

SÉRIE TÉCNICA IPEF
v. 19, n. 40, julho, 2015

ISSN 0100-8137

Anais do VII Workshop em Melhoramento Florestal

De 04 a 06 de novembro de 2014
Piracicaba, São Paulo, Brasil

Aline Cristina Miranda Fernandes - IPEF
Paulo Henrique Muller da Silva - IPEF
Prof. Mario Luiz Teixeira de Moraes - FEIS/UNESP
João Carlos Teixeira Mendes - ESALQ/USP



Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais

SÉRIE
TÉCNICA
IPEF



IPEF – INSTITUTO DE PESQUISAS E ESTUDOS FLORESTAIS

Série Técnica. IPEF (ISSN 0100-8137) é publicada sem periodicidade regular pelo Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais (IPEF) em convênio com o Departamento de Ciências Florestais da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” da Universidade de São Paulo. *Série Técnica. IPEF* divulga trabalhos apresentados em reuniões técnicas e científicas promovidas pelo IPEF.

Os manuscritos devem ser submetidos à Comissão Editorial em três cópias. Inicialmente, somente manuscritos impressos são necessários. Após a aceitação do trabalho, será solicitado o manuscrito em formato digital. Para maiores informações contate:

Editora Executiva
IPEF – Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais
Av. Pádua Dias, 11 - Caixa Postal 530
13400-970 - Piracicaba, SP – Brasil
Fone: (19) 2105-8618
Fax: (19) 2105-8603
E-mail: scientia.forestalis@ipef.br

O conteúdo e as opiniões apresentadas nos trabalhos publicados não são de responsabilidade de *Série Técnica. IPEF* e não representam necessariamente as opiniões do IPEF.

Série Técnica. IPEF (ISSN 0100-8137) teve início em 1979.

COMISSÃO EDITORIAL/EDITORIAL BOARD

Editor Chefe / Editor-in-chief

Prof. Dr. Walter de Paula Lima
Universidade de São Paulo, Piracicaba, SP, Brasil

Conselho Editorial / Editorial Board

Dr. Arno Brune – Lúrio Green Resources, Nampula, Moçambique
Dr. Dário Grattapaglia – EMBRAPA, Cenargen, Brasília, DF, Brasil
Prof. Dr. José Luiz Stape – North Caroline State University, Raleigh, USA
Dr. Niro Higuchi – INPA – Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia, Manaus, AM, Brasil

Editora Executiva / Executive Editor

Kizzy França
Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais, Piracicaba, SP, Brasil

Editoração e Diagramação / Design and Composition

Luiz Erivelto de Oliveira Júnior
Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais, Piracicaba, SP, Brasil

Comitê Organizador do Workshop

Aline Cristina Miranda Fernandes
Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais – IPEF
Paulo Henrique Muller da Silva
Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais – IPEF
Prof. Mario Luiz Teixeira de Moraes
Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – FEIS/UNESP
João Carlos Teixeira Mendes
Universidade de São Paulo – ESALQ/USP

Nota do Comitê Organizador

Os resumos apresentados neste Anais são responsabilidade dos autores.

Apresentação

Os plantios florestais com eucalipto no Brasil tem se expandido de forma acelerada nos últimos anos, por apresentar maior diversidade de uso, adaptação a diferentes ambientes, rápido crescimento, maior desenvolvimento tecnológico e retorno econômico quando comparado com outras espécies florestais. Estas características permitiram o avanço dos plantios em direção às regiões consideradas novas fronteiras do setor. A interação dentro das áreas do melhoramento e entre as áreas do setor florestal é essencial em função do avanço dos plantios e por vários fatores de redução da produtividade, como pragas, doenças e estresses abióticos.

O workshop é uma grande oportunidade de atualização e interação entre empresas, pesquisadores, professores e alunos (futuros especialistas). O debate de temas atuais e importantes para o desenvolvimento das florestas, apresentados na forma de palestras e painéis, por especialistas de renome no setor: painel I – Conservação e Melhoramento: o resgate do gênero eucalipto para a conservação das populações base das diferentes espécies existentes no Brasil é imprescindível para o futuro do melhoramento florestal; painel II – Biotecnologia: as ferramentas biotecnológicas vêm permitindo um avanço na identificação de genes promissores e visa à redução do tempo da seleção de genótipos em campo; painel III – Genética Quantitativa: permite a seleção direcionada auxiliando para o avanço dos programas de melhoramento, gerando ganhos genéticos e permitindo a evolução do programa por meio das estratégias e métodos de melhoramento; painel IV – Polinização e Hibridação: as combinações genéticas por meios das hibridações em pomares de polinização ganham novos conceitos que estão possibilitando maior eficiência das polinizações, a variabilidade existente entre as espécies de eucalipto é a principal fonte de características, para a combinação dos cruzamentos e geração de híbridos potenciais.

A visita de campo possibilita apresentação do histórico do melhoramento florestal e a evolução da produtividade, por meio da seleção de progênies e procedências introduzidas no passado.

Diante da relevância dos temas abordados para o setor e a contribuição do melhoramento genético para o desenvolvimento das florestas, fica evidente a importância dos projetos de pesquisa e integração.

Aline Cristina Miranda Fernandes
Coordenadora Técnica
Programa Cooperativo sobre Melhoramento Florestal (PCMF)

PALESTRANTES

ALEXANDRE MAGNO SEBBENN

Possui graduação em Engenharia Florestal pela Universidade Federal de Santa Maria (1992), mestrado em Ciência e Tecnologia de Madeiras (1997) Departamento de Ciências Florestais/ESALQ/USP), doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas (2001) Departamento de Genética/ESALQ/USP) e pós-doutorado em Genética Florestal (2007) pelo Institut für Forestgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Grosshansdorf, Alemanha. É pesquisador científico do Instituto Florestal de São Paulo, professor de genética de populações nos cursos de pós-graduação da UNESP/Ilha Solteira, Universidade Federal de Santa Catarina e Jardim Botânico do Rio de Janeiro, UNICAMP e UEL, é revisor de diversas revistas científicas nacionais e internacionais.

ANA GABRIELA MONNERAT CARVALHO BASSA

Engenheira Florestal formada na Universidade Federal de Viçosa (1999) possui mestrado em Ciências Florestais pela pós-graduação em Tecnologia de Celulose e Papel na Universidade Federal de Viçosa (2002), especialização em melhoramento Genético na Universidade Federal de Lavras (2003) e Universidade de São Paulo, ESALQ-USP (2007), Atualmente esta cursando MBA em Gestão Empresarial na FGV. Atuou como pesquisadora na empresa Votorantim Celulose e Papel - VCP, sendo responsável por estudos de qualidade da madeira para o programa de melhoramento genético e também para o suprimento de madeira nas fábricas de celulose do grupo (2000-2010). Enquanto na área de pesquisa, ela trabalhou também com tratamento de resíduos sólidos através do processo de compostagem e programa de fomento florestal. Em 2010, tornou-se Gerente de Pesquisa e Desenvolvimento de Produto da empresa ArborGen Tecnologia Florestal Ltda, onde seu trabalho é focado no desenvolvimento de produtos por meio da biotecnologia. Em 2012 foi promovida para o cargo de Diretora. Ao longo de sua carreira, ela publicou diversos artigos científicos em congressos e revistas de renome.

ANANDA VIRGÍNIA DE AGUIAR

Possui graduação em Agronomia pela Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (1997), mestrado em Agronomia Sistema de Produção pela Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho (2001) e doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas pela Universidade Federal de Goiás (2004). Atualmente é pesquisadora - Embrapa Florestas (PR) e professora credenciada do curso de pós-graduação em Agronomia na Unesp de Ilha Solteira. Tem experiência na área de Genética, com ênfase em Genética Vegetal, atuando principalmente nos seguintes temas: conservação e melhoramento genético de espécies florestais.

AURÉLIO MENDES AGUIAR

Possui graduação em Engenharia Agrônômica e mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas pela Universidade Federal de Lavras e doutorado em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas) pela Universidade de São Paulo (2003). Tem mais de 12 anos de atuação na área de melhoramento genético florestal, atualmente na Fibria Celulose.

BRUNO ETTORE PAVAN

Eng. Agrônomo, Mestre e Doutor em Melhoramento de Plantas pela Faculdade De Ciências Agrárias e veterinárias UNESP-Jaboticabal. Com dissertação e tese em Melhoramento Florestal. Experiência em melhoramento florestal, conservação genética de espécies florestais e Biometria.

CARLOS FREDERICO WILCKEN

Engenheiro Agrônomo pela Faculdade de Ciências Agrônômicas - FCA/UNESP - Campus de Botucatu, mestrado (1992) e o doutorado (1997) na área de Entomologia, ambos pela ESALQ/USP. Realizou sua Livre-Docência na área de Entomologia Florestal (2012), pela FCA/UNESP - Campus de Botucatu. Atualmente é Vice-Diretor e Professor Adjunto da FCA/UNESP, sendo responsável por disciplinas na área de entomologia florestal, para o curso de Engenharia Florestal e entomologia

agrícola para o curso de Agronomia. É docente nos Programas de Pós-Graduação (PG) de Proteção de Plantas e de Ciências Florestais, ambos da UNESP-Botucatu. Atualmente é Coordenador Científico do Programa de Proteção Florestal (PROTEF), do Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais (IPEF). Foi Diretor da Fundação de Estudos e Pesquisas Agrícolas e Florestais (FEPAF) (2010-12). Foi coordenador do PPG-Proteção de Plantas (períodos 2002-2004 e 2007-2010).

CELSO LUÍS MARINO

Formado em Ciências Biológicas pela Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho (1986), ingressou como professor na universidade (1989), no Departamento de genética na área de genética molecular de plantas. Possui mestrado em Ciências Biológicas (Genética) pela UNESP (1991) e doutorado tipo sanduíche (CNPq) no Department of Soil and Crop Science, Texas A&M University Texas USA/IB-UNESP Botucatu (1995). Em 1996, iniciou um grupo de pesquisa em genética molecular de plantas. A partir de então realizou uma série de projetos em colaboração com universidades e instituições de pesquisa envolvendo várias empresas do setor de melhoramento genético de espécies agrícolas e florestais. O seu principal tema de pesquisa é o desenvolvimento e utilização de ferramentas moleculares e genômicas para auxiliar programas de melhoramento genético de espécies vegetais.

CRISTIANO BUENO DE MORAES

Engenheiro Florestal pela Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho (2004), mestrado em Ciências Biológicas: Genética pelo Instituto de Biociências da UNESP/Botucatu (2007), doutorado em Ciência Florestal pela Faculdade de Ciências Agrônômicas FCA/UNESP/Botucatu (2013). Experiência na área de Melhoramento Genético Florestal, atuando principalmente nos seguintes temas: estratégias de melhoramento florestal, métodos de melhoramento, seleção de material genético, indução floral em espécies exóticas e nativas, implantação de testes de progênes e clonagem em espécies perenes.

DARIO GRATTAPAGLIA

Engenheiro florestal pela Universidade de Brasília (1985) e PhD em Genética (co-major em Ciências Florestais) pela North Carolina State University (1994) (Phi Kappa Phi Honor Society Chapter 33 - 1992). Pesquisador Científico A e Líder de projetos da EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia desde 1994 e Professor do programa de pós-graduação em Ciências Genômicas e Biotecnologia da Universidade Católica de Brasília desde 2000. Também atua como professor credenciado para orientação de pós-graduandos na UnB e co-orientação na USP-Esalq. Sua área de atuação é centrada na genética, melhoramento e ciências genômicas de plantas com ênfase em espécies florestais. Tangencialmente também desenvolve pesquisa na área de genética de populações e forense de seres humanos e animais domésticos.

DAVID JOHN LEE

Professor associado da Universidade de Sunshine Coast, Austrália. Em 1995 concluiu o PhD em genética de plantas pela Universidade de James Cook, Austrália, em 1988 B. Agric. Sc. (Hons) pela Universidade de Melbourne possui experiência acadêmica a mais de 10 anos, com ênfase em melhoramento genético no norte da Austrália. Melhoramento e desenvolvimento das espécies de *Corymbia and hybrids*, *Eucalyptus cloeziana*, *Backhousia citriodora*, *Khaya senegalensis* e *Santalum lanceolatum*. Através de projetos, que vem sendo desenvolvido em 10 anos.

EDSON LUIZ FURTADO

Graduou-se em Agronomia pela Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho (1982). Especialização em Seringueira na Faculdade de Ciências Agrônômicas do Pará (1985), Mestrado em Fitopatologia, pela Universidade de São Paulo (1990), e doutorado em Fitopatologia pela Universidade de São Paulo (1996). Atualmente é Professor Assistente Doutor da Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho (UNESP). Responsável pelas disciplinas de Microbiologia e Patologia Florestal, na Graduação. Fungos Fitopatogênicos, Epidemiologia e Introdução à Proteção de Plantas no curso de Pós-Graduação Proteção de Plantas e Manejo de Doenças Florestais na Pós-Graduação Ciência Florestal. Atua com Etiologia e Manejo de doenças nas culturas: *Eucalyptus*, Seringueira,

Citrus, Teca, Pinus e espécies de arborização urbana. Sua produção científica é sobre: Etiologia, Resistência de Plantas à doenças, Técnicas moleculares aplicadas a resistência de plantas, Epidemiologia, Controle e Manejo de doenças florestais.

EDUARDO JOSÉ DE MELLO

Engenheiro Florestal pela Universidade de São Paulo, Especialista em Cultura de Tecidos Vegetais pela UFLA- Universidade Federal de Lavras e MBA Gerenciamento de Projetos pela Fundação Getúlio Vargas. Possui mais de 25 anos de experiência em melhoramento genético de eucalipto. Trabalhou na Suzano desenvolvendo variedade de *Eucalyptus* e hoje atua como Vice-presidente de Operações Brasil e melhoramento de árvores global na FuturaGene.

ISMAEL ELEOTÉRIO PIRES

Graduado em Engenharia Florestal pela Universidade Federal de Viçosa (1977), possui mestrado em Engenharia Florestal pela Universidade de São Paulo (1984) e doutorado em Genética e Melhoramento pela Universidade Federal de Viçosa (1996). Atualmente é Diretor Científico da Sociedade de Investigações Florestais (SIF) - 2006-2009, e professor do Departamento de Engenharia Florestal da Universidade Federal de Viçosa. É coordenador geral da Comissão Técnica de Genética e Melhoramento Florestal (CTGMF), um grupo temático formado por empresas do setor florestal, associadas à SIF. Pires já atuou como pesquisador da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA). Tem experiência comprovada na área de Recursos Florestais com ênfase em Silvicultura, atuando principalmente nos seguintes temas: *Algaroba*, *Eucalyptus*, Seleção, Seleção Combinada, Índice de Seleção, Tamanho Efetivo Populacional, Melhoramento Florestal e Progênes.

JOÃO CARLOS TEIXEIRA MENDES

Possui graduação em Engenharia Florestal pela Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - USP (1998); Mestrado em Recursos Florestais pela Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - USP (2004); e Doutorado em Recursos Florestais, área de concentração Silvicultura e Manejo Florestal, pela Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - USP (2012). É Assistente Técnico de Direção da ESALQ e administra as Estações Experimentais de Ciências Florestais nos Municípios de Itatinga/SP e Anhembi/SP - USP.

KARINA ZAMPROGNO FERREIRA

Graduação em Engenharia Agrônoma pela Universidade Federal de São Carlos, atuando nas áreas de: Fitopatologia, Microbiologia, Genética e Biologia Celular. Mestrado em Defesa Fitossanitária pela Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, UNESP, na área: Fisiologia do parasitismo, Fitopatologia e Uso de técnicas moleculares na diagnose de patologias florestais, com projetos de parceria com a Votorantim Celulose e Papel, Suzano Papel e Celulose e Lwarcel Celulose. Doutorado em Genética Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, UNESP, Instituto de Biociências, atuando nas áreas de: Biotecnologia e Melhoramento Genético, Projetos de parceria com a Votorantim Celulose e Papel (Atual Fibria). Ingressou na empresa Veracel em 2007 na área de Melhoramento Genético e Biotecnologia. Atualmente é Coordenadora de Tecnologia Florestal na Veracel Celulose S.A.

MARCÍLIO DE ALMEIDA

Possui Bacharel em Ciências Biológicas UNESP/Rio Claro (1981); Mestre em Agronomia (Solos e Nutrição de Plantas) ESALQ/USP (1986); Doutor em Botânica (Fisiologia Vegetal) IB/USP (1994) e Livre Docência ESALQ/USP (2013).

MARIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES

Possui graduação em Agronomia pela Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho (1979), mestrado em Engenharia Florestal pela Universidade de São Paulo (1987), doutorado em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas) pela Universidade de São Paulo (1993) e pós-doutorado pela Universidade de São Paulo (2005). Atualmente é professor titular da Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho. Tem experiência na área de Recursos Florestais e Enge-

nharia Florestal, com ênfase em Genética e Melhoramento Florestal, atuando principalmente com espécies arbóreas nativas.

MARTÍN MARCÓ

Engenheiro Agrônomo graduado pela Faculdade de Ciências Agrárias, Corrientes, Universidade do Nordeste, em 1974, tem um mestrado (M.Sc.) em recursos genéticos florestais e conservação, com orientação em melhoramento florestal, obtido na Universidade de Florida em 1987. Desenvolveu sua carreira como pesquisador em melhoramento genético de eucaliptos subtropicais na Estação Experimental Concordia do INTA (Instituto Nacional de Tecnologia Agropecuária), da qual foi Diretor durante o período 1999-2002. Atualmente é responsável pela coordenação do projeto nacional “melhoramento genético de espécies florestais de alto valor” do Programa Nacional de Florestas do INTA. É também responsável técnico e operacional do Programa de Melhoramento Florestal Nacional (Promef) que inclui espécies florestais nativas e introduzidas. Ele também é Coordenador Técnico e Administrativo Acordo-Quadro INTA-IPEF assinado em dezembro de 2009, com orientações sobre melhoramento genético florestal.

PAULO HENRIQUE MULLER DA SILVA

Possui graduação em Engenharia Florestal pela Universidade de São Paulo (2004), mestrado em Recursos Florestais pela Universidade de São Paulo (2006) e doutorado em Recursos Florestais pela Universidade de São Paulo (2011). Atualmente é auxiliar técnico-científico do Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais. Tem experiência na área de Recursos Florestais e Engenharia Florestal, com ênfase em Ecologia Florestal, atuando principalmente na área de melhoramento e nutrição florestal.

RINALDO CÉSAR DE PAULA

Engenheiro Florestal (1992), Mestre em Ciência Florestal (1995) e Doutor em Ciência Florestal (1997) pela Universidade Federal de Viçosa (1997) e Livre-Docente em Silvicultura (2007) pela Universidade Estadual Paulista (UNESP), Câmpus de Jaboticabal (2007). É professor da UNESP, Câmpus de Jaboticabal, desde 1996, atualmente exercendo a função de Professor Adjunto III. Tem experiência na área de Recursos Florestais e Engenharia Florestal, com ênfase em Genética e Melhoramento Florestal e Produção e Tecnologia de Sementes Florestais, atuando principalmente nos seguintes temas: fenotipagem para estudos de tolerância a estresse hídrico; melhoramento para eficiência nutricional, tecnologia da produção e qualidade fisiológica de sementes florestais.

ROLAND VENCovsky

Possui graduação em Engenharia Agrônoma pela Universidade de São Paulo (1958), mestrado em Experimental Statistics - North Carolina State University (1967) e doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas pela Universidade de São Paulo (1960). Foi professor visitante na University of Minnesota (1974-1976), na North Carolina State University (1990-1991) e na Universidade Federal de Goiás (2000-2003). Obteve a livre docência pela ESALQ/USP (1970) e o título de professor titular em 1994. Foi Chefe Geral do Centro Nacional de Milho e Sorgo da EMBRAPA (1979-1984). Atualmente é professor titular permissionado da Universidade de São Paulo. Tem experiência na área de Genética, com ênfase em Genética Vegetal e Genética Biométrica, atuando principalmente nos seguintes temas: Genética Quantitativa, Genética de Populações, Melhoramento Genético e Conservação de Recursos Genéticos. Na sua especialidade atuou em programas de melhoramento das seguintes espécies: milho, várias hortaliças, cana-de-açúcar, mamoneira, eucaliptos e diversas espécies arbóreas brasileiras. Atualmente, continua desenvolvendo métodos de estimação de tamanho efetivo populacional em espécies dióicas e análise de QTLs em milho e cana-de-açúcar. Orienta estudantes de pós-graduação na ESALQ/USP.

SHINITIRO ODA

Possui graduação em Engenharia Agrônoma pela ESALQ- Piracicaba (1972). Especialização em Biotecnologia pela UMC –Mogi das Cruzes (1999) e Especialização em Melhoramento Vegetal - UFL- Lavras (2003).

Sumário (Contents)

Populações de Melhoramento.....	11
Aline Cristina Miranda Fernandes	
Rede Experimental Populações Núcleo.....	12
Aline Cristina Miranda Fernandes	
PALESTRANTES	
Conservação e melhoramento genético de espécies florestas.....	14
Ismael Eleotério Pires	
Conservação genética em espécies florestais: Importância e usos da diversidade.....	16
Bruno Ettore Pavan	
Estudos do sistema de reprodução e fluxo gênico em espécies arbóreas pra fins de conservação e melhoramento genético.....	18
Alexandre Magno Sebbenn	
Oportunidades e desafios para o melhoramento de <i>Eucalyptus</i> na Argentina.....	20
Martín Marcó	
Estratégia na utilização de novas tecnologias no melhoramento genético do eucalipto.....	22
Shinitiro Oda	
Biotecnologia no melhoramento florestal.....	24
Celso Luís Marino	
Seleção Genômica Ampla em espécies florestais: avanços e perspectivas.....	25
Dario Grattapaglia	
Integração do Melhoramento e Transgenia: benefícios esperados e aplicações.....	28
Eduardo José de Mello	
Transgênicos: atualidade e resultados.....	29
Ana Gabriela Monnerat Carvalho Bassa	
Poliploidização <i>in vitro</i> , estratégia biotecnológica para otimização da cultura de eucalipto.....	30
Marcílio de Almeida	
Painel III – genética quantitativa.....	32
Mario Luiz Teixeira de Moraes	
Genética quantitativa e melhoramento florestal.....	34
Roland Vencovsky	
A Genética Quantitativa no Melhoramento Florestal e seus Desafios.....	37
Aurélio Mendes Aguiar	
Controle genético da eficiência de uso de nutrientes.....	38
Rinaldo César de Paula	
Ferramentas aplicadas no melhoramento genético de <i>Pinus</i> para otimizar o ganho esperado.....	40
Ananda Virgínia de Aguiar	

<i>Corymbia</i> hybridization: Challenges and potential	41
David Lee	
Nutrição mineral de pomar de hibridação controlada.....	42
Karina Zamprogno Ferreira	
Distância de polinização efetiva em eucalipto e implicações para o setor florestal brasileiro	43
Paulo Henrique Muller da Silva	

PÔSTERES

Estratégias de seleção em progênies de polinização aberta de <i>Eucalyptus urophylla</i> S.T. Blake.....	46
S. Pupin; A.C. Miranda; P.H.M. Silva; B.E. Pavan; M.L.T. Moraes	
Parâmetros genéticos de progênies de Baru (<i>Dipteryx alata</i> Vog) por biometria de sementes.....	48
I.R.Sanches; T.L.L.Santana; S.Pupin; M.L.T.Moraes; B.E.Pavan	
Biometria de sementes em progênies de Baru (<i>Dipteryx alata</i> Vog.) procedentes de Paulo De Faria.....	50
T.L.L. Santana; I.R. Sanches; S. Pupin; M.L.T. Moraes; B.E. Pavan	
Mudanças na classificação de progênies de <i>Eucalyptus urophylla</i> ao longo dos anos	52
D. Torres-Dini; S. Pupin; B.E. Pavan; A.M. Sebbenn, M.L.T. Moraes	
Diversidade genética em frutos de progênies de Baru (<i>Dipteryx alata</i> vog.)	54
W.M.Silva; B.E.Pavan	
Estimativas de parâmetros genéticos no melhoramento de <i>Eucalyptus grandis</i> Hill Ex Maiden, espécie com alogamia parcial: uma proposta de estudo	56
E.V. Tambarussi; A.C. Miranda; R. Vencovsky	
Variabilidade genética de progênies de irmãos completos de <i>Eucalyptus</i>	58
L.G. Teixeira; C.B. Moraes; O.S.L. Luz; V.C.M. Pires; L. Zimback; M.D.V. De Resende; F.M. Abílio; E.S. Mori	
Correlações entre caracteres silviculturais em progênies de polinização aberta de <i>Eucalyptus dunnii</i>	60
S.H.V. Leal; N.S.B. Lima; A.B.M. Honório; L.G. Teixeira; O.S.L. Luz; E. V. Carvalho; G. B. Pieroni; E.C. Palomino; C.B. Moraes	
Variabilidade genética para caracteres silviculturais de progênies de <i>Eucalyptus</i> em diferentes ambientes.....	62
L.G. Teixeira; C.B. Moraes; S.H.V. Leal; O.S.L. Luz; F.M. Abílio; G.B. Pieroni; R.C. Paula; E.S. Mori	
Dissimilaridade genética de <i>Corymbia citriodora</i> quanto à capacidade em reutilização de biomassa foliar após extração de óleo essencial	65
O.S.L. Luz; M.A.F. Varanda; S.H.V. Leal; R.A. Santos; R.M. Limeira; A.B.M. Honório; M.S.L. Luz; C.B. Moraes; T.C.A.B. Leal	
Reguladores vegetais no crescimento de <i>Canafístula</i>	67
N.S.B. Lima; S.H.V. Leal; A.B.M. Honório; O.S.L. Luz; L.T. Gama; G. Uesugi; V.C.M. Pires; C.B. Moraes	
Seleção e identificação de genótipos de <i>Corymbia citriodora</i> quanto à produção de óleo essencial na região sul do Tocantins.....	69
A.B.M. Honório; S.H.V. Leal; L.G. Teixeira; O.S.L. Luz; N.S.B. Lima; C.B. Moraes; T.C.A.B. Leal	
Estimativas de parâmetros genéticos para seleção de clones de <i>Eucalyptus</i> para região de Botucatu/SP...71	
S.H.V. Leal; N.S.B. Lima; A.B.M. Honório; E.V. Carvalho; O.S.L. Luz; F.M. Abílio; L. Zimback; C.B. Moraes	

Populações de Melhoramento

Aline Cristina Miranda Fernandes
Programa Cooperativo em Melhoramento Florestal – PCMF/IPEF

O melhoramento florestal possui muitos desafios em todo o seu ciclo, seja na manutenção da base genética ou até nos ganhos em produtividade e qualidade. Atualmente, o programa de melhoramento do IPEF tem como meta e objetivo compor um acervo de materiais genéticos, possibilitando a conservação *ex situ*, manutenção, ampliação e disponibilização de materiais genéticos. Os desafios presentes tornam-se imprescindível os estudos de novas espécies, manutenção da base genética associado com estudos de outras áreas do setor florestal. A grande expansão do setor para diversas regiões com diferentes gradientes ambientais evidência a necessidade da realização dos estudos de zoneamentos climáticos e ecológicos, possibilitando a identificação de materiais superiores e adaptáveis a diversas condições climáticas.

O projeto Populações de Melhoramento do Programa Cooperativo em Melhoramento Florestal do IPEF consiste na formação das populações base com o resgate e importação de diversos materiais e na implantação de uma rede experimental para espécies de eucalipto não tradicionais com potencial para regiões com estresses térmicos e hídricos (zoneamento ecológico). Avaliando o nível de plasticidade e/ou adaptabilidade das espécies em diferentes ambientes, buscando respostas as mais diversas características das espécies através dos gradientes ambientais. Os resultados iniciais mostram a adaptabilidade dos materiais por meio da sobrevivência no diferentes sítios.

Rede Experimental Populações Núcleo

Aline Cristina Miranda Fernandes
Programa Cooperativo em Melhoramento Florestal – PCMF/IPEF

Os programas de melhoramento genético florestal se iniciam com a formação da população base e evoluem com a extração da variabilidade existente nesta população. A manutenção desta variabilidade é essencial para a continuidade e sucesso do programa de melhoramento, pois evita a erosão genética, que é irreversível, e que ocasiona na perda de genótipos de importância.

O IPEF em conjunto com as empresas do setor florestal filiadas ao Programa Cooperativo em Melhoramento Florestal estabeleceu o Projeto Cooperativo Populações Núcleo (PCPN), visando resgatar e aumentar a variabilidade genética das principais espécies de eucalipto do setor (*Eucalyptus grandis* e *Eucalyptus urophylla*). Foi compartilhado em torno de 15 progênies, sendo que cada empresa foi considerada uma procedência.

O objetivo do projeto foi estabelecer uma rede experimental com testes de progênies e procedências de *Eucalyptus grandis* e *Eucalyptus urophylla* em diversas regiões climáticas, bem como: Instalar populações com ampla base genética oriundos das empresas e das estações experimentais; Fornecer material às empresas participantes contribuindo para a ampliação da base genética de suas populações experimentais e Implantar testes nas empresas para realização do estudo de zoneamento ecológico através da análise da estabilidade e adaptabilidade das progênies/procedências em diferentes regiões.

Foram estabelecidos 21 experimentos em diferentes regiões do Brasil e Uruguai com um total de 165 progênies e 10 procedências, que foram avaliados anualmente os caracteres altura, DAP e volume.

Os resultados evidenciam a existência de variabilidade genética, mostrando o potencial de seleção entre e dentro de progênies e procedências. A variabilidade entre as procedências permite a seleção de genótipos para diferentes regiões edafoclimáticas. A dificuldade da seleção e recomendação de genótipos para vários ambientes é devido à existência da interação genótipo x ambiente. Na maioria das vezes ocorre uma alteração na performance dos genótipos nos diferentes ambientes e também em anos. A importância das redes experimentais para os estudos da interação genótipo x ambiente, é a possibilidade de estudar vários genótipos em vários ambientes e, geralmente, por vários anos. A escolha de genótipos com alta produtividade, adaptabilidade e estabilidade é uma das alternativas para minimizar os efeitos da interação G x E, análises de adaptabilidade e estabilidade decompõem informações sobre o comportamento de cada genótipo frente às oscilações ambientais.

Palestras

Conservação e Melhoramento Genético de Espécies Florestas

Ismael Eleotério Pires
Departamento de Engenharia Florestal - UFV

A conservação de recursos genéticos aplica-se a todos os seres vivos da terra, considerando que a sustentabilidade de qualquer ecossistema fundamenta-se no equilíbrio entre os seus componentes bióticos e abióticos. Entretanto, diante de uma população mundial de seres humanos crescente e necessidade da produção de alimentos e bem estar, há que se desenvolver tecnologias que proporcionem melhor qualidade de vida com sustentabilidade.

A conservação genética pode ser tratada, classicamente, em duas categorias *in situ* ou *ex situ*. A primeira pela conservação das espécies de interesse no hábitat natural e a segunda pela conservação em ambiente fora do hábitat natural, seja campo ou laboratório, por meio de plantios, ou armazenamento de propágulos, sementes ou pólen (YOUNG et. al., 2000). Contudo, há que se planejar adequadamente a conservação em relação a cada espécie de interesse, levando-se em conta a representatividade gênica a ser conservada ou que se pretenda conservar.

Em relação às espécies florestais nativas, no Brasil, tem-se que considerar que a quase totalidade encontra-se em estado selvagem em suas áreas de ocorrência natural que, na maioria dos casos, encontra-se degradada, com predomínio de fragmentos ou árvores isoladas, devendo-se, ainda, considerar a situação da floresta amazônica, conforme destaca Paiva (1994).

Desta feita, deve-se buscar estratégias de conservação genética sob dois prismas o daquelas espécies de interesse para melhoramento, que requer critérios de amostragem e representatividade gênica, investimentos e metodologia para estabelecimento de populações de melhoramento com base genética suficiente para atendimento aos objetivos pretendidos, bem como para conservação genética. Já as espécies nativas ameaçadas de extinção em estágio de degradação da variabilidade genética, tem-se que pensar em estratégias, levando em conta sua forma de ocorrência, isto é, árvores isoladas, fragmentos, abrangência geográfica e densidade de árvores por unidade de área. Neste sentido, deve-se levar em conta estratégias específicas para cada espécie, a exemplo do que Bittencourt (2007) apresenta para *Araucária angustifolia*.

A efetivação de programas de conservação genética, no entanto, tem que levar em consideração a necessidade de recursos financeiros e humanos, bem como a perenidade de tais programas. Daí, pode-se deduzir que só haverá efetividade nos programas de conservação genética se houver políticas governamentais adequadas que garantam recursos financeiros, mas também que promovam a educação ambiental, com envolvimento dos governos federal, estadual e municipal, instituições públicas e privadas e incentivem a participação do produtor rural nesse processo.

Na atualidade, está patente para o setor florestal que o melhoramento genético constitui uma das principais ferramentas para a produtividade e sustentabilidade das florestas plantadas com fins econômicos associado, evidentemente, a outras áreas do conhecimento. Isto fica patente, tendo em vista os reflexos na produtividade e no produto final, como pode-se constatar, particularmente, nos gêneros *Eucalyptus* e *Pinus*. Nestes casos, os programas de melhoramento iniciaram na década de 1970 pelos processos de exploração da variação geográfica interpopulacional, pela exploração da variação natural, no sentido mais amplo, chegando aos dias atuais com técnicas avançadas de seleção, como a seleção genômica ampla, ou seja, seleção assistida por marcadores moleculares. Há, portanto, uma grande expectativa de grandes avanços no melhoramento florestal pela precisão na escolha de indivíduos portadores dos atributos de interesse, pelo uso da genotipagem aliada ao encurtamento do ciclo de seleção.

Desta feita, tratando-se de espécies cultivadas, como as de eucalipto, cabe a cada programa de melhoramento estabelecer estratégias de conservação e gestão dos recursos genéticos intraespecíficos, em representatividade gênica suficiente para atendimento às demandas futuras, seja para produtividade, qualidade do produto final e processamento, como para eficiência de utilização de nutrientes, resistência a pragas e doenças, dentre outras.

REFERÊNCIAS

BITTENCOURT, J. V. M. Proposta para conservação de *Araucaria angustifolia*. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, n. 55, p. 87-93, 2007.

PAIVA, J. R. Conservação *ex situ* de recursos genéticos de plantas na região tropical úmida. **Acta Amazônica**, Manaus, v. 24, n. 1/2, p. 63-80, 1994.

RESENDE, M. D. V.; PIRES, I. E.; SILVA, R. L. Melhoramento de eucalipto. In: LOPES, M. A. et. al. **Pré-melhoramento de plantas: estado da arte e experiências de sucesso**. Brasília: EMBRAPA Informação Tecnológica, p. 413-440, 2011.

YOUNG, A.; BOSHIER, D.; BOYLE, T. **Forest conservation genetics**. Collingwood: CSIRO Publishing, 2000, 366 p.

Conservação Genética em Espécies Florestais: Importância e Usos da Diversidade

Bruno Ettore Pavan
Professor Doutor Unesp Ilha Solteira

Para sua sobrevivência, a humanidade depende de animais e plantas para diversos fins, como alimentação, vestuário e combustíveis. Logo, a conservação dos recursos genéticos é imprescindível para continuidade da espécie humana. No entanto, poucos esforços são feitos para efetiva conservação dos recursos genéticos.

As principais culturas sofrem contínua e irreversível erosão genética, que caracteriza-se pela perda de espécies, variedades, genes e alelos. As culturas florestais não escapam desse fenômeno, sendo que aquelas mundialmente importantes, são continuamente exploradas de forma errônea e sem a devida guarda de acessos.

Para a conservação genética ser efetiva, gerar conhecimento e estar pronta para o uso, temos que nos atentar a alguns princípios. Primeiramente, quanto mais domesticada a cultura menor tende ser a variabilidade genética disponível em cultivares. Segundo, informações básicas de espécies precisam ser estudadas com afinco para caracterizar adequadamente a diversidade e definir as formas de conservação. Terceiro, é necessário ter avaliações dos acessos para sua pronta utilização em programas de melhoramento.

Levando em consideração que espécies domesticadas tem menor variabilidade genética disponível em cultivares, chega-se à conclusão que quanto maior o nível de melhoramento dentro de cada espécie maior será a sua vulnerabilidade genética. No caso do eucalipto, essa vulnerabilidade mostrou-se evidente nos últimos 30 anos após a adoção da silvicultura clonal, em que foi observado a crescente continuidade de pragas e doenças que causam danos econômico a cultura. No início dos anos 80 apareceram as lagartas desfolhadoras e a ferrugem, nos anos 90 e 2000 foram introduzidas pragas potenciais como psilídeo de concha, percevejo bronzeado e por último a vespa da galha. Doenças que não causavam preocupações para o desenvolvimento da cultura passaram a ser problemáticas. Dessa forma, é imprescindível a elaboração de um plano para conservação eficiente das espécies florestais economicamente importantes, para garantirmos os contínuos ganhos com o melhoramento, assegurando pequena vulnerabilidade ao futuro do desenvolvimento da cultura.

Para correta conservação dos recursos genéticos vegetais, deve-se aplicar duas estratégias de conservação: *ex situ* e *in situ*, permitindo atender os três princípios de conservação citados acima.

A conservação *in situ* consiste em conservar as espécies em seu habitat natural, dessa forma a espécie tem chance de dar continuidade nos seus processos evolutivos e toda uma comunidade de espécies são conservadas conjuntamente. Portanto, tanto espécies economicamente importantes como aquelas que apresentam potencial são conservadas. Pode-se ainda, estudar a dinâmica populacional, o fluxo gênico, as inter-relações das espécies com pragas e doenças em ambientes naturais. Assim, o conhecimento da estrutura genética e da dinâmica ecológica da espécie são de suma importância, não bastando somente manter uma reserva intocada. Para a correta conservação *in situ* das espécies é necessário o conhecimento da ecologia das populações naturais, para que possamos avaliar se o processo de conservação está sendo efetivo ou não. Algumas questões a serem levantadas por estudos de diversidade genética e dinâmica ecológica englobam: qual o tamanho da área a ser conservada, necessária para conseguirmos atingir o objetivo de manutenção do processo evolutivo da espécie alvo? Quais são suas densidades populacionais, diversidade genética em diferentes ambientes de ocorrência, interações da espécie com os seus polinizadores, dispersores de sementes, predadores e demais espécies arbóreas? Dessa forma, a conservação *in situ* pode ser classificada como conservação da biodiversidade e para sua completa realização e efetivação, é necessário o estudo do ecossistema como um todo e não somente da espécie alvo.

A estratégia de conservação *ex situ* consiste em conservar amostras representativas da variabilidade genética de uma determinada espécie alvo, sendo essas amostras representativas de uma ou diversas populações da espécie. Para o Brasil, a conservação *ex situ* é de notória importância, pois o País, apesar de sua megabiodiversidade, é dependente de espécies exóticas para a produção agrícola, sendo tanto para espécies florestais, frutíferas e anuais. As duas principais culturas florestais no Brasil são exóticas: o *Eucalyptus* originário da Oceania e o *Pinus* da América Central. Assim, a correta conservação de acessos dessas culturas é fundamental para a garantia da continuidade do progressos genéticos e redução dos riscos atrelados a baixa variabilidade genética. Para tanto, faz-se necessário o adequado manejo dos recursos genéticos florestais já existentes no País e também a coleta de novas fontes de variabilidade genética para espécies já introduzidas e de novas espécies potenciais, para uso futuro nos programas de melhoramento.

A primeira ação da conservação *ex situ* para tais espécies deve ser centrada no pleno conhecimento da variabilidade genética e histórico de espécies consagradas, fazendo assim uma prospecção da necessidade de novas coletas e em que local devem ser efetuadas. Já para as espécies de recente introdução ou que serão introduzidas, é necessário a prospecção da estrutura da variabilidade genética natural para proceder a coleta de propágulos que formem uma amostra representativa e maximize o uso de recursos financeiros. Após a fase de prospecção, é importante que façamos a correta identificação do material, o que é chamado de dados de passaporte. Essas informações ajudam a correta identificação para manutenção do histórico e permite que os estudos relacionem os acessos conservados com o local de origem. Dentre os dados de passaporte, os mais importantes são: coordenadas geográficas de coleta, nome do coletor, dados edafoclimáticos, tipo de vegetação, existência de fatores de estresses bióticos e abióticos.

Em seguida, a coleta segue a quarentena dos acessos e intercâmbio de materiais. A quarentena é uma obrigação necessária para um controle fitossanitário rigoroso, já que o intercâmbio de materiais é feito com intuito de enriquecimento da variabilidade genética e garantia de manutenção por réplicas. Para espécies florestais com longo períodos juvenis é interessante proceder a conservação em testes de progênies e arboretos, já que seu uso em programas de melhoramento requer um conhecimento prévio do potencial de produção dos acessos e a disponibilidade para fornecimento de propágulos vegetativos ou sexuais para o pronto uso. Dessa forma, estes métodos de conservação permitem simultaneamente a manutenção dos acessos e sua caracterização e avaliação, possibilitando ao melhorista a identificação de materiais promissores e de usos específicos, tais como para incorporação de acessos resistentes a estresses bióticos e abióticos. No entanto, tais processos devem ser dinâmicos, permitindo a manutenção da variabilidade genética e o avanço com as gerações, principalmente para evitar perdas devido a mortalidade de acessos ou por fatores diversos. Em função disso torna-se necessária a conservação de réplicas e bancos de sementes, que permitirão a recombinação dos diversos materiais genéticos, procedendo com seleções brandas que não restrinjam a base genética e que possibilite a obtenção de genótipos mais adequados para o pronto aproveitamento em programas de melhoramento em escala comercial.

Portanto, a continuidade da alta eficiência da silvicultura nacional é dependente de planos conservação genética, que além de permitir a sustentabilidade da produção e a disponibilização de genótipos adaptados a condições adversas e resistentes a pragas e doenças, alcancem incrementos na produtividade do setor florestal.

Estudos do Sistema de Reprodução e Fluxo Gênico em Espécies Arbóreas para fins de Conservação e Melhoramento Genético

Alexandre Magno Sebbenn
Instituto Florestal de São Paulo, São Paulo, SP, Brasil

O sistema de reprodução refere-se à forma como um indivíduo, população ou espécie recombina seus genes a cada geração para formar sua população descendente. Devido a isso, conhecer o sistema de reprodução de uma espécie é fundamental para a manipulação de populações em programas de conservação e melhoramento genético. Espécies arbóreas apresentam uma ampla variedade de sistemas de reprodução, incluindo cruzamentos, autofecundação, cruzamentos correlacionados, cruzamentos endogâmicos, apomixia e combinações destas. O sistema de reprodução depende do sistema sexual da planta ou espécie (dioécia, monoécia, hermafroditismo, androdioicismo, ginodioicismo, etc) e determina os possíveis eventos de reprodução que podem ocorrer entre os membros de uma população (Finkeldey, 1998). Por exemplo, espécies díicas, por terem os sexos masculinos e femininos separados nos indivíduos, só se reproduzem por cruzamentos, visto que os gametas masculinos (pólen) e feminino (óvulos) são produzidos sempre em indivíduos diferentes. A recombinação dos gametas de uma população de uma espécie de cruzamento reduz a taxa de homozigose e o aparecimento de combinações homozigóticas deletérias nos descendente, a não ser que a população esteja geneticamente estruturada no espaço e ocorram cruzamentos entre indivíduos parentes. O sistema de reprodução pode apresentar grande variação entre espécies e entre e dentro de populações devido ao seu controle estar sob influência genética e ambiental. Por exemplo, a taxa de cruzamento pode variar entre plantas, de local para local e de ano para ano. O valor da taxa de cruzamento depende das características genéticas das plantas, que possibilita ou impede a autofecundação (como estrutura da flor e os sistemas de auto-incompatibilidade), e de fatores ecológicos (variações climáticas causando alterações no comportamento dos polinizadores ou variação na fase reprodutiva das flores masculinas e femininas).

Estudos do sistema de reprodução podem ser conduzidos para conhecer qual é a taxa de cruzamento, taxa de autofecundação, a proporção dos cruzamentos que ocorrem entre indivíduos parentes (cruzamentos endogâmicos) e envolvem os mesmos parentais mais de uma vez (cruzamentos correlacionados), o número de parentais envolvidos na reprodução de uma planta, o tamanho da área de vizinhança reprodutiva das populações, a divergência no pólen cruzado entre plantas, a distância de dispersão de pólen e as proporções de pólen que vem de dentro e de fora da população (fluxo gênico). Tais estudos podem ser eficientemente realizados com a utilização de marcadores genéticos, em especial os de herança codominante e altamente polimórficos, como os microssatélites, desde que se adote uma amostragem delineada adequadamente para os objetivos do estudo. O estudo do sistema de reprodução por marcadores genéticos requer a amostragem de progênies de polinização aberta de plantas maternas de genótipo conhecido. Por isso, é necessário inicialmente coletar sementes de um número mínimo de plantas que possam representar o processo reprodutivo da população. São necessárias sementes de 25 a 30 plantas para detectar a amplitude da variação na taxa de cruzamento individual entre plantas e variações na correlação de paternidade. De cada planta materna deve-se procurar avaliar pelo menos 20 descendentes (sementes). Depois de coletadas as sementes é necessário sua tipagem (genotipagem) para um número adequado de locos marcadores, diz-se pelo menos 4 a 5 locos, se as frequências alélicas aproximarem-se de valores intermediários = 0,5.

A grande maioria das espécies arbóreas se reproduz por cruzamentos, embora estes possam ocorrer de forma não aleatória. A taxa de cruzamento em espécies do gênero *Eucalyptus* estão em torno de 75% e de *Pinus* em torno de 88%. A constatação de que muitas espécies destes gêneros apresentam sistema misto de reprodução é de grande importância na conservação e no melhoramento florestal. Considerando que os modelos clássicos utilizados no melhoramento florestal admitem, na maioria das vezes, que as espécies florestais são de cruzamento e não tem parentesco e endogamia na geração parental, pode-se pressupor que esta seja uma das principais causas dos erros nas predições de ganhos na seleção, juntamente com a interação genótipo ambiente.

Finalmente, o sistema de reprodução por cruzamentos aleatórios prediz alta variabilidade genética e heterozigosidade dentro de populações, reduzidos os níveis de divergência genética entre populações, devido ao intenso fluxo de pólen que ocorre entre populações e grandes tamanhos efetivos (N_e) e de vizinhança (N_b) com reduzida subdivisão dentro de populações.

Oportunidades e Desafios para o Melhoramento de *Eucalyptus* na Argentina

Martín A. Marcó
Instituto Nacional de Tecnologia Agropecuária - Argentina

É conhecido que entre as grandes inovações tecnológicas que têm contribuído para impactar significativamente a produtividade da floresta de pinheiros e eucaliptos plantados no mundo estão incluídas tanto a genética como a silvicultura (sementes e clones). Com relação à genética, os programas de melhoramento dependem dela para aumentar a adaptabilidade, a produtividade e a qualidade das plantações, através da seleção dos melhores genótipos.

Na última década, a investigação e o desenvolvimento tecnológico alcançado no campo do melhoramento do pinus e eucaliptos subtropicais na Argentina tem sido significativo. Assim, a genética de semente atualmente disponíveis no país atende as exigências de qualidade nas principais espécies cultivadas.

Um exemplo claro da qualidade dos recursos genéticos gerados na Argentina é uma estudo recente da CAMCORE da Universidade de Carolina do Norte, EUA, destaca que as progênies melhoradas de *Pinus taeda* da Argentina selecionadas a partir da origem de sementes do centro-norte da Flórida, EUA, divulgado pelo Instituto Nacional de Tecnologia Agropecuária (INTA), revelou ser o melhores em uma rede de ensaios estabelecidos em várias partes da América Latina e da África do Sul. Idem para os resultados dos testes de progênies de *Eucalyptus dunnii* em países como Uruguai (ROU), onde as progênies selecionadas do programa de melhoramento de INTA se destacam em produtividade (HERBERLING, 2014, comunicación personal).

A área atual plantada com *Eucalyptus* na Argentina não chega a 10% dos 5 milhões de hectares plantados no Brasil. As principais espécies são subtropical (por exemplo: *E. grandis* e *E. dunnii*), temperado e úmido (*E. globulus* e *E. viminalis*). Em menor medida: *E. camaldulensis* e *E. tereticornis*, que pode ser localizada em qualquer situação ecológica de acordo com fontes australianas utilizadas.

O melhoramento genético florestal no Programa Florestal do INTA é parte de um projeto nacional denominado “Melhoramento das espécies florestais para usos de alto valor”, que estrutura a nível nacional atividades de melhoramento e conservação a diversidade genética de espécies arbóreas nativas e introduzidas em as principais ecorregiões do país com foco na cadeia de valor. Os principais produtos são a disponibilidade de material de plantio melhorado (sementes e clones) e da disponibilidade de protocolos, modelos estatísticos e ferramentas para caracterizar e controlar a sua qualidade genética, uma seleção mais eficiente de novos genótipos e estabelecer diretrizes do manejo de florestas nativas e uso do território. O programa de melhoramento genético do eucalipto é um módulo de projeto específico “Melhoramento de espécies de árvores introduzidas.”

O principal uso industrial de madeira de eucalipto é a produção de madeira sólida de alta qualidade para a existência de nicho de mercado de exportação com ótimos preços e um mercado interno com a crescente demanda, uma vez que a Argentina tem um consumo de madeira serrada menor per capita do mundo (SCHLICHTER et al., 2012), e a oferta ainda é pobre. Por isso, o programa de melhoramento genético do *Eucalyptus* tem como objetivo contribuir para o crescimento sustentável da produção florestal orientada para essa meta. E faz isso baseia em três elementos-chave: a adaptabilidade, a produtividade e a qualidade.

A seleção clássica de genótipos superiores usando a variação genética entre as espécies e procedências, entre e dentro de famílias e clones, e inclui a biotecnologia como uma disciplina estratégica por suas contribuições na micropropagação e na aplicação de ferramentas moleculares para caracterização e seleção dos melhores genótipos.

A apresentação tem como objetivo discutir as principais inovações tecnológicas alcançadas no campo do melhoramento genético das principais espécies e híbridos de *Eucalyptus* cultivados na Argentina eucalipto subtropical, *E. grandis*, em particular, o seu impacto sobre a produtividade do plantio e as restrições (bióticos e abióticos) que o programa de melhoramento deve superar, como resultado de futuras alterações nas atuais condições ecológicas de crescimento por causa da mudança climática. Neste contexto, as florestas cultivadas são ecossistemas produtivos que também tem de enfrentar, como florestas nativas, ameaças. Ambos têm uma dependência vital dos RR.GG. amplos e diversos para assegurar a capacidade de adaptação e progresso genético. Portanto preservar a biodiversidade (a nível genético) cobra relevância estratégica.

Estratégia da Utilização de Novas Tecnologias no Melhoramento do Eucalipto

Shinitiro Oda
Companhia Suzano de Papel e Celulose

O conhecimento detalhado dos fatores genéticos e fisiológicos intrínsecos a cada espécie de eucalipto é fundamental para embasar programas de melhoramento genético. Os primeiros plantios destas árvores no Brasil foram feitos por meio de mudas seminais de espécies puras e, posteriormente, por meio de mudas produzidas a partir de sementes coletadas em diferentes Hortos Florestais, em alguns casos constituídas por híbridos, fruto da polinização aberta que se deu em função da ausência de isolamento entre as espécies compatíveis. Empresas de celulose e papel, Institutos de pesquisas florestais e Universidades, isoladamente ou em sistema de cooperativa, desenvolveram programas de melhoramento genético tradicional por meio da seleção de árvores e instalação de testes de progênes.

Nos últimos 30 anos, os plantios comerciais foram se estendendo das regiões sul/sudeste para condições mais tropicais como o sul da Bahia, o norte do Espírito Santo e o Estado do Pará. As regiões tropicais apresentam condições favoráveis para o rápido crescimento da floresta, mas favorecem também a ocorrência de doenças, como o cancro e a ferrugem, conforme observado nas décadas de 1970 e 80. As pesquisas visando a eliminar os problemas com doenças culminaram na modificação do sistema de propagação da espécie. Ocorreu um aumento gradativo de plantios clonais, independente da região de ocorrência da doença, em função da homogeneidade do plantio e da alta produtividade, estimulando muitas empresas a abandonarem os programas básicos de melhoramento florestal. O ganho inicial resultante da seleção de clones superiores foi significativo. No entanto, atualmente, há dificuldade em obter novos materiais genéticos superiores que permitam saltos de produtividade (em ton de celulose/ha) e/ou para substituir os clones que passaram a ser suscetíveis às novas populações dos patógenos, em alguns casos aqueles que eram os mais produtivos e com maior área de plantio.

Hoje, dados estatísticos mostram produção semelhante entre plantas obtidas a partir de clones e de sementes com alto nível de melhoramento (plantio por família) em condições sem ocorrência de estresse hídrico ou biológico. O aumento da diversidade genética em plantios comerciais é fator fundamental para minimizar as chances de selecionar populações de pragas e/ou patógenos capazes de suplantar a resistência dos clones comerciais, uma vez que com a diversificação se reduz a pressão de seleção nas populações destes organismos. Este aumento de diversidade pode ser obtido por meio de plantios em mosaico, integrando o cultivo do eucalipto com florestas naturais, utilizando-se clones divergentes geneticamente, devidamente avaliados por técnicas moleculares, ou ainda efetuando-se o replantio utilizando mudas seminais (1 a 3% no mix com mudas clonais). No Brasil, culturas importantes como o cacau e a seringueira já foram afetados por patógenos que comprometeram todo o segmento econômico que dependia destas espécies.

Vale salientar que, na mudança do sistema de reprodução, de sexuada para assexuada (multiplicação vegetativa), podemos estar interferindo em fatores fisiológicos envolvidos no rejuvenescimento, no envelhecimento ou na interação com microorganismos (endofíticos e epifíticos), requerendo maiores conhecimentos e cuidados na produção das mudas. Alguns programas de seleção de genótipos voltados para a redução de lignina podem, ainda, afetar os mecanismos de defesa das árvores contra patógenos e/ou pragas, sendo de amplo conhecimento o fato de que a lignina está presente em maiores concentrações em espécies florestais tropicais do que em espécies florestais adaptadas às regiões temperadas.

O programa de pesquisa não deve, portanto, ser baseado unicamente na seleção de árvores e posteriores testes clonais, mas deve também contemplar projetos de melhoramento clássico de espécies puras. Em um programa de melhoramento focado no plantio de mudas produzidas via sementes são conhecidas duas linhas básicas: uma com objetivo de melhoramento e conservação; outra

para o aumento da produção. O ponto fundamental está no tamanho da base genética disponível, que permite maior ou menor ciclo de seleção, minimizando a endogamia associada à adaptação e ao ganho genético. Como na floresta os ciclos de seleção para cada geração são longos, podendo superar 10 anos em algumas espécies, é importante lançar mão de todas as técnicas modernas de biologia molecular na seleção genômica para acelerar os avanços e aumentar a previsibilidade dos resultados. Na estratégia de melhoramento avançado do eucalipto, trabalhos de seleção de subpopulações, busca de linhagens por autofecundação e hibridação por polinização controlada têm sido frequentes na busca de ganhos de produtividade.

A hibridação entre espécies tem como finalidade complementar caracteres para maior adaptação e melhoria na qualidade específica da madeira. Espécies como *Eucalyptus pellita*, que apresentam ampla resistência a diferentes patógenos, juntamente com *E.grandis*, *E.saligna* e *E.urophylla*, são consideradas essenciais para compor um programa de melhoramento genético, incluindo ainda *E.camaldulensis* visando à introgressão de características como a tolerância ao estresse hídrico.

Por último, mas não menos importante, a diversidade ambiental e suas alterações, acentuadas pela constatação das mudanças climáticas em curso, exigem programas amplos de pesquisa para garantir a segurança do setor florestal brasileiro, de modo a garantir a posição de líder mundial na produção de madeira de fibra curta.

Desta forma, o programa de melhoramento clássico, além de ser um fator determinante para a continuidade e sustentabilidade de ganho para os plantios comerciais de eucalipto, seja por meio de sementes ou clones, representa o alicerce que irá receber a aplicação das modernas tecnologias de marcadores moleculares, de sequenciamento gênico e de DNA recombinante. Sabemos que o avanço da biotecnologia já vem apresentando resultados em alguns casos, como na identificação de um gene que confere resistência ao eucalipto contra a infecção de *Puccinia psidii* ou em plantas modificadas geneticamente com a inserção de um único gene responsável por maior crescimento, que resultou em ganhos de até 20% de produtividade em experimentos de campo.

Biotecnologia no Melhoramento Florestal

Celso Luís Marino
UNESP – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”
Campus Botucatu

A tendência geral do melhoramento genético florestal atual é a integração das técnicas clássicas com aquelas mais modernas da biotecnologia, levando em consideração as vantagens e limitações de cada uma delas. Neste contexto, a biotecnologia pode contribuir significativamente para o conhecimento básico da cultura e dos caracteres estudados, e para a geração e desenvolvimento de produtos melhorados. O objetivo desse painel é discutir os avanços da Biotecnologia e como eles podem abrir novas perspectivas para o setor florestal brasileiro. Serão abordados assuntos como: (1) “Genômica Ampla: Destaques e Resultados” (Dario Grattapaglia – EMBRAPA-DF) onde serão apresentados os recentes avanços do uso dessa metodologia no melhoramento florestal e como que a partir desse conhecimento, poder-se-á selecionar sequências que promovam ganhos em caracteres de interesse através do melhoramento molecular. (2) “Interação do Melhoramento e Transgenia: Benefícios Esperados e Aplicados” (Eduardo José de Mello- Futuragene). A transgenia apresenta o potencial de introduzir novos genes em programas de melhoramento florestal de forma rápida e eficiente. Para isso, faz-se necessário a integração entre o melhoramento florestal clássico e a transgenia como estratégia única para a incorporação dessa metodologia no sistema produtivo florestal. (3) “Transgenia: Atualidades e Resultados” (Ana Gabriela Monnerat Carvalho Bassa- ArboGen). Os resultados das avaliações dos ganhos no uso de eucalipto transgênicos serão apresentados, indicando as vantagens e potenciais do uso dessa metodologia no melhoramento florestal brasileiro. (4) Poliploides *in vitro*: Estratégias Biotecnológicas para a Otimização da Cultura de Eucalipto (Marcilio de Almeida – ESALQ/USP). A poliploidia como ferramenta biotecnológica apresenta o potencial de gerar novas combinações genômicas e com isso, novas formas de variação fenotípica para as espécies. Serão abordados o uso do cultivo “in vitro” de células e tecidos para a geração de poliploides em espécies de eucalipto.

Seleção Genômica Ampla em Espécies Florestais: Avanços e Perspectivas

Dario Grattapaglia
EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF.

Apesar dos avanços realizados com o mapeamento de QTLs e a genética de associação em espécies florestais, a utilização destas informações na prática do melhoramento tem se revelado muito mais elusiva do que se pensou inicialmente (GRATTAPAGLIA et al., 2009). A incapacidade de determinar com a precisão necessária os efeitos e interações de QTLs individuais, causou uma mudança de paradigma nas perspectivas de incorporar a genômica na prática do melhoramento genético. Estamos migrando da tentativa de descobrir genes ou regiões genômicas individuais e voltando a lidar com o agregado do genoma, assim como a genética quantitativa classicamente faz, porém utilizando a genotipagem densa de todo o genoma, saindo do modelo infinitesimal estimando a contribuição de cada um dos segmentos cromossômicos para a variação observada em cada característica quantitativa. Isto por sua vez torna possível prever o valor genético genômico estimado (*Genomic Estimated Breeding Value*) de um indivíduo em uma abordagem denominada Seleção Genômica ou Seleção Genômica Ampla (SGA) (MEUWISSEN et al., 2001). A SGA estima os efeitos de todos os marcadores genéticos sobre a característica simultaneamente, mantendo todos elas como preditores do desempenho. A SGA se baseia no princípio de que o desequilíbrio de ligação (DL) fornecido pela genotipagem densa ao longo de todo o genoma é suficiente para capturar a maioria dos efeitos de QTL envolvidos no controle da característica alvo, por eles estarem em DL com os marcadores analisados. A extensão do DL entre marcador e QTL, depende essencialmente do tamanho efetivo da população e da densidade de marcadores e tem, portanto, o maior impacto sobre as perspectivas de sucesso da SGA no melhoramento (GRATTAPAGLIA; RESENDE, 2011).

Estudos experimentais em duas populações de *Eucalyptus* (RESENDE et al., 2012a) e uma de *Pinus taeda* (RESENDE et al., 2012b) inauguraram a avaliação experimental da SGA em espécies florestais. Utilizando validação cruzada na mesma geração, acurácias preditivas da ordem de 0,5 a 0,8 foram estimadas para características tais como crescimento volumétrico, densidade da madeira, teor e composição de lignina, rendimento de celulose e resistência à ferrugem, convergindo para as previsões geradas por simulações determinísticas (GRATTAPAGLIA; RESENDE, 2011), indicando ganhos potenciais de 50-200% na eficiência de seleção. Análises adicionais na mesma população de *Pinus taeda* (RESENDE et al., 2012c) e experimentos recentes em *Picea glauca* (BEAULIEU et al., 2014) vem confirmando estas expectativas e corroborando a importância de se contar com elevadas densidades de marcadores genéticos para atingir acurácias equivalentes àquelas obtidas com o melhoramento convencional em populações com tamanho efetivo mais amplo, até $N_e=200$.

Estamos desenvolvendo experimentos adicionais de modelagem e validação entre gerações, visando a implementação operacional da SGA no melhoramento intensivo de eucalipto no Brasil. Para este fim recentemente desenvolvemos o EuchIP60K.br, um chip de genotipagem de 60.904 SNPs, baseado na tecnologia Infinium™ (SILVA-JUNIOR et al., 2014; SILVA-JUNIOR et al., 2013). Este chip fornece um total de 51,204 SNP polimórficos em 14 espécies de *Eucalyptus* e cerca de 20 a 40 mil em cada espécie individualmente, proporcionando uma cobertura de 96% dos 605,8 Mb do genoma a uma densidade de 1 SNP a cada 12 a 20kb, com 47.069 SNPs dentro ou a menos de 10kb de 30.444 dos 36.376 genes anotados no genoma de *Eucalyptus grandis* (MYBURG et al., 2014). Um total de cerca de 22.000 árvores de populações de melhoramento de diversas empresas brasileiras de base florestal já foram genotipadas com o objetivo de desenvolver e validar modelos preditivos a partir de “populações de treinamento”. Recentemente, elevadas acurácias de predição dos modelos SGA foram obtidos com dados gerados com o SNP EuchIP60k.br em populações da IPaper e da Fibria indicando as excelentes perspectivas de utilização desta para viabilizar a SGA em escala operacional em *Eucalyptus*.

As perspectivas da SGA no melhoramento florestal são muito promissoras (GRATTAPAGLIA, 2014). A SGA promete aumentar o ganho genético por unidade de tempo e possivelmente aumentar a precisão na estimação do valor de melhoramento (para a seleção de genitores) ou genotípico (seleção de clones). Além disso, a SGA permite avaliar todas as características de interesse do melhorista em todos os descendentes e não apenas naqueles que passaram uma seleção inicial para volume. Finalmente a SGA poderá viabilizar uma implementação genoma-dirigida de cruzamentos controlados, otimizando o processo de geração de descendências.

Como incorporar a SGA em um programa de melhoramento de eucalipto vai variar caso a caso, com base em uma análise da relação custo/benefício da tecnologia juntamente com a disposição do melhorista adotar táticas inovadoras de melhoramento. É importante destacar que várias questões ainda demandam pesquisa em SGA, incluindo: (1) a modelagem de efeitos não-aditivos visando a identificação de genótipos transgressivos que em geral correspondem a clones elite; (2) a construção e avaliação continuada dos modelos preditivos entre diferentes populações, ambientes e anos de plantio com diferentes abordagens estatísticas; (3) o entendimento da dinâmica das predições com as sucessivas gerações de SGA pari-passo com a adoção de estratégias de atualização de modelos preditivos. Além disso os diversos aspectos da logística da SGA, tais como infra-estrutura dedicada de viveiro, coleta e rastreamento de amostras, fornecimento de serviço de genotipagem e processamento de dados genotípicos, são aspectos fundamentais a serem considerados para a efetiva utilização deste novo método de melhoramento.

AGRADECIMENTOS

Projeto PRONEX FAP-DF/CNPq NEXTREE (193.000.570/2009), Projeto EMBRAPA 03.11.01.007.00.00 e Bolsa PQ CNPq 308431/2013-8.

REFERÊNCIAS

- BEAULIEU, J.; DOERKSEN, T.; CLEMENT, S.; MACKAY, J.; BOUSQUET, J. Accuracy of genomic selection models in a large population of open-pollinated families in white spruce. *Heredity*, London, p. 343-352, 2014.
- BEAVIS, W. D. QTL analyses: power, precision, and accuracy. In: PATERSON, A. H. **Molecular dissection of complex traits**. Boca Raton: CRC Publishing, 1998. p. 145-162.
- DE LOS CAMPOS, G.; HICKEY, J. M.; PONG-WONG, R.; DAETWYLER, H. D.; CALUS, M. P. L. Whole-Genome Regression and Prediction Methods Applied to Plant and Animal Breeding. *Genetics*, Pittsburgh, v. 193, p. 327-345. 2013.
- GRATTAPAGLIA, D. Breeding forest trees by Genomic Selection: current progress and the way forward. In: TUBEROSA, R.; GRANER, A.; FRISON, E. **Genomics of Plant Genetic Resources: Volume 1. Managing, sequencing and mining genetic resources**, New York: Springer, 2014. p. 652-682.
- GRATTAPAGLIA, D.; PLOMION, C.; KIRST, M.; SEDEROFF, R. R. Genomics of growth traits in forest trees. *Current Opinion in Plant Biology*, v. 12, n. 2, p. 148-156, 2009.
- GRATTAPAGLIA, D.; RESENDE, M. D. V. Genomic selection in forest tree breeding. *Tree Genetics & Genomes*, v. 7, n. 2, p. 241-255, 2011.
- MEUWISSEN, T. H.; HAYES, B. J.; GODDARD, M. E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, Pittsburgh, v. 157, n. 4, p. 1819-1829, 2001.
- MYBURG, A. A.; GRATTAPAGLIA, D.; TUSKAN, G. A. et al. The genome of *Eucalyptus grandis*. *Nature*, London, v. 510, n. 7505, p. 356-362, 2014.

RESENDE, M. D. V.; RESENDE JÚNIOR, M. F. R.; SANSALONI, C. P.; PETROLI, C. D.; MISSIAGGIA, A. A.; AGUIAR, A. M.; ABAD, J. M.; TAKAHASHI, E. K.; ROSADO, A. M.; FARIA, D. A.; PAPPAS JÚNIOR, G. J.; KILIAN, A.; GRATTAPAGLIA, D. Genomic selection for growth and wood quality in *Eucalyptus*: capturing the missing heritability and accelerating breeding for complex traits in forest trees. **New Phytologist**, Oxford, v. 194, n. 1, p. 116-128, 2012a.

RESENDE JÚNIOR, M. F. R.; MUÑOZ, P.; ACOSTA, J. J.; PETER, G. F.; DAVIS, J. M.; GRATTAPAGLIA, D.; RESENDE, M. D.; KIRST, M. Accelerating the domestication of trees using genomic selection: accuracy of prediction models across ages and environments. **New Phytologist**, Oxford, v. 193, n. 3, p. 617-624, 2012b.

RESENDE JÚNIOR, M. F. R.; MUÑOZ, P.; RESENDE, M. D. V.; GARRICK, D. J.; FERNANDO, R. L.; DAVIS, J. M.; JOKELA, E. J.; MARTIN, T. A.; PETER, G. F.; KIRST, M. Accuracy of Genomic Selection Methods in a Standard Data Set of Loblolly Pine (*Pinus taeda* L.). **Genetics**, Pittsburgh, v. 190, n. 4, p. 1503-1510, 2012c.

SILVA-JUNIOR, O. B.; FARIA, D. A.; GRATTAPAGLIA, D. A multi-species 60k SNP chip for species of *Eucalyptus* developed from whole genome resequencing of 240 trees allows high-density linkage-to-physical mapping, genome-wide recombination and linkage disequilibrium analysis. **New Phytologist submitted**. 2014.

SILVA-JUNIOR, O. B.; FARIA, D. A.; TOGAWA, R. C.; GRATTAPAGLIA, D. *Eucalyptus* genotyping taken to the next level: development of the "EucHIP60k.br" based on large scale multi-species SNP discovery and ascertainment, In: IUFRO TREE BIOTECHNOLOGY CONFERENCE 2013, Asheville. **Proceedings...** Asheville, 2013.

Integração do Melhoramento e Transgenia: Benefícios Esperados e Aplicações

Eduardo José de Mello
FuturaGene

A transferência, introdução de uma nova característica ou mesmo a intensificação de uma característica pré-existente pode ser obtida via tecnologia do DNA recombinante. Em culturas agrícolas (soja, milho, algodão, etc) esta tecnologia vem sendo usada de forma intensa, através do plantio de sementes modificadas. De forma resumida, o gene é introduzido em alguma(s) planta(s) e posteriormente transferido através de cruzamentos em delineamentos bem estruturados. Com eucalipto é possível planejar a geração de um organismo GM e sua posterior utilização direta através de clonagem. Mas esta estratégia pode ser de pouca valia, uma vez que obriga o melhorista a transformar diversos clones, visando cobrir extensas áreas de plantio. É sabido que apenas um ou poucos clones não são suficientes para plantar grandes áreas. Também do ponto de vista regulatório, a aprovação de vários clones transformados com o mesmo gene, torna o processo mais caro e demorado.

Uma alternativa para o eucalipto transgênico é seguir os passos da agricultura. Isto sugere obter uma segunda geração de transgênicos através de cruzamentos controlados.

Estudos de segregação mostram que o cruzamento de eucalipto GM com cultivares convencional, produz progênies com a mesma expressão do progenitor GM. É esperado também que indivíduos selecionados nestas progênies superem os progenitores em expressão do gene inserido e em outras características sob seleção.

Eventos de única cópia do gene (hemizigotos), quando cruzados com plantas não transgênicas, segregam 1:1, ou seja, cinquenta por cento dos indivíduos da progênie são geneticamente modificados. Esta população segregante, pode ser uma excelente população de seleção para o melhorista, que teria a sua disposição centenas ou milhares de indivíduos aptos a serem selecionados e que mantem as características do progenitor GM.

Transgênicos: Atualidade e Resultados

Ana Gabriela Monnerat Carvalho Bassa
ArborGen

A apresentação da empresa ArborGen vai focar em resultados obtidos até o momento, por meio da biotecnologia, em híbridos de eucalipto.

Serão apresentados dados sobre as etapas de regeneração e transformação no laboratório, bem como resultados de experimentos de campo com diversos genes, visando as seguintes características:

- Maior crescimento,
- Aumento do teor de lignina siringil,
- Aumento na densidade básica da madeira e
- Tolerância a geada.

Serão apresentados ainda algumas informações sobre novos desenvolvimentos, iniciados recentemente, como tolerância a seca e resistência a herbicidas.

Poliploidização *in vitro*, Estratégia Biotecnológica para Otimização da Cultura de Eucalipto

Marcílio de Almeida
ESALQ – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Quieroz”
USP – Universidade de São Paulo
Piracicaba, SP

A multiplicação do número de cromossomos homólogos no núcleo das células é designada Poliploidia, situação genética que pode ocorrer naturalmente em função da duplicação do genoma de células somáticas sem posterior divisão celular ou pela fusão de gametas citologicamente não reduzidos, sendo essa última, a forma mais comum na natureza. Espécies vegetais representam entidades biológicas razoavelmente constantes e, portanto, não é difícil imaginar que esta estabilidade esteja relacionada à constância no número e tipos de genes e cromossomos, considerando que, de um modo geral, tanto os cromossomos como os genes, variam em números, por perda ou adição, sendo alterações no padrão das divisões celulares a causa do aparecimento de plantas com número variável de genoma.

O progresso no conhecimento da importância e mecanismos da poliploidia em plantas mostram que um grande número de espécies poliplóides são polifiléticas (grupos vegetais que não incluem ancestrais comuns de todos os indivíduos), que as espécies ditas diplóides, na sua maioria são arqueopoliplóides e que a evolução por poliploidia teve como mecanismo de apoio, longa reorganização dos cromossomos, havendo, também, silenciamento gênico, eliminação de sequências, ação de elementos transponíveis, invasão intergenômica e efeitos epigenéticos. Esses mecanismos são constantemente investigados para se estabelecer a exata base genética da diploidização, que é a forma como um poliplóide age normalmente, como se fosse um diplóide, conferindo, porém, capacidades adaptativas especiais aos indivíduos. A evolução das plantas superiores deve muito ao aumento do número de cromossomos decorrentes da poliploidia.

Aproximadamente a metade das plantas cultivadas são poliplóides. Os indivíduos poliplóides mais comuns na natureza ocorrem pela união de gametas não reduzidos com um gameta normal ou são resultantes da união de dois gametas não reduzidos. A poliploidia pode ocorrer ainda por meio de duplicação do genoma de células somáticas, sendo esta a de maior interesse para as plantas cultivadas. Espécies perenes, de altitude e as que se multiplicam assexuadamente destacam-se quanto à frequência da poliploidia quando comparadas, respectivamente às cultivadas, de baixada e as que se reproduzem sexuadamente. Exemplos de ploidias numa mesma espécie cultivada podem ser encontrados em batata, que apresenta genomas diplóides, tetraplóides e hexaplóides, em alho porró e algodão que são espécies tetraplóides. No caso do tabaco, o diplóide tem $2n$ igual a 48 cromossomos, porém o poliplóide pode chegar a octaplóide. A abundância de poliplóides indica que a posse de múltiplos genomas confere uma vantagem evolutiva, provavelmente devido a fixação da heterozigosidade e da existência de um maior pool de genes e alelos disponíveis para seleção. No cenário adaptativo, heterozigosidade e mudanças genéticas e epigenéticas rápidas constituem a base da habilidade dos poliplóides de se adaptarem a ambientes mais extremos. A heterozigosidade pode levar ao aumento na variação da expressão gênica, resultando em maior vigor e adaptação mais rápida a novas condições.

Dessa forma, poliplóides em geral são bons colonizadores, podendo ocupar habitats pioneiros nos quais os ancestrais diplóides não são bem sucedidos. A poliploidização ainda produz uma série de efeitos morfofisiológicos sobre os órgãos vegetais, causando neles um efeito “gigas”, o que os torna mais vigorosos em relação a seus diplóides correspondentes. Observa-se como efeito imediato o aumento do tamanho das células devido ao aumento do volume do núcleo, acarretando redução do número de divisões celulares durante o desenvolvimento. Características gerais apresentadas pelas plantas poliplóides incluem folhas e pétalas mais grossas, firmes e de coloração mais intensa.

Os estômatos são geralmente maiores e ocorrem com menos frequência nas folhas. A fase vegetativa bem como, o período de floração pode ser prolongada. Inúmeros pesquisadores afirmam que poliplóides podem ter um aumento na atividade de alguns metabólitos contra doenças e patógenos, conferindo aumento de resistência. Além das análises morfológicas, a identificação da ploidia pode ser comprovada por citometria de fluxo ou contagem de cromossomos. A poliploidização induzida é um procedimento interessante tendo em vista que os resultados observados incluem a restauração da fertilidade de híbridos estéreis, por regularizar o pareamento dos cromossomos na divisão celular.

As pesquisas envolvendo Bioquímica, Fisiologia e Genética Molecular avançaram a passos largos com o advento da Biotecnologia e dentre as técnicas desenvolvidas, surgiu a Cultura de Células, Tecidos e Órgãos Vegetais, que proporcionou não apenas a “clonagem” de inúmeras espécies, principalmente no setor florestal, como auxiliou sobremaneira estudos de melhoramento genético das plantas. Nas condições de cultivo *in vitro*, os tratamentos nutricionais e fitormonais, podem como inúmeras vezes observado, alterar a ploidia de espécies por facilitar a variação somaclonal durante os processos de micropropagação. A técnica facilita a propagação de plantas a partir de células haplóides de anteras, ou triplóides do endosperma, principalmente por reduzir o tempo, como observado em haplóides de cevada que, acredita-se, seriam obtidos com 3 ou 4 gerações no programa convencional de melhoramento com auto polinizações anuais e seleção fenotípica.

Na bibliografia vigente encontram-se publicações de pesquisas realizadas com tomate e milho amarelo autopoliplóides que demonstram o aumento na produção de vitamina C, porém, os mesmos trabalhos indicaram a ocorrência de menor fertilidade e produção de sementes em ambas espécies. Estes resultados podem ser contornados com as práticas de micropropagação, com a clonagem dos indivíduos poliploidizados que apresentem melhor desenvolvimento e vigor que os diplóides dos quais se originaram, tendendo a produzir folhas mais largas e cores mais escuras, flores e sementes de maior tamanho e células maiores. Ainda fundamentado em dados da literatura, ressalta-se que a mudança na ploidia pode levar a alterações em larga escala na regulação gênica e processos ontogenéticos e a mudanças imediatas na morfologia, sistema de reprodução e tolerâncias ecológicas. A poliploidia parece ser um processo muito mais dinâmico e em andamento nas plantas do que em outros organismos.

As perspectivas são de que, nos próximos anos, através do estudo de populações naturais e poliplóides artificiais, teremos uma panorama mais abrangente, talvez até mesmo mais intrigante, sobre este fascinante aspecto da evolução em plantas induzindo o processo via micropropagação, onde o controle do desenvolvimento das plantas desenvolvidas *in vitro* pode ser controlado.

Painel III – Genética Quantitativa

Mario Luiz Teixeira de Moraes
Professor Doutor

UNESP – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho Campus Ilha Solteira

A história do melhoramento genético em espécies arbóreas exóticas (pinus e eucalipto) no Brasil apresenta quatro fases distintas (FERREIRA; SANTOS, 1997): *i*) a primeira é anterior a 1960 com destaque para as introduções feitas por Navarro de Andrade no início do século XX e o programa de melhoramento genético do eucalipto no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC); *ii*) a segunda fase refere-se ao período de 1960 a 1975 com intenso programa de seleção de árvores superiores feito pelo Instituto Florestal de São Paulo (1964). Também nesse período foi promulgada a lei dos incentivos fiscais aplicados ao reflorestamento (1966). Outro fato relevante foi à criação do Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais (IPEF) em 1968 com destaque para o melhoramento e o manejo florestal; *iii*) de 1976 a 1990 inicia-se a terceira fase com o zoneamento ecológico feito por Golfari em 1978 e o convênio entre a Embrapa e a CSIRO (1983) em que populações das principais espécies de eucaliptos plantados no Brasil foram introduzidas.

Nesse período também tem início a Silvicultura intensiva clonal com apoio do Prof. Natal Gonçalves. Também é nesse período que o Prof. Paulo Kageyama defende os seus trabalhos de Mestrado e Doutorado (KAGEYAMA, 1980) sob a orientação do Prof. Roland Vencovsky (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992), o que proporciona um grande salto em relação à aplicação da genética quantitativa no melhoramento florestal brasileiro. Outra contribuição importante do Prof. Kageyama foi a sua tese de Livre-Docência, abordando o tema da seleção precoce em eucalipto. Nesse período também é publicado o livro de genética quantitativa (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1981) no melhoramento de plantas dos Professores Hallauer e Miranda Filho.

Dessa forma, os Professores Arno Brune, Mario Ferreira e Paulo Kageyama foram responsáveis pela formação de vários profissionais, que atuaram e atuam no melhoramento florestal com base na genética quantitativa; *iv*) a última fase começa em 1991 e vai até os dias atuais. Nesse período destaca-se a micro-propagação, micro estaquia e os testes clonais. Em relação à genética quantitativa a utilização dos índices de seleção e da análise multivariada torna-se disponível em função da criação do programa GENES (CRUZ, 2001) pelo Prof. Cosme Damião Cruz. Também é publicado o trabalho sobre a utilização do índice multi-efeitos pelos Professores Marcos Deon e Antônio Higa.

Posteriormente, para facilitar a utilização dos modelos lineares mistos o Prof. Deon disponibiliza o programa computacional SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2007). Outra contribuição importante foi do Professor Alexandre Sebbenn, que publicou vários trabalhos em relação ao tamanho efetivo, fluxo gênico, sistema de reprodução e a presença da endogamia nas espécies arbóreas, o que permitiu a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos mais acurados, quando estes fatores são levados em consideração (SEBBENN, 2006). A genética quantitativa não foi importante só para as espécies produtoras de madeira para celulose, energia (lenha e carvão) e madeira roliça, mas também aquelas relacionadas aos produtos não madeireiros como é o caso do programa de seringueira do IAC (GONÇALVES, 2002), coordenado pelo Prof. Paulo Gonçalves e do melhoramento genético do cacauero (DIAS, 2001), em que o Prof. L.A.S. Dias apresenta uma contribuição importante. Um estudo com um total de 66 espécies arbóreas do Cerrado e da Floresta Estacional Semidecidual é feito por Carlos Rodrigues (RODRIGUES, 2010), que traz informações relevantes em termos de estimativas de parâmetros genéticos em espécies arbóreas nativas. Outras contribuições interessantes foram apresentadas nos compêndios dos professores Aloísio Xavier (XAVIER et al., 2009), Ismael Pires (PIRES et al. 2011) e Sebastião Fonseca (FONSECA et al, 2010). No momento atual um programa importante que vem sendo desenvolvido nessa interface entre a genética quantitativa e o melhoramento florestal é o Programa Cooperativo sobre Melhoramento Florestal (PCMF) que visa ampliar e manter a base genética das espécies dos gêneros *Eucalyptus* e *Corymbia*.

Esse programa envolveu a participação dos Professores Edson Mori, Rinaldo de Paula, Celso Marino, Mario Moraes e dos pesquisadores do IPEF: Aline Miranda, Israel Vieira e Paulo Müller. Dessa forma, esse Painel III – Genética Quantitativa, que ocorre no VII Workshop em Melhoramento Florestal, promovido pelo IPEF, disponibiliza com a participação dos Professores Roland Vencovsky (A genética quantitativa no mundo florestal), Rinaldo de Paula (Controle genético da eficiência de uso de nutrientes) e dos pesquisadores Aurélio Mendes (Genética quantitativa no programa de melhoramento) e Ananda Aguiar (Marcadores e quantitativa) temas relevantes e atuais nesse contexto.

Assim, com base no histórico apresentado e das atividades atuais, verifica-se que a genética quantitativa teve, tem e terá a maior relevância no melhoramento de espécies arbóreas no Brasil e nesse contexto a participação do Prof. Roland Vencovsky é inestimável.

REFERÊNCIAS

- CRUZ, C. D. **Programa GENES**: versão Windows, aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2001. 648 p.
- DIAS, L. A. S. **Melhoramento genético do cacauzeiro**. s.i., 2001. 578 p.
- FERREIRA M.; SANTOS, P. E. T. **Melhoramento genético florestal dos *Eucalyptus* no Brasil**: breve histórico e perspectivas. In: CONFERÊNCIA IUFRO SOBRE SILVICULTURA E MELHORAMENTO DE *EUCALYPTUS*, 1997, Salvador. **Anais...** Colombo: Embrapa/CNPF, 1997, p. 14-34.
- FONSECA, S. M.; RESENDE, M. D. V.; ALFENAS, A. C.; GUIMARÃES, L. M. S.; ASSIS, T. F.; GRATTAPAGLIA, D. **Manual prático de melhoramento genético do eucalipto**. Viçosa: UFV, 2010. 200 p.
- GONÇALVES, P. S. Uma história de sucesso: a seringueira no Estado de São Paulo. **O Agrônomo**, Campinas, v. 54, p. 6-14, 2002.
- HALLAUER, A. L.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University Press. 1981. 468 p.
- KAGEYAMA, P. Y. **Varição genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden**. 1980, 125 p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1980.
- RESENDE, M. D. V. **SELEGEN-REML/BLUP**: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 359 p.
- PIRES, I. E.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, R. L.; RESENDE JÚNIOR, M. F. R. **Genética florestal**. Viçosa: Arka, 2011. 318 p.
- RODRIGUES, C. J. **Varição genética para caracteres silviculturais em Banco Ativo de Germoplasma de espécies arbóreas do Cerrado e da Floresta Estacional Semidecidual**. 2010, 187 p. Tese (Doutorado) – Universidade Estadual Paulista, Faculdade de engenharia de Ilha Solteira. Ilha Solteira, 2010.
- SEBBENN, A. M. Sistemas de reprodução em espécies tropicais e suas implicações para a seleção de árvores matrizes para reflorestamentos ambientais. In: HIGA, A. R.; SILVA, L. D. **Pomar de sementes de espécies florestais nativas**. Curitiba: FUPEF, 2006, p. 183-202.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.
- XAVIER, A.; WENDLING, I.; SILVA, R. L. **Silvicultura clonal**: princípios e técnicas. Viçosa: UFV, 2009. 272 p.

Genética quantitativa e melhoramento florestal

Roland Vencovsky

Prof. Titular Sênior do Departamento de Genética
ESALQ – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz
USP – Universidade de São Paulo

O principal papel da genética quantitativa no melhoramento florestal entre nós tem sido o de fazer previsões dos resultados que podemos esperar ao aplicar uma dada técnica de melhoramento. Há outras utilidades, como por exemplo, a de pesquisar a base genética de caracteres de interesse.

Para fins didáticos os caracteres são classificáveis em duas grandes categorias, a saber: os qualitativos e os quantitativos. Os primeiros são aqueles em que podemos inferir os genótipos de uma planta por meio do fenótipo. Nos demais isso não é possível. Nos quantitativos, então, é possível existir plantas com fenótipos semelhantes, mas geneticamente diferentes ou então plantas fenotipicamente diferentes, mas com o mesmo genótipo. Esses fatos decorrem de duas causas principais que são: a) os principais caracteres quantitativos são, em geral, governados por número elevados de genes; b) esses caracteres são geralmente muito influenciados por fatores ambientais ou não genéticos.

Levou algumas décadas para que as leis mendelianas fossem aceitas também para os caracteres quantitativos. Grande avanço foi conseguido quando se reconheceu que uma expressão fenotípica (F) é o resultado de uma contribuição do genótipo (G) e de um efeito ambiental, (E) ou seja: $F=G+E$. Tal modelo introduziu a biometria nos estudos envolvendo caracteres quantitativos e foi adaptado às diferentes atividades do melhoramento. Num teste de clones de uma população, avaliados em experimentos em blocos casualizados, por exemplo, o modelo passa a ser $y_{ij} = m + g_i + b_j + e_{ij}$, para descrever o valor fenotípico do clone i no bloco j, sendo e_{ij} o erro experimental ocorrido na respectiva parcela.

Outra amplificação do modelo ocorre quando avaliamos entidades genéticas (clones, progênies, populações, procedências, etc) em diferentes macroambientes. Nesse caso é preciso considerar $F = G + E + I + e$ sendo E o efeito macroambiental (Locais, níveis de fertilizante, de temperatura, etc.) e e o efeito microambiental devido às parcelas do ensaio. No caso I é a interação de genótipos x ambientes, geralmente representado por $I = GE$ para maior clareza devemos perceber que GE não é o produto de G por E; é apenas um símbolo indicando a interação de genótipos x ambientes.

Do modelo básico $F = G + E$ decorre uma pergunta fundamental, ou seja: avaliando um conjunto de entidades genéticas amostradas de uma população, quanto da variação fenotípica do caráter (σ_F^2) é de natureza genética (σ_G^2) e quanto é de natureza não genética (σ_E^2)? Surge daí o coeficiente de herdabilidade no sentido amplo (h_a^2), ou seja

$$h_a^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_G^2 + \sigma_E^2} = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_F^2}$$

Este coeficiente pode ser utilizado diretamente para estimar o ganho ou progresso genético (G_s) ao selecionarmos, por exemplo, certo número de plantas e depois as reproduzirmos por clonagem. No caso, temos que $G_s = ds \cdot h_a^2$. Nesta expressão ds é o diferencial de seleção que vem a ser a diferença entre a média geral das plantas selecionadas (\bar{y}_s) e a média geral da população inteira (\bar{y}_p), isto é, $ds = \bar{y}_s - \bar{y}_p$. Na prática não é simples obter ds pelo trabalho que dá. Uma alternativa é usar $G_s = i \frac{\sigma_p}{\sigma_F}$ em que i é obtido de tabelas em função da porcentagem de plantas selecionadas.

Para estimar σ_G^2 e σ_F^2 precisamos de experimentos piloto, com amostras de plantas com seus respectivos clones.

Mais simples é a situação em que avaliamos clones num experimento em R repetições. Considerando o modelo de blocos casualizados dado anteriormente e lembrando que a análise de variância permite estimar σ_G^2 e σ_e^2 o progresso G_s é estimável por

$$G_s = i \frac{\sigma_G^2}{\sqrt{\sigma_G^2 + \frac{\sigma_e^2}{R}}} \text{ ou } G_s = \frac{ds \cdot \sigma_G^2}{\left(\sigma_G^2 + \frac{\sigma_e^2}{R}\right)}$$

O uso do coeficiente i requer que o caráter tenha distribuição normal o que é comum com caracteres quantitativos.

Na seleção recorrente intrapopulacional ocorre um detalhe importante, conforme segue. Selecionando plantas superiores elas não são clonadas; a geração seguinte será constituída de sementes dessas mesmas plantas, e as sementes não tem o mesmo genótipo que as mães. Isso foi resolvido quando se verificou que o valor genotípico das plantas filhas, é determinado pelo que se chamou de parte aditiva (A) mais um desvio de dominância (D). Assim, desdobrou-se G nas partes $G = A + D$, sendo D a parte dominante, se ignorarmos os efeitos epistáticos. Só a parte aditiva é explorada na seleção recorrente. Na seleção com subsequente clonagem exploramos ambas as componentes ($\sigma_A^2 + \sigma_D^2$).

Agora o que importa, na seleção recorrente, é o coeficiente de herdabilidade no sentido restrito, ou seja:

$$h_a^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_F^2}$$

Pelo fato de existirem vários esquemas de seleção recorrente não existe uma expressão simples do progresso (G_s) que abranja todas as situações. O caso mais simples é o de seleção individual ou massal. Assim, se numa população selecionamos matrizes superiores e colhemos sementes destas temos duas situações: $G_s = ds \frac{\sigma_A^2}{\sigma_F^2}$ se for feito desbaste das plantas inferiores. Neste caso, as sementes se originam de genitores femininos e masculinos selecionados. Alternativamente $G_s = ds \frac{(1/2)\sigma_A^2}{\sigma_F^2}$, sem desbaste de modo que o pólen provém do conjunto inteiro de plantas e só as plantas mãe são selecionadas.

Os exemplos dados, é preciso dizer, são válidos para espécies panmíticas ou que têm taxa de autofecundação natural muito baixa (menor ou igual a 5%). Além disso, admite-se que os genitores são não endogâmicos e não aparentados. Se estivermos trabalhando com espécies cujo sistema reprodutivo é misto, ou seja, cuja taxa de autofecundação natural não é desprezível, continuamos tendo a possibilidade de predizer o progresso. Os detalhamentos para sistemas mistos, no entanto, são mais elaborados e não caberiam dentro das limitações deste texto.

Na prática o método mais utilizado e direto de estimar σ_A^2 é o que envolve avaliação experimental de progênes maternas, ou seja, progênes de meio-irmãs. A componente da variação entre progênes (σ_p^2) neste caso equivale a $\sigma_p^2 = (1/4)\sigma_A^2$, supondo panmixia e ausência de endogamia e parentesco nas genitoras.

Nas últimas décadas tiveram início as pesquisas com marcadores moleculares em várias espécies, incluindo as florestais. Não é o objetivo deste texto fazer revisão deste tópico; queremos apenas ressaltar que a técnica mais recente e que tem levado a perspectivas muito favoráveis como auxiliar do melhoramento genético florestal é a seleção genômica ampla. Nesta técnica cada planta de uma população-base a ser melhorada é genotipada usando milhares de marcadores moleculares. Usando modelo biométrico apropriado, é estimada uma associação entre as informações moleculares e o valor fenotípico de cada planta. Se a associação resultar suficientemente alta, compreende-se que a informação molecular deverá ser útil para selecionar as plantas superiores. Tal técnica será interessante e útil para praticar seleção precoce.

Até aqui abordamos a questão do progresso da seleção com base em componentes da variância fenotípica de um dado caráter. Outra linha de atuação que deve ser abordada é a de componentes genéticos de médias. Há várias dessas componentes que são de interesse dos melhoristas, destacando-se as seguintes: a capacidade geral de combinação, a capacidade específica de combinação, a heterose ou vigor de híbrido, os efeitos de cruzamentos recíprocos e o progresso realizado conseguido pela seleção. A maioria dessas componentes são estimáveis utilizando cruzamentos dialélicos. Originalmente, um dialelo, digamos com n entidades genéticas, é a obtenção de todos os $0,5n(n-1)$ cruzamentos entre os n materiais. Se forem incluídos os recíprocos teremos $n(n-1)$ cruzamentos. Na avaliação podemos incluir os n genitores, resultando n^2 tratamentos. Isso permitirá estimar a heterose e os efeitos recíprocos. Melhoristas muitas vezes cruzam n entidades genéticas de uma população ou espécie, digamos a população A, com m entidades genéticas com a população B. Chamam tal esquema de dialelo parcial. Na literatura tal esquema AxB é chamado fatorial. O significado e importância desses componentes genéticos de médias são bem conhecidos. Claro é que um objetivo fundamental, além de informar sobre as componentes genéticas de médias, é permitir identificar os cruzamentos superiores.

Um campo de atividade que não podemos negligenciar é o da correlação entre caracteres. Assim como no caso da variância fenotípica a correlação fenotípica é também desdobrável em correlação genética e correlação não genética. A genética é muito útil para mensurarmos, por exemplo, quanto alteramos um determinado caráter quando praticamos seleção num outro caráter. Essas correlações são também empregadas quando queremos desenvolver índices de seleção que utilizamos quando selecionamos levando em conta vários caracteres simultaneamente. Entre nós, essas correlações são estimáveis geralmente com os dados de avaliação de progênies ou clones. O necessário é obtermos, em cada parcela ou plantas, os valores de cada caráter em todas as repetições.

Com base em nossa experiência, pudemos perceber que a situação muito favorável ocorre quando as estimativas de parâmetros genéticos quantitativos podem ser obtidas dos próprios experimentos instalado pelo melhorista. Isso significa que não seria necessário conduzir ensaios especiais objetivando a genética quantitativa. Mesmo assim é sempre conveniente que o melhorista troque ideias com um geneticista quantitativo para planejar seu experimento de avaliação e seleção.

Outro aspecto que devemos lembrar é o seguinte. Na experimentação do melhorista há duas situações distintas, que os biometristas chamam de modelo fixo e modelo aleatório. Temos o modelo fixo, por exemplo, quando avaliamos entidades genéticas que não provêm de uma só população de referência ou de um mesmo conjunto gênico. Seria o caso, por exemplo, de avaliar clones ou acesso de um banco de germoplasma de diferentes origens genéticas e não provindos de uma origem comum. Num caso assim, concentramos em estimar médias e suas componentes não sendo válido falar em variâncias genéticas. Aliás, uma variância genética sempre se refere a uma população de referência única, de onde os materiais genéticos sob avaliação foram extraídos. Temos, num caso assim, o modelo aleatório, sendo possível estimar σ_G^2 ou σ_A^2 além do progresso genético esperado, correlações genéticas etc. O caso clássico de modelo aleatório é o que se enquadra quando avaliamos progênies provenientes de uma mesma população de referência.

Vale lembrar, numa observação final, que em programas de melhoramento continuado ou de média a longa duração, é sempre conveniente realizar experimentos periódicos para avaliar os progressos genéticos que realmente foram obtidos ou alcançados. Há vários procedimentos quantitativos que fornecem estimativas desses progressos reais. Avaliando os materiais genéticos em diferentes etapas do programa, podemos verificar se o que está sendo feito atende os interesses da instituição ou da empresa.

A genética quantitativa no melhoramento florestal e seus desafios

Aurélio Mendes Aguiar
Bruno Marco de Lima
José Luis Lima

Pesquisadores de Melhoramento Genético e Biotecnologia – Fibria

Donizete da Costa Dias

Coordenador da área de Melhoramento Genético e Biotecnologia - Fibria

Gabriel Dehon S. P. de Rezende

Gerente de Biotecnologia e Melhoramento - Fibria

A genética quantitativa teve e tem um papel primordial no sucesso do setor florestal brasileiro. Nos últimos 30 anos a produtividade saltou de 25-30 m³.ha⁻¹.ano⁻¹ para 35-45 m³.ha⁻¹.ano⁻¹, sendo o ganho atribuído ao desenvolvimento de florestas clonais, que incluem ganhos genéticos e silviculturais (REZENDE et al., 2013). Diversas ferramentas da genética quantitativa contribuíram sobremaneira para melhoramento florestal, dentre algumas podemos citar: estimação de componentes genéticos, correlações genéticas e ambientais, estudos de seleção precoce, interação genótipos x ambientes, comparação de métodos de melhoramento, predição de valores genéticos etc. Detalhes destas metodologias e outras são muito bem abordadas no livro *Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Espécies Perenes* (RESENDE, 2002), uma referência para os melhoristas florestais.

Apesar dos ganhos obtidos, os desafios dos melhoristas florestais tem aumentado muito nos últimos anos. Um dos fatores é a migração dos plantios para áreas de maiores estresses bióticos e abióticos. Como estresses abióticos mais relevantes destacam o estresse hídrico e térmico, e como bióticos, a ocorrência de insetos sugadores, sendo comum a associação de ambos estresses. Outro fator que tem se intensificado são os eventos climáticos extremos em função das mudanças de clima. O somatório desses fatores (estresses, eventos extremos etc.) tem contribuído significativamente para o aumento da interação genótipos por ambientes, dificultando a identificação de genótipos estáveis e produtivos, e reduzindo os ganhos esperados e, muitas vezes reduzindo significativamente a produtividade de materiais antes bem adaptados. Além disso, e primordialmente, os produtos florestais devem atender as necessidades de qualidade da madeira dos clientes, aumentando o número de variáveis e/ou características a serem consideradas no programa de melhoramento.

Diante desses desafios, a genética quantitativa tem um papel importantíssimo para o melhoramento florestal. As principais contribuições tendem a ser com metodologias que permitam avaliar as melhores estratégias de melhoramento e seleção para condições de estresses; estudos da interação genótipos por ambientes, tanto para identificar genótipos mais estáveis e também para identificar quais variáveis edafoclimáticas contribuem para interação, auxiliando no zoneamento edafoclimático e minimização da interação. Outro desafio, com grande potencial, é a integração do melhoramento com as informações moleculares, fisiológicas e dados climáticos. Neste caso, uma ferramenta que está despontando é a seleção genômica, com perspectivas de redução dos ciclos de melhoramento e contribuição para a identificação de genótipos estáveis e produtivos (GRATTAPAGLIA; RESENDE, 2010).

REFERÊNCIAS

GRATTAPAGLIA, D.; RESENDE, M. D. V. Genome selection in forest tree breeding. *Tree Genetics & Genome*, London, v. 7, n. 2, p. 241-255, 2010.

REZENDE, G. D. P. S.; RESENDE, M. D. ASSIS, T. A. *Eucalyptus* breeding for clonal forestry. In: FENNING, T. (Ed.) In: *Challenges and opportunities for the World's in the 21st century*. London: Springer, 2014. p. 393-424.

RESENDE, M. D. V. *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. 1.ed. Brasília: Embrapa, 2002. 975 p.

Controle Genético da Eficiência de Uso de Nutrientes

Rinaldo Cesar de Paula
UNESP – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”
Campus Jaboticabal

Um genótipo superior pode ser definido como aquele que apresenta alta produtividade, com o uso mínimo de recursos, no menor espaço de tempo e com qualidade adequada para o uso final. Encontrar esse genótipo é uma tarefa extremamente árdua e nem sempre possível. Dos diferentes recursos que as plantas usam para a produção, os nutrientes, do solo ou a ele aplicados, merecem destaque. Desses, o nitrogênio, fósforo e potássio são muito importantes para a cultura do eucalipto. Como a cultura do eucalipto no Brasil ocupa solos de baixa fertilidade natural, a aplicação de nutrientes, via adubação química é, não apenas, uma realidade, mas uma necessidade tanto para alcançar produtividade adequada quanto para repor ao solo, os nutrientes exportados pela colheita. Assim, os programas de melhoramento genético devem buscar obter genótipos com maior eficiência no uso dos nutrientes (EUN), sendo esta função da eficiência de absorção (EABN) e de utilização (EUTN) dos nutrientes absorvidos.

A EUN pode, assim, ser definida como a quantidade produzida por unidade do recurso disponível, sendo a EABN a relação entre a quantidade do nutriente absorvida pela quantidade do nutriente aplicada e a EUTN, como a relação entre a produção pela quantidade do nutriente absorvido. Para melhorar para EUN, a população em uso deve apresentar variabilidade genética suficiente para a identificação de genótipos superiores para esse caráter. Tem-se observado que o controle genético da EUN é quantitativo, envolvendo vários genes, em diferentes regiões do genoma, e uma série de rotas metabólicas. Sob condições de escassez de um dado recurso, tem-se em geral, duas alternativas: 1) melhorar para tolerância à baixa disponibilidade ou 2) melhorar para alta eficiência no uso desse recurso. A tolerância é uma medida da alteração da produção sob condição limitante em relação à obtida em condição ideal de cultivo. Logo, um genótipo tolerante é aquele que apresenta pouca variação de produção nessas duas condições.

Do ponto de vista prático, o que se busca são genótipos com maior EUN. Contudo, tem-se observado que esses genótipos não são os mais tolerantes, os quais, em geral, apresentam produtividades moderadas mesmo em condições adequadas de disponibilidade do recurso, sendo por isto, indicados para plantio em solos marginais e com baixa disponibilidade permanente do recurso. Assim, pode-se identificar três estratégias que as plantas desenvolvem sob baixa disponibilidade de recurso: i) generalização: representada pelos genótipos tolerantes, estando associados a boa produtividade em condições de baixa disponibilidade do recurso, mas não respondendo à melhoria ambiental; ii) especialização: o genótipo é especializado a ambientes específicos, em geral, alcançando altas produtividades sob alta disponibilidade de recurso e iii) plasticidade fenotípica: que é o genótipo alvo, pois produziria satisfatoriamente sob estresse, mas com resposta positiva a melhoria das condições de cultivo. Várias características morfológicas e bioquímicas estão relacionadas à EUN e, conseqüentemente, à EABN e de EUTN.

Considerando-se, inicialmente, o nitrogênio como exemplo, para melhoria da EABN, pode-se priorizar genótipos com maior relação raiz/parte aérea (RPA) ou com maior densidade de raízes finas. Contudo, o aumento da RPA pode diminuir a produtividade, pelo maior investimento de carbono no sistema radicular em detrimento da parte aérea. A maior EUTN pode ser obtida pela maior eficiência na assimilação (EAN) ou na remobilização (ERN) do nutriente. A EAN pode se dar manipulando a atividade enzimática, a exemplo, da nitrato redutase, nitrito redutase e da sintetase da glutamina, dentre outras. Já, a ERN seria conseguida com enzimas atuantes durante a senescência foliar, responsáveis pela remobilização do nutriente, como a sintetase da glutamina citosólica, por exemplo.

Para maior EUTN, aspectos do metabolismo tanto do nitrogênio quanto do carbono são envolvidos e, assim, devem ser considerados, por exemplo, aspectos envolvidos com o aparato fotossintético. Ainda, o melhoramento para a fixação biológica do nitrogênio, também deve ser considerada, como o uso de bactérias diazotróficas, que tem proporcionado resultados interessantes em culturas como café, batata-doce, abacaxi, manga, tomate, dentre outras. Usando o fósforo como outro exemplo, maior EAB pode ser obtida com modificações na morfologia do sistema radicular, como ângulos de lançamentos de raízes secundárias, e aumento na produção e secreção de ácidos orgânicos que solubilizariam o P, disponibilizando-os para as plantas. Para aumentar a EUTP, pode-se pensar em maior remobilização do P interno, com modificações no metabolismo de carboidratos, evitando rotas que demandam alto P e uso de rotas respiratórias alternativas. Não é comum encontrar um genótipo eficiente no uso de vários nutrientes, de forma que deve-se alocar os genótipos em solos com fertilidade compatível com suas exigências específicas.

Ainda, valores altos de EUN podem indicar baixos teores de nutrientes no solo e sua não aplicação em adubações. Além disto, os genótipos podem associar diferentes estratégias de absorção de de utilização nos nutrientes, em função da disponibilidade do mesmo. Em *Pinus* e *Eucalyptus* tem-se constatado que as principais características morfológicas e fisiológicas que afetam a EUN, assim como a própria EUN e seus componentes de EABN e EUTN tem bom controle genético, podendo ser melhorada por seleção. Em termos práticos, deve-se evitar a seleção sob alta disponibilidade do nutriente, pois as plantas apresentam estratégias diferenciadas para EUN sob alta e baixa disponibilidade do mesmo. Por outro lado, condições muito limitantes, prejudicam a expressão do potencial dos genótipos, proporcionando desempenhos semelhantes, reduzindo não apenas a produtividade, mas também a herdabilidade e aumentando os coeficientes de variação, em relação à condição considerada adequada.

De forma semelhante a outros caracteres, os métodos de melhoramento para eficiência nutricional, são dependentes do sistema reprodutivo e do controle genético do caráter, dentre outros. Se os efeitos aditivos são os mais importantes, a seleção recorrente intrapopulacional será eficiente. Por outro lado, quando os efeitos não aditivos são preponderantes, os métodos interpopulacionais serão preferidos. O uso da biotecnologia é imprescindível, a exemplo da seleção genômica ampla que mostra-se promissora, conforme evidências de pesquisas recentes com milho. Contudo, o uso de técnicas modernas deve ser acompanhada de um processo preciso de fenotipagem, com o uso de populações grandes para mapeamento, avaliações em diferentes locais/anos, avaliação de vários caracteres relacionados com a EUN, uso de estatísticas adequadas, incluindo delineamentos experimentais apropriados, com número adequado de repetições e metodologias de análise.

Ferramentas Aplicadas no Melhoramento Genético de Pinus para Otimizar o Ganho Esperado

Ananda Virginia de Aguiar
Pesquisadora Embrapa Florestas, Colombo, PR

Valderês Aparecida de Sousa

Mario Luiz Teixeira de Moraes
Professor Doutor
Unesp – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”
Campus Ilha Solteira

Miguel Luiz Menezes Freitas
Pesquisador Instituto Florestal, São Paulo, SP

O melhoramento genético de pinus tem como finalidade a produção de sementes com qualidade genética superior para a produção de madeira e resina. Dentre as principais espécies que vem sendo melhoradas para essa finalidade destacam-se *P. taeda*, *P. elliotii* e *P. caribaea* var. *hondurensis*, *P. maximinoi* e *P. tecunumanii*. O programa de melhoramento é composto por ciclo repetitivo de seleção e recombinação. O ciclo de melhoramento dessas espécies é longo, em torno de 15 a 25 anos, dependendo do objetivo final. A aplicação de ferramentas como a clonagem, via enxertia, estaquia ou embriogênese somática, a indução de florescimento precoce, a produção de híbridos e a seleção precoce ou ultra precoce via marcadores (seleção genômica ampla) têm contribuído para acelerar esse processo e aumentar a produtividade.

Essas ferramentas vêm sendo adotadas em várias etapas do ciclo de melhoramento, bem como na produção de mudas para estabelecimento dos plantios comerciais. A clonagem tem viabilizado a multiplicação de genótipos selecionados, o desenvolvimento de estruturas reprodutivas precocemente e a realização da polinização controlada de maneira eficiente em um curto período de tempo, bem como a multiplicação vegetativa de híbridos interespecíficos para plantios comerciais. A aplicação de hormônios, como a giberelina, tem retardado o crescimento vegetativo e induzido à floração precoce em coníferas possibilitando cruzamentos controlados em pomares *indoor* ou *outdoor*. Os marcadores moleculares vêm sendo usados para estimar e monitorar a variabilidade genética de testes de progênies e áreas de produção de sementes, certificação de parentesco em testes de progênies híbridas, monitorar e certificar a identidade das matrizes em pomares de hibridação e clonal e para seleção precoce (seleção genômica ampla).

Acredita-se que a seleção genômica poderá gerar um impacto maior nas espécies florestais, principalmente as coníferas que apresentam um ciclo de melhoramento mais longo que as angiospermas (ex. *Eucalyptus*), além de outras características específicas como o envelhecimento fisiológico e a duração do ciclo reprodutivo (em torno de dois anos). Essa tecnologia está sendo aplicada em uma população de melhoramento de *P. taeda* com grande expectativas de ganho.

Corymbia Hybridization: Challenges and Potential

D. J. Lee, David Lee, Geoff Dickinson, Geoff Pegg,
Helen Nahrung, Anton Zbonak, Jeremy Brawner, Bruce Hogg
Queensland Department of Agriculture, Fisheries and Forestry

A B. Zbonak, B. W. Hogg
Forest Industries Research Centre, University of the Sunshine Coast - Austrália

Corymbia species and their hybrids are of increasing importance to world's plantation forestry sector for many reasons: suitability across a wide range of environments, relatively high growth rates in environments that are marginal for either intensive agricultural production or growth of other tree species or hybrids, tolerance to a range of pests and diseases and the high quality durable timber products that can be produced from the trees (LEE, 2007; LEE et al., 2010; CARVALHO et al., 2010; NICHOLS et al., 2010). They are also known for their high pulp productivity in China, South Africa, and Australia (PHILLIPS 1989, GARDNER et al., 2007; BRAWNER et al., 2012) and are becoming important species for charcoal production in Brazil (e.g. Aperam; pers comm Eduardo Henriques, 2011).

Across Australia over 20,000 hectares of *Corymbia* plantations have been established since the late 1990's (BARBOUR et al., 2008) primarily using *C. citriodora subsp. variegata* in the subtropics and *C. maculata* in temperate climates. This presentation reports on the taxonomy of the spotted gum group and our current knowledge of *Corymbia* species and hybrids when grown under plantations conditions focussing on: the growth rates achieved across different regions of the Australia's subtropics, genetic improvement of *Corymbia* species and hybrids, advantages of the *Corymbia* hybrids relative to the pure species, propagation, pollination biology, and characterisation of *Corymbia* species and hybrids wood properties.

Nutrição Mineral de Pomar de Hibridação Controlada

Karina Carnielli Zamprogno
Veracel Celulose

Gustavo Salgado Martins
Veracel Celulose

O melhoramento genético do eucalipto no Brasil é considerado o mais desenvolvido do mundo, superando inclusive seu país de origem, a Austrália. Para esse sucesso, a polinização controlada teve grande participação, através dessas técnicas tornou-se possível a escolha dos progenitores dentro de um programa de melhoramento, maximizando os ganhos genéticos, facilitando o manejo das matrizes e otimizando tempo e espaço.

Os pomares de hibridação controlada são adotados pela maioria das empresas do setor florestal atualmente e podem ser mantidos nas versões outdoor ou indoor. A cobertura ou não do pomar, poderá influenciar bastante no manejo nutricional que será adotado, considerando a possibilidade de lavagem de nutrientes dos vasos pela água das chuvas, os pomares abertos requerem maior atenção neste quesito.

Os pontos de maior dificuldade no manejo dos pomares de hibridação controlada são: a manutenção do florescimento homogêneo e/ou precoce e o manejo nutricional nas diferentes fases fenológicas do pomar. Para isso faz-se importante às interfaces entre os especialistas de fisiologia, nutrição e genética vegetal.

Cada elemento possui sua função específica no metabolismo da planta, e entender sua atuação e função é fundamental para uma recomendação nutricional eficiente. O nitrogênio, por exemplo, faz parte da composição das proteínas de todas as plantas e promove o desenvolvimento vegetativo e radicular além de influenciar na produção de sementes. O fósforo desempenha função-chave na fotossíntese, no metabolismo de açúcares, no armazenamento e transferência de energia, na divisão celular, no alargamento das células e na transferência da informação genética, fatores importantíssimos para o melhoramento genético.

O potássio interage com quase todos os outros nutrientes essenciais à planta. Dentre suas funções predominantes estão a ativação enzimática, eficiência no uso da água, fotossíntese, transporte de açúcares e movimento de nutrientes. Assim como o K, o cálcio é vital para várias funções na planta, incluindo a ativação de um grande número de sistemas enzimáticos que regulam o crescimento da planta contribuindo para aumentar sua resistência às doenças.

O magnésio é responsável pela ativação de mais sistemas enzimáticos na planta que qualquer outro nutriente. O enxofre é constituinte de uma série de aminoácidos e proteínas que participam dos mais diferentes processos bioquímicos nas plantas. O boro é essencial para o crescimento das células, principalmente nas regiões mais novas da planta, gemas, pontas das raízes. Atua no desenvolvimento das sementes, formação da parede celular e florescimento.

Não podemos deixar de citar os micronutrientes, o cobre é tão essencial para o crescimento da planta quanto o nitrogênio (em menores proporções). O ferro é essencial para a síntese de proteínas, além de atuar na respiração, na fotossíntese e na transferência de energia. O manganês funciona principalmente como parte dos sistemas enzimáticos da planta e o zinco controla a produção de importantes reguladores de crescimento que afetam o desenvolvimento.

Uma planta bem nutrida responde melhor aos estímulos de florescimento precoce, crescimento, tolerância à estresse bióticos e abióticos.

Distância de Polinização Efetiva em Eucalipto e Implicações para o Setor Florestal Brasileiro

Paulo Henrique Muller da Silva
Pesquisador IPEF - Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais, Piracicaba, SP

Estudos clássicos demonstraram alterações na estrutura genética nas populações de eucalipto de duas maneiras: i) Via migração de sementes o que ocorre em curtas distâncias; e ii) Via pólen o que pode ocorrer em longa distância (POTTS; REID 1988; ASHLEY, 2010), sendo que o conhecimento do fluxo gênico via pólen em plantações de eucalipto tem implicações no setor florestal brasileiro, pois é uma informação necessária para assegurar a qualidade das sementes provenientes de áreas de produção ou pomares de polinização aberta e também para contenção de genes a partir de plantações transgênicas que deverá ser uma realidade no Brasil para as plantações de eucalipto em pouco tempo.

A dispersão do pólen e a taxa de polinização dependem de alguns fatores como a espécie de eucalipto, condições ambientais e polinizador. Fatores que apresentam fortes interações, o eucalipto tem diversos polinizadores que podem ser insetos, aves e morcegos (HINGSTON et al., 2004; SOUTHERTON et al., 2004). No Brasil, a polinização ocorre principalmente por abelhas, um dos motivos é que no país as espécies mais comuns nos plantios comerciais são *Eucalyptus grandis* e *E. urophylla* ou híbridos com essas espécies. As condições climáticas influenciam na intensidade do florescimento cujo comportamento é diverso entre as espécies cultivadas comercialmente. O comportamento dos polinizadores define a distância de dispersão do pólen que pode ser mais longa quando os recursos de néctar/pólen são escassos (GHAZOUL, 2005). As abelhas podem coletar pólen de plantas diferentes e normalmente são encontradas em distâncias de até 100 m, diminuindo gradualmente até a distância de 300 m (PACHECO et al., 1986). O mosaico formado pelo plantio florestal em determinadas áreas influencia o comportamento dos polinizadores, sendo que a dispersão do pólen teoricamente ocorre em menor distância dentro de contínuos florestais do que entre os fragmentos florestais (MIMURA et al., 2009; LARCOMBE et al., 2014).

Em diversos estudos tem se observado que até 200 m da fonte de pólen é alta taxa de polinização, sendo obtida uma queda considerável após essa distância (BARBOUR et al., 2005; POTTS; REID 1988). Após essa distância o fluxo via pólen pode modificar a estrutura genética das populações, mas com baixas taxas por evento reprodutivo. Outro aspecto observado é que não ocorre a preferência por árvores vizinhas, sendo que a maioria do pólen vem de fontes com distâncias superiores a 40 m (JONES et al., 2008; BURCZYK et al., 2002). Em trabalhos realizados no estado de São Paulo foram observados resultados similares ao da literatura, sendo que a taxa efetiva de polinização é influenciada pela distância e pode ser modelada por uma curva exponencial cuja calda da curva ultrapassa 500 m, mas que a partir dos 200 m a efetiva polinização já é inferior a 4%.

Em áreas nativas próximas a plantios de eucalipto tem se observado menor aptidão do híbrido para se estabelecer em relação às sementes “puras” das populações naturais. Essa menor aptidão dos híbridos é uma das principais barreiras ao fluxo gênico exótico e à introgressão de genes nas populações naturais (BARBOUR et al., 2006; LAMCOMBE et al., 2013). Nas condições brasileiras a completa contenção do fluxo gênico via pólen pode exigir distâncias consideráveis, devido ao comportamento exponencial da dispersão e pelo potencial de apresentar sazonalidade, uma possibilidade é trabalhar em distâncias na qual contaminação com pólen externo esteja em níveis toleráveis para a produção de sementes, pois não existem espécies sexualmente compatíveis na vegetação nativa.

AGRADECIMENTOS

As empresas participantes do projeto PRODIP (ArborGen, Aperam, Fibria, Duratex, IP, Stora Enso e Suzano), as instituições Embrapa, IF, Unesp, USP e aos diversos colegas pelas contribuições na condução dos trabalhos correlacionados a dispersão de pólen e potencial regeneração do eucalipto.

REFERÊNCIAS

- ASHLEY, M. V. Plant Parentage, Pollination, and Dispersal: How DNA Microsatellites Have Altered the Landscape. **Critical Reviews in Plant Sciences**, v. 29, n. 3, p. 148-161, 2010.
- BARBOUR, R. C.; POTTS, B. M.; VAILLANCOURT, R. E. Pollen dispersal from exotic eucalypt plantations. **Conservation Genetics**, Arlington, v. 6, n. 2, p. 253-257, 2005.
- BURCZYK, J.; ADAMS, W. T.; MORAN, G. F.; GRIFFIN, A. R. Complex patterns of mating revealed in a *Eucalyptus regnans* seed orchard using allozyme markers and the neighbourhood model. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 11, n. 11, p. 2379-2391, 2002.
- GHAZOUL, J. Pollen and seed dispersal among dispersed plants. **Biological Reviews**, v. 80, n. 3, p. 413-443. 2005
- HINGSTON, A. B.; GARTRELL, B. D.; PINCHBECK, G. How specialized is the plant-pollinator association between *Eucalyptus globulus* ssp *globulus* and the swift parrot *Lathamus discolor*? **Austral Ecology**, v. 29, n. 6, p. 624-630, 2004.
- JONES, M. E.; SHEPHERD, M.; HENRY, R.; DELVES, A. Pollen flow in *Eucalyptus grandis* determined by paternity analysis using microsatellite markers. **Tree Genetics & Genomes**, v. 4, n. 1, p. 37-47, 2008.
- LARCOMBE, M. J.; SILVA, J. S.; VAILLANCOURT, R. E.; POTTS, B. M. Assessing the invasive potential of *Eucalyptus globulus* in Australia: quantification of wildling establishment from plantations. **Biological Invasions**, v. 15, n. 12, p. 2763-2781, 2013.
- MIMURA, M.; BARBOUR, R. C.; POTTS, B. M.; VAILLANCOURT, R. E.; WATANABE, K. N. Comparison of contemporary mating patterns in continuous and fragmented *Eucalyptus globulus* native forests. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 18, n. 20, p. 4180-4192, 2009.
- PACHECO, I. A., KAGEYAMA, P. Y., WIENDL, E. M.; BERTI FILHO, E. Estudo da dispersão de pólen de *Eucalyptus saligna* Smith por abelhas *Apis mellifera* L. utilizando-se o radio fósforo ³²P. **IPEF**, Piracicaba, v. 34, p. 47-52, 1986.
- POTTS B. M.; REID, J. B. Hybridization as a Dispersal Mechanism. **Evolution**, Lancaster, v. 42, n. 6, p. 1245-1255, 1988.
- SOUTHERTON, S. G.; BIRT, P.; PORTER, J.; FORD, H. A. Review of gene movement by bats and birds and its potential significance for eucalypt plantation forestry. **Australian Forestry**, Melbourne, v. 67, n. 1, p. 44-53, 2004.

Pôsteres

Estratégias de Seleção em Progênes de Polinização Aberta de *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake

Silvelise Pupin

Bruno Ettore Pavan

Mário Luiz Teixeira de Moraes

FEIS - Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira /Unesp –

Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”.

E-mail: silvelise.pupin@gmail.com; pavan@agr.feis.unesp.br, teixeira@agr.feis.unesp.br

Aline Cristina Miranda

Paulo Henrique Muller da Silva

IPEF - Instituto de Pesquisa e Estudos Florestais

E-mail: aline.miranda@ipef.br; paulohenrique@ipef.br

INTRODUÇÃO

O Brasil cultiva cerca de 5,1 milhões de hectares com florestas de *Eucalyptus*. Em 2012, o Mato Grosso do Sul foi o estado que apresentou a maior expansão das áreas plantadas (22,5%) (ABRAF, 2013). Verifica-se assim, uma ampliação das atividades florestais na região de Selvíria-MS, visando o fornecimento de madeira para as indústrias de celulose que tem se estabelecido na região. Entretanto, o sucesso desses empreendimentos está condicionado à escolha dos melhores materiais genéticos.

Nesse sentido, os programas de melhoramento florestal contribuem para melhorar a produtividade e a qualidade da madeira (GOLLE et al., 2009).. *O Eucalyptus urophylla*, importante espécie para o Brasil, destaca-se por apresentar: potencial produtivo; qualidade da madeira para celulose, energia e serraria; adaptação a diversas condições edafoclimáticas; boa capacidade de rebrota; tolerância ao cancro do eucalipto; resistência ao déficit hídrico e ao fungo causador da ferrugem (MOURA, 2004; ROCHA et al, 2006).

Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar estratégias de seleção em um teste de progênes de *E. urophylla* para a região de Selvíria-MS.

METODOLOGIA

Foi avaliado um teste de progênes de *E. urophylla*, instalado em dezembro de 2009, na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão, localizada no município de Selvíria-MS e que pertence a Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira – FEIS/Unesp. Esse teste foi composto pelo Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais (IPEF) e faz parte da rede experimental do Programa Cooperativo de Melhoramento Florestal do IPEF.

O delineamento estatístico adotado foi o de blocos completos casualizados, composto por 166 progênes (tratamentos), cinco repetições e cinco plantas por parcela, no espaçamento 3,0 m x 2,5 m. As coordenadas geográficas compreendem: 20°21'S e 51°24'W; altitude de 375 m; Latossolo Vermelho distrófico; clima Aw; com temperatura média anual de 24,8°C e precipitação média anual de 1300 mm.

Aos quatro anos de idade foram mensurados a altura total de plantas (H) e o diâmetro a altura do peito (DAP). Foi estimado o volume total da árvore com casca, em 2111 plantas sobreviventes no teste, pela fórmula: $VOL = \frac{\pi}{4} \times DAP^2 \times H \times ff$; em que ff é o fator forma, considerado como 0,5.

Os parâmetros genéticos foram obtidos pelo método REML/BLUP empregando-se o *software* Selegen (RESENDE, 2007a). Foi utilizado o modelo 93, proposto por Resende (2002; 2007b) $y = Xr + Za + Wp + \varepsilon$; em que: y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetições (fixo) somados

a média geral, \hat{a} é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (aleatório), p é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatório) e ε é o vetor de erros (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para referidos efeitos.

Foram estabelecidas duas estratégias de seleção para o VOL com base no índice multi-efeitos (\hat{a}): S1) seleção dos primeiros 498 indivíduos que apresentaram as maiores estimativas de \hat{a} ; S2) seleção dos três melhores indivíduos de cada progênie. No entanto, as progênies 83 e 150 contribuíram com dois indivíduos devido à baixa sobrevivência e as progênies 166 e 66, contribuíram com quatro indivíduos e foram escolhidas por serem as melhores no *rank* do item “Seleção de Genitores” do Selegen.

RESULTADOS

A média para o volume total com casca foi de 0,1348 m³/árvore. Considerando o experimento atual, pode-se dizer que o volume de madeira no teste de progênies é de aproximadamente 91,6 m³/ha aos quatro anos de idade.

De acordo com a seleção das primeiras 498 melhores árvores (S1), a diversidade genética foi de média magnitude (0,44). Do total de progênies do teste (166) foram selecionadas 122, indicando que algumas progênies contribuem com mais indivíduos do que outras. Nessa estratégia, o ganho obtido com a seleção foi elevado (31,1%) e o tamanho efetivo populacional foi de aproximadamente 203.

Para a segunda estratégia de seleção (S2), a diversidade genética foi de 0,99. Se todas as progênies tivessem contribuído com o mesmo número de indivíduos (3), a diversidade genética seria de 100%. No entanto, a diversidade genética manteve-se elevada o suficiente, para permitir que o tamanho efetivo populacional fosse de aproximadamente 332 indivíduos geneticamente distintos. O ganho de seleção foi menor (19,46%) quando comparado a S1. Isso ocorre devido ao fato de restringirmos o número de indivíduos dentro das melhores progênies e ampliar a representatividade genética no teste.

CONCLUSÃO

A estratégia de seleção com restrição no número de indivíduos por progênie (S2) garante maior diversidade genética e tamanho efetivo populacional, contribuindo para manutenção de ampla base genética com ganho de seleção considerável.

REFERÊNCIAS

- ABRAF - ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE PRODUTORES DE FLORESTAS PLANTADAS. *Anuário estatístico da ABRAF 2013*: ano base 2012. Brasília, 2013. 148 p.
- GOLLE, D. P.; REINIGER, L. R. S.; CURTI, A. R.; BEVILACQUA, C. B. Melhoramento florestal: ênfase na aplicação da biotecnologia. *Ciência Rural*, Santa Maria, v. 39, n. 5, p. 1606-1613, 2009.
- MOURA, V. P. G. *O germoplasma de Eucalyptus urophylla S.T. Blake no Brasil*. Brasília: EMBRAPA Recursos genéticos e Biotecnologia. 2004. 12 p. (Comunicado Técnico, n. 111)
- ROCHA, M. G. B.; PIRES, I. E.; XAVIER, A.; CRUZ, C. D.; ROCHA, R. B. Avaliação genética de progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla* utilizando os procedimentos REML/BLUP e E(QM). *Ciência Florestal*, Santa Maria, v. 16, n. 4, p. 369-379, 2006.
- RESENDE, M. D. V. *Matemática e estatística na análise de experimento e no melhoramento genético*. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a, 362 p.
- RESENDE, M. D. V. *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: Embrapa - Informação Tecnológica, 2002, 975 p.
- RESENDE, M. D. V. *Software SELEGEN – REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos*. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b, 359 p.

Parâmetros Genéticos de Progênies de Baru (*Dipteryx Alata* Vog) por Biometria de Sementes

I.R.Sanches

T.L.L.Santana

Silvelise Pupin

Mário Luiz Teixeira de Moraes

Bruno Ettore Pavan

FEIS - Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira /Unesp

Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho"

E-mail: izabelars96@hotmail.com, thaislana_lobo2010@hotmail.com,
silvelise.pupin@gmail.com, teixeira@agr.feis.unesp.br, pavan@agr.feis.unesp.br.

INTRODUÇÃO

Diante da fragmentação da vegetação remanescente, tem-se a necessidade de realizar o aproveitamento da ampla diversidade do Cerrado através da exploração de produtos não madeireiros. Graças à experiência observada junto às comunidades que possuem forte vinculação as florestas, os profissionais florestais têm redescoberto o grande potencial desses produtos, para atendimento das necessidades atuais e futuras (BRITO, 2005). O baru (*Dipteryx alata* Vog) é uma das espécies mais promissoras para cultivo, devido a seus usos múltiplos, dentre eles alimentar, madeireiro, medicinal, industrial, paisagístico e na recuperação de áreas degradadas (ALVES et al., 2007).

As características morfométricas de frutos e sementes são consideradas relevantes para o melhoramento do baru (SANO et al. 2004). Os caracteres massa, comprimento, largura e espessura de frutos e sementes foram importantes na discriminação de grupos distintos entre populações de baru (SANO et al., 1999). As características morfológicas das sementes podem ser utilizadas para identificação de cultivares (ISLEIB; WYNNE, 1983). A estrutura da distribuição da variabilidade pode ser manifestada entre distintas populações geográficas, dentro de um grupo local de plantas ou mesmo em grupos de progênies (LOVELESS; HAMRICK, 1984), estes resultados têm grande importância, tanto para a coleta de sementes na amostragem de populações como na condução de programas de conservação genética *in situ* e *ex situ* (FONSECA, 2007). Manter complexos gênicos na sua integridade tem grande importância em programas de melhoramento em que o objetivo é desenvolver genótipos com capacidade de adaptação a condições extremas ou atípicas para a espécie, e também para a preservação de alelos para uso imediato ou futuro.

Diante do exposto objetivou-se neste trabalho verificar a variabilidade genética e parâmetros genéticos de baru provenientes de Campo Grande - MS.

MATERIAIS E MÉTODOS

Foram coletados frutos de 61 matrizes de *Dipteryx alata* Vog. proveniente de Campo Grande - MS. Para a marcação das matrizes foi respeitada uma distância mínima de 196m de distância entre as matrizes (TARAZI et al. 2010). A coleta dos frutos foi efetuada durante os meses de julho e agosto conforme a maturação dos mesmos, após a colheita os frutos foram transportados para a Fazenda Experimental de Pesquisa e Extensão pertencente à Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, onde procedeu-se a quebra dos frutos e a extração das sementes. Foram quebrados 30 frutos de cada matriz. Foram avaliados os caracteres largura e espessura das sementes sadias em milímetro com auxílio paquímetro digital com precisão de 0,01 mm.

De posse dos dados, foram estimados os componentes de variância e parâmetros genéticos pelo método REML/BLUP. As análises genéticas foram obtidas com auxílio do software estatístico genético Selegen-REML/BLUP, adotando-se o modelo univariado para delineamentos inteiramente casualizados 83 do software. Os parâmetros genéticos e componentes de variância estudados foram

variância genotípica entre as progênes (V_g), variância residual (V_e), variância fenotípica individual (V_f), herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo (h_g^2), coeficiente de variação genotípica (CV_{gi}), coeficiente de variação residual (CV_e).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A média para largura de sementes foi de 10,10 mm. Em relação a este caráter, o coeficiente de variação experimental (CV_e) obtido foi baixo (7,34%), indicando precisão experimental. O coeficiente de variação genotípica (CV_{gi}) foi de 8,80%, considerado por Sebbenn et al., (1998) como elevado (acima de 7,0%). A herdabilidade individual no sentido amplo (h_g^2) foi de alta magnitude (>0,50) e apresentou intervalo de variação de $0,59 \pm 0,07$, revelando diferenças genéticas significativas entre as progênes para o caráter largura de sementes, já que o intervalo não incluiu o zero.

Considerando a espessura de sementes, a média geral foi de 8,25 mm. O CV_e foi baixo (8,50%) e ligeiramente superior ao encontrado para largura de sementes. Já o CV_{gi} foi inferior (8,00%). Entretanto, a h_g^2 foi alta e revelou que existe variação genética entre as progênes ($0,47 \pm 0,06$). As progênes apresentaram maior variação genética no caráter largura demonstrando que este caráter é mais adequado para avaliação de produção de sementes de *Dipteryx alata* Vog.

CONCLUSÃO

Existe variação genética para a largura e espessura de sementes nas progênes de Baru, sugerindo boas perspectivas para traçar estratégias de seleção e conservação genética *ex situ*. O caráter largura de sementes é mais adequado para avaliar a variação genética e seleção de progênes de Baru.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALVES, A.; MENDONÇA, A. L.; CALIARI, M.; CARDOSO-SANTIAGO, R. A. Avaliação química e física de componentes do baru (*Dipteryx alata* Vog.) para estudo da vida de prateleira. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, Goiânia, v. 40, n. 3, p. 266-273, jul./set. 2010.
- BRITO, J. O. Destacando alguns aspectos estratégicos da exploração de produtos florestais não-madeiros. WORKSHOP SOBRE RESERVA LEGAL: LEGISLAÇÃO, USO ECONÔMICO E IMPOTÊNCIA AMBIENTAL, 2., 2005, Piracicaba. *Anais...* Piracicaba: ESALQ/USP, 2005.
- FONSECA, A. J. **Variação genética em populações naturais de aroeira (*Myracrodruon urundeuva* Fr All.) Anacardiaceae - em sistema agroflorestal.** 2000. 65 p. Dissertação (Mestrado) – Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Universidade Estadual Paulista. Ilha Solteira, 2000.
- ISLEIB, T. G.; WYNNE, J. C. Heterosis of 27 exotic peanutcultivars. *Crop Science*, Madson, v. 23, n. 5, p. 832-841, 1983.
- LOVELESS, M. D.; HAMRICK, J. L. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. *Annual Review of Ecology and Systematics*, Palo Alto. v. 15, p. 65-95, 1984.
- SANO, S. M.; RIBEIRO, J. F.; BRITO, M. A. **Baru: biologia e uso.** Planaltina: Embrapa Cerrados, 2004, 52 p. (Documentos, n. 116).
- SANO, S. M.; VIVALDI, L. J.; SPEHAR, C. R. Diversidade morfológica de frutos e sementes de baru (*Dipteryx alata* Vog.). *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 34, n. 4, p. 513-518, 1999.
- SEBBENN, A. M.; SIQUEIRA, A. C. M. F.; KAGEYAMA, P. Y.; MACHADO, J. A. R. Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva – *Myroxylon peruiferum* L.F. Allemão. *Scientia Forestalis*, Piracicaba, v. 53, p. 31-38, 1998.
- TARAZI, R.; MORENO, M. A.; GANDARA, F. B.; FERRAZ, E. M.; MORAES, M. L. T.; VISON, C. C.; CIAMPI, A. Y.; VENCOVSKY, R.; KAGEYAMA, P. Y. High levels of genetic differentiation and selfing in the Brazilian cerrado fruit tree *Dipteryx alata* Vog. (Fabaceae). *Genetics and Molecular Biology*, Ribeirão Preto, v. 33, n. 1, p. 78-85, 2010.

Biometria de Sementes em Progênies de Baru (*Dipteryx Alata* Vog.) procedentes de Paulo de Faria

T.L.L. Santana

I.R. Sanches

Silvelise Pupin

Mário Luiz Teixeira de Moraes

Bruno Ettore Pavan

FEIS - Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira /Unesp

Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho"

E-mail: izabelars96@hotmail.com, thaislana_lobo2010@hotmail.com,
silvelise.pupin@gmail.com, teixeira@agr.feis.unesp.br, pavan@agr.feis.unesp.br.

INTRODUÇÃO

O baru (*Dipteryx alata* Vog.) é uma espécie arbórea que pertence à família Leguminosae, bastante produtiva e que ocorre principalmente no cerrado brasileiro (VERA; SOUZA, 2009). Sua semente constitui uma fonte significativa de lipídeos, proteínas, além de fibras e minerais, sugerindo sua utilização na dieta humana ou animal (TAKEMOTO et al. 2001).

Diante da exploração antrópica desenfreada, a vegetação natural vem sendo substituída pela agricultura, pecuária e cultivo de exóticas, causando a fragmentação das populações de muitas espécies florestais, reduzindo a variabilidade genética, termo fundamental, que permite às populações se adaptarem a ambientes em transformação. Indivíduos com certos alelos ou combinações de alelos podem ter exatamente as características necessárias para sobreviver e reproduzir em situações novas (PRIMACK; RODRIGUES, 2001). O monitoramento da variação genética de espécies vegetais a partir da estimativa de parâmetros genéticos, obtidos de teste de progênies, é uma metodologia eficiente e muito bem estabelecida (SIQUEIRA et al. 1993).

Sendo os frutos do Baru uma promissora fonte de alimento é importante conhecer a variação genética entre suas progênies para trabalhos de melhoramento e conservação. A variabilidade genética existente em uma população é a ferramenta básica do melhorista e o conhecimento de sua distribuição entre e dentro de famílias de meios-irmãos e quais os caracteres do meio ambiente ou da espécie que influenciam essa distribuição, é de fundamental importância para se definir as estratégias de melhoramento a serem aplicadas à população de modo a preservar o máximo da variabilidade das populações naturais, sendo necessária à estimativa de parâmetros genéticos e não genéticos (SEBBENN et al. 1999).

Desta forma, o objetivo deste trabalho é avaliar a variabilidade genética em uma população natural de baru procedente de Paulo de Faria.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram coletados frutos de 33 matrizes de *Dipteryx alata* Vog. proveniente de Paulo de Faria - SP. Para a marcação das matrizes foi respeitada uma distância mínima de 196m de distância entre as matrizes, conforme as recomendações de Tarazi et al., (2010). A coleta dos frutos foi efetuada durante os meses de julho e agosto conforme a maturação dos mesmos, após a colheita os frutos foram transportados para a Fazenda Experimental de Pesquisa e Extensão pertencente a Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, onde procedeu-se a quebra dos frutos e a extração das sementes. Foram quebrados 30 frutos de cada matriz. Foram avaliados os caracteres comprimento e largura das sementes sadias em milímetros com auxílio paquímetro digital com precisão de 0,01 mm.

De posse dos dados, foram estimados os componentes de variância e parâmetros genéticos pelo método REML/BLUP. As análises genéticas foram obtidas com auxílio do software estatístico

genético Selegen-REML/BLUP, adotando-se o modelo univariado para delineamentos inteiramente casualizados 83 do software. Os parâmetros genéticos e componentes de variância estudados foram parâmetros genéticos variância genotípica entre as progênes (V_g), variância residual (V_e), variância fenotípica individual (V_f), herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo (h_g^2), coeficiente de variação genotípica (CV_{gi}), coeficiente de variação residual (CV_e).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A média para comprimento de sementes foi de 23,00 mm. O coeficiente de variação experimental (CV_e) foi baixo (6,62%), indicando boa precisão dos dados. O coeficiente de variação genotípico (CV_{gi}) foi alto (8,98%). A herdabilidade individual no sentido amplo (h_g^2) foi de alta magnitude (0,65±0,09), sugerindo boas perspectivas para seleção de sementes de maior comprimento e confirmando a existência de diferenças genéticas significativas, já que o intervalo de variação não inclui o zero.

Para largura de sementes a média geral foi de 7,51 mm. O CV_e foi ligeiramente superior ao comprimento de sementes (10,24%). Contudo, ainda pode ser considerado como intermediário (menor que 20%)⁽⁶⁾. O CV_{gi} foi alto (11,86%), indicando que existe variação genética para o caráter, confirmado pela estimativa de herdabilidade (h_g^2) de alta magnitude (0,52±0,09).

As progênes expressaram maior variação genética para o caráter largura de sementes. No entanto, a herdabilidade individual no sentido amplo foi maior para comprimento de sementes, e portanto esse caráter é o mais indicado para seleção e para obter ganhos genéticos mais expressivos.

CONCLUSÃO

Existe variação genética para comprimento e largura de sementes, indicando que essas progênes podem ser utilizadas para compor programas de conservação genética *ex situ* ou de melhoramento florestal.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- PIMENTEL-GOMES, F.; GARCIA, C. H. **Estatística aplicada a experimentos agrônomicos e florestais: exposição com exemplos e orientações para uso de aplicativos**. Piracicaba: FEALQ, 2002. 309 p.
- PRIMACK, R. B.; RODRIGUES, E. **Biologia da conservação**. Londrina: E. Rodrigues, 2001, 328 p.
- SIQUEIRA, C. M. F.; NOGUEIRA, J. C. B.; KAGEYAMA, P. Y. Conservação dos recursos genéticos *ex situ* do cumbaru *Dipteryx alata* Vog. – Leguminodae. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 5, n. 2, p. 231-243, 1993.
- SEBBENN, A. M.; DURIGAN, G.; SIQUEIRA, A. C. M. F.; PONTINHA, A. A. S. Teste de procedências de *Grevillea robusta* A. Cunn. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 11, n. 1, p. 65-73, 1999.
- TAKEMOTO, E.; OKADA, I. A.; GARBELOTTI, M. L.; TAVARES, M.; AUDE-PIMENTEL, S. Composição química da semente e do óleo de baru (*Dipteryx alata* Vog.) nativo do município de Pirinópolis, estado de Goiás. **Revista do Instituto Adolfo Lutz**, São Paulo, n. 60, v. 2, p. 113-117, 2001.
- VERA, R.; SOUZA, E. R. B. Baru. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 31, n. 1, p. 1, 2009.

Mudanças na Classificação de Progenies de *Eucalyptus urophylla* ao longo dos Anos

D. Torres-Dini

Pesquisador INIA Uruguay, Doutorando Programa de Pós graduação em Agronomia da Faculdade de Engenharia/UNESP – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Ilha Solteira.

E-mail: diego.torres.dini@gmail.com

Silvelise Pupin

Doutoranda Programa de Pós graduação em Agronomia da Faculdade de Engenharia/UNESP – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Ilha Solteira. Bolsista CAPES.

E-mail: silvelise.pupin@gmail.com

Bruno Ettore Pavan

Professor titular do Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio-economia, da Faculdade de Engenharia. / UNESP – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Ilha Solteira. E-mail: pavan@agr.feis.unesp.br

Alexandre Magno Sebbenn

Pesquisador Instituto Florestal de São Paulo. E-mail: alexandresebbenn@yahoo.com.br

Mário Luiz Teixeira de Moraes

Professor titular do Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio-economia, da Faculdade de Engenharia / UNESP – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Ilha Solteira.

E-mail: teixeira@agr.feis.unesp.br

INTRODUÇÃO

Atualmente o mundo conta com 20 milhões de hectares de florestas de *Eucalyptus*, presentes em mais de 90 países. A América do Sul possui 55% da produção global e o Brasil é o principal produtor, alcançando 25% da área florestada mundial (BOOTH, 2013; IGLESIAS TRABADO, 2013). No Brasil, as principais espécies plantadas são *E. grandis* e *E. urophylla*, além de seus híbridos. O *E. urophylla* apresenta boa adaptabilidade a diversas condições edafoclimáticas, potencial produtivo e rusticidade. Além de se considerar a manutenção e incremento dos altos níveis de produtividade, os melhoristas têm que ter um conhecimento de como suas populações interagem com o ambiente, em termos de resistência ou tolerância aos estresses bióticos e abióticos, adaptabilidade e ao manejo. Este conhecimento é fundamental na hora de fazer escolhas que garantem o aumento da produtividade e baixo nível de falhas a longo prazo. Neste sentido, o objetivo deste trabalho foi descrever as mudanças no ranking de altura em progenies *E. urophylla* expostas a intempéries ambientais.

MATERIAL E MÉTODOS

Foi avaliado um teste de progenies de *E. urophylla* instalado em dezembro de 2009, em uma área localizada na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE), no município de Selvíria-MS, e que pertence a Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira – FEIS/Unesp. Esse experimento foi composto pelo Instituto de Pesquisa e Estudos Florestas (IPEF) e fazem parte do Programa Cooperativo de Populações Núcleo (PCPN). Foram avaliadas 166 progenies (tratamentos) e três clones comerciais (C041H, H15, P4295H) utilizados como testemunhas, dispostas em um delineamento de blocos completos casualizados, com cinco repetições e cinco plantas por parcela, no espaçamento 3,0 x 2,5 metros. Aos dois, três e quatro anos de idade foi avaliada a altura total de plantas.

Os dados foram analisados empregando o software SELEGEN (RESENDE, 2007a). A variável foi analisada com base no modelo linear misto, utilizando o modelo 93, proposto por Resende (2002; 2007b): $y = Xr + Za + Wp + \epsilon$; em que: y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetições (fixo) somados a média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (aleatório), p é

o vetor dos efeitos de parcelas (aleatório) e ϵ é o vetor de erros (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para referidos efeitos.

As análises de mudanças de rank foram feitas no Microsoft Excel, comparando-se as posições das progênes, no item “Seleção de Genótipos” do Selegen, em relação ao melhor clone comercial com o passar dos anos.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na primeira medição que corresponde ao 2º ano, observou-se que 43 progênes eram superiores aos três clones comerciais, sendo o melhor dos clones o H15 na posição 44. Os clones C041H ocupou a posição de número 50, enquanto o P4295H ficou no posto 84. Aos três anos, observou-se alterações nas posições de classificação, as quais podem ser atribuídas a alta mortalidade de plantas e afetando as progênes e clones de modo aleatório, devido a presença de formigas e aparição do besouro bronzeado (*Costalimaita ferruginea*). Nesse ano, o clone C041H passa a ser o melhor entre as testemunhas comerciais, alcançando a posição 9, enquanto o clone P4295H alcança a posição 26 e o H15 termina caindo para o posto 146. A tendência de alterações se incrementa no quarto ano, ficando C041H no posto 5, o P4295H no posto 7 e H15 no posto 127. Em outras palavras, no 4º ano somente quatro das 166 progênes foram superiores aos clones comerciais, em que 161 delas, ocuparam posições inferiores aos dois melhores clones e 42 das progênes não superaram nenhuma das testemunhas. Das 15 melhores progênes do 2º ano, cinco delas mantiveram-se entre as 8 melhores nos postos do ranking. Os clones C041H e P4295H exibiram bom crescimento, migrando aos primeiros 7 postos do ranking ao 4º ano.

CONCLUSÃO

Os resultados sugerem um impacto no crescimento associado a altura como consequência da incidência de pragas. Além disso, as principais mudanças no ranking são observadas com relação aos clones e não tão acentuado entre as progênes.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BOOTH, T. Eucalypt plantations and climate change. *Forest Ecology and Management*, Amsterdam, v. 301, p. 28-34. 2013. Disponível em: <<http://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0378112712002125>> Acesso em: 3 Dez. 2013.

IGLESIAS TRABADO, G. *Forestry Global Eucalyptus Map 2009*. Disponível em: <<http://www.git-forestry.com/>>. Acesso em: 02 dez. 2013

RESENDE, M. D. V. *Matemática e estatística na análise de experimento e no melhoramento genético*. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a, 362 p.

RESENDE, M. D. V. *Software SELEGEN – REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos*. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b, 359 p.

RESENDE, M. D. V. *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: Embrapa - Informação Tecnológica, 2002, 975 p.

Diversidade Genética em Frutos de Progenies de Baru (*Dipteryx alata* Vog.).

W.M.SILVA

Mestrando do programa de pós graduação em agronomia.
UNESP – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Ilha Solteira

Bruno Ettore Pavan

Professor titular do Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio-economia, da Faculdade de Engenharia. / UNESP – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Ilha Solteira. E-mail: pavan@agr.feis.unesp.br

INTRODUÇÃO

O baru (*Dipteryx alata* Vog.) é uma espécie da família Fabaceae, de ocorrência em solos mais férteis de cerrado. Árvore alta, podendo atingir mais de 15 metros de altura, com caule ereto e ramos lisos. O baru é uma leguminosa arbórea com fruto drupáceo que apresenta polpa com alto valor calórico, sendo também rica em potássio, ferro e cobre. Os frutos ainda verdes também apresentam teor significativo de tanino. A polpa do fruto pode ser usada na alimentação de suínos e bovinos (ALMEIDA et al. 1998).

A semente do baru é grande, elipsóide, lisa, hilo branco. Sua cor varia de castanho-escuro ao castanho ou amarelo esverdeado (MACEDO, 1992). O óleo extraído é de boa qualidade, sendo usado como aromatizante e anti-reumático na medicina popular, tendo bom potencial farmacológico. A semente do baru é bastante rica em cálcio, fósforo e manganês (RIBEIRO et al. 1992).

Esta espécie pode também, ser empregado em recuperação de áreas degradadas e plantio de enriquecimento de pastagens. Estudos como os de Oliveira (1998) e Rocha et al., (2002) têm mostrado variabilidade genética nos caracteres de crescimento (diâmetro e altura), indicando que essa espécie tem potencialidade para o melhoramento genético.

O conhecimento da variação genética em relação a caracteres de importância agrônômica e econômica é necessário para a escolha de procedências e progenies que se adequam a plantios comerciais e que tenham boa aceitabilidade no mercado consumidor. Assim, o produto deste projeto terá influência positiva não apenas no desenvolvimento de um sistema de cultivo economicamente viável com a espécie, como também contribuirá para a diminuição da perda de variabilidade genética fornecendo subsídios para a conservação ex situ da espécie.

O objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade genética e os componentes de variância e herdabilidade em frutos de baru para os caracteres peso e largura.

MATERIAL E METÓDOS

Foram coletados frutos de 43 árvores-matriz de polinizações livres de baru (*Dipteryx alata* Vog.), distanciadas entre si em pelo menos 100 m. Essas árvores encontram-se no Município de Campo Grande, em Mato Grosso do Sul. Foram avaliados 30 frutos de cada árvore para os caracteres peso (balança de precisão) e largura (régua graduada). Os componentes de variância para os caracteres avaliados foram determinados pelo modelo linear misto pelo procedimento Máxima Verossimilhança Restrita – REML/BLUP, com uso do software SELEGEN – REM/BLUP (2008), (modelo 83).

Os caracteres foram estudados com base na média das parcelas experimentais pelos parâmetros variância genotípica entre os clones (σ_g^2), variância ambiental (σ_e^2), herdabilidade (h^2), coeficiente de variação genotípica ($CV_{gi}\%$) e coeficiente de variação experimental ($CV_e\%$).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A média geral foi de 38,45 g para peso de fruto de baru, valor que concorda com as observações de Silva et al. (1994), que situaram a variável peso de fruto entre 26 e 40 g. A média encontrada para largura dos frutos foi de 3,87 cm também concordam com as observações dos mesmos autores que indicam a faixa de 3,0 a 5,0 cm de largura para fruto de baru.

O coeficiente de variação genotípica ($CV_{gi} \%$) foi considerado baixo (6,49) para a variável largura do fruto, já para a variável peso do fruto o valor encontrado foi considerado alto (33,25), sendo, portanto, de grande utilidade em trabalhos de melhoramento com a espécie, devido à utilidade agrônômica direta dos frutos (castanhas).

Para os dois caracteres estudados, os valores de variância genotípica foram menores que os de variância ambiental, indicando que a maior parte da variância fenotípica ocorre em função das variações do ambiente.

Os valores de herdabilidade encontrados foram considerados baixos tanto para largura (0,013) como para peso do fruto (0,143), indicando certa dificuldade no melhoramento genético desses caracteres.

CONCLUSÕES

Os resultados indicam entre as duas variáveis estudadas, a variável peso de frutos como aquela de maior utilidade em trabalhos de melhoramento desta espécie, em vista dos maiores valores de herdabilidade assim como de variância genotípica.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALMEIDA, S. P.; PROENÇA, C. E. B.; SANO, S. M.; RIBEIRO, J. F. **Cerrado**: espécies vegetais úteis. Planaltina: EMBRAPA-CPAC, 1998, 464 p.
- MACEDO, J. F. As plantas oleaginosas do cerrado de Minas Gerais. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 173, n. 16, p. 21-27. 1992.
- OLIVEIRA, A. N. **Varição genética entre e dentro de procedências de baru (*Dipteryx alata*) Vog.**. 1998. 80 p. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1998.
- RIBEIRO, J. F.; SILVA, J. A.; FONSECA, C. F. L. Espécies frutíferas da região do cerrado. In: DONADIO, L. C.; MARTINS, A. B. G.; VALENTE J. P. (Ed.). **Fruticultura tropical**. Jaboticabal: Funep, 1992. p. 159-189.
- ROCHA, M. G. B.; ROCHA, D.; CLEMENTE, V. M. Teste de procedências e progênies de baru (*Dipteryx alata* Vogel). In: ROCHA, M. G. B. **Melhoramento de espécies arbóreas nativas**. Belo Horizonte: DDFS/ Instituto Estadual de Florestas, 2002. p. 29-40.
- SILVA, J. A.; SILVA, D. B.; JUNQUEIRA, N. T.; ANDRADE, L. R. M. **Frutas nativas dos cerrados**. Brasília: EMBRAPA / CPAC, 1994. 166 p.

Estimativas de Parâmetros Genéticos no Melhoramento de *Eucalyptus grandis* Hill Ex Maiden, espécie com Alogamia Parcial: uma Proposta de Estudo.

Evandro Vagner Tambarussi

Professor Doutor. UFSCar - Universidade Federal de São Carlos - Departamento de Biologia, Sorocaba, SP

Aline Cristina Miranda

Pesquisadora IPEF - Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais, Piracicaba, SP.

Roland Vencovsky

Professor Titular. USP - Universidade de São Paulo /

Esalq – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP.

O melhoramento genético tem sido amplamente realizado em espécies alógamas e autógamias ou assumindo um desses dois sistemas de reprodução nas plantas sob estudo. As espécies alógamas são aquelas que, naturalmente, praticam a alogamia com uma taxa (t) entre 95 a 100%. Nas autógamias esta taxa está entre 5 e 0%. As espécies neste intervalo são consideradas mistas. Atualmente com técnicas moleculares, a estimativa do sistema de reprodução tem ficado cada vez mais fácil, rápida e barata, alocando devidamente as espécies em seus devidos sistemas reprodutivos. O sistema misto de reprodução, em que as espécies apresentam autofecundação e fecundação cruzada, representa um problema para os geneticistas e melhoristas. O valor das estimativas da variância aditiva entre famílias de polinização livre é diminuído pelo provável erro devido à endogamia natural. Em teoria, essas plantas além de possuírem depressão por endogamia, têm seus componentes genéticos viesados por possuírem três tipos de progênies nas parcelas dos ensaios de campo (autofecundadas, meio-irmãs e biparentais).

Dessa forma, as herdabilidades e, por consequência, o ganho genético ficam subestimados se considerarmos 100% de meio-irmãs dentro de progênies de polinização livre como tem sido feito no setor florestal. Muitos fatores incluindo os efeitos genéticos não-aditivos, parentesco, árvores vizinhas (endogamia biparental) e incapacidade de reconhecer a tendência de endogamia tendem a viesar a variância aditiva verdadeira. A endogamia afeta os valores fenotípicos individuais, bem como as variâncias genéticas e dessa forma, o efeito da seleção é mais complexo neste tipo de populações. Alguns autores apresentam evidências atualizadas sugerindo que os sistemas mistos são mais frequentes do que o que antes se supunha, mostrando a importância de que estudos no âmbito evolucionário e biométrico precisam ser realizados para estas espécies. Pelo exposto, o objetivo desta pesquisa será o de contribuir para o entendimento dos parâmetros genéticos quantitativos da espécie mista *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden e que estes sejam incorporados em seus programas de melhoramento.

Além disso, pretende-se demonstrar a utilização de ensaios com delineamento genético apropriado para espécies florestais. Os ensaios de campo serão implantados em blocos ($r=3$) ao acaso com seis plantas por parcela em quatro localidades contrastantes. As medidas fenotípicas (DAP e altura das plantas em metros) serão tomadas precocemente aos seis meses de idade. cremos que, após a estimação dos componentes de variância, alguns aspectos importantes para os melhoristas, em suas atividades de seleção, sejam esclarecidos e que a base teórica da estimação desses componentes para *E. grandis* seja melhor compreendida. É importante salientar que a presente pesquisa visa estimar esses componentes para caracteres juvenis, mas também implementar ensaios com delineamentos genéticos para futuras avaliações. Isso permitirá o entendimento destas componentes até então não estudadas para *E. grandis*. A incorporação de metodologias moleculares em procedimentos de genética quantitativa também é um ponto a ser ressaltado neste trabalho.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CHAIX, G.; GERBER, S.; RAZAFIMAHARO, V.; VIGNERON, P.; VERHAEGEN, D.; HAMON, S. Gene flow estimation with microsatellites in a Malagasy seed orchard of *Eucalyptus grandis* **Theoretical and Applied Genetic**, Berlin, v. 107, n. 4, p. 705-712, 2003.

NAMKOONG, G. Inbreeding effects on estimation of genetic additive variance. **Forest Science**, Bethesda, v. 12, n. 1, p. 8-13, 1966.

VENCOVSKY, R.; PEREIRA, M. B.; CRISÓSTOMO, J. R.; FERREIRA, M. A. J. Genética e melhoramento de populações mistas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos genéticos e melhoramento**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001, p. 231-281.

Variabilidade Genética de Progênes de Irmãos Completos de *Eucalyptus*

Lorena Gama Teixeira
Cristiano Bueno Moraes
Otávio dos Santos Limeira Luz
UFT - Universidade Federal do Tocantins / Campus de Gurupi – TO.
E-mail: lorena_gama93@hotmail.com, cbmoraes@uft.edu.br, otaviouft@uft.edu.br

Victória Campos Monteiro Pires
Edson Seizo Mori
FCA - Faculdade de Ciências Agrônômicas / UNESP – Universidade Estadual Paulista
“Júlio de Mesquita Filho”, Botucatu, SP. E-mail: victoriacmpires@hotmail.com; smori@fca.unesp.br

Leo Zimback
IF - Instituto Florestal de São Paulo, SP. E-mail: lzimback@terra.com.br

Marcos DeonVilela de Resende
Embrapa Floresta, PR, Brasil. E-mail: marco.deon@gmail.com

F.M. Abilio
Eucatex, Salto, SP. E-mail: fermandama@eucatex.com.br

INTRODUÇÃO

No Cenário florestal brasileiro, o conhecimento científico e tecnológico possibilitou o aumento da produtividade de madeira de 20 m³, no início da década de 1970, para 50 m³ ha⁻¹ano⁻¹ nos dias atuais, sendo que em alguns casos devido às condições de solo e clima podem chegar acima de 60m³ ha⁻¹ano⁻¹. Assim, o objetivo do presente trabalho foi estudar os parâmetros genéticos de caracteres silviculturais em progênes de polinização controlada visando subsidiar o programa de melhoramento de híbridos de *Eucalyptus*.

MATERIAL E MÉTODOS

O teste de progênes de polinização controlada (irmãos completos) de *Eucalyptus* foi instalado na fazenda Santa Terezinha de propriedade da empresa Eucatex, no município de Bofete/SP (23°09' S, 48°25' O e 570 m de altitude), com progênes obtidas por polinização controlada entre indivíduos de *Eucalyptus urophylla* vs *Eucalyptus grandis*, em 2005, no delineamento em blocos casualizados com 25 progênes, quatro tratamentos testemunha, cinco plantas por parcela e quatro repetições no espaçamento de 3x2m. O clima do local é do tipo Cwa, segundo a classificação de Koppen, com temperatura média de 21,5°C, sendo caracterizada por uma estação seca bem definida, que coincide com o inverno e precipitação média de 1490 mm.

Foram avaliadas no teste de progênes de irmãos completos as seguintes variáveis: **1.** altura da árvore (ALT m), **2.** diâmetro à altura do peito (DAP cm) e **3.** volume de madeira em metro cúbico (VOL m³) nas idades de 3, 4, 5, 6 e 7 anos. As estimativas dos parâmetros genéticos foram realizadas pelo programa SELEGEN [1], utilizando o modelo 147.

RESULTADOS E DISCUSSÕES

Os resultados evidenciaram diferença significativa ($p < 0,05$) pelo teste da razão de verossimilhança (distribuição qui-quadrado) associado à análise de deviance [1], para as diferentes progênes para os cinco anos de avaliações para as variáveis silviculturais, indicando ganho genético com a seleção artificial (Tabela 1).

As variáveis silviculturais estudadas (DAP, ALT e VOL) apresentaram valores médios para o teste aos 84 meses de 14,2 cm, 23,3 m e 0,199 m³ respectivamente (Tabela 1).

Os valores obtidos para o coeficiente de variação experimental ($CV_e\%$) foram crescentes ao longo das idades para os três caracteres avaliados, variaram de 4,5% a 27,8% para as variáveis DAP (cm), ALT (m) e VOL (m^3), mostrando precisão na condução do experimento (Tabela 1).

As estimativas de herdabilidade, tomadas com base nas médias das famílias foram, em geral, superiores aquelas dentro de famílias, o que indica que a seleção com base nas médias das famílias deve ser mais eficiente que dentro de famílias, considerando uma mesma intensidade de seleção.

Tabela 1. Estimativas dos parâmetros genéticos para progênies de irmãos completos de *Eucalyptus*: coeficiente de herdabilidade ao nível de indivíduos não ajustada (h^2_a), coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (c^2_{parc}), coeficiente de herdabilidade ao nível de média de progênies, (h^2_{mp}), acurácia seletiva ao nível de progênies (r_{aa}), coeficiente de herdabilidade aditiva dentro de progênies (h^2_{ad}), médias e coeficiente de variação experimental ($CV_e\%$) das variáveis: diâmetro à altura do peito (DAP cm), altura de plantas (ALT m) e volume de madeira (VOL m^3) nas idades de 3, 4, 5, 6 e 7 anos.

Diâmetro (DAP cm)					
PG*	3 anos	4 anos	5 anos	6 anos	7 anos
h^2_a	0,251 ± 0,086	0,260 ± 0,087	0,309 ± 0,097	0,324 ± 0,099	0,321 ± 0,099
c^2_{parc}	0,009	0,011	0,016	0,035	0,037
h^2_{mp}	0,734	0,739	0,773	0,768	0,765
r_{aa}	0,856	0,860	0,879	0,876	0,875
h^2_{ad}	0,145	0,151	0,186	0,202	0,200
Média	11,04	11,98	13,28	13,99	14,63
$CV_e\%$	7,9	8,3	9,8	10,6	11,0
Altura (ALT m)					
PG	3 anos	4 anos	5 anos	6 anos	7 anos
h^2_a	0,161 ± 0,068	0,190 ± 0,074	0,192 ± 0,076	0,282 ± 0,093	0,175 ± 0,073
c^2_{parc}	0,021	0,005	0,102	0,025	0,049
h^2_{mp}	0,615	0,673	0,594	0,746	0,612
r_{aa}	0,784	0,820	0,771	0,864	0,783
h^2_{ad}	0,089	0,106	0,119	0,169	0,102
Média	15,37	15,58	20,95	22,85	23,33
$CV_e\%$	4,5	5,2	7,4	7,4	9,3
Volume (VOL m^3)					
PG	3 anos	4 anos	5 anos	6 anos	7 anos
h^2_a	0,249 ± 0,085	0,248 ± 0,086	0,285 ± 0,093	0,318 ± 0,098	0,269 ± 0,091
c^2_{parc}	0,016	0,017	0,037	0,045	0,062
h^2_{mp}	0,726	0,724	0,739	0,757	0,707
r_{aa}	0,852	0,851	0,859	0,870	0,841
h^2_{ad}	0,145	0,144	0,174	0,200	0,168
Média	0,069	0,084	0,144	0,177	0,199
$CV_e\%$	17,5	18,8	23,0	24,9	27,8

PG * = Parâmetros genéticos

CONCLUSÃO

Existem variações genéticas significativas entre as progênies de irmãos completos para as características silviculturais, revelando o potencial da população para melhoramento através de seleção.

AGRADECIMENTOS

À empresa Eucatex pelo financiamento, condução do experimento e concessão dos resultados para publicação.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

RESENDE, M. D. V. SELEGEN-REML/BLUP: Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 359 p.

Correlações entre Caracteres Silviculturais em Progênies de Polinização Aberta de *Eucalyptus dunnii*

S.H.V. Leal
N.S.B. Lima
A.B.M. Honório
Lorena Gama Teixeira
Otávio dos Santos Limeira Luz
E. V. Carvalho
Cristiano Bueno Moraes

UFT - Universidade Federal do Tocantins / Campus de Gurupi – TO.

E-mail: nataliastheffany@hotmail.com, cbmoraes@uft.edu.br, otaviouft@uft.edu.br,
suzyviana@live.com, anabeatriz_pgtu@hotmail.com, lorena_gama93@hotmail.com.

G. B. PIERONI
Empresa Palmasola, Palma Sola – SC

E.C. PALOMINO
Instituto de Biodiversidade e Florestas / UFOPA – Universidade Federal do Oeste do Pará.
E-mail: edwincamacho2@yahoo.com

INTRODUÇÃO

Uma espécie muito utilizada na região sul do território brasileiro, é o *Eucalyptus dunnii*. Sua faixa de ocorrência natural na Austrália é muito restrita, distribuindo-se em áreas descontínuas na região de Coffs Harbour, New South Wales e ao Sul de Queensland, entre latitudes de 28° a 30° 15' S e altitudes de 220 a 860 m. O clima é quente e úmido, mas sujeito a frequentes geadas no inverno (20 a 60 vezes ao ano), cujas médias das máximas e das mínimas são de 24 a 29°C e 2 a 5°C, respectivamente (FONSECA et al., 2010). Portanto, o objetivo da pesquisa foi determinar as correlações genéticas entre os caracteres silviculturais em progênies de *Eucalyptus dunnii* para região de Palma Sola/SC.

MATERIAL E MÉTODOS

O teste de progênie de meios irmãos de *Eucalyptus dunnii* foi instalado na fazenda de propriedade da empresa Palmasola, no município de Palma Sola/SC (26° 20' 51" S; 53° 16' 42" O, 870 m) em 2010, no delineamento estatístico em blocos casualizados, com 20 progênies, seis plantas/parcela, cinco repetições no espaçamento de plantio de 3 x 3 m, com bordadura dupla no entorno. O clima do local (Palma Sola/SC), segundo a classificação de Koppen, é do tipo Cfa, mesotérmico úmido, com verões quentes e invernos rigorosos, com temperaturas médias de 17,4 °C, e precipitação anual média de 2200 mm. Foram avaliadas no teste as seguintes características silviculturais: 1. altura total das plantas (ALT m), 2. diâmetro à altura do peito (DAP cm) e 3. volume de madeira em metro cúbico (VOL m³) para as idades aos 12, 18, e 36 meses. Para o cálculo do volume de madeira foi utilizada a seguinte expressão matemática:

$$VOL(m^3) = \frac{[0,027196645 * (DAP^{1,752458725}) * (ALT^{1,264704686})]}{1000}$$

As análises estatísticas dos parâmetros genéticos foram realizadas pelo programa computacional CRUZ (2006).

RESULTADOS E DISCUSSÕES

As correlações fenotípicas entre DAP x VOL nas idades de 12, 18 e 36 meses, foram significativas

($p \leq 0,05$) para todas as características e idades estudadas. As correlações genéticas variaram de 0,78 a 1,0, sendo que a característica mais indicada para a seleção direta é o DAP, considerando a maior precisão e a facilidade de mensuração. Zimback (2011) estudando progênies de polinização aberta de *Eucalyptus grandis* em várias regiões edafoclimáticas distintas obtiveram correlações genéticas acima de 0,81 de DAP, esperando boa resposta correlacionada na seleção para volume (VOL). Segundo Vencovsky (1978) as correlações genéticas e fenotípicas entre as variáveis altura e diâmetro à altura do peito, em espécies florestais, são positivas e de elevada magnitude, demonstrando que a seleção pode ser realizada em apenas uma delas, sem grande prejuízo para a outra característica.

Tabela 1. Estimativas das correlações genotípicas (r_g – diagonal abaixo) e fenotípicas (r_f - diagonal acima), para as características silviculturais de altura de plantas (ALT), diâmetro à altura do peito (DAP) e volume de madeira em metro cúbico (VOL m³) para progênies de polinização aberta de *Eucalyptus dunnii* no município de Palma Sola/ SC nas idades de 12, 18 e 36 meses.

Características	12*			18			36		
	ALT	DAP	VOL	ALT	DAP	VOL	ALT	DAP	VOL
ALT 12*	-	0,92**	0,95**	0,84**	0,84**	0,77**	0,80**	0,78**	0,79**
DAP 12	0,89	-	0,96**	0,76**	0,83**	0,78**	0,75**	0,79**	0,73**
VOL 12	1,00	1,00	-	0,74**	0,80**	0,80**	0,72**	0,75**	0,76**
ALT 18	1,00	0,92	1,00	-	0,94**	0,83**	0,96**	0,91**	0,90**
DAP 18	0,93	0,91	1,00	0,99	-	0,89**	0,90**	0,95**	0,92**
VOL 18	0,89	0,89	1,00	0,85	0,90	-	0,79**	0,88**	0,88**
ALT 36	0,93	0,85	0,96	0,99	0,92	0,80	-	0,91**	0,94**
DAP 36	0,84	0,84	0,89	0,95	0,96	0,91	0,91	-	0,95**
VOL 36	0,93	0,78	0,85	1,00	0,99	0,95	1,00	0,99	-

* idade em meses; Progênies = Prog.; Ambiente = Amb.; Progênies*Ambientes = Prog.*Amb.;

** , * significativo a 1% e 5 % de probabilidade respectivamente pelo teste F; ns não significativo.

CONCLUSÃO

O caractere DAP mostrou ser o mais indicado para a seleção direta, tendo alta correlação com o VOL, indicando que a seleção poderá ser realizada com base apenas no DAP, diminuindo custos e tempo no programa de melhoramento florestal.

AGRADECIMENTOS

À empresa Palmasola pelo financiamento, condução do experimento e concessão dos resultados para publicação.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CRUZ, C. D. Genes: programa de análise e processamento de dados baseados em modelos de genética e estatística experimental. Viçosa: UFV, 2006.

FONSECA, S. M.; RESENDE, M. D. V.; ALFENAS, A. C.; GUIMARÃES, L. M. S.; ASSIS, T. F.; GRATTAPAGLIA, D. **Manual prática de melhoramento genético do eucalipto**. Viçosa: UFV, 2010. 200 p.

VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In: PATERNIANI, E. (Coord.) **Melhoramento do milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1978, p. 122-201.

ZIMBACK, L.; MORI, E. S.; BRIZOLLA, T. F.; CHAVES, R. Correlações entre caracteres silviculturais durante o crescimento de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 23, n. 1, p. 57-67, 2011.

VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In: PATERNIANI, E. (Coord.) **Melhoramento do milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1978, p. 122-201.

Variabilidade Genética para Caracteres Silviculturais de Progenies de *Eucalyptus* em Diferentes Ambientes

Lorena Gama Teixeira
Cristiano Bueno Moraes
S.H.V. Leal

Otávio dos Santos Limeira Luz

UFT - Universidade Federal do Tocantins / Campus de Gurupi – TO.

E-mail: lorena_gama93@hotmail.com, cbmoraes@uft.edu.br, otaviouft@uft.edu.br

F.M. Abílio

Eucatex, Salto, SP. E-mail: fermandama@eucatex.com.br

G.B. Pieroni

Palmasola, Palma Sola, SC. E-mail: gustavo@palmasola.com.br

Rinaldo César de Paula

FCAV - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária / Unesp – Universidade Estadual Paulista

“Júlio de Mesquita Filho”, Campus de Jaboticabal, SP. E-mail: rcpaula@fca.unesp.br

Edson Seizo Mori

FCA - Faculdade de Ciências Agrônomicas / Unesp – Universidade Estadual Paulista

“Júlio de Mesquita Filho”, Campus Botucatu, SP. E-mail: esmori@fca.unesp.br

INTRODUÇÃO

A cultura do eucalipto é uma das principais do agronegócio brasileiro. O Brasil encontra-se entre os maiores produtores de madeira de *Eucalyptus* do mundo, com média de produtividade entre 45 a 50 m³ha⁻¹ano⁻¹. Portanto, o objetivo desta pesquisa foi estudar a variabilidade genética em progenies de polinização aberta de *Eucalyptus urophylla* em dois diferentes ambientes.

MATERIAL E MÉTODOS

O estudo foi realizado em condições ambientais diferentes, nas empresas florestais Eucatex no município de Itatinga/SP e na Palmasola no município de Palma Sola/SC.

Os testes de progenies de polinização aberta de *Eucalyptus urophylla* foram instalados em duas localidades, cujas progenies representam parte da base genética para esta espécie no país. O clima do local (Itatinga/SP), segundo a classificação de Köppen, é do tipo Cwa (temperado úmido com inverno seco e verão quente) e Cfa (Palma Sola/SC) clima mesotérmico úmido, com verões quentes e invernos rigorosos. O delineamento estatístico utilizado nas implantações dos testes de progenies de polinização aberta de *E. urophylla* foi o de blocos casualizados, compostos de 150 progenies, 4 repetições, 6 plantas por parcela, totalizando 3600 plantas por experimento.

Foram avaliados em todos os testes: 1. altura total da árvore (ALT m), 2. diâmetro à altura do peito (DAP cm) e 3. volume de madeira (VOL m³) foi calculado pela expressão, utilizando o fator de forma $ff = 0,5$.

$$\text{Volume (m}^3\text{)} = \frac{\pi (DAP)^2 \times ff \times ALT}{40.000}$$

Os parâmetros genéticos quantitativos foram analisados pelo programa computacional SELEGEN (RESENDE, 2007).

RESULTADOS E DISCUSSÕES

Pelos resultados da análise conjunta a significância dos efeitos genéticos aditivos e dos efeitos da interação, envolvendo os três testes de progênies será avaliada pela análise de LTR. A análise de LTR para todas as progênies e caracteres, indicou a existência de variabilidade genética entre progênies e a possibilidade de ganhos com a seleção (Tabela1).

O (\hat{C}_{parc}^2) foi de baixa magnitude para todos os caracteres avaliados nos dois locais, isso indica que não houve heterogeneidade ambiental dentro dos blocos, pode-se inferir que o delineamento foi eficiente e a capacidade de teste adequada.

Tabela 1. Estimativa dos parâmetros genéticos para a análise conjunta para as duas regiões edafoclimáticas onde foram instalados os testes de progênies de *E. urophylla* avaliados aos 12 e 24 meses de idade para os caracteres altura de plantas (ALT m), diâmetro à altura do peito (DAP cm) e volume de madeira (VOL m³).

PG*	Caracteres					
	ALT		DAP		VOL	
	12*	24	12	24	12	24
\hat{h}_a^2	0,056	0,060	0,043	0,055	0,035	0,048
\hat{C}_{parc}^2	0,100	0,070	0,079	0,012	0,066	0,014
\hat{C}_{int}^2	0,016	0,017	0,028	0,022	0,025	0,028
\hat{h}_m^2	0,68	0,72	0,60	0,72	0,60	0,70
r_{aa}	0,82	0,85	0,78	0,85	0,76	0,82
\hat{r}_{gloc}	0,77	0,78	0,60	0,71	0,58	0,63
CV_{gi} (%)	6,5	6,71	5,05	6,22	13,42	15,82
CV_e	13,68	12,58	11,38	10,75	32,71	29,32
Média	6,61	10,46	7,26	9,99	0,0158	0,0458

\hat{h}_a^2 : herdabilidade individual no sentido restrito; \hat{C}_{parc}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; \hat{C}_{int}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente; \hat{h}_m^2 : herdabilidade da média de progênies; r_{aa} : acurácia da seleção de progênies; \hat{r}_{gloc} : correlação genotípica entre o desempenho das progênies nos vários ambientes; CV_{gi} %: coeficiente de variação genotípica entre progênies; CV_e %: coeficiente de variação residual; Média geral do experimento; * 12 e 24 meses de idade.

A acurácia seletiva para ALT, DAP e VOL foi acima de 0,75%, indicando boa precisão da seleção e maior ganho genético. O \hat{C}_{int}^2 para os caracteres ALT, DAP e VOL não foi significativo, apresentando uma pequena amplitude de variação. O resultado do \hat{C}_{int}^2 conduziu valor de \hat{r}_{gloc} acima de 0,60% para ALT e DAP e de 0,70 para VOL para ambas as idades, apresentando boa magnitude, indicando que a interação não é de natureza complexa. Os \hat{h}_m^2 apresentaram altas, acima de 60% para os caracteres de crescimento ALT e DAP, indicando que grande parte da variação fenotípica total e média entre progênies é de origem genética e, portanto, o controle genético dos caracteres é alto ao nível de médias de progênies na análise conjunta.

CONCLUSÕES

Os resultados obtidos pela análise de variância conjunta pode-se verificar que o efeito da interação genótipo x ambiente foi significativo, causando comportamento diferenciado dos genótipos em relação aos diferentes ambientes avaliados.

AGRADECIMENTOS

As empresas Eucatex e Palmasola pela condução dos experimentos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

RESENDE, M. D. V. SELEGEN-REML/BLUP: Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 359 p.

Dissimilaridade Genética de *Corymbia citriodora* quanto à Capacidade em Reutilização de Biomassa Foliar após Extração de Óleo Essencial

Otávio dos Santos Limeira Luz

M.A.F. Varanda

S.H.V. Leal

R.A. Santos

R.M. Limeira

A.B.M. Honório

M.S.L. Luz

Cristiano BuenoMoraes

T.C.A.B. LEAL

UFT - Universidade Federal do Tocantins / Campus de Gurupi – TO.

E-mail: otaviouft@uft.edu.br, marco_uft@hotmail.com, suzyviana@live.com, webrian182@gmail.com, roberto_limeira@hotmail.com, anabeatriz_pgtu@hotmail.com, mateus.s.l.luz@uft.edu.br, cbmoraes@uft.edu.br, tarciso@mail.uft.edu.br.

INTRODUÇÃO

O aproveitamento de resíduos de folhas após extração de óleo pode promover resultados significativos na produção de florestas, diminuindo a adubação, o uso de defensivos químicos, e promovendo o aumento da produtividade.

Dentre as maneiras de identificar os genótipos promissores para combinações híbridas, que satisfaça essas condições de interesse, cita-se a divergência genética.

Desta forma, o presente trabalho tem como objetivo, identificar o potencial de reutilização e reposição química dos nutrientes a base de nitrogênio, fósforo e potássio de biomassa foliar de diferentes genótipos de *Corymbia citriodora*.

MATERIAL E MÉTODOS

Os ensaios de identificação e análise foliares para a seleção foram realizados em amostras foliares de 19 genótipos de *Corymbia citriodora* previamente selecionado com base no fenótipo e na produção de massa foliar e madeira da região Sul do Tocantins.

As amostras foram secas em estufas à 65°C por 72 horas e em seguida divididas em duplicatas, sendo uma para determinação dos teores de óleo essencial e outra para não extração. Em seguida, as amostras foram novamente secas, moídas e realizadas as análises foliares dos nutrientes. As características avaliadas, foram: massa seca foliar total (MSFT) em kg; teor de óleo essencial (TOE) %; relação biomassa foliar seca não extraída/biomassa foliar seca extraída (BFSNE/BFSE) dos teores de N, P e K. Após a coletas dos dados foram realizadas análise multivariada através do método de agrupamento por meio dos componentes principais e calculado a dissimilaridade através da distância Euclidiana. As análises estatísticas dos dados foram realizadas utilizando o Programa Computacional GENES segundo Cruz (2004).

RESULTADOS E DISCUSSÕES

Assim, a análise de agrupamento pelo método de Tocher, para as características avaliadas, permitiu separar as 19 árvores matrizes em quatro grupos (Tabela 1). No grupo I obteve o maior número de genótipo, sendo nove matrizes geneticamente similares (47,4 % do total de genótipos), seguido pelo grupo III com seis genótipos, e dos grupos II e IV, ambos com apenas dois genótipos, indicando que os possíveis cruzamentos de genótipos dentro do mesmo grupo diminuem a possibilidade de obtenção de indivíduos superiores.

Tabela 1. Agrupamento das 19 árvores matrizes de *Corymbia citriodora*, tendo como base as características e utilizando a distância euclidiana média e o método de otimização de Tocher para as características (MSFT); (TOE); BFSNE/BFSE dos teores de nutrientes com base no nitrogênio, fósforo e potássio.

Grupo	Árvores Matrizes									
I	1	2	4	6	7	8	11	13	18	
II						14	19			
III			9	10	12	15	16	17		
IV					3	5				

Massa Seca Foliar Total (MSFT); Teor de Óleo Essencial (TOE); Relação Biomassa Foliar Seca Não Extraída/Biomassa Foliar Seca Extraída (BFSNE/BFSE) dos teores de nutrientes nitrogênio, fósforo e potássio.

Para a contribuição relativa dos caracteres para a divergência, o método de Singh (1981), verifica-se que para ambas as condições as características Massa Seca Total (kg) e Teor de óleo foram as características que apresentaram maior contribuição relativa na dissimilaridade genética, totalizando contribuição de 99,59 % (Tabela 2).

Tabela 2. Contribuição relativa dos caracteres para divergência- [2] com base no cálculo feito com médias não padronizadas

VARIÁVEL	S.j	VALOR(%)
MSFT	3782.6144	81.8988
TEO	817.0329	17.6899
BFSNE/BFSE N	3.6368	0.0787
BFSNE/BFSE P	12.56	0.2719
BFSNE/BFSE K	2.8014	0.0607

Massa Seca Foliar Total (MSFT); Teor de Óleo Essencial (TOE); Relação Biomassa Foliar Seca Não Extraída/Biomassa Foliar Seca Extraída (BFSNE/BFSE) dos teores de nutrientes nitrogênio, fósforo e potássio.

No entanto, o conhecimento das características de relação (BFSNE/BFSE) dos teores de nutrientes N, P e K, são importantes para escolha dos progenitores, uma vez que, quanto menor for a relação BFSNE/BFSE de cada genótipo, maior será a capacidade de reutilização da biomassa foliar.

CONCLUSÃO

A análise multivariada foi eficaz para a alocação das 19 matrizes em quatro grupos dissimilares, bem como para a identificação, seleção e classificação dos progenitores para um maior efeito heterótico.

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal do Tocantins e à empresa Jamp pelo apoio para condução das pesquisas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4.ed. Viçosa: Imprensa Universitária, 2004. 480 p.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, New Delhi, v. 41, n. 2, p.237-245, 1981.

Reguladores Vegetais no Crescimento de Canafístula

N.S.B. Lima

S.H.V. Leal

A.B.M. Honório

Otávio dos Santos Limeira Luz

Lorena Teixeira Gama

Cristiano Bueno Moraes

UFT - Universidade Federal do Tocantins / Campus de Gurupi – TO.

E-mail: nataliastheffany@hotmail.com, suzyviana@live.com, anabeatriz_pgtu@hotmail.com,
otaviouft@uft.edu.br, lorena_gama93@hotmail.com, cbmoraes@uft.edu.br.

Victória Campos Moteiro Pires

G. Uesugui

FCA – Faculdade de Ciências Agrárias – Unesp – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”,
Campus de Botucatu, SP. E-mail: ci_uesugi@yahoo.com.br, victoriacmpires@hotmail.com

INTRODUÇÃO

A canafístula *Peltophorum dubium* é uma espécie frequente na mata atlântica, sendo que o seu processo reprodutivo inicia-se entre 8 a 12 anos (DURIGAN et al., 2002). Ela é muito utilizada na recuperação de áreas degradadas, arborização e paisagismo.

Para canafístula, uma maneira de promover alterações fisiológicas e bioquímicas, visando reduzir o crescimento vegetativo dos indivíduos e antecipar seu estágio reprodutivo e conseqüentemente a produção de sementes e o uso de substâncias conhecidas como biorreguladores vegetais (KUMAR, 2011).

Portanto, a pesquisa teve como objetivo a aplicação dos biorreguladores vegetais em *Peltophorum dubium* com o intuito de acompanhar as alterações promovidas no desenvolvimento vegetativo antes do florescimento.

METODOLOGIA

O experimento foi realizado em Botucatu/SP. As mudas de *Peltophorum dubium* utilizadas no experimento foram produzidas no viveiro do Departamento de Ciências Florestais da FCA/UNESP. O delineamento estatístico experimental foi em blocos casualizados, com três repetições, quatro planta/parcela e o tratamento testemunha, totalizando 120 indivíduos. Foram utilizados para o estudo os seguintes tratamentos: testemunha somente com água (T1), paclobutrazol (PBZ) nas dosagens de 100, 200 e 300 mg L⁻¹, ácido giberélico (GA₃) nas dosagens de 30, 60 e 90 mg L⁻¹ e o ethephon nas dosagens 100, 200 e 300 mg L⁻¹. Foram avaliadas as variáveis altura de plantas, diâmetro do colo e medições indiretas do teor de clorofila realizadas pelo SPAD-502 (MINOLTA, 1982). Em cada planta foi realizada a leitura em quatro pontos da folha. A análise estatística foi realizada pelo *software* SAS, no qual as médias foram comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade de erro.

RESULTADOS E DISCUSSÕES

Todos os parâmetros avaliados deram resultados significativos, pelo teste F para p<0,05. Os valores obtidos para o CV_e% variaram de 4,5% a 6,4% para as características estudadas, mostrando uma boa precisão do experimento conduzido (RESENDE; DUARTE, 2004).

A espécie mostrou-se sensível ao inibidor paclobutrazol, apresentando redução das alturas dos indivíduos em 73% em relação ao tratamento testemunha (Tabela 1).

Para o ácido giberélico, os indivíduos de canafístula tiveram aumento no crescimento em altura em 18% em relação à testemunha, mostrando que este biorregulador está ligada ao crescimento em altura dos vegetais.

O ethephon promoveu morte dos ramos apicais, aparecimento das gemas laterais e redução da altura dos indivíduos, sendo também efetivo em promover outros tipos de alterações morfológicas, como as médias para altura de plantas e diâmetro do colo, apresentando significativamente diferentes do tratamento testemunha.

Tabela 1. Altura de plantas, diâmetro do colo, teor de clorofila (SPAD - Soil Plant Analysis Development) em plantas de *Peltophorum dubium* aos 12 meses de idade.

Tratamentos	Altura (cm)	Diâmetro (mm)	Clorofila (SPAD)
Testemunha (T1)	75b	21,8a	37b
PBZ = 100 mg L ⁻¹	21d	8,3c	51 ^a
PBZ = 200 mg L ⁻¹	20d	9,4c	52 ^a
PBZ = 300 mg L ⁻¹	20d	7,2c	56 ^a
GA ₃ = 30 mg L ⁻¹	87,6a	19,4b	39b
GA ₃ = 60 mg L ⁻¹	96,0a	18,5b	41b
GA ₃ = 90 mg L ⁻¹	93,6a	17,0b	32c
Ethephon = 100 mg L ⁻¹	62,3c	18,5b	41b
Ethephon = 200 mg L ⁻¹	64,7c	17,8b	42b
Ethephon = 300 mg L ⁻¹	61,7c	17,8b	43b
Média geral	60,3	15,6	43,1

Médias seguidas de mesma letra na coluna não diferem significativamente entre si, pelo teste Tukey ao nível de ($p < 0,05$) de probabilidade de erro.

Para o diâmetro do colo houve redução de 45,4%, quando a espécie foi submetida às diferentes concentrações e tratamentos com biorreguladores, principalmente PBZ em relação a GA₃.

O ácido giberélico alterou o teor de clorofila assim como ocorreu em plantas de girassol em estudo realizado por Almeida e Pereira (1996).

CONCLUSÕES

Os reguladores vegetais mostraram-se como alternativa para o manejo em canafístula, sendo que a aplicação de ácido giberélico se mostrou importante para o seu desenvolvimento vegetativo e o paclobutrazol como inibidor de crescimento.

AGRADECIMENTOS

À FAPESP, nas pessoas de seus dirigentes e relatores, pela oportunidade que nos foi dada para o desenvolvimento desta importante pesquisa florestal.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALMEIDA, J. A. S.; PEREIRA, M. F. D. A. Efeito de GA₃ e paclobutrazol no desenvolvimento vegetativo do girassol. *Revista Brasileira de Fisiologia Vegetal*, Campinas, v. 9, n. 1, p. 55-60, 1996.

DURIGAN, G.; FIGLIOLIA, M. B.; KAWABATA, M.; GARRIDO, M. A. O.; BAITELLO, J. B. 2002.

KUMAR, N.; ANAND, K. G. V.; REDDY, M. P. Plant regeneration of non toxic *Jatropha curcas* impacts of plant growth regulators, source and type of explants. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, v. 20, n. 1, p. 125-133, 2011.

MINOLTA, C. *Manual for chlorophyll meter SPAD-502*. Osaka: Minolta Radiometric Instruments Divisions, 1982, 22 p.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, Goiás, v. 37, p. 182-194, 2007.

Seleção e Identificação de Genótipos de *Corymbia Citriodora* quanto à Produção de Óleo Essencial na região Sul do Tocantins

A.B.M. Honório
S.H.V. Leal
Lorena Gama Teixeira
Otávio dos Santos Limeira Luz
N.S.B. Lima
Cristiano Bueno Moraes
T.C.A.B. Leal

UFT - Universidade Federal do Tocantins, Campus de Gurupi – TO.

E-mail: anabeatriz_pgtu@hotmail.com, suzyviana@live.com, lorena_gama93@hotmail.com,
otaviouft@uft.edu.br, cbmoraes@uft.edu.br, tarciso@mail.uft.edu.br.

INTRODUÇÃO

O uso de alternativas para estabelecimento e desenvolvimento do setor florestal no estado do Tocantins, poderá levar ao aumento da produção de madeira e de óleo essencial e diminuição dos custos de produção na região, aumentando a geração de empregos e a economia do setor no Estado.

No Brasil, a principal espécie produtora de óleo para a perfumaria é a *Corymbia citriodora*, rica em citronelal (BIZZO, 2009). Portanto, o objetivo principal da pesquisa foi selecionar matrizes de *C. citriodora* adaptadas aos ambientes específicos do Tocantins, visando otimizar o potencial produtivo de óleo essencial.

MATERIAL E MÉTODOS

Os ensaios de identificação e seleção foram realizados a partir de uma seleção massal em áreas experimentais da empresa JAMP Florestal em Dueré-TO, localizada na latitude 11°20'38"S, longitude de 49°16'14"O com altitude de 235 metros, temperatura mínima 22,8°C, temperatura máxima 31,8°C e precipitação média anual 1714 mm (CLIMATEMPO, 2013).

Os genótipos de *C. citriodora* foram plantados entre Janeiro e Fevereiro de 2008 através de mudas seminais no espaçamento 3x2 totalizando 1666 árvores por hectare. O solo foi classificado como Latossolo vermelho distrófico. Para a seleção e identificação dos genótipos de *C. citriodora* tanto na produção de óleo essencial, como também a produtividade da madeira, foram seguidas as etapas: seleção e identificação de 14 matrizes; corte das matrizes selecionadas e pesagem das folhas com coleta de amostras para extração de óleo e análise dos teores de óleo das amostras coletadas. Foram avaliados as características diâmetro à altura do peito, altura total de plantas, altura comercial e massa seca total de folhas em kg/ha.

O rendimento do teor de óleo foi realizado: rendimento (kg/ha) = teor de óleo x massa total das folhas em kg/hectare. Os dados foram analisados pela análise multivariada através do método de agrupamento por meio dos componentes principais e calculado a dissimilaridade através da distância Euclidiana entre os 14 genótipo selecionados (CRUZ; REGAZZI, 2005). A análise de agrupamento foi pelo método de otimização (RAO, 1952). As análises estatísticas dos dados foram realizadas utilizando o programa computacional GENES (CRUZ, 2001).

RESULTADO E DISCUSSÃO

Os resultados para a obtenção da seleção e identificação dos genótipos de *C. citriodora* como promissores para formação de matrizes, permitiu analisar a divergência entre os mesmo, por meio da formação de grupos, através dos componentes principais e a magnitude das distancias de suas dissimilaridades, onde no grupo 1 encontra-se cinco matrizes geneticamente similares (35,7% do

total de genótipos), indicando que os possíveis cruzamentos desses genótipos entre si diminuem a possibilidade de obtenção de indivíduos superiores (Tabela 1).

Tabela 1. Agrupamento das 14 árvores-matriz de *C. citriodora*, tendo como base as características DAP (cm), ALT (m), ALC (m) MST (kg/ha) TOL (%) REND (kg/ha) e utilizando a distância euclidiana média e o método de otimização de Tocher.

Grupo	Árvores Matriz				
I	4	5	6	7	11
II		2	3	13	
III		1	8	12	
IV		9	10	14	

DAP: diâmetro à altura do peito; ALT: altura total; ALC: altura comercial; MST: massa seca total das folhas; TOL: teor de óleo; REND: rendimento de óleo.

CONCLUSÃO

A análise multivariada é eficaz para a alocação das matrizes em grupos divergentes, bem como para a identificação, seleção e classificação de genótipos posteriormente dentro dos grupos pré-definidos pelo método de Tocher. A característica Massa Seca Total das folhas é a que mais contribui na dissimilaridade genética entre os 14 genótipos. As hibridações dos genótipos 8 x 6 são promissoras para obtenção de uma variabilidade genética superior.

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal do Tocantins - UFT pela concessão da bolsa de iniciação científica e à empresa JAMP reflorestamento pelo apoio, condução do experimento.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BIZZO, H. R. Óleos essenciais no Brasil: aspectos gerais, desenvolvimento e perspectivas. *Química Nova*, São Paulo, v. 32, n. 3, p. 588-594, 2009.

CLIMATEMPO - Disponível em: <<http://www.climatempo.com.br/>>, Acesso em: Abril de 2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, 2005. 387 p.

CRUZ, C. D. *Genes: programa de análise e processamento de dados baseados em modelos de genética e estatística experimental*. Viçosa: UFV, 2001. (Versão 2004. 2.1).

RAO, C. R. *Advanced statistical methods in biometric research*. New York: John Wiley Sons, 1952, 390 p.

Estimativas de Parâmetros Genéticos para Seleção de Clones de *Eucalyptus* para região de Botucatu/SP

S.H.V. Leal
N.S.B. Lima
A.B.M. Honório
E.V. Carvalho

Otávio dos Santos Limeira Luz
Cristiano Bueno Moraes

UFT - Universidade Federal do Tocantins, Campus de Gurupi – TO.

E-mail: suzyviana@uft.edu.br, nataliastheffany@uft.edu.br, anabeatrizmarqueshonorio@uft.edu.br, carvalho.ev@uft.edu.br, otaviouft@uft.edu.br, cbmoraes@uft.edu.br

F.M. ABÍLIO

Eucatex, Salto, SP, E-mail: fernandama@eucatex.com.br

Leo Zimback

IF - Instituto Florestal de São Paulo Botucatu, SP. E-mail: lzimback@terra.com.br

INTRODUÇÃO

Para alcançar sucesso na eucaliptocultura faz-se necessário a utilização de técnicas que visam aumentar a produtividade do plantio e diminuir os efeitos negativos dos intemperes naturais, sendo o melhoramento florestal uma maneira essencial para o alcance destas metas (FERRARI et al., 2004); se bem executado, torna-se não só viável como também indispensável. Por ser geralmente demorado, dentro do melhoramento florestal, buscam-se alternativas que possibilitem diminuir o tempo para tomada de decisões e consequentemente aumentar o lucro dentro da cadeia industrial.

Portanto, o objetivo da pesquisa foi determinar os parâmetros genéticos quantitativos dos caracteres silviculturais de clones de *Eucalyptus* para a região de Botucatu/SP.

MATERIAL E MÉTODOS

Um teste clonal foi instalado em 2010 no município de Botucatu, SP no delineamento estatístico de blocos completos ao acaso, sendo avaliados 23 clones, 4 repetições, 25 plantas por parcela e espaçamento de 3,0 x 2,0 m. Os caracteres silviculturais altura total de plantas, diâmetro à altura do peito (DAP) e volume de madeira (VOL m³) foram avaliados aos 24, 36, 48 e 60 meses após o plantio. Para o cálculo do volume de madeira a expressão usada foi:

$$VOL(m^3) = \frac{[0,027196645 * (DAP^{1,752458725}) * (ALT^{1,264704686})]}{1000}$$

As análises estatísticas dos parâmetros genéticos foram realizadas pelo programa computacional GENES (CRUZ et al., 2004).

RESULTADOS E DISCUSSÕES

O teste clonal instalado mostrou-se com boa precisão experimental, como pode ser observado pelo coeficiente de variação experimental, sendo este decrescente ao longo da idade para os caracteres avaliados (Tabela 1). O maior CV_e (%) foi de 24,74 para o caractere volume aos 24 meses de idade.

Por sua vez, o coeficiente de variação relativo analisado juntamente com a herdabilidade, são indicadores das possibilidades de ganhos genéticos com a seleção (KAGEYAMA; VENCOSKY, 1983). A herdabilidade alta significa que estes caracteres sofrem pouca influência ambiental, e estes se apresentaram acima de 90% para todas as características, com exceção do DAP nos 36 meses.

Tabela 1. Estimativas dos parâmetros genéticos para clones de *Eucalyptus*: coeficiente de variação experimental (CV_e %), coeficiente de ganho genético (CV_g %), coeficiente de variação relativo (CV_r), coeficiente de herdabilidade ao nível de média de clone (h^2_{cl}), médias das variáveis: diâmetro à altura do peito (DAP cm), altura de plantas (ALT m) e volume de madeira (VOL m³) nas idades de 24, 36, 48 e 60 meses.

Idade	Caracteres	Médias	CV_e (%)	CV_g (%)	CV_r	h^2_{cl} (%)
24	DAP (cm)	3,74	11,09	17,63	1,59	91
36		8,13	7,17	9,70	1,35	88
48		10,99	6,96	10,22	1,47	90
60		15,99	4,78	7,02	1,47	90
24	ALT (m)	4,34	10,80	16,36	1,52	90
36		10,58	8,17	12,90	1,58	91
48		15,74	6,62	11,24	1,70	92
60		15,74	6,62	11,24	1,70	92
24	VOL (m ³)	0,0029	24,74	38,07	1,54	90
36		0,0310	12,21	21,45	1,76	93
48		0,0851	11,44	21,88	1,91	94
60		0,1665	9,61	18,66	1,94	94

O coeficiente de variação genética expressa a porcentagem da média geral, a quantidade de variação genética entre progênies. O caractere VOL está indicando boa variação genética entre as progênies (7,02% a 38,07%), portanto mostrando ótimo potencial para a seleção.

CONCLUSÃO

Existem variações genéticas significativas entre os clones para as características silviculturais, revelando o potencial da população para melhoramento através de seleção.

AGRADECIMENTOS

À empresa Eucatex pelo financiamento, condução do experimento e concessão dos resultados para publicação.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

FERRARI, M. P., GROSSI, F., WENDLING I. **Propagação Vegetativa de Espécie Florestais**. Colombo: Embrapa Florestal, 2004, 22 p. (Documentos, 94)

CRUZ, C. D., REGAZZI, A. J., CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4.ed. Viçosa: Imprensa Universitária, 2004, 480 p.

KAGEYAMA, P. Y., VENCOSKY, R. Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* Hill Maiden. IPEF, Piracicaba, n. 24, p. 9-26, 1983.

