótipos superiores. A indução ao florescimento e a seleção precoce desenpenhariam um papel relevante para adiantar o intervalo entre as fases.

Seleção recorrente recíproca por "topcross" ou "policross" com linhagens



2.1.3. Determinação da Capacidade de Combinação e Componentes da Variância para as diferentes modalidades de cruzamento

DIALÉLICO PARCIAL OU FATORIAL

PAIS	6	7	8	9	10	Σ	$\bar{X}$
1	$\bar{c}_{16}$	$\bar{c}_{17}$	$\bar{c}_{18}$	$\bar{c}_{19}$	$\bar{c}_{1.10}$	$c_{1.}$	$\bar{c}_{1.}$
2	$\bar{c}_{26}$	$\bar{c}_{27}$	$\bar{c}_{28}$	$\bar{c}_{29}$	$\bar{c}_{2.10}$	$c_{2.}$	$\bar{c}_{2.}$
3	$\bar{c}_{36}$	$\bar{c}_{37}$	$\bar{c}_{38}$	$\bar{c}_{39}$	$\bar{c}_{3.10}$	$c_{3.}$	$\bar{c}_{3.}$
4	$\bar{c}_{46}$	$\bar{c}_{47}$	$\bar{c}_{48}$	$\bar{c}_{49}$	$\bar{c}_{4.10}$	$c_{4.}$	$\bar{c}_{4.}$
5	$\bar{c}_{56}$	$\bar{c}_{57}$	$\bar{c}_{58}$	$\bar{c}_{59}$	$\bar{c}_{5.10}$	$\bar{c}_{5.}$	$\bar{c}_{5.}$
Σ	$c.6$	$c.7$	$c.8$	$c.9$	$c.10$	$c..$	
$\bar{X}$	$\bar{c}.6$	$\bar{c}.7$	$\bar{c}.8$	$\bar{c}.9$	$\bar{c}.10$		$\bar{c}..$

$\bar{c}ij$ = média do cruzamento no teste de progênie.

Cálculo do CGC:

$\hat{g}i = \bar{c}i. - \bar{c}..$ $\qquad$ $\hat{g}j = \bar{c}.j - \bar{c}..$

$\hat{g}1 = \bar{c}1. - \bar{c}..$ $\qquad$ $\hat{g}6 = \bar{c}6. - \bar{c}..$

$\hat{g}5 = \bar{c}5. - \bar{c}..$ $\qquad$ $\hat{g}10 = \bar{c}10 - \bar{c}..$

Cálculo da CEC:

$\hat{s}ij = \bar{c}ij - \bar{c}i. - \bar{c}.j - \bar{c}..$

$\hat{s}16 = \bar{c}16 - \bar{c}1. - \bar{c}.6 - \bar{c}..$

$\hat{s}5\ 10 = \bar{c}5\ 10 - \bar{c}5. - \bar{c}.10 - \bar{c}..$

Componentes da Variância (Design II - Carolina do Norte)

Modelo matemático:

$Xijk = u + rk + gi + gj + sij + eijk$

de: $Xijk$ = observação da planta k da progênie ij

u = média geral

rk = efeito de bloco

$gi = gj$ = efeito da CGC

sij = efeito da CEC

$eijk$ = erro experimental

Quadro da ANAVA para um local e considerando modelo aletório

Fonte de Variação	G.L.	QM	E(QM)
Blocos	r – 1		
Progênies	mf – 1		$\sigma^2 + k\sigma^2e + r.k\sigma^2p$
Machos (M)	m – 1	Q1	$\sigma^2d + k\sigma^2e + rk\sigma^2MxF + rfk\ \sigma^2M$
Fêmeas (F)	f – 1	Q2	$\sigma^2d + k\sigma^2e + rk\sigma^2MxF + rmk\sigma^2F$
M x F	(m – 1) (f – 1)	Q3	$\sigma^2d + k\ \sigma^2e + rk\sigma^2MxF$
Resíduo	(mf – 1) (r – 1)	Q4	$\sigma^2d + k\sigma^2e$
Dentro	rmf (k-1)	Q5	σ^2d
Total	rmf – 1		

r = nº de repetições
m = nº de genitores masculinos
f = nº de genitores femininos
k = nº de plantas por parcela

Interpretação genética:

$\sigma^2d = Q5$

$$\sigma^2e = \frac{Q4 - Q5}{k}$$

$$\sigma^2MxF = \frac{Q3 - Q4}{r.k}$$

$$\sigma^2F = \frac{Q2 - Q3}{r.m.k}$$

$$\sigma^2M = \frac{Q1 - Q3}{r.f.k}$$

Sendo que:

$\sigma^2p = \sigma^2M + \sigma^2F\ \sigma^2MxF$

$\hat{\sigma}^2MxF = 1/4\hat{\sigma}^2D$ ∴ $\hat{\sigma}^2D = 4.\sigma^2MxF$

$\hat{\sigma}^2F = 1/4\hat{\sigma}^2A$ ∴ $\hat{\sigma}^2A = 4.\sigma^2F$ ou $4\sigma^2M$

$\hat{\sigma}^2M = 1/4\hat{\sigma}^2A$ ∴ $\hat{\sigma}^2A = 2.(\sigma^2F + \sigma^2M)$

quando coef. de endogamia F = 0

ou

$\hat{\sigma}^2MxF = \hat{\sigma}^2D$

$\hat{\sigma}^2F = 1/2\hat{\sigma}^2A$ ∴ $\hat{\sigma}^2A = 2.\hat{\sigma}^2F$ ou $2.\hat{\sigma}^2M$

$\hat{\sigma}^2M = 1/2\hat{\sigma}^2A$ ∴ $\hat{\sigma}^2A = (\hat{\sigma}^2F + \hat{\sigma}^2M)$

quando F = 1

Significado das variâncias:

σ^2d = variância fenotípica dentro de parcelas
σ^2 e = variância ambiental entre parcelas
σ^2p = variância genética de progênies
σ^2F e σ^2M = variância genética da CEC
σ^2MxF = variância genética da CGC
σ^2A = variância genética aditiva
σ^2D = variância genética dominante

Cálculo da herdabilidade

→ herdabilidade no sentido restrito para média de parcela ao nível de machos e fêmeas:

$$h^2M = \frac{4.\hat{\sigma}^2M}{\frac{\hat{\sigma}^2d}{rfk} + \frac{\hat{\sigma}^2e}{rf} + \frac{4.\hat{\sigma}^2MxF}{f} + 4.\hat{\sigma}^2M} \qquad h^2F = \frac{4.\hat{\sigma}^2F}{\frac{\hat{\sigma}^2d}{rfk} + \frac{\hat{\sigma}^2e}{rm} + \frac{4.\hat{\sigma}^2MxF}{m} + 4.\hat{\sigma}^2F}$$

→ herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas individuais:

$$h^2 = \frac{2(\hat{\sigma}^2M + \hat{\sigma}^2F)}{\hat{\sigma}^2d + \hat{\sigma}^2e + \hat{\sigma}^2MxF + \hat{\sigma}^2F + \hat{\sigma}^2M}$$

"T O P C R O S S"

♀ \ ♂	T1	T2	T3	Σ	$\bar{x}$
1	$\bar{C}11$	$\bar{C}12$	$\bar{C}13$	C1.	$\bar{C}1.$
2	$\bar{C}21$	$\bar{C}22$	$\bar{C}23$	C2.	$\bar{C}2.$
3	$\bar{C}31$	$\bar{C}32$	$\bar{C}33$	C3.	$\bar{C}3.$
4	$\bar{C}41$	$\bar{C}42$	$\bar{C}43$	C4.	$\bar{C}4.$
5	$\bar{C}51$	$\bar{C}52$	$\bar{C}53$	C5.	$\bar{C}5.$
Σ	C.1	C.2	C.3	C..	
$\bar{x}$	$\bar{C}.1$	$\bar{C}.2$	$\bar{C}.3$		$\bar{C}..$

$\bar{C}ij$ = média do cruzamento no teste de progênie.

Cálculo da CGC:

$\hat{g}i = \bar{C}i. - \bar{C}..$

"P O L I C R O S S"

♀ \ ♂	Mistura de pólen	$\bar{x}$
1	$\bar{C}1$	$\bar{C}1$
2	$\bar{C}2$	$\bar{C}2$
3	$\bar{C}3$	$\bar{C}3$
4	$\bar{C}4$	$\bar{C}4$
5	$\bar{C}5$	$\bar{C}5$
		$\bar{C}.$

$\bar{C}i$ = média do cruzamento no teste de progênie

Cálculo do CGC:

$\hat{g}i = \bar{C}i - \bar{C}$

Componentes da Variância

Modelo matemático:

Xijk = U + rK + eijk

Quadro da ANAVA para um local e considerando modelo aleatório

Fonte de variação	G.L.	Q.M.	E (QM)
Blocos	r-1		
Progênies	p-1	Q1	$\sigma^2 d + k\sigma^2 e + rk\sigma^2 p$
Resíduo	(p-1)(r-1)	Q2	$\sigma^2 d + k\sigma^2 e$
Dentro	pr(k-1)	Q3	$\sigma^2 d$
Total	pr k-1		

r = n° de repetições
p = n° de progênies
k = n° de plantas por parcelas

Interpretação genética:

$$\hat{\sigma}^2 d = Q3$$

$$\hat{\sigma}^2 e = \frac{Q2 - Q3}{k}$$

$$\hat{\sigma}^2 p = \frac{Q1 - Q2}{r.k}$$

Sendo que:

$$\hat{\sigma}^2 p = 1/4\, \hat{\sigma}^2 A \therefore \hat{\sigma}^2 A = 4.\hat{\sigma}^2 p$$

Cálculo da herdabilidade

→ herdabilidade no sentido restrito ao nível de média de parcelas:

$$h2 = \frac{\hat{\sigma}^2 p}{\hat{\sigma}^2 p + \frac{\hat{\sigma}^2 e}{r} + \frac{\hat{\sigma}^2 d}{r.k}}$$

→ herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas individuais:

$$h2 = \frac{4.\hat{\sigma}^2 p}{\hat{\sigma}^2 p + \hat{\sigma}^2 e + \hat{\sigma}^2 d}$$

2.2. Melhoramento das populações para a obtenção de híbridos intrapopulacionais

2.2.1. Aspectos gerais

A hibridação intrapopulacional é uma alternativa de melhoramento relativamente pouco explorada em nosso meio.

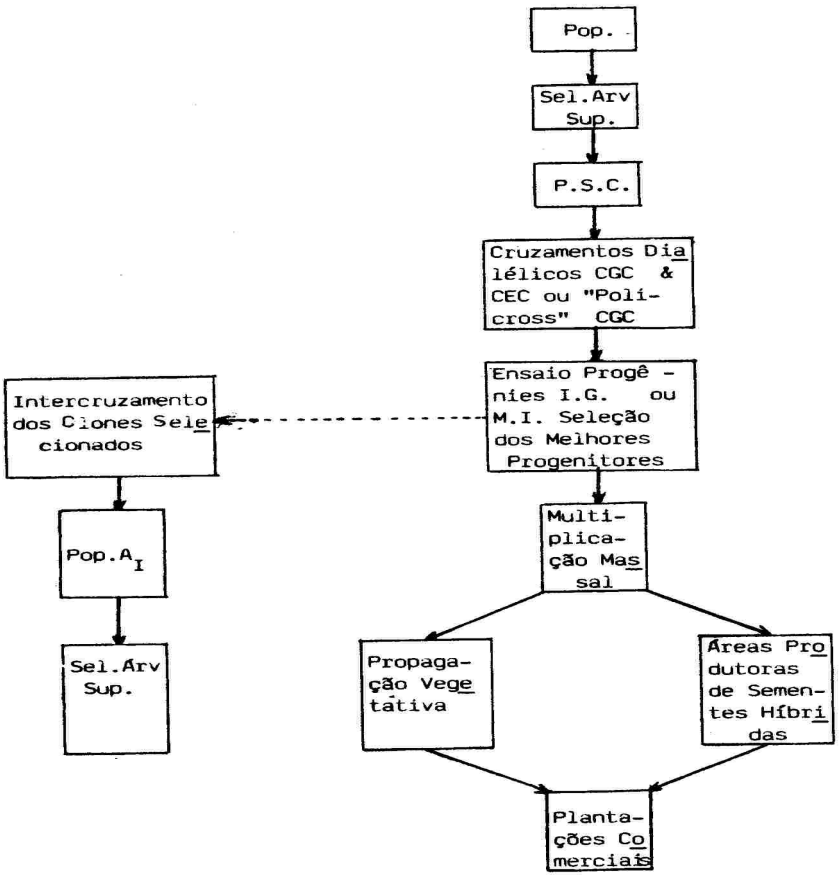
Os híbridos intrapopulacionais merecem atenção especialmente nos casos em que as populações cujos indivíduos vão ser cruzados apresentem uma considerável variância genética do tipo dominante, o qual poderia ser adequadamente explorada através de combinações específicas.

Tais híbridos provavelmente teriam bom desempenho nas mesmas condições de clima e solo em que se planta a população-base.

Os híbridos intrapopulacionais envolveriam cruzamentos entre indivíduos de uma mesma população.

Na prática, os cruzamentos poderiam ser efetuados através de esquemas dialélicos (completos ou incompletos) ou "policross". Novamente, o modo mais prático de se obterem os híbridos é utilizando-se o esquema "policross".

2.2.2. Esquema de seleção recorrente



2.2.3. Determinação da capacidade de combinação e componentes da variância para os cruzamentos dialélicos

DIALÉLICO COMPLETO (INCLUINDO OS RECÍPROCOS)

PAIS	1	2	3	4	5	Σ1	$\bar{X}$
1		$\bar{C}12$	$\bar{C}13$	$\bar{C}14$	$\bar{C}15$	C1.	$\bar{C}1.$
2	$\bar{C}21$		$\bar{C}23$	$\bar{C}24$	$\bar{C}25$	C2.	$\bar{C}2.$
3	$\bar{C}31$	$\bar{C}32$		$\bar{C}34$	$\bar{C}35$	C3.	$\bar{C}3.$
4	$\bar{C}41$	$\bar{C}42$	$\bar{C}43$		$\bar{C}45$	C4.	$\bar{C}4.$
5	$\bar{C}51$	$\bar{C}52$	$\bar{C}53$	$\bar{C}54$		C5.	$\bar{C}5.$
Σ	C.1	C.2	C.3	C.4	C.5	C..	
$\bar{X}$	$\bar{C}.1$	$\bar{C}.2$	$\bar{C}.3$	$\bar{C}.4$	$\bar{C}.5$		$\bar{C}..$

$\bar{C}ij$ = média do cruzamento no teste de progênie

Cálculo da CGC:

$\hat{g}i = \bar{C}i. - \bar{C}..$

Cálculo da CEC:

$\hat{s}ij = \bar{C}ij - \bar{C}i. - \bar{C}.j - \bar{C}..$

DIALÉLICO COMPLETO (NÃO INCLUINDO OS RECÍPROCOS)

PAIS	1	2	3	4	5	Σ	$\bar{X}$
1		$\bar{C}12$	$\bar{C}13$	$\bar{C}14$	$\bar{C}15$	C1.	$\bar{C}1.$
2			$\bar{C}23$	$\bar{C}24$	$\bar{C}25$	C2.	$\bar{C}2.$
3				$\bar{C}34$	$\bar{C}35$	C3.	$\bar{C}3.$
4					$\bar{C}45$	C4.	$\bar{C}4.$
5						C5.	$\bar{C}5.$

$\bar{C}ij$ = média do cruzamento no teste de progênie

Cálculo da CGC:

$\hat{g}i = \bar{C}i. - \bar{C}..$

Cálculo da CEC:

$\hat{s}ij = \bar{C}ij - \bar{C}i. - \bar{C}i\ . - \bar{C}..$

Componentes da Variância

Modelo matemático:

$Xijk = u + rk + gi + sij + eijk$

Quadro da ANAVA para um local e considerando modelo aleatório

Fonte de variação	G.L.	Q.M.	E (QM)
Blocos	r-1		
Progênies	[n(n-1)/2]-1		$\sigma^2 d + k\sigma^2 e + r.\sigma^2 p$
CGC	n-1	Q1	$\sigma^2 d + k\sigma^2 e + r.k\sigma^2 s + r.k(n-2)\ \sigma^2 g$
CEC	n(n-3)/2	Q2	$\sigma^2 d + k\sigma^2 e + r.k\sigma^2 s$
Resíduo	(r-1){[n(n-1)/2]-1}	Q3	$\sigma^2 d + k\ \sigma^2 e$
Dentro	n.r(n-1)(k-1)/2	Q4	$\sigma^2 d$
Total	[n(n-1)/2].rk-1		

r = n° de repetições
n = n° de progenitores
k = n° de plantas por parcela

Interpretação genética:

$$\hat{\sigma}^2 d = Q4$$

$$\hat{\sigma}^2 e = \frac{Q3 - Q4}{k}$$

$$\hat{\sigma}^2 s = \frac{Q2 - Q3}{r.k}$$

$$\hat{\sigma}^2 g = \frac{Q1 - Q2}{r.k(n - 2)}$$

Sendo que:

$$\hat{\sigma}^2 p = \hat{\sigma}^2 g + \hat{\sigma}^2 S$$

$$\hat{\sigma}^2 g = 1/4\,\hat{\sigma}^2 A \ \therefore\ \hat{\sigma}^2 A = 4.\hat{\sigma}^2 g$$

$$\hat{\sigma}^2 s = 1/4\,\hat{\sigma}^2 D \ \therefore\ \hat{\sigma}^2 D = 4.\hat{\sigma}^2 s$$

Significado das variâncias:

$\hat{\sigma}^2 g$ = variância genética da CGC

$\hat{\sigma}^2 s$ = variância genética da CEC

Cálculo da herdabilidade

→ herdabilidade no sentido restrito ao nível de média de parcelas:

$$h2 = \frac{4.\hat{\sigma}^2 g}{\frac{\hat{\sigma}^2 d}{rk} + \frac{\hat{\sigma}^2 e}{r} + \hat{\sigma}^2 p}$$

→ herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas individuais:

$$h2 = \frac{4.\hat{\sigma}^2 g}{\hat{\sigma}^2 g + \hat{\sigma}^2 s + \hat{\sigma}^2 e + \hat{\sigma}^2 d}$$

DIALÉLICO INCOMPLETO

PAIS	1	2	3	4	5	Σ	X̄
1		C̄12	C̄13			C1.	C̄1.
2			C̄23			C2.	C̄2.
3				C̄34	C̄35	C3.	C̄3.
4					C45	C4.	C̄4.
5						C5.	C̄5.

C̄ij = média do cruzamento no teste de progênie

Cálculo da CGC:

$\hat{g}i = \bar{C}i. - \bar{C}..$

Cálculo da CEC:

$\hat{s}ij = \bar{C}ij - \bar{C}i. - \bar{C}i . - \bar{C}..$

Componentes de variância

Modelo matemático:

xijk = u + rk + gi + sij + eijk

Quadro da ANAVA para um local e considerando modelo aleatório

Fonte de variação	G.L.	Q.M.	E (QM)
Blocos	r-1		
Dialélicos	d-1		
Blocos x Dialélico	(r-1)(d-1)		
Progênies/Dialélico	d(p-1)		
CGC	d(n-1)	Q1	$\sigma^2 d + k.\sigma^2 e + r.k\sigma^2 s + r.k(n-2)\ \sigma^2 g$
CEC	d.n(n-3)/2	Q2	$\sigma^2 d + k\sigma^2 e + r.k\sigma^2 s$
Resíduo	d.(r-1)(p-1)	Q3	$\sigma^2 d + k\ \sigma^2 e$
Dentro	d.r.p(k-1)	Q4	$\sigma^2 d$
Total			

r = nº de repetições
d = nº de dialélicos parciais
n = nº de progenitores
p = nº de progênies
k = nº de plantas por parcela

Interpretação genética:

$$\hat{\sigma}^2 d = Q4$$

$$\hat{\sigma}^2 e = \frac{Q3 - Q4}{k}$$

$$\hat{\sigma}^2 s = \frac{Q2 - Q3}{r.k}$$

$$\hat{\sigma}^2 g = \frac{Q1 - Q2}{r.k(n - 2)}$$

Sendo que os passos seguintes são idênticos ao anterior.

2.3. Ensaios para avaliar a heterose de híbridos

Nesta proposta estariam envolvidos híbridos de polinização livre, híbridos de polinização controlada (inter ou intrapopulacionais)e híbridos espontâneos. Com esta proposta pretende-se avaliar a heterose dos cruzamentos no sentido amplo (heterose como sinônimo de adaptação, associação de características, sobrevivência, etc.) e no sentido restrito(vigor de híbrido por exemplo para cruzamento em altura, diâmetro, densidade básica, etc.).

A idéia básica é sistematizar os ensaios dessa natureza e interpretá-los do ponto de vista científico. O uso de testemunhas apropriadas (populações parentais e material comercial) teria muita importância para a determinação do valor do híbrido.

Tais ensaios seriam instalados na forma de látices, com 3 a 4 repetições, sendo que seriam tomados dados de altura e % de falhas a um ano de idade, dados de DAP, altura e % de falhas a partir do segundo ano de idade e até o final do período de rotação. Conforme o caso, seriam tomados dados relativos às características relacionadas com a qualidade da madeira. Observações sobre aspectos silviculturais teriam importância para a quantificação da heterose no sentido amplo.

2.4. Estudos sobre híbridos espontâneos e naturais

Os híbridos espontâneos seriam aqueles que ocorrem nos locais de introdução das espécies ou procedências de modo não dirigido.

Os híbridos naturais seriam aqueles que surgem sem qualquer intervenção humana nos locais onde as espécies e populações ocorrem naturalmente.

A idéia básica é a de se estudar tais híbridos no sentido de se identificar os progenitores, pois dessa forma seria possível se fazer o melhoramento genético dos parentais visando a obtenção de novas combinações heteróticas ou explicar a causa da superioridade desses híbridos (se ocorreu um aumento do coeficiente de variação, heterose ou combinação de características). Nesse sentido, haveria necessidade de se lançar mão de alguma(s) das seguintes técnicas de estudo: morfologia, anatomia, quimiotaxonomia, cariótipo, serotaxonomia, etc., para se identificar os parentais.

Nesse estudo podem acontecer duas situações: não identificação ou identificação dos parentais. No primeiro caso, a alternativa seria utilizar o material até que outro se mostre mais promissor ou praticar o melhoramento intrapopulacional. Por outro lado, sendo possível se identificar os progenitores, ou o que o híbrido representa, é também

possível se trabalhar com as populações parentais no sentido de se encontrar genótipos mais favoráveis.

Nessa proposta, as Empresas se encarregariam de enviar ao IPEF o material biológico para ser analisado segundo as técnicas de estudo exemplificadas acima. Amostras das sementes do material em que estão aparecendo os híbridos seriam apropriadas para tais estudos.

3. CONSIDERAÇOES FINAIS

Dada a importância Que o uso de híbridos vem demonstrando no contexto florestal brasileiro e a experiência acumulada por diferentes entidades, uma forma promissora de se avançar os estudos nesse campo foi criar um sistema de trabalho cooperativo. Nesse sentido, o IPEF, representado por suas empresas associadas e a Universidade de São Paulo, através do Departamento de Ciências Florestais da ESALQ, procurará colaborar no sentido de se oberem híbridos de **Pinus** e **Eucalyptus** que atendam as diferentes finalidades da nossa atividade silvicultural.

A idéia básica deste trabalho era a de apresentar algumas propostas para se efetuar um programa de melhoramento genético visando hibridação, sendo que a implementação propriamente dita vai depender de uma adequada avaliação de aspectos técnicos e operacionais.

AGRADECIMENTO

Externamos nosso agradecimento ao Prof. Isaías O. Geraldi, do Depto. de Genética da ESALQ/USP, pela colaboração nos tópicos de Genética Quantitativa.

4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRAFICAS

DITLEVSEN, B. - Sistemas y Diseños de Cruzamiento Controlado. In: FAO - **Mejora genetica de los árboles forestales**. Rome, 1980. p.197-212.

HALLAUER, A.R. & MIRANDA F^{o}, J.B. - **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames, Lowa State University Press, 1981. 468p.

MARIOTTI, J.A. **Fundamentos de genética biométrica**; aplicaciones al mejoramiento genético vegetal. Washington, Organización de los Estados Americanos, 1986. 153p.

CIRCULAR TÉCNICA

Esta publicação é editada pelo Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais em convênio com a Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Departamento de Ciências Florestais

Comissão Editorial: Marialice Metzker Poggiani
Admir Lopes Mora
Walter de Paula Lima

Diretor Científico: Luiz Ernesto George Barrichelo

Chefe do Depto. de Ciências Florestais: Mario Ferreira

Endereço: IPEF – Central Técnica de Informações
Caixa Postal, 9
Fone: (0194) 33-2080
13.400 – Piracicaba (SP) - Brasil

É proibida a reprodução total ou parcial desta publicação sem a prévia autorização da Comissão Editorial.