

Ganhos genéticos na seleção pelo método do índice multi-efeitos em progênes polinização livre de *Eucalyptus grandis* Hill ex MaidenGenetic gain in the selection by multi-effects index in open-pollinated progenies of *Eucalyptus grandis* Hill ex MaidenAline Cristina Miranda¹, Mario Luiz Teixeira de Moraes²,
Paulo Henrique Müller da Silva³ e Alexandre Magno Sebbenn⁴

Resumo

No Brasil, o *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden é amplamente utilizado em reflorestamentos comerciais, especialmente para a produção de celulose, papel e energia. Sua variabilidade genética vem sendo explorada em programas de melhoramento florestal há mais de 30 anos. O objetivo do estudo foi estimar parâmetros genéticos e comparar ganhos genéticos pelo método de seleção índice multi-efeito em uma população de melhoramento de *E. grandis*. Foram implantados quatro testes de procedências e progênes no estado de São Paulo (Anhembi, Avaré, Itararé e Pratânia), utilizando dez procedências e 153 a 160 progênes de polinização aberta, o delineamento experimental utilizado foi o de blocos completos casualizados. Aos vinte quatro meses após o plantio foram mensurados o diâmetro a altura o peito (DAP), altura (ALT) e volume cilíndrico (VOL). As análises individuais dos locais mostraram a existência de diferenças genéticas entre progênes, alta variabilidade genética e alta herdabilidade média entre progênes (> 0,70); na análise conjunta dos locais foram detectados efeitos significativos para a interação genótipos x ambientes, mostrando o comportamento diferencial das progênes nos ambientes avaliados. Os maiores ganho na seleção, tamanho efetivo e diversidade genética foram observados em Itararé. A diversidade genética e o tamanho efetivo baixo são fatores inviáveis, considerando que os testes de progênes estudados devam reter níveis adequados de variabilidade genética para serem transformados no futuro em pomares de sementes por mudas.

Palavras-chave: Melhoramento Florestal, REML/BLUP, Variabilidade genética.

Abstract

In Brazil, *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden is widely used for commercial reforestation, especially for production of pulp, paper and energy. Its genetic variability is being explored in tree improvement programs for over 30 years. The objective of this work was to estimate genetic parameters and compare genetic gains by multi-effects index in a breeding population of *E. grandis*. Progeny tests were established using open-pollinated seeds from ten provenances ranging from 153 to 160 progenies established in a completely randomized block design in four sites of São Paulo State (Anhembi, Avaré, Itararé e Pratânia). At 24 months of age the traits diameter at breast height (DBH), height (ALT) and volume (VOL) were measured. The individual site analyses indicated significant genetic differences among progenies, height genetic variability and the mean progeny heritability (> 0.70). For joint analyses of sites, significant differences in genotype x environmental interaction effects were detected, showing differences of performance of the progenies in different sites. The Itararé site gave high genetic gains, effective size and genetic diversity. The genetic diversity and low effective size are unviable factors; considering that the progeny tests studied should retain adequate levels of genetic variability in order to be transformed in future seedling seed orchards.

Keywords: Tree breeding, REML/BLUP, Genetic variability.

¹Pós-graduanda em Ciências Florestais. UNESP – Universidade Estadual “Julio de Mesquita Filho” / FCA - Faculdade de Ciências Agrônomicas de Botucatu. Caixa Postal 237 - 18.603-970, Botucatu-SP.

²Professor Titular, Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio Economia. UNESP – Universidade Estadual Paulista “Julio de Mesquita Filho” / FEIS - Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. Caixa Postal 31 - 15.385-000, Ilha Solteira-SP. E-mail: teixeira@agr.feis.unesp.br

³Pesquisador Doutor. IPEF - Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais. Caixa Postal 530 - 13400-970 - Piracicaba-SP. E-mail: paulohenrique@ipef.br.

⁴Pesquisador Científico e Doutor. IF- Instituto Florestal de São Paulo. Caixa Postal 1322 - 01059-970, São Paulo, SP, Brasil. E-mail: alexandresebbenn@yahoo.com.br

INTRODUÇÃO

Eucalyptus grandis Hill ex Maiden é uma das espécies arbóreas mais cultivada no setor florestal brasileiro devido às suas características silviculturais como rápido crescimento e adaptação a diversos ambientes, além da aplicabilidade da madeira para diversos fins, aliada à grande variabilidade genética. Essa espécie já vem sendo melhorada a mais de 30 anos e tem destaque dentro do gênero, como a melhor em desenvolvimento nos plantios comerciais para as regiões tropicais e subtropicais (KAGEYAMA; VENCOSKY, 1983).

Para a obtenção de materiais superiores é necessário que o genótipo selecionado reúna simultaneamente uma série de atributos favoráveis como alta taxa de crescimento, forma retilínea, resistência a pragas e densidade básica da madeira adequada aos objetivos dos programas de melhoramento. Isso pode ser obtido, utilizando-se índices de seleção, os principais índices utilizados são seleção entre e dentro de progênies e seleção combinada, esses índices não consideram valores genéticos e sim fenotípicos (PAIVA et al., 2002). Atualmente, a utilização do índice multi-efeitos (IME) a seleção é baseada em valores genéticos. A seleção quando não realizada pelos valores genéticos, além de gerar menor ganho existem outras consequências relacionadas ao estabelecimento dos pomares de semente e a geração das progênies a serem avaliadas no ciclo subsequente. Resende e Higa (1994) sugerem que com a utilização de todos os efeitos do modelo é possível conseguir a maximização na precisão da seleção, embora, em muitos casos as inclusões dos efeitos de parcela e blocos podem pouco alterar a seleção. Assim, por considerar todos estes efeitos, os autores propõem a utilização do IME, que usa ocasionalmente o efeito de parcela e para o caso balanceado, sendo a melhor predição linear não-viciada (BLUP), ao passo que as formas de seleção combinada (usando o valor individual como desvio da média da parcela ou como desvio da média do bloco) não são BLUP (RESEN-

DE; FERNANDES, 1999). Segundo Resende e Higa (1994), explorar frações da variância genética aditiva que não são consideradas na seleção entre e dentro de progênies, leva à maximização da precisão na seleção. A identificação dos genótipos superiores pode ser praticada em nível de populações, de indivíduos, de médias, de médias de progênies e entre e dentro progênies.

Este estudo teve como objetivo comparar os ganhos genéticos obtidos por meio do método de seleção índice multi-efeitos, utilizando diferentes estratégias de seleção de indivíduos entre e dentro procedências e progênies de *E. grandis* estabelecidas em quatro locais do estado de São Paulo. A melhor estratégia foi determinada com base no ganho genético predito, tamanho efetivo (N_e) e na diversidade genética (D) das populações selecionadas.

MATERIAL E MÉTODOS

Localização e caracterização das áreas experimentais

Foram instalados quatro testes de procedências e progênies de polinização aberta de *E. grandis* no estado de São Paulo: Anhembi, Avaré, Itararé e Pratânia, pertencentes a empresas florestais e ao Departamento de Ciências Florestais da ESALQ/USP (Tabela 1).

As progênies e procedências utilizadas nos testes representam a base genética da espécie no Brasil. O clima dos locais (Anhembi, Avaré e Pratânia), segundo a classificação de Köppen, é do tipo Cwa (temperado úmido com inverno seco e verão quente) e de Itararé é do tipo Cfa: clima temperado úmido com verão quente. Os solos foram classificados conforme classificação da EMBRAPA (1999). O delineamento estatístico utilizado foi o de blocos completos casualizados com tratamentos (progênies) variando entre 153 a 160, quatro repetições em Anhembi, Itararé e Pratânia e seis repetições em Avaré, seis plantas por parcela e espaçamento de 3 x 2 m. Foi utilizada uma bordadura externa de duas linhas, para reduzir o efeito de borda nos tra-

Tabela 1. Caracterização dos locais de experimentação.

Table 1. Characterization of the experimentation site.

| Local | Nº progênies | Latitude (S) | Longitude (W) | Altitude (m) | TMA (°C) | Tm (°C) | TM (°C) | PP (mm) | Solo |
|-------------|--------------|--------------|---------------|--------------|----------|---------|---------|---------|------|
| 1. Anhembi | 153 | 22° 28' | 48° 07' | 472 | 22,0 | 18,5 | 25,2 | 1300 | RQ |
| 2. Avaré | 160 | 23° 05' | 48° 55' | 766 | 24,1 | 16,4 | 24,0 | 1274 | LVd |
| 3. Itararé | 160 | 24° 06' | 49° 19' | 740 | 17,0 | 15,0 | 23,0 | 1549 | LVd |
| 4. Pratânia | 154 | 22° 50' | 48° 49' | 685 | 21,0 | 17,1 | 23,7 | 1361 | LVd |

TMA significa temperatura média anual; Tm = temperatura mínima; TM = temperatura máxima; PP = precipitação pluviométrica; RQ = Neossolo Quartzarênico; LVd = Latossolo Vermelho distrófico.

tamentos. Em todos os testes foram avaliados os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP), altura (ALT) e volume cilíndrico (VOL) aos 24 meses de idade, o volume foi calculado pela expressão: $v = p(DAP/200)^2 h/F_f$, sendo, h altura e F_f o fator de forma (0,5).

Análises estatísticas

Como se trata de população de melhoramento, o efeito de procedência foi negligenciado, assumindo-se todo o material como sendo de uma simples população. Os componentes de variância e parâmetros genéticos foram estimados com base no método REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Predição Linear Não Viciada) e utilizando o programa Selegen (RESENDE, 2002). As variáveis quantitativas foram analisadas pela metodologia do modelo linear misto (aditivo univariado) - REML/BLUP, aplicado aos testes de progênies de polinização aberta (assumindo progênies de meios-irmãos), seguindo o procedimento proposto por Resende (2002 e 2007): $y = Xr + Za + e$, em que: y: vetores de dados; r: vetores dos efeitos de blocos (fixos); a: vetores dos efeitos genéticos aditivos (aleatórios); e: vetores dos efeitos de erros aleatórios; X, Z são as matrizes de incidência para r e a, dos respectivos efeitos. Os componentes de variância estimados foram: a) variância genética aditiva (σ_a^2); b) variância ambiental entre parcelas (σ_e^2); c) variância residual (ambiental + não aditiva) (σ_e^2).

Para a análise da interação genótipos x ambientes (G x E) foi considerado o seguinte modelo estatístico:

$$y = Xr + Zg + Wp + Ti + e$$

em que: y, r, g, p, i, e: vetores de dados dos efeitos fixos (média de blocos), aleatórios (efeito genético das progênies, da interação genótipos x ambientes e do erro), respectivamente. X, Z e W são as matrizes de incidência de r, g e c, respectivamente. Assim, aos parâmetros estimados nas análises individuais deve-se adicionar:

a) Variância da interação genótipos x ambientes (σ_{gi}^2); b) Variância fenotípica da análise conjunta (σ_f^2); c) Coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes (C_i^2); d) Correlação genotípica entre o desempenho das progênies nos vários ambientes (r_{gloc}).

O IME foi empregado objetivando a comparação dos ganhos na seleção para o DAP para

número variável de plantas selecionadas por progênies. O IME foi estimado utilizando a expressão (I):

$$I = b_1 Y_{ijk} + (b_2 - b_3) \bar{Y}_{i..} + (b_3 - b_1) \bar{Y}_{ij.} - b_3 \bar{Y}_{.j.} + (b_3 - b_2) \bar{Y}_{...}$$

em que: $\bar{Y}_{..}$ é a média geral do ensaio; Y_{ijk} é o valor individual; $\bar{Y}_{i.}$ é a média da matriz no ensaio; $\bar{Y}_{ij.}$ é a média da progênies em determinado bloco (média da parcela); $\bar{Y}_{.j.}$ é a média do bloco; $b_1 = h_a^2$ é a herdabilidade no sentido restrito dentro de parcelas:

$$h_a^2 = \frac{(3/4)\sigma_a^2}{\sigma_a^2};$$

$b_2 = h_m^2$ é a herdabilidade no sentido restrito entre média de progênies:

$$h_m^2 = \frac{[(3+nb)/(4nb)]\sigma_a^2}{\sigma_p^2 + \frac{\sigma_e^2}{r} + \frac{\sigma_a^2}{n.r}};$$

$b_3 = h_p^2$ é a herdabilidade no sentido restrito de parcelas:

$$h_p^2 = \frac{[3/(4n)]\sigma_a^2}{\sigma_e^2 + \frac{\sigma_a^2}{n}}.$$

O tamanho efetivo populacional (N_e) foi estimado com base em Resende (2002):

$$N_e = (4.N_f \bar{k}_f) / [\bar{k}_f + 3 + (\sigma_{kf}^2 / \bar{k}_f)]$$

em que: \bar{k}_f é o número médio de indivíduos selecionados por progênie; σ_{kf}^2 é a variância do número de indivíduos selecionados por progênie; N_f é o número de progênies selecionadas. A diversidade genética (D) após a seleção foi quantificada conforme Wei e Lindgren (1996): $D = N_{ef} / N_{e0}$, em que $0 < D < 1$; N_{e0} é o número original de progênies, N_{ef} é o número efetivo de matrizes selecionadas, sendo dado por: $N_{ef} = (\sum k_f)^2 / \sum k_f^2$.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Parâmetros genéticos

Os experimentos apresentaram baixo percentual de mortalidade (< 5%), mostrando adaptação dos genótipos nas condições ambientais estudadas. O efeito de progênies foi significativo para todos os caracteres em todos os locais, indicando a existência de diferenças genéticas entre progênies e a possibilidade de obterem ganhos genéticos para os caracteres pela seleção entre progênies. O crescimento médio dos caracteres ALT, DAP e VOL nos locais 1, 2 e 4 (Anhembi, Avaré e Pratânia) foi maior do que do local 3 (Itararé) (Tabela 2).

Tabela 2. Estimativa dos parâmetros genéticos em progênies de *Eucalyptus grandis* aos 24 meses de idade.
Table 2. Estimate of genetic parameters in progenies of *Eucalyptus grandis* at 24 months of age.

| Caracteres | Local | Média | LTR | C^2_{parc} | $CV_{\text{gi}}\%$ | h^2_a | h^2_m |
|--|----------|-------|---------|---------------------|--------------------|-------------|---------|
| Altura (m) | Anhembi | 12,93 | 187,2** | 0,030 | 22,3 | 0,61 ± 0,07 | 0,82 |
| | Avaré | 11,85 | 301,1** | 0,006 | 17,5 | 0,45 ± 0,05 | 0,85 |
| | Itararé | 6,38 | 110,5** | 0,020 | 21,8 | 0,37 ± 0,05 | 0,73 |
| | Pratânia | 11,66 | 229,7** | 0,005 | 23,4 | 0,61 ± 0,07 | 0,84 |
| DAP (cm) | Anhembi | 8,81 | 162,0** | 0,005 | 26,2 | 0,42 ± 0,06 | 0,78 |
| | Avaré | 9,69 | 251,2** | 0,003 | 22,3 | 0,33 ± 0,04 | 0,80 |
| | Itararé | 7,00 | 171,1** | 0,004 | 26,3 | 0,44 ± 0,06 | 0,78 |
| | Pratânia | 9,63 | 188,5** | 0,003 | 27,8 | 0,45 ± 0,06 | 0,79 |
| VOL (m ³ ha ⁻¹) | Anhembi | 0,05 | 139,7** | 0,006 | 50,6 | 0,40 ± 0,05 | 0,76 |
| | Avaré | 0,05 | 236,8** | 0,003 | 41,4 | 0,32 ± 0,04 | 0,79 |
| | Itararé | 0,02 | 103,8** | 0,006 | 54,4 | 0,30 ± 0,05 | 0,70 |
| | Pratânia | 0,05 | 198,1** | 0,004 | 57,0 | 0,50 ± 0,06 | 0,81 |

LTR: Teste da razão de verossimilhança (**significativo a 1%, com 0,5 graus de liberdade); C^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos ambientais entre parcelas; $CV_{\text{gi}}\%$: coeficiente de variação genética individual; h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito; h^2_m : herdabilidade média entre progênies

O crescimento das progênies nas diferentes condições edafoclimáticas estudadas indica o potencial dos genótipos estudados para a seleção, cuja seleção dos melhores indivíduos irá proporcionar ganhos com a seleção e maior produtividade em VOL, do que a média populacional atual.

Para todos os caracteres analisadas o parâmetro C^2_{parc} (coeficiente de determinação dos efeitos ambientais entre parcelas) apresentou valores baixos, ou seja, baixa variação ambiental entre parcelas em todos locais. O C^2_{parc} quantifica a variabilidade das parcelas dentro dos blocos, sendo que estimativas até 10% não chegam a interferir na estimativa dos parâmetros genéticos (RESENDE, 2002).

O coeficiente de variação genética aditiva individual ($CV_{\text{gi}}(\%)$) mostrou a existência de variabilidade genética na população de melhoramento, com mínimo valor de 17,5% para ALT em Avaré. Quanto maior o valor de $CV_{\text{gi}}(\%)$, maior as chances de se encontrar indivíduos superiores, ou com maiores valores para os caracteres. De modo que em estudo a população de melhoramento tem alto potencial para a seleção.

As estimativas de herdabilidade individual (h^2_a) variaram de medianas e altas para ALT, DAP e VOL. A herdabilidade dentro de parcelas (h^2_d) foi um pouco inferior a h^2_a , indicando menor controle genético nos caracteres dentro das parcelas do que em nível do experimento. Estimativas de herdabilidade, segundo Resende (1995), entre 0,01 a 0,15 são baixas, entre 0,15 a 0,50 são medianas e acima de 0,50 são altas. Para o caractere ALT, os locais com maior h^2_a foram 1 e 4 (Anhembi e Pratânia). Para DAP e VOL os maiores valores foram encontrado para o local 4. A h^2_a para ALT foi mediana em Avaré e Itararé

(mínimo de 37%) e alta em Anhembi e Pratânia (61%), mediana para o DAP (variando entre locais de 33 a 45%) e mediana para o VOL (variando entre locais de 30 a 50%), o que indica um bom controle genético dos caracteres para a seleção massal nos experimentos. O coeficiente de herdabilidade em nível de média de progênies (h^2_m) foi alto para todos os caracteres (mínimo de 70%), indicando forte controle genético nos caracteres em todos os locais e em concordância com o coeficiente de variabilidade genética individual, mostra que a população tem alto potencial para a seleção entre progênies. Esta estimativa obtida para h^2_m corrobora com outros estudos com a *E. grandis* (MARTINS et al., 2001); *E. urophylla* (ROSADO et al., 2009); *E. pellita* (ZANATA et al., 2010) e *E. camaldulensis* (PAULA et al., 2002), indicando que a seleção entre progênies deve ser mais eficiente do que a seleção massal no experimento. Contudo, é importante ressaltar que estas estimativas foram estimadas assumindo que as plantas dentro das progênies são todas aparentadas (meio irmã), o que possivelmente não é verdade devida à possibilidade de durante a reprodução por polinização aberta terem ocorrido autofecundações, cruzamentos entre parentes e cruzamentos correlacionados, resultando em endogamia e misturas de parentescos como meios-irmãos, irmãos-completos, irmãos de autofecundação e irmãos de cruzamento e de autofecundação. Logo os valores estimados de herdabilidade podem estar superestimados, Berti et al., (2011) encontrou super-estimativas na herdabilidade variando entre progênies de *E. cloeziana* de 40,4 a 64,3%. O ideal seria corrigir a variância genética aditiva para o coeficiente de parentesco real den-

tro de progênies utilizando dados do sistema de reprodução, estimados com base em dados de marcadores genéticos (SEBBENN, 2006).

A significância dos efeitos genéticos aditivos e dos efeitos da interação, envolvendo os quatro testes de progênies foi avaliada pela análise de LTR, que foi significativa para as progênies para todos os caracteres, indicando existência de variabilidade genética entre progênies e possibilidade de ganhos com a seleção. Os efeitos de parcela foram significativos para todos os caracteres, mostrando heterogeneidade entre os blocos. Os efeitos da interação genótipos x ambientes foram significativos indicando existência de diferenças significativas entre os genótipos dentro de cada ambiente (Tabela 3).

Tabela 3. Análise de Teste da razão de verossimilhança (LTR) para os caracteres quantitativos em progênies de *Eucalyptus grandis*, para os quatros locais aos 24 meses de idade.

Table 3. Analysis of the likelihood ratio test (LRT) for quantitative traits in progenies of *Eucalyptus grandis* in four sites at 24 months of age.

| Fonte de Variação | LTR | | |
|-------------------|----------|--------------------|--------------------|
| | ALT | DAP | VOL |
| Progênies | 330,33** | 399,83** | 244,84** |
| Parcela | 5,71* | 0,45 ^{ns} | 0,26 ^{ns} |
| Prog x Loc | 86,71** | 14,68** | 92,68** |

Qui-quadrado tabelado: 3,84(*) e 6,63(**) para os níveis de significância de 5% e 1%

De acordo com a classificação de Resende (2002), que considera valores do coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas (C_{parc}^2) menores do 0,1 (10%) como baixos, concluiu-se que o (C_{parc}^2) foi de baixa magnitude para todos os caracteres avaliados e em todos os locais. Isso indica baixa variação ambiental entre as parcelas e que as estimativas dos parâmetros genéticos é confiável (RESENDE, 2002). Assim, pode-se inferir que o delineamento foi eficiente e a capacidade de teste adequada (STURION; RESENDE, 2005). A acurácia para ALT, DAP e

VOL foi acima de 0,9% em todos os locais, indicando maior precisão da seleção e maior ganho genético (Tabela 4).

O coeficiente de determinação da interação genótipos x ambientes (C_{int}^2) para os caracteres ALT, DAP e VOL não foi significativo, apresentando pequena variação. O resultado conduziu valor de correlação genotípica (r_{gloc}) acima de 0,80 para ALT e DAP e 0,66 para VOL alta correlação genética, indicando que a interação não é de natureza complexa, ou seja, a posição relativa dos genótipos não é alterada (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). A interação simples ocorre quando os genótipos apresentam diferentes comportamentos nos diferentes tipos de ambiente, mas a classificação da produtividade dos genótipos não altera entre os ambientes (MORAIS et al., 2010).

O coeficiente de herdabilidade em nível de médias de progênies (h_m^2) foi alto, acima de 0,90 para os caracteres ALT e DAP, indicando que grande parte da variação fenotípica total e média entre progênies é de origem genética, portanto, o controle genético dos caracteres é alto ao nível de médias de progênies e existe grande possibilidade de alterar a média populacional pela seleção de progênies.

De acordo com esses resultados, pode-se afirmar que existem diferenças entre os ambientes e que os genótipos não apresentam o mesmo padrão de comportamento em todos os ambientes avaliados. De modo geral, estes resultados indicam que existem diferenças genéticas entre as progênies e, portanto, existe a possibilidade de melhoramento genético da população a partir da seleção entre progênies em cada um dos locais.

Fixando o número de plantas selecionas pelo IME nos quatro locais em 330, mas com número variável de progênies entre locais (variando de 61 a 101) e entre plantas dentro de progênies, observou-se grande variação no número de indivíduos selecionados entre locais (σ_{Kf}^2 va-

Tabela 4. Estimativa de parâmetros genéticos para os quatro testes de progênies de *Eucalyptus grandis* aos 24 meses de idade.

Table 4. Estimate of genetic parameters for the four progeny tests of *Eucalyptus grandis* at 24 months of age.

| Parâmetros Genéticos | ALT (m) | DAP (cm) | VOL (m ³ ha ⁻¹) |
|---|------------|-------------|---|
| Herdabilidade individual no sentido restrito: h_a^2 | 0,13 | 0,11 | 0,09 |
| Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela: C_{parc}^2 | 0,01 | 0,003 | 0,004 |
| Coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes: C_i^2 | 0,0317 | 0,009 | 0,0285 |
| Herdabilidade média entre progênies: h_m^2 | 0,89 | 0,91 | 0,85 |
| Acurácia da seleção de progênies: r_{aa} | 0,94 | 0,95 | 0,92 |
| Correlação genotípica entre o desempenho das progênies nos vários ambientes: r_{gloc} | 0,81 | 0,92 | 0,76 |
| Coeficiente de variação genotípica entre progênies: CV_{gi} (%) | 9,67 | 12,26 | 22,45 |
| Coeficiente de variação residual; Média geral do experimento: CV_e (%) | 10,23 | 14,12 | 29,00 |
| Média | 10,83 | 8,89 | 0,05 |

riando de 7,48 a 31,41), no tamanho efetivo (N_e variando de 92 a 154), diversidade genética (D variando de 0,18 a 0,37) e nos ganhos preditos na seleção (Gs% variando de 23,5 a 34,9%) das populações selecionadas (Tabela 5). Isso se deve ao fato de que diferentes progênies foram em geral selecionadas entre os locais, indicando que algumas progênies contribuem com mais indivíduos do que outras, afetando diretamente o tamanho efetivo das populações selecionadas.

Os parâmetros N_e e D foram maiores quando a $\sigma_{K_f}^2$ foi menor. Isso mostra que o balanceamento no número médio de indivíduos selecionados por progênies, eleva o tamanho efetivo e mantém maior diversidade genética nas populações selecionadas. Itararé apresentou maior Gs% na seleção com N_f 101, consequentemente levando a maior diversidade genética (0,37). Segundo Moraes (2001), com a seleção dos melhores indivíduos pelo IME, delimitando valor máximo de indivíduos selecionados por progênie (K_f), consegue-se aumento no número de progênies selecionadas, manter um tamanho efetivo populacional adequado e reter diversidade genética. Avaré apresentou menor número de progênies selecionadas, resultando no menor tamanho efetivo (92) e diversidade genética (0,18). Dessa forma, a apresentação genética após a seleção seria maior em Itararé e muito pequena em Avaré, restringindo de forma considerável a base genética nesse local.

A utilização de altas intensidades de seleção é uma estratégia arriscada em um programa de melhoramento genético. Uma seleção de indivíduos intensa para um caráter de alta herdabilidade deve ser vista com cautela, pois essa prática poderá levar a eliminação ou perda precoce de alelos responsáveis por outros caracteres (KAGEYAMA; VENCOVSKY, 1983), a perda de alelos favoráveis pode ocorrer devido à deriva genética associada aos processos seletivos (PEREIRA; VENCOVSKY, 1988). A redução

no tamanho efetivo da população pode levar à endogamia e perda de vigor (ODA et al., 1989).

CONCLUSÕES

Os parâmetros genéticos estimados para a população de *Eucalyptus grandis* indicam condições favoráveis à seleção que, em associação com o método de seleção, podem conduzir avanços genéticos consideráveis.

A seleção baseada no IME os ganhos são mais elevados, por conta da exploração dos efeitos de progênies, de parcela e de indivíduos dentro da parcela (RESENDE; HIGA, 1994). Seria recomendável que para cada local seja feita uma seleção diferente, pois além de proporcionar eficiência no ganho genético, mantém uma alta diversidade genética na população referencial, ou seja, condições ideais para o melhoramento genético. A diversidade genética e o tamanho efetivo baixo são fatores inviáveis, considerando que os testes de progênies estudados devam reter níveis adequados de variabilidade genética para serem transformados no futuro em pomares de sementes por mudas.

AGRADECIMENTOS

A Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) pela concessão da bolsa de mestrado para o primeiro autor. As empresas florestais e ao Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais pelo estabelecimento dos experimentos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BERTI, C. L. F.; FREITAS, M. L. M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAIS, E.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Variação genética, herdabilidades e ganhos na seleção para caracteres de crescimento e forma em teste de progênies de polinização aberta de *Eucalyptus cloeziana*. *Revista Instituto Florestal*, São Paulo, v. 23, n. 1, p. 13-26, 2011.

Tabela 5. Seleção de progênies de *Eucalyptus grandis* para DAP aos 24 meses de idade, em quatro locais, utilizando o índice de multi-efeitos (IME).

Table 5. Selection of *Eucalyptus grandis* progenies for DBH at 24 months of age in four sites, using the multi-effects index (IME).

| IME - K_f : variável entre locais | | | | |
|---|---------|-------|---------|----------|
| Parâmetros | Anhembí | Avaré | Itararé | Pratânia |
| Número total de indivíduos selecionados: N | 330 | 330 | 330 | 330 |
| Número de progênies selecionadas: N_f | 94 | 61 | 101 | 75 |
| Variância do número de indivíduos selecionados por progênie: $\sigma_{K_f}^2$ | 13,22 | 31,51 | 7,47 | 21,70 |
| Tamanho efetivo: N_e | 128 | 92 | 154 | 107 |
| Diversidade genética: D | 0,29 | 0,18 | 0,37 | 0,23 |
| Efeito genético aditivo do índice multi-efeito: IME(a) | 2,13 | 1,95 | 1,85 | 2,54 |
| Ganho na seleção em percentagem: Gs (%) | 28,8 | 23,5 | 34,9 | 31,6 |

- EMBRAPA – EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Manual de métodos de análise de solo**. 2 ed. Rio de Janeiro, 1999. 212 p.
- KAGEYAMA, P. Y.; VENCOSKY, R. Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden. IPEF, Piracicaba, v. 24, p. 9-26, 1983.
- MARTINS, I. S.; MARTINS, R. C. C.; CORREIA, H. S. Comparação entre seleção combinada e seleção direta em *Eucalyptus grandis*, sob diferentes intensidades de seleção. **Floresta e Ambiente**, Seropédica, v. 8, n. 1, p. 36-43, 2001.
- MORAES, M. L. T. **Variação genética e aplicação da análise multivariada em progênies de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* Barret e Golfari**. 2001. 124 p. Tese (Livre Docência). Faculdade de Engenharia. Universidade Estadual Paulista. Ilha Solteira, 2001.
- MORAIS, E.; ZANATTO, A. C. S.; FREITAS, M. L. M.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Variação genética, interação genótipo solo e ganhos na seleção em teste de progênies de *Corymbia citriodora* Hook em Luiz Antonio, São Paulo. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 38, n. 85, p. 11-18, 2010.
- ODA, S.; MENCK, A. L. M.; VENCOSKY, R. Problemas no melhoramento genético clássico do Eucalipto em função da alta intensidade de seleção. IPEF, Piracicaba, n. 41/42, p. 8-17, 1989.
- PAIVA, J. R.; RESENDE, M. D. V.; CORDEIRO, E. R. Índice multi-efeitos (BLUP) e estimativas de parâmetros genéticos aplicados ao melhoramento da acerola. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 6, p. 799-807, 2002.
- PAULA, R. C.; PIRES, I. E.; BORGES, R. C. G.; CRUZ, C. C. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 2, p. 159-165, 2002.
- PEREIRA, M. B.; VENCOSKY, R. Limites da seleção recorrente: 1- fatores que afetam o acréscimo das frequências alélicas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 23, n. 7, p. 769-780, 1988.
- RESENDE, M. D. V. Delineamento de experimentos de seleção para maximização da acurácia seletiva e do progresso genético. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 19, n. 4, p. 479-500, 1995.
- 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**, 2007. 359 p.
- RESENDE, M. D. V.; FERNANDES, J. S. C. Procedimento BLUP individual para delineamentos experimentais aplicados ao melhoramento florestal. **Revista de Matemática e Estatística**, Marília, v. 17, p. 87-109, 1999.
- RESENDE, M. D. V.; HIGA, A. R. Estimção de valores genéticos no melhoramento de *Eucalyptos*: seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e seus parentes. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 28/29, p. 11-36, 1994.
- ROSADO, A. M.; ROSADO, T. B.; ALVES, A. L.; LAVIOLA, B. G.; BHERING, L. L. **Seleção simultânea, de clones de *Eucalyptus*, para produção, estabilidade e adaptabilidade por meio de modelos mistos**. s.i., 2009.
- SEBBENN, A. M. Sistemas de reprodução em espécies arbóreas 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. 93-138.
- STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V. Seleção de progênies de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.) para produtividade, estabilidade e adaptabilidade temporal de massa foliar. **Boletim de pesquisa florestal**, Colombo, n. 50, p. 37-51, 2005.
- VENCOSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética. 1992. 416 p.
- ZANATA, M.; FREITAS, M. L. M.; SILVA, M. T.; MORAIS, E.; ZANATTO, A. C. S.; SEBBENN, A. M. Parâmetros genéticos e ganhos na seleção em teste de progênies de Polinização aberta de *Eucalyptus pellita*, em Batatais-SP. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 22, n. 2, p. 233-242, 2010.

Recebido em 26/05/2014

Aceito para publicação em 12/12/2014

