

Predição de ganhos genéticos em progênes de *Eucalyptus benthamii*  
Maiden & Cambage por diferentes métodos de seleçãoPrediction of genetics gains in *Eucalyptus benthamii* Maiden &  
Cambage progenies by different selection methodsRodolfo Manoel Lemes da Costa<sup>1</sup>, Regiane Abjad Estopa<sup>2</sup>,  
Fabrício Antônio Biernaski<sup>2</sup> e Edson Seizo Mori<sup>3</sup>**Resumo**

A alta produtividade das florestas de Eucalipto no Brasil se deve a diversos fatores, dentre eles o melhoramento genético que teve grande contribuição para este avanço. Por meio da seleção recorrente é possível aumentar a produtividade ao longo das gerações de melhoramento. Este trabalho teve como objetivo comparar os ganhos com a seleção por meio de três métodos: seleção massal, seleção entre e dentro de progênes e seleção individual para o caráter volume de madeira (VOL m<sup>3</sup>) em progênes de *Eucalyptus benthamii* aos sete anos de idade, testadas em Telêmaco Borba – PR. O experimento foi implantado em blocos casualizados, com 34 progênes de polinização aberta, nove repetições e parcelas lineares de seis plantas. As estimativas das variâncias e parâmetros genéticos foram obtidas por meio do método REML/BLUP. O desenvolvimento das progênes foi satisfatório quando comparado com outros trabalhos, o coeficiente de variação genética aditiva individual ( $CV_a$  (%) = 24,9%) e a herdabilidade média entre progênes ( $h^2_{mp} = 0,61$ ) apresentaram valores de alta magnitude o que demonstra que é possível obter ganhos com a seleção. A intensidade de seleção utilizada foi de 10% dos indivíduos superiores de acordo com cada método. O método que apresentou a predição de ganho mais elevada foi a seleção individual (GS = 20,5%), seguido pela seleção entre e dentro de progênes (GS = 17,3%) e a menor foi a seleção massal (GS = 15,6%). No entanto do ponto de vista do tamanho efetivo da população e da estimativa de diversidade genética, há um grande estreitamento da base genética com a utilização da seleção individual. Ponderando esses fatores foi observado que a seleção entre e dentro de progênes teve elevados valores de ganhos genéticos sem que houvesse grande perda de variabilidade genética.

**Palavras-chave:** Métodos de seleção; Predição de ganhos; *Eucalyptus benthamii*; Melhoramento florestal.

**Abstract**

The high productivity of eucalyptus forests in Brazil nowadays is a result of several factors, one of which is breeding, which contributed significantly to this advance. Recurrent selection can increase productivity over generations of breeding. This study compared gains with selection by three methods: mass selection, selection among and within progenies and individual selection for the trait wood volume (VOL m<sup>3</sup>) in seven-year-old *Eucalyptus benthamii* progenies, tested in Telêmaco Borba – PR. The experiment was established in randomized blocks, with 34 open-pollinated progenies, nine replications and row plots of six plants. Variances and genetic parameters were estimated by the REML/BLUP method. The progeny development was satisfactory in comparison with other studies; the individual additive genetic coefficient of variation ( $CV_a$  (%) = 24.9%) and the average heritability among progenies ( $h^2_{mp} = 0.61$ ) were high, indicating the possibility of gains with selection. A selection intensity of 10% of superior plants was used, for all methods. The estimated selection gain was highest for the individual selection method (SG = 20.5%), followed by selection among and within progenies (SG = 17.3%) and lowest for mass selection (SG = 15.6%). However, in terms of effective population size and genetic diversity estimate, the genetic basis was extremely narrowed by individual selection. Taking these factors into account, selection among and within progenies, with high genetic gain without relevant loss of genetic variability, seems more promising.

**Keywords:** Selection methods; Gains estimates; *Eucalyptus benthamii*; Forest improvement.

<sup>1</sup>Mestre em Ciência Florestal. UNESP - Universidade Estadual Paulista "Julio de Mesquita Filho" / FCA - Faculdade de Ciências Agrônomicas. Fazenda Lageado - Caixa-Postal 237 - 18603-970- Botucatu, SP, Brasil. E-mail: [rmlcosta@gmail.com](mailto:rmlcosta@gmail.com)

<sup>2</sup>Klabin SA. E-mail: [restopa@klabin.com.br](mailto:restopa@klabin.com.br); [fbiernaski@klabin.com.br](mailto:fbiernaski@klabin.com.br)

<sup>3</sup>Professor Titular. UNESP - Universidade Estadual Paulista "Julio de Mesquita Filho" / FCA - Faculdade de Ciências Agrônomicas. Fazenda Lageado - Caixa-Postal 237 - 18603-970- Botucatu, SP, Brasil. E-mail: [esmori@fca.unesp.br](mailto:esmori@fca.unesp.br)

## INTRODUÇÃO

O setor florestal tem grande importância para o Brasil, sendo que no ano de 2013 cerca de 1,2% do Produto Interno Bruto (PIB) foi proveniente das florestas plantadas brasileiras. Em relação ao setor agropecuário, as florestas plantadas representam 24% do PIB, sendo o terceiro colocado em nível de importância na balança comercial do agronegócio, ocupando menos de 1% da área produtiva do Brasil. O setor ainda contribui com 4,4 milhões de empregos diretos, indiretos e pelo efeito renda (obtidos pela transformação de parte da renda dos trabalhadores em consumo de bens e serviços), com a geração de impostos, onde contribuiu 0,8% da arrecadação nacional de 2013, além de contribuir para a preservação do meio ambiente, devido ao comprometimento da maioria das empresas do setor com as legislações ambientais e critérios de certificação (IBA, 2014).

Dentre os gêneros plantados no Brasil, destacam-se as espécies do gênero *Eucalyptus*, devido à alta produtividade e qualidade da madeira para diversas finalidades. Atualmente 5.473.176 hectares estão plantados com espécies deste gênero, representando um crescimento de 3,2% em comparação ao ano de 2012 (IBA, 2014). Dentre as diversas espécies plantadas, o *Eucalyptus benthamii* tem demonstrado grande potencial para a produção de madeira em ambientes onde ocorre geadas frequentes, demonstrando tolerância ao frio, boa produtividade, rápido crescimento, boa forma do fuste e homogeneidade das plantações (GRAÇA et al., 1999).

A melhoria na produtividade de espécies de *Eucalyptus* no Brasil se deve a diversos fatores, como os avanços tecnológicos na área de manejo florestal e também em grande parte ao melhoramento genético para as diferentes condições ambientais brasileiras, com isso é possível estabelecer plantios com alta produtividade, adaptados a diferentes condições ambientais e produzindo madeira para diversas finalidades (MARTINS et al., 2005; FREITAS et al., 2009). Os objetivos do melhoramento genético são: Aumento da produtividade, obtenção de matéria prima de maior qualidade, melhoria das condições adaptativas das espécies a tolerância a pragas e doenças e a manutenção da variabilidade genética, requisito muito importante para a obtenção de ganhos em longo prazo (MORI, 1993). Para que um programa de melhoramento genético tenha sucesso é necessário um adequado planejamento para obter robustas estimativas de parâmetros genéticos e assim realizar de maneira mais efetiva a seleção dos melhores indivíduos de acordo com os caracteres de interesse (ZOBEL; TALBERT, 1984; VENCOVSKY; BARRIGA, 1992; ZIMBACK et al., 2011; MORAES et al., 2014). Em outras palavras, para que programas de melhoramento tenha sucesso é necessário minimizar possíveis erros na seleção dos melhores indivíduos que serão genitores nas próximas gerações (CRUZ; CARNEIRO, 2003; ROCHA et al., 2007). Vários métodos de seleção podem ser utilizados. Cabe ao melhorista verificar quais atendem as suas demandas de curto, médio e longo prazo. Pode-se ainda utilizar métodos de melhoramento para cada das etapas de um programa de melhoramento como o aumentando da intensidade de seleção, obtendo maiores ganhos no curto prazo ou diminuindo a intensidade de seleção com intuito de garantir os ganhos ao longo do tempo.

Este trabalho teve como objetivo comparar os ganhos com a seleção por meio de três métodos: seleção massal, seleção entre e dentro de progênes e seleção individual para o caráter volume de madeira (VOL m<sup>3</sup>) em progênes de *Eucalyptus benthamii* aos sete anos de idade, testadas em Telêmaco Borba – PR. O melhor método de seleção foi determinado comparando os ganhos genéticos, o tamanho efetivo populacional e a diversidade genética das populações após o resultado da seleção.

## MATERIAL E MÉTODOS

O material genético utilizado neste estudo corresponde a 34 progênes de *E. benthamii* originadas de sementes colhidas de polinização aberta em Kedumba Valley, New South Wales – Austrália (33°49'23" Latitude Sul, 150°21'57" Longitude Oeste e 146 m de altitude), região de ocorrência natural da espécie. Este local é um dos últimos remanescentes naturais da espécie. O experimento foi instalado em janeiro de 1996 na empresa florestal Klabin S.A., localizada em Telêmaco Borba-PR. O clima predominante nesta área é o subtropical transacional para o temperado úmido, mesotérmico, sem estação seca definida (Cfa/Cfb), com verões quentes que tendem a concentrar chuvas e inverno com geadas que ocorrem com baixa frequência. A precipitação média anual é de 1.600 mm e a temperatura média anual é de 18,5° C. O tipo de solo do local é o Latossolo vermelho distrófico,

típico ou cambissolico a moderado, com relevo variando de suave ondulado a ondulado, textura variando de argilosa e muito argilosa. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com 34 progênies, nove repetições, parcelas lineares de seis plantas e espaçamento entre plantas foi de 3,0 x 2,5 m. O teste de progênies não recebeu nenhuma adubação.

Aos sete anos de idade foram mensurados os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP em cm), altura total (ALT, em m). O volume de madeira por árvore (VOL, em m<sup>3</sup>) foi calculado utilizando uma equação específica desenvolvida pela empresa Klabin S.A para *E. benthamii*:

$$VOLUME = \exp(-9,46081 + 1,92690 * \ln(DAP) + 0,79453 * \ln(ALT))$$

As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram estimadas apenas para o caráter VOL, utilizando o método da máxima verossimilhança restrita e melhor predição linear não viciada (REML/BLUP), com base em Resende (2007b). O VOL foi o caráter escolhido, pois representa o ganho real em m<sup>3</sup> de madeira (produtividade), que é um dos principais objetivos dos programas de melhoramento genético. Os dados foram avaliados assumindo que as progênies são de meios-irmãos e considerando o delineamento em blocos ao acaso, com várias plantas por parcela, uma medição por indivíduo (modelo linear misto 93), conforme descrito por Resende (2007a):  $y = Xb + Za + Wc + e$ ; em que:  $y$  = vetor de dados;  $b$  = vetor dos efeitos das repetições (assumidos como fixos) somados à média geral;  $a$  = vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios);  $c$  = vetor dos efeitos de parcela;  $e$  = vetor do efeito dos erros ou resíduos  $X, Z, W$ : matrizes de incidências para os referidos efeitos. As seguintes expressões foram utilizadas para a estimativa dos parâmetros genéticos:

1) Variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_a^2$ ):

$$\hat{\sigma}_a^2 = \frac{\hat{a}' A^{-1} \hat{a} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(A^{-1} C^{22})}{q}$$

2) Variância ambiental entre parcelas ( $\hat{\sigma}_c^2$ ):

$$\hat{\sigma}_c^2 = \frac{\hat{c}' \hat{c} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr} C^{33}}{s_1}$$

3) Variância residual (ambiental + não aditiva) ( $\hat{\sigma}_e^2$ ):

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{\hat{y}' y - \hat{r}' X' y - \hat{a}' Z' y - \hat{c}' W' y}{N - r(x)}$$

em que  $C^{22}$  e  $C^{33}$  vêm da inversa de  $C$ ,  $C$ : matriz dos coeficientes das equações de modelo misto;  $\text{tr}$ : operador traço matricial,  $r(x)$ : posto da matriz  $X$ ;  $N, q, s$ : número de observações, de indivíduos e de parcelas, respectivamente.

4) Variância fenotípica individual ( $\hat{\sigma}_f^2$ ):

$$\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2;$$

5) Herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos:

$$\hat{h}_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_f^2};$$

6) Herdabilidade individual no sentido restrito, ajustado para os efeitos de parcela:

$$\hat{h}_{aj}^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2};$$

7) Herdabilidade da média de progênies:

$$\hat{h}_{mp}^2 = \frac{0,25 \hat{\sigma}_a^2}{0,25 \hat{\sigma}_a^2 + \frac{\hat{\sigma}_c^2}{r} + \frac{0,75 \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2}{nr}}$$

em que  $n$  é o número de plantas por parcela e  $r$  é o número de repetições.

8) Herdabilidade aditiva dentro de parcela:

$$\hat{h}_{ad}^2 = \frac{0,75 \hat{\sigma}_a^2}{0,75 \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2};$$

9) Coeficiente de variação genética aditiva individual:

$$CV_{gi}(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_a^2}}{\hat{m}} X100,$$

em que  $\hat{m}$  é a média geral do caráter.

10) Coeficiente de variação experimental:

$$CV_e(\%) = \frac{\sqrt{\frac{0,75\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2}{n} + \hat{\sigma}_c^2}}{\hat{m}} \times 100;$$

11) Coeficiente de variação relativa:

$$CV_r = \frac{CV_g}{CV_e};$$

12) Acurácia da seleção de progênie, assumindo sobrevivência completa:

$$\hat{r}_{aa} = \sqrt{\hat{h}_{mp}^2};$$

13) Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela ( $\hat{C}_p^2$ ):

$$\hat{C}_p^2 = \frac{\hat{\sigma}_c^2}{\hat{\sigma}_f^2}.$$

O ordenamento dos indivíduos selecionados foi realizado pelo método do índice de Multi-efeitos, segundo Resende (2002). Este método tem como vantagem a redução do peso que é dado para a média geral das progênie, permitindo assim uma melhor distribuição dos indivíduos selecionados nas progênie testadas. A expressão do índice Multi-efeitos utilizada foi:  $\hat{I} = \hat{b}_1 Y_{ijk} + (\hat{b}_2 - \hat{b}_3) \bar{Y}_i + (\hat{b}_3 - \hat{b}_1) \bar{Y}_j - \hat{b}_3 \bar{Y}_j + (\hat{b}_3 - \hat{b}_2) \bar{Y}_-$ , em que:  $\bar{Y}_-$  = média geral do ensaio;  $Y_{ijk}$  = valor individual;  $\bar{Y}_i$  = média da progênie no ensaio;  $\bar{Y}_j$  = média da progênie em determinado bloco (média da parcela);  $\bar{Y}_j$  = média do bloco;  $\hat{b}_1 = \hat{h}_a^2$  = herdabilidade no sentido restrito dentro de parcelas:  $\hat{b}_1 = [(3/4) \cdot \hat{\sigma}_a^2] / \hat{\sigma}_d^2$ ;  $\hat{b}_2 = \hat{h}_m^2$  = herdabilidade no sentido restrito de média de parcelas:  $\hat{b}_2 = [(3 + nb) / (4nb)] \cdot \hat{\sigma}_a^2 / (\hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2 / b + \hat{\sigma}_c^2 / nb)$ ;  $\hat{b}_3 = \hat{h}_p^2$  = herdabilidade no sentido restrito de progênie:  $\hat{b}_3 = [3 / (4n)] \cdot \hat{\sigma}_a^2 / ((\hat{\sigma}_d^2 / n) + \hat{\sigma}_e^2)$ ; b = número de blocos; n = número de plantas por parcela. O tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) foi obtido com base em Resende (2002):  $N_e = (4N_f \bar{K}_f) / [\bar{K}_f + 3 + (\hat{\sigma}_f^2 / \bar{K}_f)]$ , em que:  $N_f$  = número de progênie selecionadas;  $\bar{K}_f$  = número médio de indivíduos selecionados por progênie;  $\hat{\sigma}_f^2$  = estimativa da variância do número de indivíduos selecionados por progênie. A diversidade genética (D) após a seleção foi quantificada conforme Wei e Lindgren (1996):  $D = N_{ef} / N_{fo}$  ( $0 < D \leq 1$ );  $N_{fo}$  = número original de progênie;  $N_{ef}$  = número efetivo de progênie selecionadas:  $N_{ef} = (\sum k_f)^2 / \sum k_f^2$ .

Foi realizado três diferentes métodos de seleção: seleção individual (SI), seleção entre e dentro de progênie (SED) e seleção massal (SM), via avaliação fenotípica e calculados os ganhos para cada método de seleção em função da classificação gerada pelo IME e avaliados o  $N_e$  e o D.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

A sobrevivência média das progênie aos sete anos de idade foi de 78,1%. Resultado superior ao obtido por Hunde et al. (2003a; 2003b), estudando progênie de *E. grandis* e *E. saligna* na Etiópia, onde estimaram sobrevivência média de 55,8%, variando de 44% a 70% para *E. grandis* e sobrevivência média de 51%, variando de 36% a 60% para *E. saligna*.

A razão de verossimilhança (LRT) indicou que existem diferenças significativas entre as progênie para o caráter volume ( $m^3/\text{árvore}$ ) em nível de 1% (Tabela 1). Essa informação é muito importante, pois para que haja progresso genético por meio da seleção é necessária à existência de variância entre progênie (FREITAS et al., 2009). Com relação ao desenvolvimento das progênie foi observado que a média de volume individual foi de 0,297  $m^3/\text{árvore}$  (Tabela 1). Este valor foi superior ao encontrado por Arnold et al. (2004), estudando progênie de *E. dunnii* em New South Wales na Austrália aos seis anos e meio de idade (VOL= 0,2365  $m^3/\text{árvore}$ ).

O coeficiente de variação experimental ( $CV_{exp}(\%)$ ) foi alto (30,2%). No entanto, segundo Houle (1992) caracteres compostos como VOL, ou seja, calculados de outros caracteres apresentam maior  $CV_{exp}(\%)$ . Assim este valor está dentro do aceitável para VOL. Outros estudos (ROSADO et al., 2009; SOUZA et al., 2011) também encontraram valores de  $CV_{exp}(\%)$  semelhantes ao observado neste trabalho. Para o coeficiente de determinação dos efeitos de parcela ( $\hat{C}_p^2$ ), o valor encontrado está dentro do aceitável ( $\hat{C}_p^2 = 0,0046$ ), pois segundo Resende (2002), uma estimativa de no máximo 10% não interfere na estimativa dos parâmetros genéticos. Este coeficiente mede a variabilidade das parcelas dentro dos blocos, sendo importante para verificar que o ambiente teve pouca influência no experimento, assim neste trabalho houve baixa variação entre as parcelas para o caráter VOL.

**Tabela 1.** Estimativas da média de progênies, coeficiente de determinação dos efeitos de parcela ( $\hat{C}_p^2$ ), coeficiente de variação experimental ( $CV_{exp}$ ) e análise da razão de verossimilhança (LRT), para o caráter volume de plantas aos sete anos de idade, em progênies de *Eucalyptus benthamii*, em Telêmaco Borba - PR.

**Table 1.** Mean progeny estimates, coefficient of determination of plot effects ( $\hat{C}_p^2$ ), experimental variation coefficient ( $CV_{exp}$ ) and analysis of the log likelihood ratio (LRT) for the trait volume of seven-year-old plants, in *Eucalyptus benthamii* progenies, in Telêmaco Borba - PR.

Caráter	Parâmetros			
	Média	$\hat{C}_p^2$	$CV_{exp}(\%)$	LRT ( $\chi^2$ )
Volume	0,297	0,0046	30,2	13,92**

\*\* P < 0.01.

Na Tabela 2, estão os valores de variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_a^2$ ), variância ambiental entre parcelas ( $\hat{\sigma}_c^2$ ) e variância fenotípica ( $\hat{\sigma}_f^2$ ) que são utilizados para o cálculo dos coeficientes de variação respectivos. O coeficiente de variação genética aditiva ( $CV_a$  (%)) foi de 24,9% (Tabela 2), o que demonstra que existe alta variabilidade genética entre progênies e é possível obter ganhos por meio de métodos de seleção. O coeficiente de variação entre parcelas ( $CV_c$  (%)) foi baixo (5,0%) e indica que existe pouca variação entre as parcelas do experimento, minimizando os efeitos do ambiente sobre o cálculo dos parâmetros genéticos. O coeficiente de variação fenotípico ( $CV_f$  (%)) foi alto (74,5%), indicando que existe grande variação no fenótipo das progênies avaliadas. No caso de se realizar uma SM, onde não é utilizada a informação de progênies e delineamento experimental para a estimação dos valores genéticos, é possível que ocorram vários erros devido a grande variação no fenótipo. O Coeficiente de variação relativo ( $CV_r$ ) foi de 0,413, o qual pode ser considerado mediano. Segundo Vencovsky e BARRIGA (1992) quanto maior o valor de  $CV_r$ , maior é o controle genético dos caracteres e menor é a influência dos fatores ambientais no fenótipo. Assim, aos sete anos de idade a seleção poderá ser realizada de maneira efetiva.

**Tabela 2.** Estimativa dos parâmetros genéticos e não genéticos para o caráter volume de madeira em progênies de *Eucalyptus benthamii*, aos 7 anos de idade em Telêmaco Borba - PR.

**Table 2.** Estimate of genetic and non-genetic parameters for the trait wood volume in seven-year-old *Eucalyptus benthamii* progenies, in Telêmaco Borba - PR.

Parâmetros	Volume (m <sup>3</sup> /árvore)
$\hat{\sigma}_a^2$	0,0055
$\hat{\sigma}_c^2$	0,0002
$\hat{\sigma}_f^2$	0,0490
$\hat{h}_a^2$	0,11
$\hat{h}_{aj}^2$	0,11
$\hat{h}_{mp}^2$	0,61
$\hat{r}_{aa}$	0,778
$CV_a$ (%)	24,9
$CV_c$ (%)	5,0
$CV_f$ (%)	74,5
$CV_r$ (%)	0,4

A classificação das herdabilidades deste estudo foi baseada em Resende (1995), que considera que os valores variando de 0,01 até 0,15 são baixos, de 0,15 até 0,50 são medianos e superiores a 0,50 são altos. A estimativa de herdabilidade individual no sentido restrito foi baixa ( $h_a^2 = 0,11$ ). Harrand et al. (2009), avaliando progênies de *E. grandis* aos quatro anos e meio e aos oito anos e meio de idade, estimaram  $h_a^2$  variando de 0,10 a 0,36 (entre diferentes locais e nas duas idades avaliadas), logo em geral superiores aos encontrados neste trabalho. Moraes et al., (2014) avaliando progênies de *E. grandis*, aos seis anos de idade para VOL estimaram valores de  $h_a^2$  semelhantes a este trabalho ( $h_a^2 = 0,10$ ). A herdabilidade individual no sentido restrito, ajustada para os efeitos de parcela ( $h_{aj}^2$ ) apresentou valor igual a  $h_a^2$ , o que indica acurácia dos valores obtidos para a herdabilidade individual no sentido restrito. O valor encontrado para a herdabilidade média entre progênies ( $h_{mp}^2$ ) foi classificado como de alta magnitude ( $h_{mp}^2 = 0,61$ ) e indica que a seleção entre progênies pode gerar ganhos de alta magnitude devido ao alto controle genético do caráter VOL no experimento avaliado. Com relação à acurácia seletiva ( $\hat{r}_{aa}$ ) estimada (0,778), esta foi alta segundo classificação de Resende (2007a), logo a seleção baseada no VOL pode ser realizada com precisão e exatidão.

Uma questão que é importante ressaltar é o planejamento dos experimentos, que para se elevar os valores dos parâmetros desde as idades mais juvenis podem ser realizados alguns ajustes nos delineamentos experimentais, ou seja, se aumentar o número de repetições do experimento, obter-se-á os parâmetros genéticos mais precisos, podendo assim gerar ganhos de maior magnitude quando realizada a seleção. Outra maneira de minimizar os erros na seleção devido a pequenos erros nos parâmetros genéticos é diminuir a intensidade da seleção nas idades mais precoces, possibilitando assim que menos indivíduos que serão considerados aptos à seleção em idades mais avançadas sejam descartados devido a erros que podem acontecer em função da menor magnitude dos parâmetros genéticos.

**Tabela 3.** Comparação dos três diferentes métodos de seleção para progênes de *Eucalyptus benthamii*, em Telêmaco Borba – PR.

**Table 3.** Comparison of three different selection methods for the trait wood volume in seven-year-old *Eucalyptus benthamii* progenies, in Telêmaco Borba - PR.

Seleção Individual (kf variável)		Seleção Entre e Dentro		Seleção Massal	
Progênes	Kf	Progênes	Kf	Progênes	Kf
1	20	1	13	1	9
5	20	4	13	2	1
7	11	5	13	3	5
8	12	7	13	4	7
9	3	8	13	5	10
10	1	9	13	6	2
11	2	11	13	7	11
14	2	16	13	8	8
16	7	17	13	9	7
17	14	22	13	10	6
19	2	24	13	11	5
24	13	27	13	12	1
25	4	31	13	13	4
26	1	32	13	14	3
27	27			15	3
31	2			16	9
32	41			17	6
				18	1
				19	5
				20	1
				21	6
				22	3
				23	2
				24	8
				25	7
				26	3
				27	9
				28	5
				29	2
				30	4
				31	8
				32	14
				33	3
				34	4
N	182		182		182
N <sub>f0</sub>	34		34		34
N <sub>f</sub>	17		14		34
K <sub>f</sub>	10,71		13,00		5,35
σ <sup>2</sup> <sub>kf</sub>	123,97		0,00		10,36
N <sub>e</sub>	28,8		45,5		70,8
IME	0,061		0,052		0,046
Gs (%)	20,5		17,3		15,5
D̂	0,248		0,412		0,740

N: número de árvores selecionadas; N<sub>f0</sub>: número de progênes originais; N<sub>f</sub>: número de progênes selecionadas; K<sub>f</sub>: número médio de indivíduos selecionados por progênie; σ<sup>2</sup><sub>kf</sub>: variância do nº de árvores selecionados por progênie; N<sub>e</sub>: tamanho efetivo ou número status; IME = Índice Multi-efeitos ou valor genético do indivíduo; G<sub>s</sub>: Ganho na seleção; D: Diversidade genética. N: number of selected trees; N<sub>f0</sub>: Number of original progenies; N<sub>f</sub>: Number of selected progenies; K<sub>f</sub>: Average number of plants selected per progeny; σ<sup>2</sup><sub>kf</sub>: Variance of the number of trees selected per progeny; N<sub>e</sub>: Effective size or status number; MEI = Multi-effect Index or genetic value of the plant; G<sub>s</sub>: Gain with selection; D: Genetic diversity.

A seleção foi realizada segundo três diferentes métodos com o intuito de verificar qual o mais efetivo em função dos ganhos na seleção e manutenção da diversidade genética em termos de tamanho efetivo populacional e diversidade genética (Tabela 3). A intensidade de seleção aplicada em todos os casos foi de 10%, ou seja, 182 indivíduos. Houve diferenças entre os três diferentes métodos de seleção. Do ponto de vista dos ganhos na seleção, a SI apresentou o maior valor (20,5%), seguida da SED (17,3%) e pela SM (15,5%). Rosado et al. (2009) avaliando progênies de *E. urophylla*, também obtiveram maiores ganhos para a SI quando comparado a SED. Freitas et al. (2009), testaram quatro métodos de seleção para progênies híbridas de *E. grandis* x *E. urophylla* e verificaram que não houve diferenças significativas entre os métodos (seleção massal, seleção massal estratificada, seleção entre e dentro de progênies e seleção combinada), diferente do que aconteceu no presente trabalho. No entanto para determinar qual o melhor método de seleção é necessário comprar parâmetros que indicam a perda de variabilidade genética, pois para obter e manter os ganhos ao longo das gerações é necessária uma boa manutenção da variabilidade genética das populações submetida a seleção. Para o tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ), a SI que foi o método onde se obteve o maior ganho genético teve o menor valor de  $N_e$  (28,8). Para a SED, o  $N_e$  foi de 45,5 e para a SM foi de 70,8. A SM apresentou o maior  $N_e$  pois foi selecionado no mínimo um indivíduo de cada uma das progênies testadas. A SI teve o menor valor, pois algumas progênies tiveram muitos indivíduos selecionados e outras progênies poucos indivíduos ou nenhum. Do ponto de vista de se manter os ganhos ao longo das gerações são necessários cuidados, pois cruzamento entre indivíduos aparentados pode gerar depressão por endogamia e coancestria, maior que a esperada em meios-irmãos ( $\theta = 0,125$ ). Hardner e Potts (1995) estudando progênies de irmãos completos, de polinização livre e de autofecundação de *Eucalyptus globulus* spp. *globulus* estimaram grande impacto no desenvolvimento das plantas devido a depressão por endogamia. O caráter volume foi o mais afetado onde aos 43 meses houve 48% de diminuição do volume comparando as progênies de irmãos completos e as progênies autofecundadas. Com relação ao índice de diversidade genética, novamente a SM apresentou o maior valor ( $D = 0,740$ ), a SED apresentou valor intermediário ( $D = 0,412$ ) e a SI o menor valor ( $D = 0,248$ ). De maneira geral, o método onde se obteve o maior ganho genético com a seleção, sem que haja grandes perdas de diversidade genética e também no tamanho efetivo da população, foi a SED, indicando a possibilidade de obtenção de ganhos no primeiro ciclo de seleção e manutenção da variabilidade genética ao longo dos ciclos subsequentes de seleção.

## CONCLUSÕES

Existe variabilidade genética para o caráter volume entre as progênies de *E. benthamii*, logo há possibilidade de se obter ganhos com a seleção.

Dos métodos avaliados neste trabalho, a seleção entre e dentro é o método mais indicado por apresentar elevados ganhos e manter o tamanho efetivo populacional e boa diversidade genética para futuros ciclos de seleção.

## AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão de bolsa de mestrado e a empresa Klabin S.A. pelo apoio a pesquisa e liberação dos dados.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARNOLD, R. J.; JOHNSON, I. G.; OWEN, J. V. Genetic variation in growth, stem straightness and wood properties in *Eucalyptus dunnii* trials in northern New South Wales. *Forest Genetics*, Zvolen, v. 11, n. 1, p. 1-12, 2004.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, 2003. v. 2. 585 p.

FREITAS, R. G.; VASCONCELOS, E. S.; CRUZ, C. D.; ROSADO, A. M.; ROCHA, R. B.; TAKAMI, L. K. Predição de ganhos genéticos em progênes de polinização aberta de *Eucalyptus urograndis* cultivadas em diferentes ambientes e submetidas a diferentes procedimentos de seleção. *Revista Árvore*, Viçosa, v. 33, n. 2, p. 25–263, 2009.

GRAÇA, M. E. C.; SHIMIZU, J. Y; TAVARES, F. R. Capacidade de rebrota e de enraizamento de *Eucalyptus benthamii*. *Boletim de Pesquisa Florestal*, Colombo, n. 39, p. 135-138, 1999.

HARDNER, C. M.; POTTS, B. M. Inbreeding depression and changes in variation after selfing in *Eucalyptus globulus* ssp. *globulus*. *Silvae Genetica*, v. 44, p. 46–54, 1995.

HARRAND, L.; HERNÁNDEZ, V.; UPTON, L.; VALVERDE, R. Genetic parameters of growth traits and wood density in *Eucalyptus grandis* progenies planted in Argentina. *Silvae Genetica*, Frankfurt, v. 58, n. 1-2, p. 11-19, 2009.

HOULE, D. Comparing evolvability and variability of quantitative traits. *Genetics*, Austin, n. 30, p. 195-204, 1992.

HUNDE, T.; DAGUMA, D.; GIZACHEW, B.; MAMUSHET, D.; TEKETAY, D. Growth and form of *Eucalyptus grandis* provenances at Wondo Genet, southern Ethiopia. *Australian Forestry*, Queen Victoria, v. 66, n. 3, p. 170-175, 2003a.

HUNDE, T.; MAMUSHET, D.; DAGUMA, D.; GIZACHEW, B.; TEKETAY, D. Growth and form of provenances *Eucalyptus saligna* at Wondo Genet, southern Ethiopia. *Australian Forestry*, Queen Victoria, v. 66, n. 3, p. 213–216, 2003b.

IBA – INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES. *Anuário Estatístico*: Ano base 2013. 2014. Disponível em: < [http://www.iba.org/shared/iba\\_2014\\_pt.pdf](http://www.iba.org/shared/iba_2014_pt.pdf) > Acesso em: 25 mar. 2015.

MARTINS, I. S.; CRUZ, C. D.; ROCHA, M. D. B.; REGAZZI, A. J.; PIRES, I. E. Comparação entre os processos de seleção entre e dentro e o de seleção combinada, em progênes de *Eucalyptus grandis*. *Cerne*, Lavras, v. 11, n. 1, p. 16-24, 2005.

MORAES, C. B.; BRIZOLLA, T. F.; TEIXEIRA, L. G.; ZIMBACK, L.; TAMBARUSSI, E. V.; CHAVES, R.; MORAES, M. L. T.; MORI, E. S. Estimativas dos parâmetros genéticos para seleção de árvores de *Eucalyptus*. *Scientia Florestalis*, Piracicaba, v. 42, n. 104, p. 623-629, 2014.

MORI, E. S. **Variabilidade genética isoenzimática em uma população de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden submetida a diferentes intensidades de seleção.** 1993. 119 p. Tese (Doutorado em Genética) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1993.

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. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético.** Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 561 p.

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

ROCHA, M. G. B.; PIRES, I. E.; ROCHA, R. B.; XAVIER, A.; CRUZ, C. D. Seleção de genitores de *Eucalyptus grandis* e de *Eucalyptus urophylla* para a produção de híbridos interespecíficos utilizando REML/BLUP e informação de divergência genética. *Revista Árvore*, Viçosa, v. 31, n. 6, p. 977-987, 2007.

ROSADO, A. M.; ROSADO, T. B.; RESENDE JR., M. F. R.; BHERING, L. L.; CRUZ, C. D. Ganhos genéticos preditos por diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus urophylla*. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 44, n. 12, p. 1653-1659, 2009.

SOUZA, C. S.; FREITAS, M. L. M.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Estimativas de parâmetros genéticos para caracteres quantitativos em progênies de polinização aberta de *Eucalyptus urophylla*. *Floresta*, Curitiba, v. 41, n. 4, p. 847-856, 2011.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 416 p.

WEI, R. P.; LINDGREN, D. Effective Family number following selection with restrictions. *Biometrics*, Arlington, v. 52, n. 2, p. 198-208, 1996.

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.

ZOBEL, B.; TALBERT, J. **Applied forest tree improvement**. New York: John Wiley & Sons, 1984. 496 p.

Recebido em 08/04/2015

Aceito para publicação em 31/07/2015

