

## Desempenho silvicultural de progênies de *Eucalyptus grandis* em relação às árvores matrizes

*Eucalyptus grandis* progenies silvicultural  
performance in relation to the matrixes trees

<sup>1</sup>Glêison Augusto dos Santos, <sup>2</sup>Aloisio Xavier e <sup>3</sup>Cosme Damião Cruz

### Resumo

Objetivando avaliar a eficiência da seleção massal de 71 matrizes de *Eucalyptus grandis* e o desempenho dessas em teste de progênie, foram mensurados os caracteres *dap*, altura total (*Ht*), volume com casca ( $V_{CC}$ ), volume sem casca ( $V_{SC}$ ) e volume de casca ( $V_C$ ), bem como foram mensuradas as cinco árvores “codominantes” em um raio de 10 metros da matriz selecionada, para verificar a superioridade dessa matriz em relação aos seus pares. O desempenho silvicultural dessas matrizes foi realizado por meio da instalação de um teste de progênie no delineamento em blocos ao acaso, com oito repetições e parcela linear de seis plantas, em espaçamento de 3 x 2 metros. Com base nos resultados obtidos neste trabalho, pode-se concluir que a avaliação da superioridade em *dap* e *Ht* da árvore matriz em relação às árvores “codominantes” do local de seleção é um parâmetro importante para a escolha inicial de árvores matrizes. A análise multivariada demonstrou-se eficaz para a alocação das matrizes em grupos divergentes, bem como para a classificação de árvores matrizes selecionadas posteriormente dentro dos grupos pré-definidos pelo método de Tocher. Existe relação significativa entre os caracteres utilizados para a seleção inicial das árvores matrizes e o desempenho das progênies na avaliação final do teste. No entanto, a instalação do teste de progênies é imprescindível no processo de seleção, principalmente devido à existência da interação do genótipo com os efeitos ambientais.

**Palavras-chave:** Melhoramento florestal, Teste de progênie, Análise multivariada

### Abstract

Having as an objective the *Eucalyptus grandis* 71 matrixes initial efficiency evaluation and their performance in the progeny test, the diameter (*dap*) traits, total height (*Ht*), volume with the bark, ( $V_{CC}$ ), without the bark ( $V_{SC}$ ) and the bark volume ( $V_C$ ) were measured as well as the five “co-dominant” trees in a 10 meter range from the selected matrix, to evaluate this matrix superiority in relation to their pairs. These matrixes silvicultural performance was carried out through the progeny tests installation in the delineation in blocks at random, with eight repetitions in six plants linear parcels, in a 3 x 2 m spacing. Based on the evaluations carried out in this study, it could be concluded that the superiority in the matrix tree *Ht* in relation to the selected site “codominant” trees is an important parameter for the matrix trees initial choosing. The multivariate analyzes proved to be efficient for the matrix placing in diverging groups, as well as for the afterwards selected matrix trees classification, within the groups pre-defined by the Tocher method. There is a significant relation between the traits used for the matrix trees initial selection and the progeny performance in the final test evaluation. However, the progeny test installation is vital in the selection process, especially due to the genotype interaction with the environmental effects.

**Keywords:** Forest improvement, Progeny test, Multivariate analyzes

### INTRODUÇÃO

Um dos maiores avanços genéticos no melhoramento de plantas, de que se tem conhecimento foi obtido no Brasil, com a seleção massal, seguida da propagação vegetativa de indivíduos superiores de diferentes espécies de *Eucalyptus* (GONÇALVES *et al.*, 2001). Esses avanços ocorreram principalmente devido à seleção intensiva de árvores fenotipi-

camente superiores, justificada pela existência de uma ampla variabilidade genética nas populações implantadas a partir de sementes.

Geralmente na primeira etapa de seleção é fácil identificar os indivíduos superiores, em uma população que apresenta diversidade genética. Porém, após a primeira amostragem dessa população, numa próxima etapa de seleção, torna-se mais difícil identificar árvores superiores

<sup>1</sup>Mestre em Ciências Florestais - Klabin S/A - Pesquisa Florestal - Lagoa - Fazenda Monte Alegre - Telâmaco Borba, PR - 84179-000 - E-mail: [gadsantos@klabin.com.br](mailto:gadsantos@klabin.com.br)

<sup>2</sup>Professor Adjunto do Departamento de Engenharia Florestal - Universidade Federal de Viçosa - Viçosa, MG - 36570-000 - E-mail: [xavier@ufv.br](mailto:xavier@ufv.br)

<sup>3</sup>Professor Titular do Departamento de Biologia Geral - Universidade Federal de Viçosa - Viçosa, MG - 36570-000 - E-mail: [cdacruz@ufv.br](mailto:cdacruz@ufv.br)

àquelas selecionadas anteriormente (COMSTOCK, 1964; STEEL *et al.*, 1997; GONÇALVES *et al.*, 2001; ANDRADE, 2002).

Dessa forma, para que seja possível selecionar indivíduos superiores nas próximas etapas de seleção há necessidade da condução de programas de melhoramento intra ou interpopulacionais, capazes de ampliar as chances de gerar novas combinações genotipicamente superiores, bem como se torna igualmente importante o desenvolvimento de metodologias que aumentem a eficiência no processo seletivo (ASSIS, 1996; GONÇALVES *et al.* 2001; ANDRADE, 2002).

Assim, existe atualmente a tendência de selecionar árvores matrizes para clonagem em teste de progênies, aproveitando os avanços alcançados pelos programas de melhoramento que estão sendo avaliados, assim como, essas árvores selecionadas são utilizadas na implantação de pomares de sementes clonais da próxima geração.

Um questionamento que surge quando da instalação do teste de progênies é sobre o número de árvores matrizes que devem ser testadas (PATIÑO-VALERA, 1986; XAVIER, 1996). Em espécies florestais, a etapa de avaliação geralmente é a mais onerosa e demorada representando um custo considerável no processo de avaliação de materiais genéticos (SILVA, 2001; ANDRADE, 2002).

Porém, em contraste à necessidade de redução de custos nessa fase, geralmente a avaliação de maior número de materiais genéticos aumenta a probabilidade de encontrar um genótipo que se adapte a determinada condição específica. Dessa forma torna-se necessário maior acurácia na seleção inicial das árvores matrizes que irão compor o teste de progênies, aumentando o aproveitamento dos materiais genéticos testados.

Contudo, a seleção inicial das matrizes vem sendo realizada através da observação direta de

características dendrométricas (*dap*, *Ht* e volume) e de características fenotípicas desejáveis, como: a forma do fuste, o tipo de casca, o tamanho da copa, a espessura e persistência dos ramos, além da presença de pragas e doenças, o que não proporciona informações mais detalhadas sobre a possibilidade da árvore matriz selecionada ser uma das eleitas após a avaliação final do teste de progênies.

Neste sentido, o presente trabalho teve por objetivo abordar a utilização de técnicas de análise multivariada na seleção inicial de árvores matrizes de *Eucalyptus grandis* e avaliação do desempenho dessas matrizes após a avaliação final do teste de progênies.

## MATERIAL E MÉTODOS

### Material experimental

A presente pesquisa foi realizada na Inpacel Agroflorestal, empresa pertencente ao Grupo International Paper, no município de Arapoti, Paraná (Latitude: 24° 08' 29"S; Longitude: 49° 49' 45" W; Altitude 800 metros).

Foram utilizadas 71 árvores matrizes selecionadas em uma população de *Eucalyptus grandis*, plantadas no espaçamento de 3 x 2 metros, em um latossolo vermelho escuro. Essas matrizes foram plantadas entre 1984 e 1986 e a coleta de sementes nas matrizes selecionadas ocorreu entre 1992 e 1993, conforme apresentado na Tabela 1.

O desempenho dessas matrizes foi avaliado por meio da instalação de um teste de progênies no delineamento de blocos ao acaso, com oito repetições e parcelas lineares de seis plantas, em espaçamento de 3 x 2 metros. Utilizou-se uma fertilização inicial de NPK 5-30-10 na dosagem de 300 kg/ha na linha de plantio.

**Tabela 1.** Caracterização das árvores matrizes de *Eucalyptus grandis*, selecionadas no município de Arapoti, PR. (Characterization of the main trees of *Eucalyptus grandis*, selected in the municipal district of Arapoti, PR).

Ano de Plantio	Época de Seleção	Área talhão (ha)	Nº de matrizes selecionadas/talhão	Média das árvores selecionadas		Média do talhão	
				dap (cm)	Ht(m)	dap (cm)	Ht (m)
84	set/92	18,0	11 (1 2 3 4 6 7 8 9 10 12 13)	30,0	36,9	15,0	24,4
84	out/92	27,1	2 (14 e 15)	26,4	35,2	15,0	25,2
84	out/92	31,6	2 (16 e 22)	24,4	32,8	15,5	25,3
86	nov/92	29,8	17 (25 26 28 29 30 34 36 38 40 42 43 44 45 46 48 49 50)	26,4	32,3	15,5	26,0
86	jun/93	37,1	17 (52 54 57 58 60 63 66 67 68 73 74 75 76 77 78 79 80)	28,4	34,1	15,0	24,6
87	jun/93	28,8	8 (82 83 84 85 92 93 94 95)	30,8	33,6	14,6	22,5
86	jul/93	32,0	14 (99 100 102 105 107 109 112 115 116 118 119 120 122 123)	32,9	38,5	15,0	24,0

## Metodologia experimental

### Características avaliadas – árvores selecionadas

Para a seleção dessas matrizes foram utilizadas as características dendrométricas: diâmetro à altura do peito ( $dap$ ), altura total ( $Ht$ ), volume com casca ( $V_{CC}$ ), volume sem casca ( $V_{SC}$ ) e volume de casca ( $V_C$ ). Utilizou-se também, a avaliação das características fenotípicas: forma do fuste, espessura dos ramos, persistência dos ramos (desrama natural), tamanho da copa, tipo de casca e avaliação quanto à presença de pragas e doenças.

Para verificar a superioridade da matriz selecionada em relação aos seus pares, em um raio de 10 m da árvore alvo da seleção, foram avaliadas as mesmas características dendrométricas em outras cinco árvores “codominantes” na área. Dessa forma, foram calculadas as superioridades em diâmetro à altura do peito ( $Sup_{dap}$ ), em altura ( $Sup_{Ht}$ ), em volume com casca ( $Sup_{V_{CC}}$ ), em volume sem casca ( $Sup_{V_{SC}}$ ) e em volume de casca ( $Sup_{V_C}$ ), conforme apresentado abaixo:

$$Sup. (\%) = 100[(C_j/C_p) - 1]$$

CS: Característica silvicultural da árvore selecionada;

CE: Média das características dendrométricas das cinco árvores “codominantes”.

O  $dap$  foi mensurado com o auxílio de uma fita diamétrica e a  $Ht$  foi obtida com o uso do relascópio. O  $V_{CC}$  e o  $V_{SC}$  foram calculados através da equação de múltiplos volumes de Leite *et al.* (1995), utilizada pela empresa para mensuração de seus povoamentos de *Eucalyptus grandis*, conforme apresentado abaixo:

$$V = 0,000048dap^{1,720483}Ht^{1,180736}e^{(-3,00555)(tx/dap)}\{1 - (d/dap)^{1+0,228531d}\}$$

em que:  $dap$  - diâmetro a 1,3 m de altura;  $Ht$  - altura total;  $tx = 0$ , para volume com casca e 1 para volume sem casca;  $d$ : diâmetro comercial superior.

O volume de casca ( $V_C$ ) foi calculado pela diferença entre o  $V_{CC}$  e o  $V_{SC}$ .

### Análise multivariada – árvores selecionadas

As matrizes selecionadas foram agrupadas pelo método de Tocher, tendo como base à distância euclidiana média, conforme descrito em Cruz e Regazzi, (1997) e Valentin (2000).

Para a confirmação do agrupamento e para obter as informações em nível de indivíduos realizou-se a dispersão dos escores das variáveis em eixos cartesianos, estabelecidos por componentes principais, conforme metodologia descrita em Valentin (2000).

Para verificar a importância relativa das características utilizadas para a formação dos grupos, foi utilizado o método proposto por Singh (1981), citado por Cruz e Carneiro (2003).

### Análise discriminante – Árvores selecionadas

Para estimar a probabilidade de árvores classificadas corretamente dentro dos diferentes grupos formados pelo método de Tocher e para estabelecer equações de discriminante que permitam classificar árvores matrizes selecionadas posteriormente dentro dos grupos pré-definidos pelo método de Tocher, foi utilizada a análise discriminante proposta por Anderson (1958). Segundo Cruz e Carneiro (2003) considerando, por exemplo, apenas duas populações, ter-se-ia:

$\pi_1$  e  $\pi_2$  populações 1 e 2, respectivamente.

$\mu_1$  e  $\mu_2$  vetor de médias dos  $p$  caracteres avaliados em  $\pi_1$  e  $\pi_2$ , respectivamente.

$\omega_1$  e  $\omega_2$  matriz de covariâncias entre os caracteres avaliados em  $\pi_1$  e  $\pi_2$ , respectivamente.

$\rho_1$  e  $\rho_2$  probabilidades, a priori, de os indivíduos pertencerem a  $\pi_1$  e  $\pi_2$ , respectivamente.

$X$ : vetor de variáveis representativas dos caracteres envolvidos na análise.

Classifica-se o  $i$ -ésimo material genético com vetor de média  $X_i$  na população  $\pi_i$  se, e somente se,  $D_j(X_i)$  for o maior entre os elementos do conjunto  $\{D_1(X_i), D_2(X_i)\}$ . Utilizando-se as funções discriminantes e os dados das próprias populações,  $\pi_1$  e  $\pi_2$ , ainda é possível estimar a taxa de erro aparente que mede a eficiência da função discriminante em classificar os genótipos, corretamente, nas populações previamente estabelecidas.

### Avaliações do teste de progênies

Aos seis anos de idade do teste de progênies foram mensurados o  $dap$  e a  $Ht$  de todas as plantas da parcela, com o auxílio de uma fita diamétrica e do relascópio. O  $V_{CC}$  foi calculado através da equação de múltiplos volumes de Leite *et al.* (1995), conforme descrito acima.

Em plantas perenes, a seleção propriamente dita deve basear-se nos valores genéticos aditivos (quando o interesse é a propagação sexuada dos indivíduos selecionados), para tanto, com o objetivo de selecionar entre as 71 progênies as 20 melhores foi utilizado o procedimento REML/BLUP como relatado por Resende e Higa (1994), utilizando o software SELEGEN (RESENDE *et al.*, 1994).

### Árvore selecionada x desempenho genético das progênies

Para verificar o efeito dos caracteres utilizados para formação dos grupos sobre o valor ge-

nético aditivo para VCC previsto pela metodologia REML/BLUP após a avaliação do teste de progênie, as mesmas foram dispo-  
tas em um ranking de classificação e também foi realizada a análise de trilha.

## RESULTADOS E DISCUSSÕES

### Análise multivariada – árvores selecionadas

A análise de agrupamento foi realizada com base no *dap*,  $Sup_{dap}$ , *Ht* e na  $Sup_{Ht}$ , uma vez que, a variável volume apresenta forte correlação com os caracteres *dap* e *Ht* para a aplicação da análise de agrupamento (GARCIA, 1998). Após o agrupamento formaram-se seis grupos distintos, indicando a existência de variabilidade entre as progênies selecionadas (Tabela 2).

Essa variabilidade entre progênies pode ser indicativo de perspectivas de ganho genético pela condução dessa população em gerações avançadas de melhoramento (XAVIER, 1996). Neste contexto, a separação em grupos divergentes pode orientar a distribuição espacial das mesmas no delineamento utilizado para a instalação do teste de progênies.

Após a avaliação final, o teste de progênies pode ser desbastado e transformado em pomar de sementes por mudas para a produção comercial de sementes melhoradas (ASSIS, 1996). Dessa forma, a informação prévia que possibilite a alocação espacial das progênies na área de teste pode evitar problemas relacionados à endogamia provocada por cruzamentos entre indivíduos aparentados. Cruz (1990) relata que não

é recomendável o cruzamento entre matrizes de um mesmo grupo, para que a variabilidade, indispensável em qualquer programa de melhoramento, não seja restrita de modo a inviabilizar os ganhos a serem obtidos.

Em relação à análise de componentes principais, verifica-se que os dois primeiros componentes explicam 79,79% da variância total dos caracteres avaliados (Tabela 3). Segundo Cruz e Regazzi (1997), o estudo da diversidade genética por meio da dispersão gráfica dos escores gerados pelos componentes principais, em espaço bidimensional, é aceitável quando a variância dos dois primeiros componentes, explica aproximadamente 80% da variância total. Dessa forma optou-se por apresentar a dispersão dos escores gerados num gráfico com os dois primeiros componentes.

A dispersão gráfica dos escores dos dois primeiros componentes principais indica boa relação entre os grupos formados pelo método de Tocher (Tabela 2) e a dispersão dos escores no plano bidimensional (Figura 1).

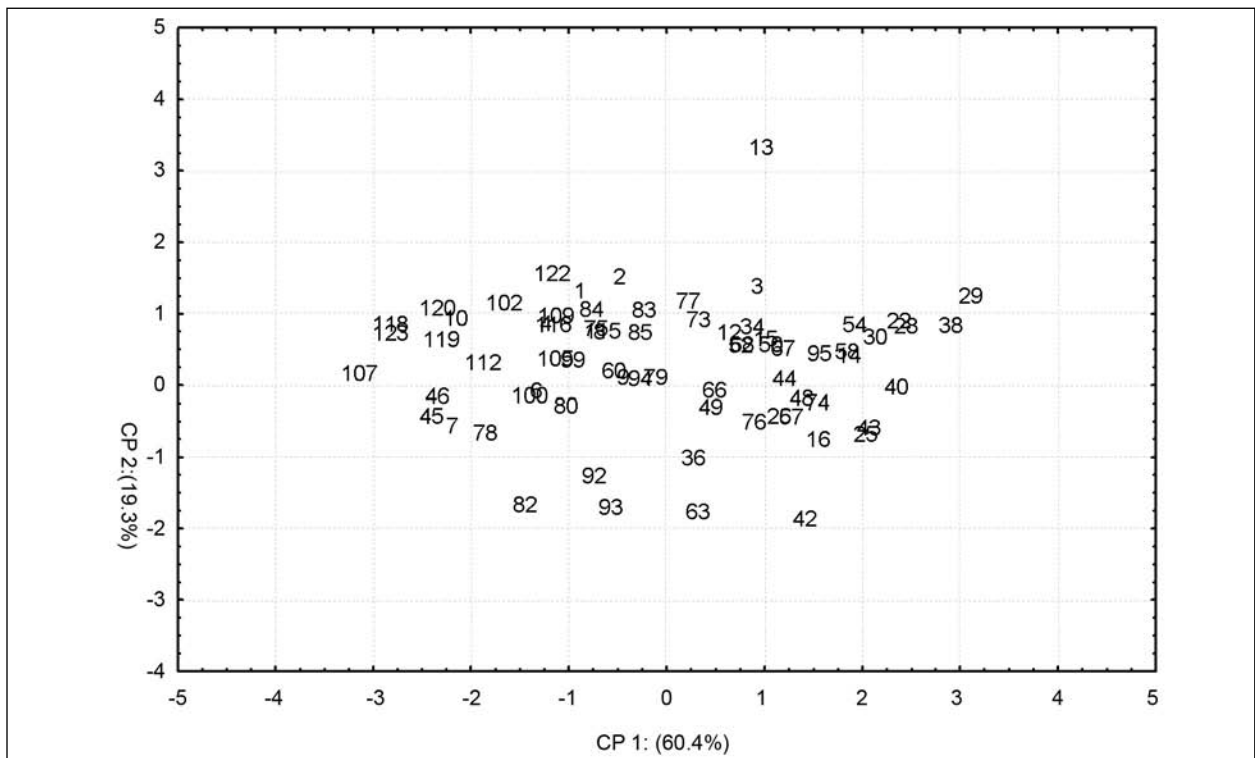
No que tange às matrizes mais divergentes pela análise visual, ressaltam-se as distâncias entre as matrizes 13 (grupo VI), 29 (Grupo II), 63 (grupo III) e 107 (grupo IV), devendo ser estas as progênies consideradas para cruzamentos, visando aumentar o efeito da heterose em programas de cruzamento controlado ou de polinização livre. Ressalta-se que esses materiais genéticos devem ainda, ser avaliados em testes de progênies e apresentarem valor genético satisfatório para serem alvo da seleção.

**Tabela 2.** Agrupamento de 71 progênies de *Eucalyptus grandis*, tendo como base nos caracteres *dap*, *Ht*,  $Sup_{dap}$  e  $Sup_{Ht}$ , utilizando a distância euclidiana média e o método de otimização de Tocher. (Grouping of 71 progenies of *Eucalyptus grandis*, tends as base to the traits *dap*, *Ht*,  $Sup_{dap}$  and  $Sup_{Ht}$ , using the distance medium euclidiana and the Tocher method).

Grupo	Nº de Matrizes	Nº das matrizes
I	38	1 2 4 6 8 9 10 12 34 36 49 50 52 60 66 67 68 73 75 77 78 79 80 83 84 85 94 95 99 102 105 109 112 115 116 119 120 122
II	21	3 14 15 16 22 25 26 28 29 30 38 40 43 44 48 54 57 58 74 76 95
III	5	42 63 82 92 93
IV	3	107 118 123
V	3	7 45 46
VI	1	13

**Tabela 3.** Estimativas das variâncias (autovalores) associados aos componentes principais e os respectivos coeficientes de ponderação (autovetores) dos caracteres avaliados na seleção das progênies de *Eucalyptus grandis*, na região de Arapoti, PR. (Estimates of the variances associated to the main components and the respective consideration coefficients of the appraised traits in the selection of the progenies of *Eucalyptus grandis*, in the area of Arapoti, PR).

Componente Principal	Variância (autovalor)	Variância Acumulada (%)	Coeficientes de Ponderação associados a:			
			<i>dap</i>	$Sup_{dap}$	<i>Ht</i>	$Sup_{Ht}$
CP1	2,4193	60,48	0,5910	0,4954	0,5120	0,3783
CP2	0,7723	79,79	-0,2790	0,0095	-0,3483	0,8949
CP3	0,6431	95,87	0,0229	0,7675	-0,5967	-0,2332
CP4	0,1651	100,00	-0,7566	0,4068	0,5103	-0,0415



**Figura 1.** Dispersão dos escores das 71 progênies de *Eucalyptus grandis*, selecionadas na região de Arapoti, PR, em relação aos dois primeiros componentes principais (CP1 e CP2). (Dispersion of the scores of the 71 progenies of *Eucalyptus grandis*, selected in the area of Arapoti, PR, in relation to the first two main components (CP1 and CP2)).

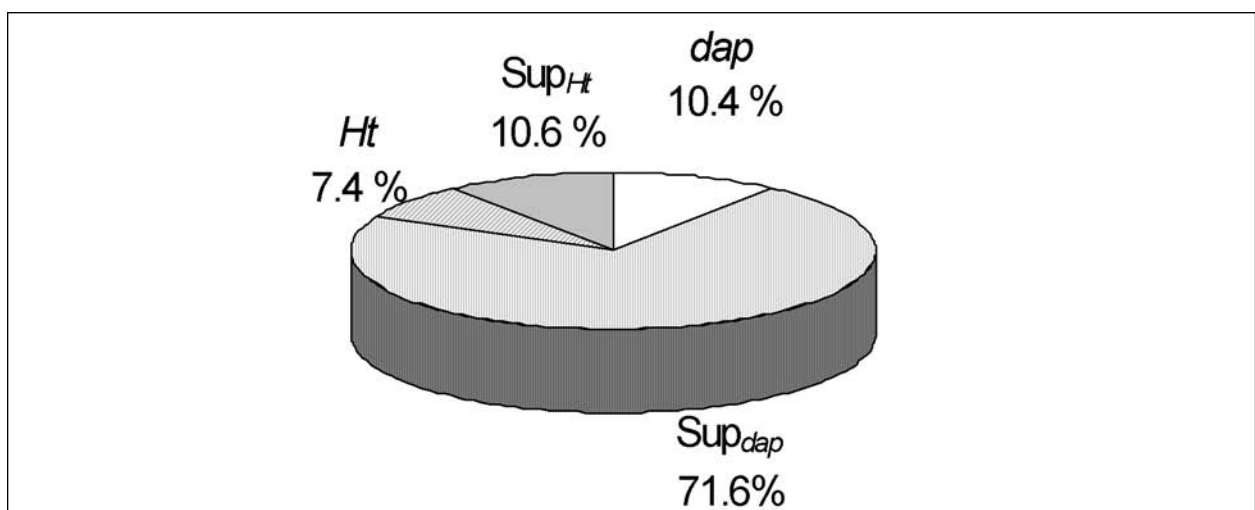
Na Figura 2, observa-se a importância relativa dos caracteres avaliados para a separação dos grupos. O caractere que mais contribuiu para a separação foi a  $Sup_{dap}$ , evidenciando-se a importância da obtenção de uma estimativa da superioridade das progênies selecionadas em relação aos seus pares, para a sua separação em grupos divergentes.

Na Figura 3, observam-se os dados das variáveis utilizadas para a separação dos grupos. No que tange ao  $dap$ , o grupo que obteve a maior média foi o IV (34,9 cm), para a  $Sup_{dap}$  o grupo V obteve a melhor performance com 40,5% de superioridade. Para o caractere  $Ht$  o grupo IV apresentou a maior média (40,1 m) e para  $Sup_{Ht}$

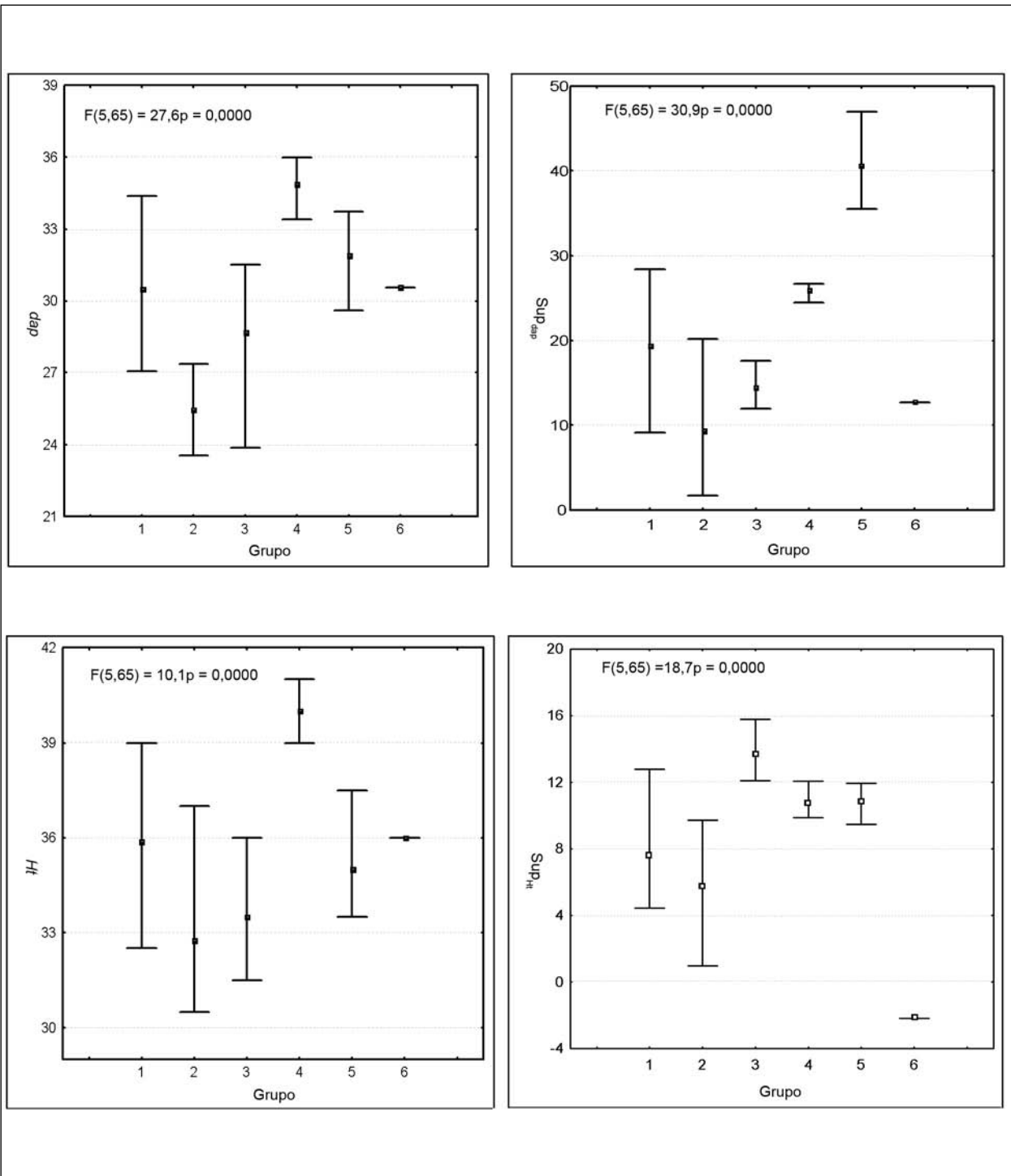
o grupo III apresentou 13,7% de superioridade.

Na análise de correlação de Pearson (Tabela 4), observa-se que existe tendência de árvores com maiores valores para  $dap$  apresentarem maior  $Sup_{dap}$  e maior  $Ht$ . Provavelmente isso ocorre por efeitos oriundos da competição entre os diferentes genótipos pelos recursos presentes na área.

Esta competição intergenotípica pode favorecer as plantas que apresentam um crescimento inicial mais rápido, particularmente, durante e após o fechamento de copas, tendendo a se perpetuar e se tornar cada vez mais expressivo (FRAMPTON e FOSTER, 1993).



**Figura 2.** Importância relativa dos caracteres para separação dos grupos utilizando-se como medida de dissimilaridade a distância euclidiana média e o método de agrupamento de Tocher. (Relative importance of the traits for separation of the groups being used as different measure the distance medium euclidiana and the Tocher method).



**Figura 3.** Média, mínimo e máximo dos caracteres ( $dap$ ,  $Sup_{dap}$ ,  $Ht$ ,  $Sup_{Ht}$ ) dos seis grupos formados pelo método de Tocher. (Average, minimum and maximum of the traits ( $dap$ ,  $Sup_{dap}$ ,  $Ht$ ,  $Sup_{Ht}$ ) of the six groups formed by the Tocher method).

**Tabela 4.** Correlação de Pearson entre os caracteres avaliados para a seleção das progênies ( $dap$ ,  $Sup_{dap}$ ,  $Ht$  e  $Sup_{Ht}$ ). (Correlation of Pearson among the appraised traits for the selection of the progenies ( $dap$ ,  $Sup_{dap}$ ,  $Ht$  and  $Sup_{Ht}$ )).

	$Sup_{dap}$	$Ht$	$Sup_{Ht}$
$dap$	0,67*	0,73*	0,35*
$Sup_{dap}$		0,35*	0,34*
$Ht$			0,31*

\* Significativo pelo teste de t a 5% de probabilidade.

\* Significant for the of t test to 5% of probability.

### Análise de discriminante

Com base na análise de discriminante observa-se que 83,1% das progênies foram corretamente classificadas dentro dos grupos (Tabela 5), indicando boa precisão da técnica de agrupamento utilizada, no caso o método de Tocher. Com isso, as funções discriminantes obtidas (Tabela 6), podem ser utilizadas para classificar novas árvores entre os grupos em futuras seleções de árvores matrizes.

**Tabela 5.** Número de casos e percentagens de classificação das árvores nos seis grupos obtidos pelo método de Tocher. (Number of cases and percentages of classification of the trees in the six groups obtained by the Tocher method).

Grupo	Nº de árvores/(%)	Grupo					
		I	II	III	IV	V	VI
I	38 100%	26 68,4%	4 10,5%	1 2,6%	7 18,5%		
II	21 100%		21 100%				
III	5 100%			5 100%			
IV	3 100%				3 100%		
V	3 100%					3 100%	
VI	1 100%						1 100%

Taxa de erro aparente = 16,9%

Segundo Malhotra (2001), o modelo de análise discriminante de Anderson (1958) envolve combinações lineares da forma:  $D = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + \beta_3 X_3 + \dots + \beta_k X_k$ , onde D é igual ao escore discriminante, b é o coeficiente ou peso discriminante e X representa a variável preditora ou independente. Sendo assim para classificar um novo indivíduo dentro de um dos grupos, deverão ser mensuradas as quatro variáveis ( $dap$ ,  $Sup_{dap}$ ,  $Ht$  e  $Sup_{Ht}$ ), substituindo-se os valores na função de discriminante referente a cada grupo e o grupo que obtiver o maior valor D, é o grupo que a nova árvore deverá ser alocada.

**Tabela 6.** Equações de discriminante para os grupos formados pelo método de Tocher. (Discriminant equations for the groups formed by the Tocher method).

Grupo	Equação
I	$D = 1,001dap - 0,456Sup_{dap} + 4,791Ht - 0,457Sup_{Ht} - 96,8$
II	$D = 0,581dap - 0,493Sup_{dap} + 4,763Ht - 0,457Sup_{Ht} - 83,6$
III	$D = 1,188dap - 0,615Sup_{dap} + 4,152Ht + 0,397Sup_{Ht} - 86,6$
IV	$D = 1,145dap - 0,466Sup_{dap} + 5,191Ht - 0,295Sup_{Ht} - 117,9$
V	$D = 0,345dap + 0,006Sup_{dap} + 4,676Ht - 0,290Sup_{Ht} - 87,7$
VI	$D = 1,462dap - 0,543Sup_{dap} + 4,903Ht - 1,538Sup_{Ht} - 110,6$

Assim, com a possibilidade de alocar novas árvores matrizes dentro dos diferentes grupos formados pelo método de Tocher, em futuras seleções iniciais de matrizes para testes de progênies, será possível ter um indicativo das afinidades genéticas entre as mesmas.

### Avaliações do teste de progênies

Considerando-se que um teste de progênie, após a eliminação dos indivíduos inferiores, pode se tornar uma fonte de coleta de sementes para plantios comerciais, efetuou-se uma seleção de 28,2% entre as famílias e de 12,5% dentro das famílias, adotando-se como unidade de recom-

inação apenas os indivíduos selecionados. Esse esquema seletivo deixaria o pomar de sementes por mudas com uma população aproximada de 160 árvores, onde estariam presentes 20 progênies selecionadas, conforme a Tabela 7.

**Tabela 7.** Famílias selecionadas, percentagem de famílias selecionadas por grupo formado pelo método de Tocher das 20 melhores progênies, eleitas pela metodologia REML/BLUP. (Selected families, percentage of families selected by group formed by the Tocher method of the 20 better progenies, chosen by the methodology REML/BLUP).

Grupo	Famílias selecionadas	Percentagem
I	34	28,9%
	36	
	49	
	50	
	67	
	73	
	102	
	105	
	116	
	120	
II	122	23,8%
	16	
	30	
	40	
	44	
III	58	60,0%
	63	
	82	
IV	93	33,3%
	107	

Constata-se que a maior percentagem de progênies selecionadas, dentro dos diferentes grupos, de acordo com o seu valor genético aditivo pertenceram ao grupo III, enquanto que as progênies dos grupos V e VI não foram selecionadas.

A análise da seleção dessas progênies, levando-se em conta o grupo a que pertencem, como comentado, torna-se bastante importante para nortear o desbaste do teste de progênie. Além disso, os indivíduos geneticamente superiores em testes de progênies podem ser propagados vegetativamente e arranjados em delineamento próprio, de modo a assegurar cruzamentos não aparentados, formando os pomares de sementes clonais testados (ASSIS, 1996).

Dessa forma, caso sejam selecionadas muitas progênies de um mesmo grupo, o melhorista pode tomar a decisão de utilizar apenas algumas progênies desse grupo e continuar a seleção dando preferência a progênies de outros grupos que tenham valor genético satisfatório, para que o pomar contenha um maior número de matrizes divergentes.

Essas árvores selecionadas no teste de progênies podem ainda, servir como fonte de material genético para o programa de clonagem comercial (MENCK *et al.*, 1988) e a sua classificação quanto ao grupo a que pertencem pode ser um indicativo da variabilidade genética entre os clones selecionados.

**Tabela 8.** Classificação dos caracteres utilizados para a seleção inicial das famílias (*dap*,  $Sup_{dap}$ , *Ht*,  $Sup_{Ht}$ ) e para o valor genético aditivo para  $V_{CC}$  predito pela metodologia REML/BLUP para as vinte melhores famílias selecionadas. (Ranking of the characteristics used for the initial selection of the families (*dap*,  $Sup_{dap}$ , *Ht*,  $Sup_{Ht}$ ) and for the additive genetic value for  $V_{CC}$  predicted by the methodology REML/BLUP for the twenty better selected families).

Progênie	Posição na classificação				
	Árvore Selecionada				Famílias
	<i>dap</i>	$Sup_{dap}$	<i>Ht</i>	$Sup_{Ht}$	
16	19°	20°	9°	7°	12°
30	20°	16°	13°	20°	11°
34	12°	6°	14°	18°	16°
36	13°	7°	15°	5°	8°
40	18°	17°	19°	16°	19°
44	17°	5°	18°	13°	6°
49	14°	3°	17°	9°	18°
50	11°	19°	10°	14°	13°
58	16°	14°	20°	19°	20°
63	15°	15°	11°	3°	14°
67	10°	18°	16°	15°	17°
73	9°	8°	8°	17°	7°
82	6°	11°	7°	1°	5°
93	8°	10°	12°	2°	15°
102	3°	4°	5°	11°	3°
105	7°	12°	4°	6°	10°
107	1°	1°	1°	4°	1°
116	5°	9°	6°	10°	4°
120	2°	2°	2°	8°	2°
122	4°	13°	3°	12°	9°

<sup>1</sup>valor genético aditivo para  $V_{CC}$  predito pela metodologia REML/BLUP. (additive genetic value for  $V_{CC}$  predicted by the methodology REML/BLUP)

## Árvore selecionada x desempenho da progênie

De acordo com a Tabela 8, observa-se que existe certa concordância entre a posição no ranking dos caracteres avaliados na seleção inicial das árvores matrizes (*dap*,  $Sup_{dap}$ , *Ht*,  $Sup_{Ht}$ ) e o seu valor genético aditivo para  $V_{CC}$  predito pela metodologia REML/BLUP. Esse fato também é comprovado na análise de trilha entre esses caracteres (Tabela 9).

O fato de não se verificar uma concordância maior na classificação dos caracteres, pode estar relacionado a fatores da interação genótipo x ambiente, tais como: locais diferentes de seleção da árvore matriz e plantio da progênie, qualidade de mudas, variações climáticas ao longo da rotação da cultura, efeitos oriundos da competição intergenotípica pelos recursos presentes na área e variações no manejo silvicultural empregado pela empresa, o que torna indispensável a avaliação dos materiais genéticos em teste de progênies, para que efetivamente sejam selecionados os melhores materiais genéticos.

**Tabela 9.** Estimativas dos efeitos diretos e indiretos dos caracteres utilizados para seleção massal da árvore matriz (*dap*,  $Sup_{dap}$ , *Ht*,  $Sup_{Ht}$ ) e o valor genético aditivo (a) para  $V_{CC}$  predito pela metodologia REML/BLUP para as vinte melhores famílias selecionadas. (Estimates of the direct and indirect effects of the traits used for massal selection of the main tree (*dap*,  $Sup_{dap}$ , *Ht*,  $Sup_{Ht}$ ) and the additive genetic value (a) for  $V_{CC}$  predicted by the methodology REML/BLUP for the twenty better selected families)

Caracteres	Estimativa
<b>dap</b>	
Efeito direto sobre (a)	-0,33
Efeito indireto via $Sup_{dap}$	0,35
Efeito indireto via <i>Ht</i>	0,56
Efeito indireto via $Sup_{Ht}$	0,02
Total	0,60
<b><math>Sup_{dap}</math></b>	
Efeito direto sobre (a)	0,58
Efeito indireto via <i>dap</i>	-0,20
Efeito indireto via <i>Ht</i>	0,26
Efeito indireto via $Sup_{Ht}$	0,01
Total	0,65
<b><i>Ht</i></b>	
Efeito direto sobre (a)	0,63
Efeito indireto via <i>dap</i>	-0,29
Efeito indireto via $Sup_{dap}$	0,24
Efeito indireto via $Sup_{Ht}$	0,02
Total	0,60
<b><math>Sup_{Ht}</math></b>	
Efeito direto sobre (a)	0,06
Efeito indireto via <i>dap</i>	-0,11
Efeito indireto via $Sup_{dap}$	0,07
Efeito indireto via <i>Ht</i>	0,18
Total	0,20
Coefficiente de determinação	0,57
Efeito residual	0,66



A análise de trilha revelou a existência de correlação entre os caracteres avaliados para a seleção da árvore matriz e o seu desempenho genético no teste de progênies (Tabela 9).

A  $Sup_{dap}$  apresentou o maior efeito total (0,65), provavelmente porque o *dap* é altamente correlacionado com o volume e a comparação com o crescimento das vizinhas ( $Sup_{dap}$ ), pode fornecer uma forma de seleção massal estratificada.

Com relação os efeitos diretos e indiretos, o caractere *Ht* foi responsável pelos maiores valores, e estes foram sempre positivos, o que implica uma correlação de caracteres em sentido favorável.

Dessa forma, a seleção simultânea via indireta, realizada com base nesse caractere, aponta para uma alta eficiência no processo seletivo, (KUREK *et al.* 2001), sugerindo que dentro da amplitude dos valores mensurados na seleção das árvores matrizes (Figura 3), o fato de selecionar uma árvore com maiores valores para esses caracteres ( $Sup_{dap}$  e *Ht*), é um indicativo do melhor desempenho da mesma após a sua avaliação em teste de progênies.

Assim, em futuras seleções de árvores matrizes, mesmo com a necessidade de sua avaliação em teste de progênies, pode-se dar preferência à seleção de árvores que sejam alocadas para grupos que apresentem melhor desempenho para esses caracteres, o que nesse trabalho, pode ser feito pelas equações de discriminante da Tabela 6. Essa metodologia poderia aumentar o aproveitamento das árvores levadas para testes de progênies, diminuindo os custos de avaliação dos materiais genéticos na condução dos programas de melhoramento florestal.

## CONCLUSÕES

Com base nos resultados obtidos neste trabalho, pode-se concluir que a avaliação da superioridade em *dap* e *Ht* da árvore matriz em relação às árvores "codominantes" do local de seleção é um parâmetro importante para a escolha inicial de árvores matrizes. No entanto, a instalação do teste de progênies é imprescindível no processo de seleção, principalmente devido à existência da interação do genótipo com os efeitos ambientais.

A análise multivariada demonstrou-se eficaz para a alocação das progênies em grupos divergentes, bem como para a classificação de progênies selecionadas posteriormente dentro dos grupos pré-definidos pelo método de Tocher.

## AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem à CAPES – Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior pela concessão da bolsa de estudos durante o Mestrado; à International Paper pela sessão dos dados experimentais para a dissertação e à KLABIN S.A. pelo apoio para a conclusão desse artigo.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ANDERSON, T.W. *An introduction to multivariate statistical analysis*. New York: John Wiley, 1958. 374p.
- ANDRADE, H.B. *Eficiência dos experimentos com clones na cultura do eucalipto*. 2002. 162p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2002.
- ASSIS, T.F. Melhoramento genético do eucalipto. *Informe agropecuário*, Belo Horizonte, v.18, n.185, p.21-32, 1996.
- COMSTOCK, R.E. Selection procedures in corn improvement. In: ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRY RESEARCH CONFERENCE, 19., 1964, Washington. *Proceedings...* Washington, 1964. p.87-94.
- CRUZ, C.D. *Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas*. 1990. 188p. Tese (Doutorado em Melhoramento Genético) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 1990.
- CRUZ, C.D; CARNEIRO, P.C.S. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, 2003. v.2, 585 p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, 1997. 390p.
- FRAMPTON, L.J.JR.; FOSTER, G.S. Field testing vegetative propagules. In: AHUJA, M.R.; LIBBY, W.J. (Eds.) *Clonal forestry: genetics and biotechnology*. Heidelberg: Springer Verlag, 1993. p.110-134.
- GARCIA, S.L.R. *Importância de características de crescimento, de qualidade da madeira e da polpa na diversidade genética de clones de eucalipto*. 1998. 103p. Dissertação (Mestrado em Ciência Florestal) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1998.

- GONÇALVES, F.M.A.; REZENDE, G.D.S.P.; BERTOLUCCI, F.L.G.; RAMALHO, M.A.P. Progresso genético por meio da seleção de clones de eucalipto em plantios comerciais. *Revista árvore*, Viçosa, v.25, n.3, p.295-301, 2001.
- KUREK, A.J.; CARVALHO, F.I.F.; ASSMANN, I.C.; MARCHIORO, V.S.; CRUZ, P.J. Análise de trilha como critério de seleção indireta para rendimento de grãos em feijão. *Revista Brasileira de Agrociência*, Pelotas, v.7. n.1, p.29-32, 2001.
- LEITE, H.G.; GUIMARÃES, D.P.; CAMPOS, J.C.C. Descrição e emprego de um modelo para estimar múltiplos volumes de árvores. *Revista árvore*, Viçosa, v.19, n.1, p.75-79, 1995.
- MALHOTRA, N.K. **Pesquisa de marketing: uma orientação aplicada**. Porto Alegre: Bookman, 2001.
- MENCK, A.L.M.; ODA, S.; LOBOSQUE, O.; KAGEYAMA, P.Y. Teste clonal a partir de árvores selecionadas em testes de progênie de *Eucalyptus saligna*: resultados preliminares. *IPEF*, Piracicaba, v.40, p.27-31, 1988.
- PATIÑO-VALERA, F. **Varição genética em progênies de *Eucalyptus saligna* Smith e sua interação com o espaçamento**. 1986. 192p. Dissertação (Mestrado em Ciência Florestal) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 1986.
- RESENDE, M.D.V., org. **SELEGEN - seleção genética computadorizada: manual do usuário**. Colombo: Embrapa Florestas, 1994. 31p.
- RESENDE, M.D.V.; HIGA, A.R. Maximização da eficiência da seleção em testes de progênies de *Eucalyptus* através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. *Boletim de Pesquisa Florestal*, Colombo, n.28/29, p.37-55, 1994.
- SILVA, R.L. **Influência do tamanho da parcela experimental em testes clonais de eucalipto**. 2001. 67p. Dissertação (Mestrado em Ciência Florestal) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2001.
- STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H.; DICKEY, D.A. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. 3.ed. New York: McGraw-Hill, 1997. 666p.
- VALENTIN, J.L. **Ecologia numérica: uma introdução à análise de dados ecológicos**. Rio de Janeiro: Interciência, 2000. 188p.
- XAVIER, A. **Aplicação da análise multivariada da divergência genética no melhoramento de *Eucalyptus* spp.** 1996. 126p. Tese (Doutorado em Ciência Florestal) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1996.

Recebido em 22/11/2004

Aceito para publicação em 23/11/2005