

MARIA DAS GRAÇAS DE BARROS ROCHA

PREDIÇÃO DE VALORES GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE  
*Eucalyptus grandis* E DE *Eucalyptus urophylla* UTILIZANDO O PROCEDIMENTO  
REML/BLUP.

Tese apresentada à Universidade Federal de  
Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós  
Graduação em Ciência Florestal, para obtenção do título  
de *Doctor Scientiae*.

VIÇOSA  
MINAS GERAIS - BRASIL  
2004

MARIA DAS GRAÇAS DE BARROS ROCHA

PREDIÇÃO DE VALORES GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE  
*Eucalyptus grandis* E DE *Eucalyptus urophylla* UTILIZANDO O PROCEDIMENTO  
REML/BLUP.

Tese apresentada à Universidade Federal de  
Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós  
Graduação em Ciência Florestal, para obtenção do título  
de *Doctor Scientiae*.

**APROVADA:** 16 de fevereiro de 2004

---

Prof. Haroldo Nogueira de Paiva

---

Pesq. Flávio Pereira Silva

---

Prof. Cosme Damião Cruz

(Conselheiro)

---

Prof. Aloisio Xavier

(Conselheiro)

---

Prof. Ismael Eleotério Pires

(Orientador)

Para meus pais Cor-Jesus e Edir (in memoriam),

Danilo, meu esposo

Rodrigo, Daniela e Rafael, meus filhos e

Pedro, meu neto

que são mais do que pedi nesta jornada.

## AGRADECIMENTOS

- Em primeiro lugar a Deus, o meu grande mestre.
- A Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós Graduação de Ciência Florestal, pela oportunidade de realizar o curso de Doutorado.
- Ao Prof. Dr. Ismael Eleotério Pires pela orientação, amizade e confiança.
- Ao Prof. Dr. Cosme Damião Cruz pelos ensinamentos em Melhoramento gnético e orientação neste trabalho sempre com muita paciência e esmero.
- Ao Prof. Dr. Aloísio Xavier pela orientação na correção deste trabalho, sem a qual, concluí-lo seria mais difícil e pela amizade.
- Ao Dr. Marcos Deon Vilela de Resende da EMBRAPA FLORESTAS pelos ensinamentos em genética, pela disponibilidade do programa SELEGEN para análise dos dados e pelas discussões via e-mail.
- Ao Prof. Dr. José Marcelo Soriano Viana pelos ensinamentos em genética.
- Ao Prof. Dr. Haroldo Nogueira de Paiva e ao Dr. Flávio Pereira Silva pela contribuição na correção deste.
- A CENIBRA S.A., Celulose Nipo-brasileira S.A. pelos dados cedidos para realização deste trabalho.
- Ao Engenheiro Florestal Adriano Emanuel de Almeida pela ajuda nas análises dos dados, convívio acadêmico, pela amizade duradoura e aos amigos Jupiter Israel Muro Abad e Fernando Leite.
- Ao Estudante de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, Rodrigo Barros Rocha, meu filho, pela tolerância, amizade e incentivo.
- A CAPES, Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Ensino Superior, pela bolsa de estudos concedida durante 90 dias.

- Aos professores do Departamento de Engenharia Florestal e as colegas do curso Elisa e Miranda pela convivência.
- Aos ex-diretores da Diretoria de Desenvolvimento Florestal Sustentável do Instituto Estadual de Florestas, Marco Plauto Cardoso e José do Carmo Neves pelo apoio e incentivo.
- À Rita de Cássia Silva Alves, secretária do curso de pós graduação, e a Imaculada da Conceição Rocha pelo apoio, incentivo e amizade na realização deste trabalho.
- Aos colegas do Instituto Estadual de Florestas por àquela pergunta “e a tese”? em especial, à Flavinha, pela ajuda de computador.
- Às amigas Roseane, minha nora e Lívia, minha sobrinha, pelo incentivo e tolerância nos momentos de desânimo e pelo aconchego do Pedro, meu neto, para dar umas voltas na calçada;
- Em especial, ao Danilo Rocha, meu esposo, pelo apoio em todas as horas em que o caminho parecia inatingível.

## CONTEÚDO

RESUMO .....	viii
ABSTRACT.....	ix
INTRODUÇÃO GERAL .....	1
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	4
AVALIAÇÃO GENÉTICA DE PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE <i>Eucalyptus urophylla</i> UTILIZANDO OS PROCEDIMENTOS REML / BLUP E E (QM) .....	6
RESUMO .....	6
ABSTRACT .....	8
1 - INTRODUÇÃO .....	9
2 - MATERIAL E MÉTODOS .....	11
2.1. Material experimental .....	11
2.2. Avaliação dos testes de progênies .....	13
2.2.1. Análise de variância e estimativas de parâmetros genéticos .....	13
2.2.2 Análise REML / BLUP .....	16
3 - RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	20
3.1. Estimativas de parâmetros genéticos .....	20
3.1.1. Média e análise de variância .....	20
3.1.2. Componentes de variância .....	22
3.1.3. Estimativas dos coeficientes de variação .....	23
3.1.4. Estimativas dos coeficientes de herdabilidade .....	24
3.2. Ganho genético .....	26
3.2.1. População de melhoramento .....	26
3.2.2. População de produção .....	27
4 - CONCLUSÕES .....	29
5 - REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	30
AVALIAÇÃO GENÉTICA DE PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE <i>Eucalyptus grandis</i> UTILIZANDO O PROCEDIMENTO REML / BLUP E DA ANOVA .....	33
RESUMO .....	33
ABSTRACT .....	35

1 - INTRODUÇÃO .....	36
2 - MATERIAL E MÉTODOS .....	38
2.1. Material experimental .....	38
2.2. Avaliação .....	39
2.2.1. Análise de variância e estimativas de parâmetros genéticos .....	39
2.2.2. Análise REML / BLUP .....	42
2.2.2.1. Estimação de parâmetros genéticos .....	42
3 - RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	46
3.1. Estimativas de parâmetros genéticos .....	46
3.1.1. Média e análise de variância .....	46
3.1.2. Componentes de variância .....	47
3.1.3. Estimativas dos coeficientes de variação .....	48
3.1.4. Estimativas dos coeficientes de herdabilidade .....	49
3.2. Ganho genético .....	50
3.2.1. População de melhoramento .....	50
3.2.2. População de produção .....	51
4 - CONCLUSÕES .....	54
5 - REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	54
USO DO PROCEDIMENTO REML / BLUP PARA A SELEÇÃO DE GENITORES DE <i>Eucalyptus urophylla</i> E DE <i>Eucalyptus grandis</i> NA PRODUÇÃO DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS .....	58
RESUMO .....	58
ABSTRACT .....	60
1 - INTRODUÇÃO .....	61
2 - MATERIAL E MÉTODOS .....	63
2.1. Material experimental .....	63
2.1.1. Estimativas de parâmetros genéticos .....	64
2.2. Divergência genética .....	66
2.3. Dialelo circulante .....	66
2.4. Ganho genético .....	67
3 - RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	68
3.1. Estimativas das variâncias e coeficientes de variação.....	68
3.2 Estimativas dos coeficientes de herdabilidade.....	70

3.3 Ganho de seleção .....	71
3.4. Divergência genética .....	72
3.5. População de produção de sementes.....	74
3.6. Desempenho das progênies híbridas .....	75
4 – CONCLUSÕES .....	77
5 – REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	77
CONCLUSÕES GERAIS .....	81
ANEXO A .....	82
ANEXO B .....	88



## RESUMO

ROCHA, Maria das Graças de Barros, Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2004.  
Predição de valores genéticos em progênies de meios irmãos de *Eucalyptus grandis* e de *Eucalyptus urophylla* utilizando o procedimento REML/BLUP. Orientador: Ismael Eleotério Pires. Conselheiros: Aloísio Xavier e Cosme Damião Cruz.

Avaliou-se cinco testes de Progênies de *Eucalyptus urophylla* com 363 progênies, com uso do procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita / melhor predição linear não viesada) e um teste de *Eucalyptus grandis* com 265 progênies de treze procedências, visando a seleção com base no DAP (diâmetro à altura do peito), dos indivíduos portadores dos maiores valores genéticos preditos. Os testes de *Eucalyptus urophylla* foram instalados separados por procedência, em blocos ao acaso com cinco repetições e parcelas lineares de oito plantas, no espaçamento 3 x 2 metros e avaliados aos 48 meses de idade. Nas populações de melhoramento, Pomar de Sementes por Mudanças (PSM), de *Eucalyptus urophylla* o ganho genético variou de 9,5 a 25,3 % e tamanho efetivo populacional de 58 a 224. Para a população de produção, Pomar de Sementes Clonal, o ganho genético estimado variou de 15,2 a 26,8 % com a seleção de 21 indivíduos para a recombinação. O teste de progênies *Eucalyptus grandis* foi instalado em delineamento de blocos ao acaso com cinco repetições e parcelas lineares de seis plantas, no espaçamento 3 x 2 metros, com as progênies aleatorizadas dentro de cada bloco independentemente das procedências. A seleção com base no DAP (diâmetro à altura do peito) propiciou um ganho genético de 16,1 % e tamanho efetivo populacional de 897 no estabelecimento do Pomar de Sementes por Mudanças (PSM) e variou de 12,7 a 22,3 % para o Pomar de Sementes Clonal estabelecido com 29 indivíduos na recombinação. Visando a produção de híbridos interespecíficos foram selecionados 100 genitores de *Eucalyptus urophylla* e 100 de *Eucalyptus grandis* para cruzamentos em dialelos circulantes. Os cruzamentos entre os pares de indivíduos portadores das maiores distâncias genéticas conduzirão a um ganho genético estimado variando entre 35,7 a 38,5 %.

## ABSTRACT

ROCHA, Maria das Graças de Barros, Universidade Federal de Viçosa, February 2004.  
Prediction of genetic values in half-sib progênies of *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla* by the REML/BLUP procedure. Adviser: Ismael Eleotério Pires. Committee Members: Aloisio Xavier and Cosme Damião Cruz.

Five tests were carried out with 363 *Eucalyptus urophylla* progenies from Indonesia, and one a test with 265 *Eucalyptus grandis* progenies from thirteen provenances in Guanhães-MG, in order to estimate the genetic values and parent selection for the production of interspecific hybrids in controlled crosses. A complete randomized block design was used, with five replications and row plots of six *Eucalyptus urophylla* and eight *Eucalyptus grandis* plants, in a spacing of 3.0 x 2.0 m. The genetic parameters were estimated with mixed models, using the REML/BLUP procedure (restricted maximum likelihood / best linear unbiased prediction) and minimum squares, for the diameter at breast height (DAP), total height (ALT) and individual volume (VOL) characteristics. The genetic values were predicted only for the diameter at breast height (DAP) characteristics, which was aim of the selection. Heritability estimates in the restricted sense of 0.28 and accuracy in a range of 61% in *Eucalyptus urophylla* and of 0.23 and accuracy of 53% in *Eucalyptus grandis*. Were obtained the election of the 100 parents of each species individually indicates genetic gains of 20.6 % in *Eucalyptus urophylla* and 16.4 % in *Eucalyptus grandis*. The genetic gain for the diameter at breast height characteristics around 35.0% can be obtained after crosses among the first 10 plants selected from each species that are carriers of the greatest genetic divergences.

## INTRODUÇÃO GERAL

O gênero *Eucalyptus* é constituído por cerca de 600 espécies, as quais são predominantemente alógamas e se caracterizam por originarem híbridos interespecíficos férteis, dentro de cada subgênero (Pryor, 1976). No subgênero *Symphyomyrtus* estão a maioria das espécies de maior interesse econômico no Brasil, como o *Eucalyptus grandis*, *Eucalyptus urophylla* e seus híbridos que representam a quase totalidade dos plantios de Minas Gerais.

O *Eucalyptus grandis* é uma das principais espécies para a silvicultura brasileira como matéria-prima para papel e celulose e mais recentemente como madeira para serraria. Na década de 60, as procedências da costa sudoeste da Austrália foram amplamente plantadas no Brasil com sementes colhidas em parcelas plantadas no horto florestal de Rio Claro, em São Paulo, e sementes importadas de Nova Gales do Sul e do sul de Queensland, latitudes 26° S a 32° 52' S. Em vários locais de plantio, e principalmente no litoral do Espírito Santo, o *Eucalyptus grandis* apresentou qualidade satisfatória para produção de celulose de fibra curta, rápido crescimento, mas com grande variação na performance da floresta e alta incidência de cancro, causado pelo fungo *Cryphonectria cubensis*. Apesar disso, vários indivíduos superiores em volume se destacaram com tolerância ao cancro, os quais foram multiplicados para os plantios clonais de alta produtividade. Estes clones, “híbridos de Rio Claro”, ainda hoje, são utilizados nos plantios clonais das empresas.

O *Eucalyptus urophylla* foi introduzido no Brasil na década de 70 com sementes colhidas em diversas ilhas na Indonésia e apresentou boa capacidade de adaptação em vários locais, rusticidade, tolerância ao cancro, alto percentual de rebrota, porém com menor produtividade, se comparado ao *Eucalyptus grandis* em alguns locais. Os híbridos *E. urophylla* x *E. grandis* assumiram posição de destaque na silvicultura brasileira pela apresentação de vigor híbrido para diversas características dos genitores.

Os híbridos sintéticos de polinização controlada entre indivíduos selecionados pelo seu valor fenotípico, plantados em testes de progênies e/ou parcelas de avaliação para seleção e clonagem, resultaram em ganhos genéticos significativos devido aos efeitos da heterose e/ou combinação entre características.

Atualmente a grande preocupação reside na estruturação de programas de melhoramento que resulte na produção de híbridos de alto vigor pelo melhoramento das populações genitoras em seleção recorrente recíproca.

Assim, é indispensável a escolha de genitores identificados com metodologias precisas que assegurem a eficiência da estratégia de melhoramento genético pela produção de materiais genéticos superiores. Coterill et al. (1988) e Coterill (1989) sugerem uma estratégia para captura dos progressos genéticos em menor tempo, na qual se trabalha com duas populações, sendo a principal constituída de um grande número de indivíduos de polinização aberta e outra menor, composta de árvores elite, entre as quais se realiza polinização controlada. Segundo estes autores, os cruzamentos controlados resultantes dos melhores genitores devem ser avaliados em testes de progênies em vários locais e os indivíduos superiores clonados para o plantio comercial. Esta estratégia possibilita fazer a transferência de material genético de um grupo ou “site” para outro, minimizando o estreitamento da base genética pela clonagem.

A condução de um programa de melhoramento genético de *Eucalyptus urophylla* e de *Eucalyptus grandis*, através da seleção recorrente recíproca visando produção de híbridos, é facilitada pela existência de material genético selecionado e adaptado, de fácil multiplicação assexuada para composição dos pomares de recombinação associado ao uso de procedimentos que contemplam o valor genético aditivo dos indivíduos viabilizam a estratégia de produção de híbridos.

As técnicas de avaliação genética permitem predizer os valores genéticos aditivos dos genitores envolvidos nos cruzamentos e também os valores genotípicos dos híbridos selecionados para o plantio comercial (Resende, 2000). A escolha de genitores tem sido

conduzida de forma a contemplar materiais genéticos superiores com ampla variabilidade genética para garantir ganhos contínuos com a seleção ao longo de várias gerações, isto é, permitindo melhoramento genético em gerações avançadas (Zobel & Talbert, 1984).

Os métodos preditivos comumente empregados na seleção dos genitores em populações visam a identificação de combinações híbridas de maior efeito heterótico resultantes dos cruzamentos entre indivíduos mais divergentes. Uma das maneiras de confirmar esta superioridade é através da realização dos cruzamentos controlados entre um grupo de genitores avaliados em cruzamentos dialélicos na obtenção de genótipos superiores no  $F_1$  (Cruz & Regazzi, 1994). Em várias situações, os cruzamentos genéticos em delineamentos dialélicos em *Eucalyptus* encontram uma série de obstáculos, que as vezes, os tornam impraticáveis, como o florescimento tardio, longo ciclo de maturação, falta de sincronismo de florescimento dentro e entre as espécies. Em função disso, o uso de processos preditivos na avaliação da divergência genética dos genitores assume grande importância para obtenção da progênie híbrida  $F_1$  por dispensarem a obtenção prévia das combinações híbridas entre o grupo de genitores avaliados.

Os programas de melhoramento de *Eucalyptus* têm utilizado os híbridos explorando somente a capacidade específica de combinação para a produção de clones superiores. No entanto, para a obtenção do híbrido interespecífico com aumento da heterose em cada ciclo de seleção, é imprescindível que as populações genitoras de cada espécie sejam conduzidas em esquema de seleção recorrente recíproca.

A predição dos valores genotípicos de híbridos candidatos à seleção, desempenha papel fundamental na definição da estratégia de seleção dos indivíduos propagados assexuadamente (Resende, 2000), e a predição dos valores genéticos aditivos orienta a escolha dos genitores na seleção recorrente recíproca em cada ciclo, para o melhoramento progressivo das espécies genitoras e o aumento da heterose no híbrido.

Os valores genéticos aditivos e os valores genotípicos são variáveis aleatórias não observáveis preditos a partir dos valores fenotípicos. De acordo com Resende & Higa (1994), com base em Henderson (1963), o melhor procedimento de predição dos valores genéticos aditivos é o BLUP (melhor predição linear não-viesada) quando os dados estão desbalanceados. O BLUP consiste basicamente, na predição dos valores genéticos dos indivíduos ajustando os dados para os efeitos fixos de ambiente e para o desbalanceamento maximizando o ganho genético por ciclo de seleção. Assume que os componentes de variância são conhecidos antes da seleção na população base não selecionada. Entretanto,

são necessárias estimativas confiáveis dos componentes de variância para obtenção de parâmetros genéticos. O procedimento padrão utilizado na estimação de componentes de variância para o BLUP é o da máxima verossimilhança restrita (REML), que foi desenvolvido por Patterson & Thompson (1971).

As estimativas dos componentes de variância obtidos de quadrados mínimos são viesadas e saem do espaço paramétrico na sua estimativa bem como não considera a perda de graus de liberdade de estimação dos efeitos fixos. Assim, o método iterativo REML (máxima verossimilhança restrita) torna-se mais adequado por propiciar estimativas não-viesadas dos componentes de variância (Resende, 2000), pela maximização da função densidade de probabilidade da parte referente aos efeitos aleatórios, em relação aos componentes de variância eliminando os erros resultantes da perda de graus de liberdade na estimação dos efeitos fixos do modelo. Neste método cada observação é dividida em duas partes independentes, uma referente aos efeitos fixos, e outra aos efeitos aleatórios onde a função densidade de probabilidade é dada pela soma das funções densidade de probabilidade de cada parte.

Este trabalho teve como objetivo a estimação dos valores genéticos de progênies de *Eucalyptus grandis* e de *Eucalyptus urophylla*, aos 58 meses de idade, na região do vale do Rio Doce, Minas Gerais pelo método REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita / melhor predição linear não viesada).

#### REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

COTTERILL, P.P.; DEAN, C.A.; CAMERON, J.N.; BRINDBERGS, M.L. Nucleus breeding: a new strategy for rapid improvement under clonal forestry. In: **Proceedings of IUFRO International Conference “Breeding Tropical Trees”** Section. Pattaya, Thailand, v.2, p.2-8, 1988.

COTTERILL, P.P. The nucleus – breeding system, In: TWENTIETH SOUTHERN FOREST TREE IMPROVEMENT CONFERENCE, 1989. Charleston. **Proceeding...** Charleston: SFTIC, 1989, p-26-30.

CRUZ, C.D., REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 1994. 394p.

- HENDERSON, C. R. Selection index and expected genetic advance. In: HANSON, W. R.; ROBINSON, H. F. (Ed.) **Statistical genetics and plant breeding**. [S.I.]: Natl. Acad. Of Sci-Natl. Res. Councill. Pub., 1963. p. 141-153.
- PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v.58, p. 545-554, 1971.
- PRYOR, L. D. **The biology of eucalyptus**. Canberra: Edward Arnold, 1976. 82p.
- RESENDE, M. D.V. de, HIGA, A R. Maximização da eficiência da seleção em testes de progênies de *Eucalyptus* através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. EMBRAPA FLORESTAS **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 28/29, p. 35-59, 1994.
- RESENDE, M. D.V. de. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: EMBRAPA FLORESTAS, 2000. 101p (Embrapa Florestas. Documentos, 47).
- ZOBEL, B. & TALBERT, J. **Applied forest tree improvement**. New York: John Wiley & Sons, 1984. 505p.

## CAPÍTULO 1

### AVALIAÇÃO GENÉTICA DE PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE *Eucalyptus urophylla* UTILIZANDO OS PROCEDIMENTOS REML/BLUP E E (QM).

#### RESUMO

Realizou-se avaliação genética em cinco testes de progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla* procedentes da Indonésia, com o uso dos procedimentos REML/ BLUP (máxima verossimilhança restrita / melhor predição linear não viesada) e pelo método dos quadrados mínimos E (QM). Os ensaios foram estabelecidos separadamente por procedência, sendo o delineamento experimental em blocos casualizados, com cinco repetições e parcelas lineares de seis plantas, no espaçamento 3,0 x 2,0 metros, em Guanhães – MG. Nos cinco testes avaliados aos 58 meses de idade, para a característica diâmetro à altura do peito (DAP), apresentaram valores dentro dos padrões da espécie, além de exibir variabilidade genética significativa, pelo teste F a 1% de probabilidade. Os coeficientes de variação genética aditiva apresentaram valores maiores no teste TP-71 originado de Wetar e no TP-68 originado de Alor, e nos outros testes apresentaram valores similares para a característica diâmetro à altura do peito (DAP). Os ganhos de seleção foram estimados na ordem de 12,8; 22,9; 9,5; 21,0 e 25,3% e tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) na ordem de 60,2; 58,0; 131,8; 167,9 e 224,1 para ao testes TP-67, TP-68, TP-69, TP-70 e TP-71, respectivamente. O ganho de seleção no Pomar de Sementes Clonal – PSC foi de 26,8 %



com a seleção dos 21 indivíduos portadores dos maiores valores genéticos aditivos. Nos dois procedimentos, máxima verossimilhança restrita (REML) e esperança de quadrados mínimos E(QM), os valores dos parâmetros genéticos foram semelhantes, exeto entre famílias, onde o procedimento REML proporcionou valores mais elevados com acurácia superior a 70% em todas as populações, mostrando-se como ferramenta apropriada para este fim.

Palavras-chave: herdabilidade, valores genéticos preditos, melhoramento florestal, genética quantitativa, parâmetros genéticos.

## ABSTRACT

### GENETIC EVALUATION OF HALF-SIB *Eucalyptus urophylla* PROGENIES BY THE REML/BLUP AND MINIMUM SQUARES PROCEDURE

Five progeny tests with half-sibs *Eucalyptus urophylla* were evaluated in which were 4 from provenances Indonesia and one from Brazil. It was used the REML/ BLUP (restricted maximum likelihood / best linear unbiased prediction) procedures and the minimum square method for the estimation of genetic values. The tests were established separately according to the origin, in a complete randomized block design, with five replications and row plots of six plants in 3.0 x 2.0 meter spacing in Guanhães, Minas Gerais State. The five evaluated tests when the plants were 58 months old for the characteristics of diameter at breast height (DAP) showed standard species values, besides presenting significant genetic variability by the F test at 1% of probability. The coefficients of additive genetic variation presented greater values in the TP-71 test from Wetar and TP-68 from Alor, and presented similar values in the other tests for the diameter at breast height (DAP) characteristic. Selection gains were estimated at values of 12.8; 22.9; 9.5; 21.0, and 25.3%, and the effective population size ( $N_e$ ) at values of 60.2; 58.0; 131.8; 167.9, and 224.1 for the TP-67, TP-68, TP-69, TP-70, and TP-71 tests, respectively. A selection gain of 26.8 % was obtained in the clonal seed orchard with selection of 21 plants that were carriers of the greatest additive genetic values. In both procedures the values of the genetic parameters were similar, except among families, in which the procedure REML obtained higher values with accuracy higher than 70% in all populations, proving its appropriateness for this purpose .

Key-words: *Eucalyptus urophylla*, genetic parameters, forest improvement.

## 1 – INTRODUÇÃO

O *Eucalyptus urophylla* ocorre em algumas ilhas orientais do arquipélago de Sonda: Timor, Flores, Adonara, Lomblen, Pantar, Alor e Wetar situadas ao norte da Austrália, entre as latitudes de 7° a 10°S, em altitudes variando de 300 a 3.000 metros, associado ao *Eucalyptus alba* nas faixas costeiras de baixa e média altitude com clima tropical semi-árido (Pryor & Jonhson, 1971; Mora & Garcia, 2000). Foi introduzido no Brasil na década de 70 com sementes colhidas em diversas ilhas pertencentes à Indonésia. Constatado o seu potencial, os primeiros plantios foram feitos com sementes produzidas nas áreas de introdução visando a produção de madeira para celulose e carvão vegetal. Apresentou boa adaptação em diversas regiões edafoclimáticas que apresentavam limitações para o crescimento do *Eucalyptus grandis* e, principalmente tolerância ao cancro do eucalipto ocasionado pelo patógeno *Cryphonectria cubensis* (Brumer) Hodges. Mora & Ferreira (1978), observaram base genética restrita devido endogamia nas populações de *Eucalyptus urophylla* em função do pequeno tamanho efetivo inicial nas áreas produtoras de sementes. Novas introduções foram feitas por várias empresas a partir da década de 80, com a finalidade de ampliação da base genética e escolha de procedências.

O *Eucalyptus urophylla* apresenta alto nível de variação entre procedências. Nos estudos realizados em Belo Oriente - MG e Linhares-ES, Brasil et al.(1986) concluíram que as procedências de Flores mostraram superioridade em crescimento quando comparadas com as do Timor nos dois locais de plantio. Em Paraopeba-MG, no estudo de comportamento de doze procedências de *Eucalyptus urophylla* originadas da Indonésia, Fonseca et al. (1986) concluíram que duas procedências do Timor tiveram maior crescimento em diâmetro e altura.

Em estudo envolvendo 23 procedências e 200 progênies de *Eucalyptus urophylla* da Indonésia na região do Jari-PA, Scanavaca Junior et al. (1993) encontraram diferenças estatísticas significativas entre procedências e progênies. Os melhores incrementos foram obtidos para as procedências de Flores. Já Freitas et al. (1997) concluíram que as progênies de Rio Claro-SP foram superiores às de Três Lagoas-MS, avaliadas aos cinco anos de idade em Selvíria-MS.

Devido ao seu grande potencial de adaptação e rusticidade, capacidade de brotação, rápido crescimento o *Eucalyptus urophylla* tem sido a principal espécie componente de híbrido com o *Eucalyptus grandis*. O híbrido *Eucalyptus urophylla* x *Eucalyptus grandis*

viabilizou plantios tolerantes ao cancro no litoral do Espírito Santo, ao déficit hídrico na região central, à seca de ponteiros do Vale do Rio Doce (SPEVRD), adaptados em muitos sites marginais, além de melhorar algumas características relacionadas à qualidade de madeira tanto para celulose quanto para carvão vegetal. Estima-se que hoje existam 600.000 hectares plantados no Brasil, incluindo a espécie pura e os híbridos com *Eucalyptus grandis* (Pigato & Lopes, 2001).

O melhoramento genético depende do acerto na escolha dos melhores indivíduos para serem os genitores das próximas gerações (Cruz & Carneiro, 2003). Uma das maneiras de identificar os indivíduos portadores de genes desejáveis se faz com a avaliação genética dos candidatos à seleção. A seleção deve ser feita nos valores genéticos aditivos dos indivíduos que serão utilizados na recombinação e nos valores genotípicos dos indivíduos que serão clonados, sendo necessário a obtenção da estimativa da variância genética aditiva para a predição de ganhos a partir de estratégias baseado na reprodução sexuada e, também a variância genética não aditiva para estratégias baseadas na reprodução assexuada.

Dentre os principais procedimentos para a estimação dos parâmetros genéticos em testes de progênies, destaca-se a análise de variância (ANOVA) para a decomposição das variâncias dos quadrados médios e o procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita / melhor predição linear não viesada). Na ANOVA os componentes de variância são obtidos pela decomposição dos quadrados médios com base nas suas esperanças matemáticas (Cruz & Carneiro, 2003). Segundo Resende (2002), o procedimento adequado para a predição dos valores genéticos utilizados na avaliação genética de plantas perenes tem sido o BLUP individual, consiste basicamente na predição de valores genéticos dos efeitos aleatórios do modelo estatístico associado às observações fenotípicas, ajustando-se os dados aos efeitos fixos e ao número desigual de informações nas parcelas por meio de metodologia de modelos mistos (Henderson & Quaas, 1976). A predição de valores genéticos usando o BLUP assume que os componentes de variância são conhecidos na população base não selecionada. Entretanto, na prática não se conhecem os verdadeiros valores dos componentes de variância, que são estimados com o procedimento da máxima verossimilhança restrita (REML), que itera nas equações de modelos mistos do procedimento BLUP, desenvolvido por Patterson & Thompson (1971).

Este trabalho teve como objetivo a estimação dos valores genéticos de progênies de *Eucalyptus urophylla*, aos 58 meses de idade, na região do vale do Rio Doce, Minas Gerais

pelo método REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita / melhor predição linear não viesada).

## 2- MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1. Material experimental

Foram utilizados cinco testes de progênies de *Eucalyptus urophylla* instalados individualmente por procedência, contendo 363 progênies assim denominados: TP-67 b1 (procedência Anhembi-SP; com 34 progênies); TP-68 b1 (procedência Alor-Indonésia, com 25 progênies); TP-69 b1 (procedência Mt. Lewotobi-Indonésia, com 60 progênies); TP-70 b1 (procedência Egon-Indonésia, com 118 progênies) e TP-71 b1 (procedência Wetar- Indonésia, com 126 progênies). Foram acrescentadas testemunhas de sementes de lotes colhidos nas Áreas Produtoras de Sementes – APS da CENIBRA (Celulose Nipo Brasileira S.A.).

As progênies de *Eucalyptus urophylla* foram amostradas na Indonésia, na ilha de Flores com duas procedências, uma de Mt. Egon e outra de Mt. Lewotobi, onde o clima é predominante tropical seco e com déficit hídrico crescente de Oeste para o Leste e altitudes variando de 370 a 1450 m (Vieira & Bucsán, 1979); em Alor com altitudes de 370 a 1200 metros em solos de origem vulcânica apresentando afloramentos e características de rochas basálticas; em Wetar em altitudes de 70 a 800 metros. A variação de altitude exerce efeitos marcantes na temperatura com as máximas variando de 27°C a 30°C, em altitudes de 400 metros, a 17°C a 21°C, a 1900 metros com 3 a 4 meses de déficit hídrico no ano (Eldridge et al., 1993). As progênies do TP-67 b1 (procedência Anhembi - SP, com 34 progênies) têm origem na ilha de Flores. No Quadro 1 estão apresentados a relação das procedências e progênies com as respectivas coordenadas geográficas, bem como o número de progênies por procedência (nf) e número médio de indivíduos por progênies ( $\bar{n}$ ) de *Eucalyptus urophylla* avaliadas nos testes TP-67, TP-68, TP-69, TP-70, e TP-71 aos 58 meses de idade.

Quadro 1-Procedências, número de progênies por procedência (nf), número médio de indivíduos por progênies ( $\bar{n}$ ), de *Eucalyptus urophylla* avaliadas nos testes TP-67, TP-68, TP-69, TP-70, e TP-71, aos 58 meses de idade.

Teste	Procedências	Lat	Long	Alt. (m)	(nf)	( $\bar{n}$ )
TP-67	Anhembi-SP	22°23'S	47°32'W	610	34	34
TP-68	1 / Piritumas W. Alor – Ind.	08°19'S	124°31'E	355	14	23
	2 / Piritumas W. Alor – Ind.	08°14S'	124°44'E	540	7	36
	3 / Piritumas W. Alor – Ind.	08°17'S	124°40'E	1115	4	36
TP-69	1 / Mt Lewotobi –Flores-Ind.	08°19'S	122°45'E	398	25	32
	2 / Mt Lewotobi –Flores-Ind.	08°32'S	122°48'E	375	35	35
TP-70	1 / Mt Egon –Flores-Ind.	08°38'S	122°27'E	515	42	34
	2 / Mt Egon –Flores-Ind.	08°32S'	122°27'E	525	2	33
	3 / Mt Egon –Flores-Ind.	08°36'S	122°28'E	550	2	32
	4 / Mt Egon –Flores-Ind.	08°38'S	122°27'E	450	72	35
TP-71	1/Lalikki Mine N Wetar-Ind.	07°42'S	126°21'E	220	9	36
	2/Nw Old Unak Wetar-Ind.	07°36'S	126°37'E	215	5	35
	3/Sw of Unak Ne Wetar-Ind.	07°39'S	126°37'E	215	37	35
	4/N of Carububu Wetar-Ind.	07°56'S	125°53'E	175	8	33
	5/N of Telemar Sw Wetar-Ind.	07°54'S	125°58'E	180	6	35
	6/N of Arnau Wetar-Ind.	07°49'S	126°10'E	315	30	35
	7/N of Ilwaki Wetar-Ind.	07°52'S	126°26'E	515	27	36
	8/Nw of Ilwaki Wetar-Ind.	07°54'S	126°26'E	490	4	35

Os experimentos de *Eucalyptus urophylla* foram instalados em dezembro de 1993, por procedência individualmente em blocos ao acaso, com cinco repetições e parcelas lineares de oito plantas, no espaçamento de 3 x 2 m. O local situa-se na latitude de 18°48'06"S, longitude de 42°58'22"W. Segundo Leite,\* (2004), o solo predominante é Latossolo Vermelho Amarelo distrófico, horizonte A moderado, álico (90% saturação de alumínio) de textura argilosa (70% de argila), ácido com baixa saturação por bases, valores extremamente baixos de cálcio e magnésio (0,02 e 0,03 eqmg/100cc). O relevo é suavemente ondulado com declives em altitudes variando de 800 a 1000 metros. No Quadro 2, estão apresentados os dados referentes à média de precipitação pluviométrica e umidade relativa do ar no período de 15 anos e os de temperatura do ar no período de 10 anos foram obtidos na Estação Meteorológica de Guanhões.

\*Informação pessoal.

Quadro 2- Dados de precipitação pluviométrica, umidade relativa do ar e temperatura do local de instalação dos testes de progênies de *Eucalyptus urophylla*.

Período	1985 a 2000		1990 a 2000		
	Precipitação (mm)	Umidade Relativa (%)	Temperatura °C		
			Média	Mínima	Máxima
Jan	189,2	62	24,6	18,7	29,8
Fev	112,2	61	25,0	18,6	30,5
Mar	130,7	62	24,7	18,4	29,9
Abr	59,3	60	23,4	16,9	28,7
Mai	25,4	60	21,1	14,4	26,3
Jun	8,2	56	19,1	11,8	24,9
Jul	10,0	56	18,0	11,1	24,9
Ago	14,4	53	19,6	11,8	25,9
Set	36,9	50	21,3	14,0	27,3
Out	104,2	56	22,9	16,6	28,3
Nov	191,9	61	23,2	17,8	28,0
Dez	271,4	62	23,9	18,7	28,2
Ano	1153,6	58,3	22,2	15,7	27,7

Segundo a classificação climática de Köppen o clima é Aw, tropical chuvoso de savana, ou seja, inverno seco e chuvas máximas no verão e a vegetação associada é classificada como floresta temperada úmida.

## 2.2. Avaliação dos testes de progênies

Os testes de progênies foram avaliados aos 58 meses de idade. Devido ao grande número de dados, optou-se pela avaliação somente do diâmetro à altura do peito (DAP), visto esta estimativa apresentar alta correlação genética com altura e volume (Pires, 1996). Além disso, nas avaliações de diâmetro à altura do peito ocorrem menos erros de medição, se comparadas com as de altura total. A avaliação genética foi feita nos testes de progênies analisando-os individualmente.

### 2.2.1. Análise de variância (ANOVA) e estimativas de parâmetros genéticos

Para análise de variância e teste de F foi adotado o seguinte modelo estatístico descrito em Cruz & Carneiro (2003).

em que:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij} + \delta_{ijk}$$

$Y_{ijk}$  : observação no indivíduo  $ijk$ ;

$\mu$  : média geral;

$G_i$  : efeito da  $i$ -ésima progênie, onde  $i = 1, 2 \dots g$ ,  $G_i \sim \text{NID}(0, \sigma_g^2)$ ;

$B_j$  : efeito do  $j$ -ésimo bloco, onde  $j = 1, 2 \dots r$ ,  $B_j \sim \text{NID}(0, \sigma_b^2)$ ;

$\varepsilon_{ij}$  efeito aleatório ambiental existente entre parcelas, onde  $\varepsilon_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma_e^2)$ ;

$\delta_{ijk}$  : efeito aleatório existente entre plantas dentro das parcelas, onde,  $k = 1, 2 \dots n$  e  $\delta_{ijk} \sim \text{NID}(0, \sigma_d^2)$ .

O esquema da análise de variância e as esperanças matemáticas dos quadrados médios estão apresentados no Quadro 3.

Quadro 3- Esquema da análise de variância em blocos casualizados em nível de plantas dentro das parcelas.

FV	GL	QM	E(QM)
Blocos	r-1	QMB	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2 + ng\sigma_b^2$
Progênies	g-1	QMG	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2 + nr\sigma_g^2$
Entre parcelas	(g-1)(r-1)	QME	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2$
Dentro de parcelas	(n-1)gr	QMD	$\sigma_d^2$

$\sigma_g^2$  : variância genética entre médias de progênies;  $\sigma_e^2$  : variância ambiental entre parcelas;  $\sigma_d^2$  : variância fenotípica entre plantas dentro de progênies;  $\sigma_b^2$  : variância entre blocos; QM: quadrado médio; E(QM): esperança matemática dos quadrados médios.

Os componentes de variâncias para a característica diâmetro à altura do peito foram estimados conforme Vencovsky & Barriga (1992), Xavier et al. (1993) e Pires (1996) por meio dos respectivos estimadores:

- Variância genética entre médias de progênies:

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{QMG - QME}{nr} = \hat{\sigma}_a^2$$



Variância genética aditiva entre plantas:

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{1}{4} \hat{\sigma}_a^2$$

- Variância ambiental entre parcelas:

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{QME - QMD}{n}$$

- Variância fenotípica entre plantas dentro de progênies:

$$\hat{\sigma}_d^2 = QMD$$

- Variância fenotípica entre plantas dentro do experimento:

$$\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2$$

- Variância fenotípica entre médias de progênies:

$$\hat{\sigma}_{Fm}^2 = \hat{\sigma}_g^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{r} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{nr} = \frac{QMG}{r}$$

Os coeficientes de herdabilidade no sentido restrito em nível de plantas individuais e em nível de médias de progênies foram estimados desprezando-se a ocorrência de endogamia, conforme Vencovsky & Barriga (1992):

- Coeficiente de herdabilidade para seleção entre plantas dentro do bloco:

$$h_a^2 = \frac{4\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_F^2}$$

- Coeficiente de herdabilidade, em nível de médias de progênies:

$$h_{mp}^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_{Fm}^2}$$

As estimativas dos coeficientes de variação genética aditiva entre plantas, coeficiente de variação fenotípica entre plantas e coeficiente de variação experimental foram obtidas conforme Vencovsky & Barriga (1992):

- Coeficiente de variação genética aditiva entre plantas individuais:

$$CV_a (\%) = \frac{\hat{\sigma}_a}{\hat{\mu}} \times 100$$

em que  $\hat{\mu}$  é a média geral do experimento.

- Coeficiente de variação fenotípica entre plantas.

$$CV_F (\%) = \frac{\hat{\sigma}_F}{\hat{\mu}} \times 100$$

- Coeficiente de variação experimental:

$$CV_{\text{exp}} (\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{\hat{\mu}} \times 100$$

### 2.2.2. Análise REML/BLUP

Os testes de progênes foram analisados utilizando o procedimento REML/BLUP do modelo linear misto, onde os componentes de variação estão associados à análise univariada (DAP) através do Selegen – REML/BLUP -Seleção Genética Computadorizada (Resende, 2002a).

$$Y = Xb + Za + Wc + e$$

em que:

$Y$  : vetor de dados;

$X$  : matriz de incidência para o efeito fixo de bloco;

$b$  : vetor dos efeitos de bloco, tomado como fixo;

$Z$  : matriz de incidência para o efeito aleatório de indivíduos;

$a$  : vetor dos efeitos genéticos aditivos tomados como aleatórios;

$W$  : matriz de incidência para o efeito de parcela;

$c$  : efeito de parcela tomado como aleatório;

$e$  : efeito dos erros aleatórios.

As pressuposições acerca da distribuição de  $y, a, c, e$  estruturas de médias e variâncias para cada vetor, são dados por:

$$Y \sim N(Y, V)$$

$$a \sim N(0, A\sigma_a^2)$$

$$c \sim N(0, I\sigma_c^2)$$

$$e \sim N(0, I\sigma_e^2)$$

$$\text{Cov}(a, c) = 0; \text{Cov}(a, e) = 0; \text{Cov}(c, e) = 0$$

ou seja:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad e \text{Var} \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZG & WC & R \\ GZ' & G & 0 & 0 \\ CW' & 0 & C & 0 \\ R & 0 & 0 & R \end{bmatrix},$$

em que:

$$G = A\sigma_a^2$$

$$C = I\sigma_c^2$$

$$R = I\sigma_e^2$$

tendo-se ainda:

$$\text{Var}(y) = ZA\sigma_a^2Z' + WI\sigma_c^2W' + I\sigma_e^2 = ZGZ' + WCW' + R$$

Desta forma, as equações de modelo misto são dadas por:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix},$$

em que:

$$\lambda_1 = \frac{\hat{\sigma}_e^2}{\hat{\sigma}_a^2} = \frac{1-h^2-c^2}{h^2};$$

$$\lambda_2 = \frac{\hat{\sigma}_e^2}{\hat{\sigma}_c^2} = \frac{1-h^2-c^2}{c^2};$$

a) herdabilidade individual no sentido restrito no bloco;

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2}$$

b) correlação devido ao ambiente comum da parcela;

$$c^2 = \frac{\hat{\sigma}_c^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2}$$

em que:

$\hat{\sigma}_a^2$  : variância genética aditiva;

$\hat{\sigma}_c^2$  : variância ambiental;

$\hat{\sigma}_e^2$  : variância dentro da parcela = (ambiental dentro de parcelas mais a genética não aditiva);

Segundo Resende (2000), os estimadores iterativos dos componentes de variância por REML via algoritmo EM são dados por:

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

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

$$\hat{\sigma}_c^2 = [\hat{c}' c + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr} C^{33}] / s,$$

em que:

$C^{22}$  e  $C^{33}$  advém de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} \end{bmatrix}$$

em que:

C= matriz dos coeficientes das equações de modelo misto;

tr = operador traço matricial;

r(x) = posto da matriz X;

N, q, s = número total de dados, número de indivíduos por parcela e número de parcelas, respectivamente.

As análises individuais foram utilizadas para prover informações de seleção que permitissem a transformação dos testes de progênies em populações de melhoramento (PSM-Pomar de Sementes por Mudas), e a análise conjunta para seleção dos indivíduos a serem recombinados na população de produção (PSC-Pomar de Sementes Clonal).

O tamanho efetivo populacional foi obtido de acordo com Resende & Bertolucci (1995):

$$Ne = \frac{4N_f \bar{k}_f}{\bar{k}_f + 3 + (\sigma_{k_f}^2 / k_f^2)},$$

em que:

$\bar{k}_f$  = número médio de indivíduos selecionados por progênie ( $\bar{K}_f = \frac{N}{N_f}$ );

$\sigma_{kf}^2$  = variância do número de indivíduos selecionados por progênie;

$N_f$  = número de progênies selecionadas.

O ganho genético corrigido ( $G_{sc}$ ) para a endogamia é dado por Resende & Bertolucci (1995), como segue:

$$G_{sc} = (1 - F)G_s,$$

em que:

$$F = \frac{1}{(2N_e)}$$

$G_{sc}$  : ganho genético corrigido;

F: coeficiente de endogamia;

$N_e$  : Número efetivo;

$G_s$  : Ganho genético.

As variâncias dos ganhos genéticos foram estimadas conforme Resende & Bertolucci (1995), assumindo que os componentes de variância foram estimados com precisão:

$$\hat{V}(\hat{G}_s) = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{N_e}$$

em que:

$\hat{V}(\hat{G}_s)$  : variância do ganho genético;

$\hat{\sigma}_a^2$  : variância genética aditiva no sentido restrito;

$N_e$  : número efetivo.

Os intervalos de confiança associados aos ganhos genéticos corrigidos para a endogamia foram dados conforme Resende (2002b):

$$G_{sc} \pm t \left[ \hat{V}(G_s) \right]^{\frac{1}{2}},$$

em que:

t = 1,96 para 95% de confiança.

### 3- RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.1. Estimativas de parâmetros genéticos

##### 3.1.1. Médias e análise de variância

Os resultados das análises de variância para a característica diâmetro à altura do peito (DAP) avaliada em nível de plantas individuais aos 58 meses de idade, são apresentados no Quadro 4. E estão, também apresentados as médias e os respectivos coeficientes de variação experimentais ( $CV_{exp}$ ) para as progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla* nos testes TP-67, TP-68, TP-69, TP-70 e TP-71.

As análises de variância revelaram a existência de diferenças significativas entre progênies, para a característica DAP, pelo teste de F, em nível de 1% de probabilidade para todos os testes. Desta maneira, pode-se concluir que existe variabilidade genética entre progênies e que há possibilidades de obtenção de ganhos genéticos pela seleção nestas populações.

As médias de DAP estão dentro dos valores normais para a espécie, nesta idade, principalmente considerando que os testes não passaram por seleção e os coeficientes de variação experimentais estão com valores similares aos encontrados para DAP, para *Eucalyptus* (Garcia, 1989).

Quadro 4 - Resultados das análises de variância para a característica diâmetro à altura do peito (DAP) em progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla*, aos 58 meses de idade, nos testes TP-67, TP-68, TP-69, TP-70 e TP-71.

Fonte de Variação	TP-67		TP-68		TP-69		TP-70		TP-71	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Blocos	4	8,0933	4	50,7540	4	29,0816	4	10,9520	4	46,2250
Famílias	35	30,5807**	26	67,5526**	61	25,8573**	120	26,5634**	128	60,7048**
Entre parcelas	140	14,3755	104	18,7456	244	13,0721	480	13,8322	512	14,8509
Dentro da parcela	1260	6,3980	945	6,6941	2170	7,6366	4235	6,9641	4515	5,6642
Média (DAP)		12,02		12,08		12,31		12,13		11,25
CV <sub>exp.</sub> (%)		8,35		10,14		6,69		7,68		9,65

GL: grau de liberdade; QM: quadrado médio; CV<sub>exp.</sub> (%): coeficiente de variação experimental; \*\* = Significativo a 1% de probabilidade, pelo teste F.

### 3.1.2. Componentes de variância

Os componentes de variância obtidos por meio dos procedimentos REML (máxima verossimilhança restrita) individual e E(QM) (esperança matemática dos quadrados médios) para DAP, estão apresentados no Quadro 5. Neste quadro, são apresentadas as estimativas das variâncias genética aditiva, fenotípica entre plantas dentro de famílias parcelas e entre plantas no bloco, respectivamente para diâmetro à altura do peito (DAP) em progênes de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla* avaliadas aos 58 meses de idade, nos TP-67, TP-68, TP-69, TP-70 e TP-71.

Quadro 5-Variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_a^2$ ), variância ambiental entre parcelas ( $\hat{\sigma}_c^2$ ), fenotípica entre plantas dentro de progênes ( $\hat{\sigma}_d^2$ ) e variância fenotípica entre plantas no bloco ( $\hat{\sigma}_F^2$ ) em progênes de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla*, aos 58 meses de idade, nos testes TP-67, TP-68, TP-69, TP-70 e TP-71.

Var.	TP-67		TP-68		TP-69		TP-70		TP-71	
	REML	E(QM)	REML	E(QM)	REML	E(QM)	REML	E(QM)	REML	E(QM)
$\hat{\sigma}_a^2$	1,9371	1,6205	4,8560	4,8807	1,4081	1,2785	1,8935	1,2785	4,5142	4,5853
$\hat{\sigma}_c^2$	0,3408	0,9972	0,3028	1,5064	0,1251	0,6794	0,1042	0,8585	0,1195	1,1483
$\hat{\sigma}_d^2$	5,5790	6,3980	5,1470	6,6941	8,2051	7,6367	6,4522	6,6942	2,4344	5,6642
$\hat{\sigma}_F^2$	7,8570	7,7785	10,3058	9,5689	9,7383	8,6680	8,4499	8,1380	7,0980	7,9893

REML: máxima verossimilhança restrita; E(QM): esperança de quadrados médios.

As variâncias genéticas aditivas apresentaram valores expressivos comparadas com as variâncias fenotípicas entre plantas no bloco nos TP-68 e TP-71, mostrando possibilidade de ganhos de seleção maiores do que nas outras populações analisadas. A existência de variância genética aditiva constitui um indicativo da facilidade de identificação de genótipos superiores, os quais proporcionarão ganhos com seleção (Cruz & Regazzi, 1994). Para facilitar a visualização, o parâmetro mais indicado para comparar a variabilidade genética expressa na característica através do coeficiente de variação genética aditiva ( $CV_a$ ). As variâncias fenotípicas entre plantas dentro do bloco apresentaram valores relativamente próximos em todas as populações analisadas, no entanto valores discrepantes foram encontrados entre as variâncias ambientais entre parcelas estimadas pelos dois métodos. Este fato pode ser devido a natureza desbalanceada do número de



plantas por parcela em consequência das falhas ocorridas durante o cultivo dos experimentos.

Nos dois procedimentos, (REML) máxima verossimilhança restrita e pelo E(QM), (quadrados mínimos) os valores das variâncias genética aditivas e das variâncias fenotípicas foram similares, evidenciando a possibilidade de uso de ambos na predição de valores genéticos dos indivíduos candidatos à seleção. Entretanto, as estimativas da variância ambiental entre parcelas apresentaram valores menores com o uso do procedimento REML.

### **3.1.3. Estimativas dos coeficientes de variação**

Os coeficientes de variação genética aditiva sugerem a existência de variabilidade genética, quanto maior este valor, maior a facilidade de encontrar os indivíduos superiores que irão proporcionar ganhos com a seleção. Assim, as populações originadas de Alor (TP-68) e de Wetar (TP-71) são as mais indicadas para a seleção considerando que os valores dos coeficientes de variação genética aditiva, para diâmetro à altura do peito (DAP), foram elevados, da ordem de 18 e 19 %. Os coeficientes de variação fenotípicas obtidos para diâmetro apresentaram valores elevados para os testes TP-67, TP-69 E TP-70, evidenciando grande influência do ambiente.

Os dois procedimentos utilizados REML e E(QM) apresentaram valores similares nas estimativas dos coeficientes de variação nas populações, exceto para os coeficientes de variação ambiental entre parcelas, onde as variâncias foram discrepantes, principalmente em função do desbalanceamento dos dados resultantes de falhas.

No Quadro 6 estão apresentadas as estimativas dos coeficientes de variação genética aditiva, de variação ambiental entre parcelas, de variação dentro de parcelas (ambiental dentro de parcelas mais a genética não aditiva) e de variação fenotípica entre plantas no experimento.

Quadro 6-Estimativas dos coeficientes de variação genética aditiva ( $CV_a\%$ ), do coeficiente de variação ambiental entre parcelas ( $CVc\%$ ), do coeficiente de variação dentro de parcelas ( $CV_d\%$ ), do coeficiente de variação fenotípica entre plantas no experimento ( $CV_F\%$ ), da característica diâmetro à altura do peito (DAP) em progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla*, aos 58 meses de idade nos testes TP-67, TP-68, TP-69, TP-70 e TP-71.

CV	TP-67		TP-68		TP-69		TP-70		TP-71	
	REML	E(QM)	REML	E(QM)	REML	E(QM)	REML	E(QM)	REML	E(QM)
$CV_a\%$	11,63	10,64	18,21	18,26	9,64	9,16	11,42	9,38	19,14	19,29
$CVc\%$	4,88	8,35	4,55	10,14	2,87	6,68	2,68	7,69	3,11	9,65
$CV_d\%$	19,74	21,15	18,75	21,38	23,21	22,39	21,07	21,47	14,06	21,44
$CV_F\%$	23,43	23,32	25,53	25,56	25,29	23,86	24,12	23,67	24,00	25,46

REML: máxima verossimilhança restrita; E(QM): esperança de quadrados médios.

### 3.1.4. Estimativas dos coeficientes de herdabilidade

Os resultados das estimativas dos coeficientes de herdabilidade individual no sentido restrito, em nível de média de progênies, do coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas e acurácia para a característica diâmetro à altura do peito (DAP), em progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla*, aos 58 meses de idade, nos testes TP-67, TP-68, TP-69, TP-70 e TP-71 estão apresentados no Quadro 7.

Conforme o Quadro 7, os coeficientes de herdabilidade em nível de plantas, estimados pelo método dos quadrados mínimos [E(QM)] comparativamente com o método REML ficaram em valores muito próximos. O mesmo não acontecendo para a herdabilidade em nível de médias de progênies, onde o procedimento REML proporcionou valores superiores em todos os testes, sugerindo que este método tende a evidenciar os efeitos genéticos entre progênies.

Com base nos valores de herdabilidade no sentido restrito apresentados no Quadro 7, as condições favoráveis para a seleção dos indivíduos para a característica diâmetro à altura do peito (DAP), foram maiores no TP-71 procedente de Wetar seguido do TP-68 de Alor. Os outros testes, TP-67, TP-69 e TP-70 apresentaram valores de herdabilidade individual no sentido restrito, considerados baixos ( $h_a^2 < 0,30$ ). Valor desta ordem de herdabilidade foi encontrado por Freitas et al. (1997) em torno de 0,17 para diâmetro à

altura do peito (DAP) em progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla* aos cinco anos de idade.

Quadro 7 - Estimativas dos coeficientes de herdabilidade individual no sentido restrito ( $h_a^2$ ) e em nível de média de famílias ( $h_{mp}^2$ ), do coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas ( $c_{parc}^2$ ) e da acurácia ( $ac_{prog}$ ) para a característica diâmetro à altura do peito (DAP), em progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla*, aos 58 meses de idade, nos testes TP-67, TP-68, TP-69, TP-70 e TP-71.

Parâmetros		TP-67	TP-68	TP-69	TP-70	TP-71
$h_a^2$	REML	0,2465	0,4712	0,1446	0,2241	0,6402
	E(QM)	0,2083	0,5101	0,1750	0,1571	0,5739
$h_{mp}^2$	REML	0,6999	0,8651	0,6047	0,7221	0,9305
	E(QM)	0,5299	0,7225	0,4945	0,4793	0,7554
$c_{parc}^2$	REML	0,0434	0,0294	0,0123	0,0123	0,0168
$ac_{prog}$	REML	0,8366	0,9301	0,7776	0,7221	0,9646

REML: máxima verossimilhança restrita; E(QM): esperança de quadrados médios.

As menores herdabilidades individuais no sentido restrito e de média das progênies foram obtidas no TP-69, procedência de Mt. Lewotobi, seguido do TP-67. Os valores das herdabilidades em nível de média de progênies evidenciam boas possibilidades para seleção especialmente as obtidas pelo método REML.

O parâmetro  $c_{parc}^2$  (coeficiente de determinação dos efeitos ambientais entre parcelas) quantifica a variabilidade dentro dos blocos. Um coeficiente alto significa alta variabilidade ambiental entre parcelas, e ao contrário, um coeficiente baixo, baixa variabilidade. Todas as populações analisadas apresentaram baixa variabilidade ambiental variando de 1,2 a 4,3 % nos TP-69 e TP-70 e TP-67, respectivamente. Bons experimentos em plantas perenes apresentam valores deste coeficiente em torno 10% de toda variação fenotípica dentro dos blocos proporcionada pela variação ambiental entre parcelas (Resende, 2002b).

As magnitudes dos coeficientes de herdabilidade conduziram a um valor de acurácia para seleção de progênies variando de 0,72 a 0,96, o que indica uma boa precisão dos resultados conforme Resende (2002b).

### 3.2. Ganho genético

Devido a grande quantidade de dados, optou-se por conduzir a seleção apenas para a característica diâmetro à altura do peito (DAP), que apresenta alta correlação genética com a altura total e volume (Pires, 1996). Além disso, as avaliações de DAP, são mais confiáveis devido a maior precisão na tomada desta característica.

#### 3.2.1. População de melhoramento

As populações de melhoramento, Pomar de Sementes por Mudas (PSM), são resultantes da seleção e desbaste de cada teste de progênies. A seleção dentro do bloco tem como objetivo deixar uma distribuição mais equilibrada espaço permitindo maior entrada de luz favorecendo o florescimento mais uniforme, com maior participação dos indivíduos no fluxo gênico. O maior número de indivíduos selecionados foi do teste TP-71 origem de Wetar, que apresentou valores altos de estimativas de herdabilidade em nível de média de famílias, evidenciando com base nestas estimativas possibilidades de ganho com a seleção de famílias para esta característica.

No Quadro 8, estão apresentados os ganhos genéticos obtidos nas populações, o número de indivíduos selecionados em cada teste / número de progênies, percentual de seleção, tamanho efetivo populacional e as novas médias (valor genético aditivo predito mais média original) das populações avaliadas.

Quadro 8- Ganho genético, número de indivíduos selecionados / número de progênies e de famílias, % de seleção, tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) e novas médias das populações avaliadas para a característica diâmetro à altura do peito (DAP) em progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla*, aos 58 meses de idade nos testes TP-67, TP-68, TP-69, TP-70 e TP-71.

Parâmetros	TP-67	TP-68	TP-69	TP-70	TP-71
Ganho <sub>sc</sub> (%)	12,75	22,89	9,47	21,03	25,30
Ind/fam.	106/34	112/25	251/60	290/118	387/126
% seleção	9,10	15,60	12,46	7,15	8,70
$N_e$	60,20	58,02	131,77	167,94	224,12
Nova média	14,37	14,84	13,48	14,67	14,09

Os ganhos genéticos por seleção dos indivíduos portadores dos maiores valores genéticos, obtidos para a população de melhoramento variaram de 9,5% a 25,3% para a característica DAP.

O número de progênies selecionadas nos testes TP-67 e TP-68 foram abaixo de 50, número recomendado por Resende et al.(1990) para início de um programa de melhoramento. O tamanho efetivo populacional recomendado por estes autores, está na ordem de 30 indivíduos deixados para a recombinação. Portanto, na maximização do ganho deve levar em conta o número de indivíduos a serem deixados para a manutenção do tamanho efetivo que propicie melhoramento ao longo das gerações evitando a perda de alelos favoráveis. Dessa forma, os ganhos genéticos na população de melhoramento de *Eucalyptus urophylla* foram maximizados em função da manutenção de números efetivos na ordem de 58 a 224 com o cuidado de deixar somente um indivíduo da família selecionada no bloco, evitando a recombinação entre meios-irmãos na parcela.

### **3.2.2. População de produção**

No estabelecimento da população de produção (PCS - pomar clonal de sementes) foram considerados os resultados da análise conjunta dos testes visando a maximização do ganho genético após a recombinação dos indivíduos portadores dos maiores valores genéticos aditivos para a característica diâmetro à altura do peito (DAP).

Quanto menor o número de indivíduos selecionados maior é o ganho genético. Entretanto, ao determinar o número de indivíduos para recombinação na população de produção, onde se procura a maximização do ganho genético, deve levar em consideração o tamanho efetivo populacional adequado para que haja segurança na seleção, considerando a endogamia na geração de plantio. Resende & Bertolucci, (1995), recomendam um limite seletivo observando a variância do ganho, que indica o grau de confiabilidade da seleção. Nas expressões utilizadas por Resende (2002), verifica-se que a variância do ganho reduz-se a medida em que aumenta o número de indivíduos selecionados, assim, deve-se buscar um número ótimo de indivíduos que maximize o limite inferior do intervalo de confiança do ganho genético para a endogamia potencial. Para se encontrar o número desejado de indivíduos que participarão na recombinação, este autor segere a construção de intervalos de confiança para o ganho genético corrigido para a endogamia na geração de plantio.

No Quadro 9, estão apresentados o ganho genético, valor genético predito (VG) para diâmetro à altura do peito (DAP), tamanho efetivo (Ne) e acurácia ( $r_{\hat{a}a}$ ) referentes ao estabelecimento da população de produção (PCS) de *Eucalyptus urophylla*, considerando diferentes números de indivíduos selecionados.

Quadro 9- Ganho genético(GG), valor genético predito (VG) para diâmetro à altura do peito (DAP), tamanho efetivo (Ne), e acurácia ( $r_{\hat{a}a}$ ) referentes ao estabelecimento da população de produção (PCS) de *Eucalyptus urophylla*, considerando diferentes números de indivíduos selecionados.

Indivíduos selecionados	DAP (cm)			Ne	$r_{\hat{a}a}$
	GG	GG (%)	VG Predito		
03	3,07	25,77	14,77	3,0	0,60
10	2,97	24,96	14,71	9,1	0,60
20	2,93	24,56	14,63	19,1	0,60
30	2,85	23,90	14,55	25,1	0,60
50	2,59	21,70	14,35	39,4	0,60
100	2,45	20,60	14,11	70,0	0,60

A escolha do número de indivíduos observando os maiores limites inferiores dos intervalos de confiança podem ser julgados como os melhores, pois permitem maior segurança na seleção, embora o ganho genético seja menor. No presente trabalho conforme o Quadro 10, o número adequado de indivíduos selecionados para a recombinação é de 21, onde o limite inferior do intervalo de confiança foi de 15,20 % e ganho de 21,22 %.

No Quadro 10, está apresentado o número da família selecionada, o ganho genético da seleção, o tamanho efetivo populacional, o coeficiente de endogamia, o ganho genético corrigido, o ganho em porcentagem e o intervalo de confiança do ganho genético corrigido para a endogamia, associados aos 25 melhores indivíduos selecionados nos testes de *Eucalyptus urophylla*, aos 58 meses de idade.

Como a maximização do limite inferior do intervalo de confiança, recomenda-se formar o pomar com os 21 melhores indivíduos, portadores dos maiores valores genéticos preditos para a produção de sementes *Eucalyptus urophylla*.

Quadro 10- Número da família selecionada, o ganho genético da seleção ( $G_{selec}$ ), tamanho efetivo ( $N_e$ ), o coeficiente de endogamia ( $F$ ), o ganho genético corrigido ( $G_{corrig.}$ ), o ganho em % ( $G_{sc}$ ) e o intervalo de confiança (IC) do ganho genético corrigido para a endogamia, associados aos 25 melhores indivíduos selecionados nos testes de *Eucalyptus urophylla*, aos 58 meses de idade..

Ord.	Fam.	$G_{selec}$	$N_e$	$F= 1/2N_e$	$G_{corrig.}$	$G_{sc}$ (%)	IC(%)
1	64	3,14	1	0,500	1,57	13,33	-11,69__38,8
2	158	3,08	1,6	0,313	2,12	18,00	-10,07__37,47
3	91	2,99	2,4	0,208	2,37	20,12	08,40__35,95
4	343	2,86	3,2	0,156	2,41	20,46	08,51__34,19
5	130	2,85	4,0	0,125	2,49	21,14	09,95__33,40
6	98	2,83	4,8	0,104	2,54	21,56	10,02__32,66
7	277	2,77	5,6	0,089	2,52	21,39	10,68__31,71
8	268	2,77	6,4	0,078	2,55	21,65	11,62__31,30
9	277	2,76	8,2	0,061	2,59	21,99	13,09__30,47
10	54	2,72	9,1	0,055	2,57	21,82	13,35__29,85
11	60	2,73	10,1	0,050	2,59	21,99	13,97__29,64
12	277	2,71	10,4	0,048	2,58	21,90	13,96__29,39
13	275	2,69	11,3	0,044	2,57	21,82	14,20__29,01
14	159	2,64	12,2	0,041	2,53	21,48	14,15__28,40
15	274	2,64	13,1	0,038	2,54	21,56	14,47__28,21
16	263	2,62	14,1	0,036	2,53	21,48	14,61__27,86
17	5	2,61	15,0	0,033	2,52	21,39	14,78__27,63
18	284	2,61	16,0	0,031	2,53	21,48	15,02__27,47
19	291	2,59	16,9	0,030	2,51	21,31	15,07__27,17
20	284	2,58	17,6	0,028	2,51	21,31	15,13__27,00
21	5	2,57	18,3	0,027	2,50	21,22	15,20__26,82
22	277	2,56	18,6	0,027	2,49	21,14	15,16__26,70
23	262	2,54	19,4	0,026	2,47	20,97	15,14__26,44
24	181	2,52	20,3	0,025	2,46	20,88	15,13__26,18
25	159	2,52	21,1	0,002	2,51	21,31	15,12__26,09

#### 4- CONCLUSÕES

- A análise de variância e teste de F revelaram a existência de variabilidade genética entre e dentro de progênies nas cinco populações de *Eucalyptus urophylla* evidenciando possibilidade de ganho genético com seleção.
- Os coeficientes de herdabilidade em nível de plantas, estimados pelo procedimento REML, foram semelhantes aos obtidos pelo método dos quadrados mínimos E (EQ),

diferentemente dos coeficientes de herdabilidade em nível de médias de progênies, onde o procedimento REML proporcionou valores superiores.

- O procedimento REML mostrou-se adequado para estimativas de parâmetros genéticos em *Eucalyptus urophylla*, com alta confiabilidade conforme evidenciado pela acurácia.

## 5 - REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BRASIL, M.A. M.; VIEIRA, F.S.; COUTO, H. T. Z.; VEIGA, R.A.A. Variação da densidade básica da madeira entre procedências de *Eucalyptus urophylla* S.T.BLAKE. In: Congresso Florestal Brasileiro, 5°. Olinda, 1986.SBS. SP, 1986 p 110-13.

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

ELDRIDGE, K.; DAVIDSON, J.; HARDWOOD, C. **Eucalypt domestication and breeding**. Oxford. Claderon Press, 1993. 288p.

FREITAS, M.L. M.; MORAES, M.L.T. de.; SANTOS, P.E.T. dos.; VALÉRIO FILHO, W.V. Variação genética em progênies de *Eucalyptus urophylla* S.T.BLAKE na região de Selvíria – MS. In: **Proceedings of the International IUFRO Conference on Eucalyptus Genetics and Silviculture**. Salvador, Brazil. Vol.2. p. 403-7, 1997.

FONSECA, A .G.; BARBOSA, M.; LOBATO, R. C. Ensaio de procedências de *Eucalyptus urophylla* S.T.BLAKE. In: Congresso Florestal Brasileiro, 5°. Olinda, 1986.SBS. SP, 1986 p 114-17.

GARCIA, C. H. Tabelas para classificação do coeficiente de variação. Piracicaba: **IPEF**, 1989 11p (Circular Técnica, 171).

HENDERSON, C.R.; QUAAS, R.L. Multiple trait evaluation using relatives records. **Journal of Animal Science**, v.43, p.1188-1197, 1976.



- MORA, A. L.; FERREIRA, M. Estudo do florestamento em *Eucalyptus urophylla*. **Silvicultura**, São Paulo, n.14,p.50-53, 1978.
- MORA, A.L.; GARCIA, C.H. **A cultura do Eucalipto no Brasil**. Sociedade Brasileira de Silvicultura. 2000 112 p.
- PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block informaion when block sizes are unequal. **Biometrika**, v.58, p 545-554, 1971.
- PIGATO, S. M. P. C.; LOPES, C. R. The evalution of genetic variability in four generations of *Eucalyptus urophylla* S.T.Blake by RAPD maker. **Scientia Forestalis** n° 60, 2001 p-119-133.
- PIRES, I. E. **Eficiência da seleção combinada no melhoramento genético de *Eucalyptus spp*** . 1996. 116f . Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa. Viçosa, MG.
- PRYOR, L. D.; JOHNSON, L.A . S. **A classification of the *Eucalyptus***. Camberra: Australian National University. 1971. 101p.
- RESENDE, M. D.V. de; ARAÚJO, A . J.; SAMPAIO, P. de T. B.; WIECHETECK, M. S.S. Acurácia seletiva, intervalos de confiança e variâncias de ganhos genéticos associados a 22 métodos de seleção em *Pinus caribaea* var. hondurensis. EMBRAPA - **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 21 18p. 1990.
- RESENDE, M. D.V.de.; BERTOLUCCI, F. L. G. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: **IUFRO CONFERNCE “EUCALYPT PLANTATIONS: IMPROVING FIBRE YIELD AND QUALITY”**, 1995. Hobart. Proceedings Hobart: CRC for Temperate Hardwood Forestry, 1995 p. 167-170.
- RESENDE, M. D.V. de. Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes. Colombo: EMBRAPA FLORESTAS, 2000. 101p (*Embrapa Florestas. Documentos*, 47).

- RESENDE, M. D.V. de. SELEGEN-REML/BLUP -**Seleção Genética Computadorizada**: manual do usuário. Colombo: EMBRAPA – CNPF, 2002a, 67p.
- RESENDE, M. D.V. de. **Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes**. EMBRAPA, 2002b. 975 p.
- SCANAVACA JUNIOR, L.; GARCIA, C.H.; GOMES, F. S. Comportamento de procedências / progênies de *Eucalyptus urophylla* S. T. Blake na região do Jari. **Anais**: Congresso Florestal PANAMERICANO, 1º CONGRESSO FLORESTAL BRASILEIRO, SBS. Curitiba, 1993 p.104-6.
- VENCOVSKY, R. BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 406 p.
- VIEIRA, S.F.; BUCSAN, B. Ocorrências naturais do *Eucalyptus urophylla* S.T. Blacke. **Boletim Técnico SIF** 2(1): 1 – 8. 1979.
- XAVIER, A .; CRUZ, C.D.; BORGES, R.C.G.; PIRES, I.E. Influência da correlação intraclasse nas estimativas da variância fenotípica dentro de famílias e da variância ambiental. **Revista Árvore**, v.17,n.1, p. 91-99, 1993.

## CAPÍTULO 2

### AVALIAÇÃO GENÉTICA DE PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE *Eucalyptus grandis* POR MEIO DOS PROCEDIMENTOS REML/BLUP E DA ANOVA.

#### RESUMO

Com o objetivo de selecionar genitores para a próxima geração foram avaliados indivíduos de 245 progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis* de 13 procedências do norte da Austrália. O ensaio foi estabelecido em blocos casualizados, com cinco repetições e parcelas lineares de seis plantas no espaçamento 3,0 x 2,0 m, em Guanhães – MG. A predição dos valores genéticos dos indivíduos foi feita por meio do procedimento BLUP (melhor predição linear não viesada), e estimou-se as variâncias por meio dos procedimentos REML (máxima verossimilhança restrita), a da análise de variância (ANOVA) constatando a existência de variabilidade genética e possibilidade de ganhos por seleção nas características diâmetro à altura de peito (DAP), altura (ALT) e volume individual (VOL). Os coeficientes de variação genética aditiva apresentaram valores maiores na característica volume (VOL), seguido do diâmetro à altura do peito (DAP) e similares nos dois procedimentos de avaliação (REML e ANOVA). Foram obtidas estimativas de herdabilidade individuais no sentido restrito na ordem de 0,2247; 0,2778 e de 0,2111 para características diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (ALT) e volume

individual (VOL), respectivamente. Optou-se pela seleção, com base na característica diâmetro à altura do peito (DAP), através do ranqueamento dos valores genéticos preditos pelo procedimento REML/BLUP. A seleção propiciou um ganho genético na população de melhoramento, Pomar de Sementes por Mudanças (PSM), e de produção, Pomar de Sementes Clonal (PSC), da ordem de 16,1% e de 18,9% com tamanho efetivo de 480 e 17, respectivamente. A maximização do limite inferior do intervalo de confiança e ganho genético corrigido para a endogamia ocorreu com a seleção dos 29 melhores indivíduos portadores dos maiores valores genéticos preditos.

Palavras-chave: Melhoramento florestal, genética quantitativa, parâmetros genéticos.

## ABSTRACT

### GENETIC EVALUATION OF HALF-SIB *Eucalyptus grandis* PROGENIES BY MEANS OF THE REML/BLUP MINIMUM SQUARES PROCEDURES

A test was done with *Eucalyptus grandis* progenies from 13 provenances of Australia, with a total of 245 progenies, in order to estimate the genetic values. The essay was established in complete randomized blocks, with five replications and row plots of six plants in a 3.0 x 2.0 m spacing in Guanhães, of Minas Gerais State. The genetic values of the plants were predicted by means of the BLUP (best linear unbiased prediction) procedure, estimating the variances by means of the REML (restricted maximum likelihood) and minimum squares procedures. The diameter at breast height (DAP), height (ALT) and individual volume (VOL) characteristics were evaluated. The statistic analyses revealed the existence of genetic variability in the population. The coefficients of the additive genetic variance presented greater values for the volume characteristic (VOL), followed by the diameter at breast height (DAP) one, similar in both analysis methods. The heritability values at an individual level were 0.2247; 0.2778, and 0.2111 for the diameter at breast height (DAP), total height (ALT), and individual volume (VOL) characteristics, respectively. The gain estimated was done only for the diameter at breast height (DAP) characteristic, in doing a ranking of the predicted genetic values by the REML/BLUP procedure. The selection obtained a genetic gain in the breeding population, seedling seed orchard and production, clonal seed orchard of 16.1% and 18.9% with an effective size of 480 and 17, respectively. The maximization of the confidence interval lower limit and corrected genetic gain for endogamy occurred with the selection of the 29 best individuals, carriers of the highest predicted genetic gains.

Key-words: *Eucalyptus grandis*, genetic parameters, forest improvement.

## 1. INTRODUÇÃO

O *Eucalyptus grandis* ocorre de forma contínua entre latitudes de 32°S na região costeira de Nova Gales do Sul a 26°S no sul de Queensland na Austrália, numa faixa de 100 Km, (Eldridge, et al., 1993). As primeiras procedências de *Eucalyptus grandis* introduzidas no Brasil, originaram de regiões mais ao Sul da Austrália (latitudes de 32°S) e plantadas em grandes áreas na década de 70. Estas procedências foram utilizadas durante muito tempo e apresentaram boa performance, rápido crescimento, boas características de celulose, mas apresentaram grande incidência de cancro, causado pelo fungo *Cryphonectria cubensis* na região costeira do Espírito Santo, favorecido pelo clima quente e úmido. Nas regiões mais secas, com déficit hídrico, apresenta mortalidade de árvores pela má adaptação (Mora & Garcia, 2000).

No início da expansão do plantio de *Eucalyptus spp.* no Brasil, o Horto Florestal de Rio Claro-SP foi grande fornecedor de sementes de *Eucalyptus grandis*, além das sementes importadas das procedências de Coff's Harbour (NSW, Austrália), Zimbabwe e da África do Sul. O material do Horto Florestal de Rio Claro originou do desbaste de 12 espécies plantadas em parcelas, uma ao lado das outras, sem nenhum isolamento, e com intenso sincronismo de floração entre elas, resultando num plantio F1 heterogêneo e com características híbridas entre várias espécies.

O *Eucalyptus grandis* do norte da Austrália ocorre em locais de altitudes mais elevadas, acima de 800 metros e precipitação variando de 1000 a 3500 mm com estação seca pouco prolongada, temperatura máxima varia de 29°C a 32°C e a mínima de 10°C a 17°C (Boland et al., 1984), solos profundos com boa capacidade de armazenamento de água (Barros & Novais, 1990).

O *Eucalyptus grandis* é a espécie do gênero *Eucalyptus* mais utilizada nas regiões subtropicais devida as suas características silviculturais de rápido crescimento, boa forma, propriedades tecnológicas da madeira com características adequadas para celulose e para serraria, além das habilidades de propagar vegetativamente (enxertia e enraizamento de estacas) e de formar híbridos viáveis associado a um vasto germoplasma testado. Devido a demanda crescente da produção de madeira para atender os setores de celulose e de usos múltiplos, o *Eucalyptus grandis* faz parte de vários programas de melhoramento genético florestal em ciclos sucessivos de seleção com resultados altamente positivos, os quais têm gerado ganhos de produtividade e qualidade florestal (Xavier et al., 1997). O uso de

seleção recorrente nos programas de melhoramento é o processo mais recomendado devido ao fato da maioria dos caracteres de importância econômica ser controlados por grande número de genes (Ramalho, 1994).

O êxito do melhoramento genético está associado à capacidade de acerto na escolha dos melhores indivíduos que serão os genitores das próximas gerações (Cruz & Carneiro, 2003). Uma das maneiras de identificar os indivíduos portadores de genes desejáveis se faz com a avaliação genética dos candidatos à seleção. A seleção deve ser feita nos valores genéticos aditivos dos indivíduos que serão utilizados na recombinação e nos valores genotípicos dos indivíduos que serão clonados, sendo necessário a obtenção da estimativa da variância genética aditiva para a reprodução sexuada e, também a variância não aditiva para a reprodução assexuada.

Dentre os principais procedimentos para a estimação dos parâmetros genéticos em testes de progênies, destaca-se a análise de variância (ANOVA) e o procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita / melhor predição linear não viesada). Na ANOVA os componentes de variância são obtidos pela decomposição dos quadrados médios com base nas suas esperanças matemáticas (Cruz & Carneiro, 2003). Segundo Resende (2002), o procedimento adequado para a predição dos valores genéticos utilizado na avaliação genética de plantas perenes tem sido o BLUP individual, que consiste basicamente na predição de valores genéticos dos efeitos aleatórios do modelo estatístico associado às observações fenotípicas, ajustando-se os dados aos efeitos fixos e ao número desigual de informações nas parcelas por meio de metodologia de modelos mistos (Henderson, 1959). A predição de valores genéticos usando o BLUP assume que os componentes de variância são conhecidos. Entretanto, na prática não se conhecem os verdadeiros dos componentes de variância, que devem ser estimados com o procedimento da máxima verossimilhança restrita (REML), desenvolvido por Patterson & Thompson (1971).

Este trabalho teve como objetivo a estimação dos valores genéticos de progênies de *Eucalyptus grandis*, aos 58 meses de idade, na região do vale do Rio Doce, Minas Gerais pelo método REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita / melhor predição linear não viesada).

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1. Material experimental

Foram utilizadas 245 progênies de *Eucalyptus grandis* de 13 procedências das regiões mais ao norte da Austrália, do estado de Queensland e cinco testemunhas oriundas das Áreas de Produção de Sementes de *Eucalyptus grandis* pertencentes à CENIBRA, denominadas de T1 (APS 01- Sabinópolis), T2 (APS 03 - Divinópolis), T3 (APS 06 - São Domingos do Prata), T4 (APS 06 - Peçanha) e T5 (APS 08- Sabinópolis).

O teste de progênies de *Eucalyptus grandis*, sob a identificação TP-66 b1, foi instalado em dezembro de 1993, em Guanhães-MG em latitude de 18°48'06"S e longitude de 42°58'22"W. O delineamento experimental adotado foi o de blocos ao acaso com 5 repetições e parcelas lineares de 6 plantas, no espaçamento de 3 x 2 metros.

A área experimental situa-se em latitude de 18°48'06"S e longitude de 42°58'22"W. Segundo Leite\* (2004), o solo predominante é o Latossolo Vermelho Amarelo distrófico, horizonte A moderado, álico (90% de saturação de alumínio) de textura argilosa (70% de argila), solos ácidos com baixa saturação por bases, valores de Ca e Mg extremamente baixos (0,02 e 0,03 eqmg/100cc). O relevo é suavemente ondulado, com declives em altitudes variando de 800 a 1000 metros. De acordo com a classificação climática de Köppen o clima é Aw, tropical chuvoso de savana, ou seja inverno seco e chuvas máximas no verão e a vegetação associada é classificada como floresta temperada úmida.

Segundo Souza et al. (2003), a temperatura média anual é de 22,2°C e varia de 18°C em julho a 25°C em fevereiro. A temperatura média das máximas é de 27,7°C, sendo fevereiro de maior valor 30,5°C e a média das mínimas de 15,7°C com os meses de junho, julho e agosto com menores valores. A precipitação total, média anual, é de 1154 mm, sendo o trimestre mais chuvoso o dos meses de novembro, dezembro e janeiro, com um total precipitado de 572 mm, e o mais seco de 32 mm nos meses de junho, julho e agosto. A umidade relativa do ar varia de mínima de 50% no mês de setembro a 62% no mês de dezembro, com média anual de 58%.

\* Informação pessoal (2004).



## 2.2. Avaliação

O teste de progênies foi avaliado aos 58 meses de idade quanto ao crescimento em altura total (ALT), diâmetro à altura do peito (DAP). O volume foi estimado utilizando a seguinte fórmula:

$$VOLUME_{cc} = \frac{\pi(DAP)^2 \times f \cdot f}{40.000} \times ALT \text{ em que: } \pi = 3,1416 \text{ e fator de forma } f \cdot f = 0,5$$

No Quadro 1 são apresentados os dados de procedências, número de famílias por procedência (nf) e número médio de indivíduos por família ( $\bar{n}$ ) de progênies de *Eucalyptus grandis*.

Quadro 1-Dados de procedências, número de famílias por procedência (nf) e número médio de indivíduos por família ( $\bar{n}$ ) de *Eucalyptus grandis*.

Procedência	Lat.	Long.	Alt. (m)	(nf)	$\bar{n}$
1-M T Fraser, 7 km W. of Julatten –QLD	16° 35'S	145° 36'E	1000	10	26
2-Tinaroo Creek Road, Atherton – QLD	17° 06'S	145° 36'E	1200	15	23
3-Mt Spec S. Forest, Paluma – QLD	19° 01'S	146° 08'E	900	11	23
4-SSW Atherton toward Herberton – QLD	17° 19'S	145° 25'E	1100	24	22
5-M t Lewis region, WNW of Julatten – QLD	16° 35'S	145° 17'E	1000	16	26
6-Tinaroo creek Road, SW of Mareeba – QLD	17° 05'S	145° 17'E	1100	7	25
7-Davies creek Road, E of Mareeba – QLD	17° 03'S	145° 37'E	800	10	23
8-Atherton toward Herberton-Wild River-QLD	17° 22'S	145° 24'E	920	11	24
9-East of Wondecla – QLD	17° 23'S	145° 24'E	900	17	23
10-Atherton QLD, Baldy State Forest – QLD	17° 19'S	145° 08'	1000	26	22
11-Mt Spec State Forest near Paluma – QLD	18° 52'S	146° 08'E	950	42	22
12-South of Ravenshoe – QLD	17° 42'S	145° 29'E	850	47	24
13-10 km South of Ravenshoe – QLD	17° 51'S	145° 29'E	950	9	23
14 / Testemunhas (APS – CENIBRA)	18° 48'S	42° 58'W	810	5	25
Total				245	

### 2.2.1. Análise de variância e estimativas de parâmetros genéticos

Para análise de variância e teste de F foi adotado o seguinte modelo estatístico obtido em Cruz & Carneiro (2003), desprezando-se o efeito de procedências.  
em que:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij} + \delta_{ijk}$$

$Y_{ijk}$  : observação no indivíduo  $ijk$ ;

$\mu$  : média geral;

$G_i$  : efeito da  $i$ -ésima progênie, onde  $i = 1, 2 \dots g$ ,  $G_i \sim \text{NID}(0, \sigma_g^2)$ ;

$B_j$  : efeito do  $j$ -ésimo bloco, onde  $j = 1, 2 \dots r$ ,  $B_j \sim \text{NID}(0, \sigma_b^2)$ ;

$\varepsilon_{ij}$  : efeito aleatório ambiental existente entre parcelas, onde  $\varepsilon_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma_e^2)$ ;

$\delta_{ijk}$  : efeito aleatório existente entre plantas dentro das parcelas, onde  $k = 1, 2 \dots n$  e  $\delta_{ijk} \sim \text{NID}(0, \sigma_d^2)$ .

O esquema da análise de variância e as esperanças matemáticas dos quadrados médios estão apresentados no Quadro 2.

Quadro 2- Esquema da análise de variância de experimento em blocos casualizados com informação de plantas dentro das parcelas.

FV	GL	QM	E (QM)
Blocos	r-1	QMB	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2 + ng\sigma_b^2$
Famílias	g-1	QMG	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2 + nr\sigma_g^2$
Entre parcelas	(g-1)(r-1)	QME	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2$
Dentro de parcelas	(n-1)gr	QMD	$\sigma_d^2$

$\sigma_g^2$  : variância genética entre médias de progênies;  $\sigma_e^2$  : variância ambiental entre parcelas;  $\sigma_d^2$  : variância fenotípica entre plantas dentro de progênies;  $\sigma_b^2$  : variância entre blocos; QM: quadrado médio; E(QM): esperança matemática dos quadrados médios.

Os componentes de variância para as características diâmetro à altura do peito (DAP), altura (ALT) e volume (VOL) foram estimados a partir da análise de variância, conforme Vencovsky & Barriga (1992), Xavier et al. (1993) e Pires (1996) por meio dos respectivos estimadores:

- Variância genética entre médias de progênies

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{QMG - QME}{nr} = \hat{\sigma}_a^2$$

- Variância genética aditiva entre plantas:

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{1}{4} \hat{\sigma}_a^2$$

- Variância ambiental entre parcelas:

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{QME - QMD}{n}$$

- Variância fenotípica entre plantas dentro de progênies:

$$\hat{\sigma}_d^2 = QMD$$

- Variância fenotípica entre plantas dentro do experimento:

$$\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2$$

- Variância fenotípica entre médias de progênies:

$$\hat{\sigma}_{Fm}^2 = \hat{\sigma}_g^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{r} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{nr} = \frac{QMG}{nr}$$

Os coeficientes de herdabilidade individual no sentido restrito em nível de plantas individuais e em nível de médias de progênies foram estimados desprezando-se a ocorrência de endogamia, conforme Vencovsky & BARRIGA (1992):

- Coeficiente de herdabilidade para seleção entre plantas do bloco:

$$h_a^2 = \frac{4\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_F^2}$$

- Coeficiente de herdabilidade em nível de médias de progênies.

$$h_{mp}^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_{Fm}^2}$$

As estimativas dos coeficientes de variação genética aditiva entre plantas, coeficiente de variação fenotípica entre plantas e coeficiente de variação experimental foram obtidas conforme Vencovsky & BARRIGA (1992):

- Coeficiente de variação genética aditiva entre plantas:

$$CV_a (\%) = \frac{\hat{\sigma}_a}{\hat{\mu}} \times 100$$

em que  $\hat{\mu}$  é a média geral do experimento.

- Coeficiente de variação fenotípica entre plantas:

$$CV_F (\%) = \frac{\hat{\sigma}_F}{\hat{\mu}} \times 100$$

- Coeficiente de variação experimental:

$$CV_{\text{exp}} (\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{\bar{\mu}} \times 100$$

## 2.2.2. Análise REML/BLUP

A avaliação genética foi feita no teste de progênies por meio do procedimento REML/BLUP utilizando-o para estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos, com uso do programa computacional Selegen-REML/BLUP desenvolvido por Resende (2002a).

### 2.2.2.1. Estimação de parâmetros genéticos

Na predição dos valores genéticos utilizou-se o modelo linear misto, considerando o modelo aditivo univariado com várias procedências dado por Resende (2000):

$$Y = Xb + Za + Wc + e$$

em que:

$Y$  : vetor de dados;

$X$  : matriz de incidência para o efeito fixo de bloco;

$b$  : vetor dos efeitos de bloco, tomado como fixo;

$Z$  : matriz de incidência para o efeito aleatório de indivíduos;

$a$  : vetor dos efeitos genéticos aditivos tomados como aleatório;

$W$  : matriz de incidência para o efeito de parcela;

$C_1$  : vetor dos efeitos aleatórios de parcelas referentes a progênies;

$U$  : matriz de incidência dos valores genéticos de procedências;

$C_2$  : vetor dos efeitos aleatórios de parcelas referentes a procedências;

$e$  : vetor de erros aleatórios.

As pressuposições acerca da distribuição de  $y, a, c_1, c_2, e$  estruturas de médias e variâncias para cada vetor, são dados por:.

$$y \sim N(Y, V)$$

$$a \sim N(0, A\sigma_a^2)$$

$$c_1 \sim N(0, I\sigma_{c_1}^2)$$

$$c_2 \sim N(0, I\sigma_{c_2}^2)$$

$$e \sim N(0, I\sigma_e^2)$$

$$\text{Cov}(a, c_1) = 0; \text{Cov}(a, c_2) = 0; \text{Cov}(a, e) = 0; \text{Cov}(c_1, c_2) = 0; \text{Cov}(c_1, e) = 0; \text{Cov}(c_2, e) = 0$$

ou seja:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ c_1 \\ c_2 \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad e \quad \text{Var} \begin{bmatrix} a \\ c_1 \\ c_2 \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_{c_1}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{c_2}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

tendo-se ainda:

$$\text{Var}(y) = ZA\sigma_a^2 Z' + WI\sigma_{c_1}^2 W' + UI\sigma_{c_2}^2 U' + I\sigma_e^2$$

Desta forma, as equações de modelo misto são:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'U \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W & Z'U \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 & W'U \\ U'X & U'Z & U'W & U'U + I\lambda_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{c}_1 \\ \hat{c}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ U'y \end{bmatrix},$$

em que:

$$\lambda_1 = \frac{\hat{\sigma}_e^2}{\hat{\sigma}_a^2} = \frac{1-h^2-c_1^2-c_2^2}{h^2};$$

$$\lambda_2 = \frac{\hat{\sigma}_e^2}{\hat{\sigma}_{c_1}^2} = \frac{1-h^2-c_1^2-c_2^2}{c_1^2};$$

$$\lambda_3 = \frac{\hat{\sigma}_e^2}{\hat{\sigma}_{c_2}^2} = \frac{1-h^2-c_1^2-c_2^2}{c_2^2};$$

a) herdabilidade individual no sentido restrito;

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_{c_1}^2 + \hat{\sigma}_{c_2}^2 + \hat{\sigma}_e^2};$$

b) correlação entre indivíduos devido ao ambiente comum da parcela referente a progênies;

$$c_1^2 = \frac{\hat{\sigma}_{c_1}^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_{c_1}^2 + \hat{\sigma}_{c_2}^2 + \hat{\sigma}_e^2};$$

c) correlação entre indivíduos devido ao ambiente comum da parcela referente a procedência.

$$c_2^2 = \frac{\hat{\sigma}_{c_2}^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_{c_1}^2 + \hat{\sigma}_{c_2}^2 + \hat{\sigma}_e^2};$$

Os estimadores iterativos dos componentes de variância por REML via algoritmo em:

$$\sigma_e^2 = [y'y - \hat{b}'X'y - \hat{a}Z'y - \hat{c}'_1 W'y - \hat{c}'_2 U'y] / [N - f(x)]$$

$$\sigma_a^2 = [\hat{a}' A^{-1} \hat{a} + \sigma_e^2 \text{tr}(A^{-1} C^{22})] / q$$

$$\sigma_{c_1}^2 = [\hat{c}'_1 \hat{c}_1 + \sigma_e^2 \text{tr} C^{33}] / s_1$$

$$\sigma_{c_2}^2 = [\hat{c}'_2 \hat{c}_2 + \sigma_e^2 \text{tr} C^{44}] / s_2,$$

em que:

$s_1$ ,  $q$  e  $s_2$  = número de parcelas referentes a progênies, número de procedências e número de parcelas referentes a procedência, respectivamente.

O tamanho efetivo populacional foi obtido de acordo com Resende & Bertolucci, (1995):

$$Ne = \frac{4N_f \bar{k}_f}{\bar{k}_f + 3 + (\sigma_{kf}^2 / k_f^2)},$$

em que:

$\hat{k}_f$  = número médio de indivíduos selecionados por progênie ( $\hat{k}_f = \frac{N}{N_f}$ );

$\sigma_{kf}^2$  = variância do número de indivíduos selecionados por progênie;

$N_f$  = número de progênies selecionadas.

O ganho genético corrigido ( $G_{sc}$ ) para a endogamia é dado por Resende & Bertolucci (1995):

$$G_{sc} = (1 - F)G_s,$$

em que:

$$F = \frac{1}{(2N_e)}$$

$G_{sc}$  : ganho genético corrigido;

F: coeficiente de endogamia;

$N_e$  : Número efetivo;

$G_s$  : Ganho genético.

As variâncias dos ganhos genéticos foram estimadas conforme Resende & Bertolucci (1995) assumindo os componentes de variância como estimados com precisão:

$\hat{V}(\hat{G}_s) = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{Ne}$  em que,  $\hat{\sigma}_a^2$  : variância genética aditiva no sentido restrito e  $N_e$  : número efetivo.

Os intervalos de confiança associados aos ganhos genéticos corrigidos para a endogamia foram dados conforme Resende (2002b):

$$G_{sc} \pm t \left[ \hat{V}(G_s) \right]^{\frac{1}{2}},$$

em que:

$t = 1,96$  para 95% de confiança.

### 3- RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.1. Estimativas de parâmetros genéticos

##### 3.1.1. Médias e análise de variância

No Quadro 2, estão apresentados os resultados da análise de variância e teste F para as características diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (ALT) e volume individual (VOL) avaliadas em nível de plantas individuais bem como, as médias e os respectivos coeficientes de variação experimentais ( $CV_{exp}$ ) em progênes de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis* aos 58 meses de idade.

Quadro 2- Resultados da análise de variância para diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (ALT) e volume individual (VOL) em progênes de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis*, aos 58 meses de idade.

Fonte de Variação	GL	QUADRADOS MÉDIOS		
		DAP(cm)	ALT(m)	VOL(m <sup>3</sup> )
Blocos	4	109,8915	1026,8923	0,06827
Progênes	284	35,9733**	42,8168**	0,01076**
Entre parcelas	1136	14,7414	18,0845	0,00468
Dentro de parcelas	7125	6,6778	5,1169	0,00190
Média		11,81	18,13	0,0911
$CV_{exp}$ (%)		9,8	8,10	23,62

\*\* = Significativo a 1% de probabilidade, pelo teste F.

A análise de variância revelou a existência de diferenças significativas entre progênes, para a característica DAP, altura total (ALT) e volume individual (VOL) pelo teste de F, em nível de 1% de probabilidade. Desta maneira pode-se concluir que existe variabilidade genética entre progênes, e que há possibilidades de obtenção de ganhos genéticos pela seleção nesta população.



Os coeficientes de variação experimentais (Quadro 2) apresentaram valores que podem ser considerados normais e estão dentro dos padrões encontrados para *Eucalyptus* (Garcia, 1989) evidenciando boa precisão experimental.

### 3.1.2. Componentes de variância

No Quadro 3, estão apresentadas as estimativas da variância genética aditiva, variância ambiental entre parcelas, variância fenotípica entre plantas dentro de famílias e dentro do bloco para as características diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (ALT) e volume individual (VOL) em progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis*.

Quadro 3 - Estimativas da variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_a^2$ ), variância ambiental entre parcelas ( $\hat{\sigma}_c^2$ ), variância fenotípica entre plantas dentro de progênies ( $\hat{\sigma}_d^2$ ) variância fenotípica entre plantas dentro do bloco ( $\hat{\sigma}_F^2$ ), para as características diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (ALT) e volume (VOL) em progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis*, aos 58 meses de idade.

Parâmetros	Características					
	DAP(cm)		ALT(m)		VOL(m <sup>3</sup> )	
	REML	E(QM)	REML	E(QM)	REML	E(QM)
$\hat{\sigma}_a^2$	2,2314	2,8309	2,4687	3,2963	0,0006	0,0008
$\hat{\sigma}_c^2$	0,4574	1,3439	1,2799	2,1612	0,0002	0,0005
$\hat{\sigma}_d^2$	7,1393	6,6778	5,0464	5,1169	0,00021	0,0019
$\hat{\sigma}_F^2$	9,9306	8,7852	8,8972	8,6922	0,00029	0,0026

REML: máxima verossimilhança restrita; E(QM): esperança de quadrados médios.

As estimativas das variâncias genéticas aditivas foram similares para as características diâmetro à altura do peito (DAP) e altura total (ALT) nos dois procedimentos, máxima verossimilhança restrita (REML) e quadrados mínimos E(QM), bem como as variâncias fenotípicas, evidenciando a possibilidade de uso de ambos na predição de valores genéticos dos indivíduos candidatos à seleção. Entretanto, os valores estimados para a variância ambiental entre parcelas foram discrepantes. Este fato, pode ser inferido com relação ao desbalanceamento dos dados, em consequência das falhas nas parcelas.

Nas três características em estudo, diâmetro à altura do peito, altura total e volume individual, os níveis de controle genético foram similares, guardando as devidas escalas, por serem características correlacionadas.

### 3.1.3. Estimativas dos coeficientes de variação

Para facilitar a visualização, o parâmetro mais indicado para comparar a variabilidade genética expressa em cada característica é o coeficiente de variação genética aditiva (CV<sub>a</sub>).

No Quadro 4, estão apresentadas as estimativas dos coeficientes de variação genética aditiva, de variação fenotípica entre plantas dentro de progênies e de variação fenotípica entre plantas dentro do bloco e a relação entre do coeficiente de variação fenotípica entre plantas dentro de progênies e do coeficiente de variação entre parcelas para as características diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (ALT) e volume individual (VOL) em progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis*, aos 58 meses de idade.

Quadro 4 - Estimativas do coeficiente de variação genética aditiva CV<sub>a</sub>(%), do coeficiente de variação ambiental entre parcelas CV<sub>c</sub>(%), do coeficiente de variação fenotípica entre plantas dentro de famílias CV<sub>d</sub>(%), do coeficiente de variação fenotípica CV<sub>F</sub>(%), e a relação entre do coeficiente de variação fenotípica entre plantas dentro de famílias e do coeficiente de variação entre parcelas (CV<sub>d</sub> / CV<sub>c</sub>) das características diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (ALT) e volume (VOL) em progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis*, aos 58 meses de idade.

Parâmetros	Características					
	DAP(cm)		ALT(m)		VOL(m <sup>3</sup> )	
	REML	E(QM)	REML	E(QM)	REML	E(QM)
CV <sub>a</sub>	12,65	14,25	8,67	10,01	26,89	31,05
CV <sub>c</sub>	5,73	9,82	6,25	8,11	15,68	24,55
CV <sub>d</sub>	22,62	21,88	12,41	12,48	16,06	47,85
CV <sub>F</sub>	26,68	25,10	16,48	16,26	18,87	55,98
CV <sub>exp</sub> (%)	5,73	9,82	6,24	8,11	15,53	23,62
(CV <sub>d</sub> / CV <sub>c</sub> )	3,94	2,22	1,98	2,00	1,20	2,28

REML: máxima verossimilhança restrita; E(QM): esperança de quadrados médios.

O coeficiente de variação genética aditivo mostrou alto controle genético para volume seguido do diâmetro e altura tanto no procedimento REML tanto no E(QM). Tomando a relação entre  $CV_d / CV_c$  o maior valor foi obtido para diâmetro seguido de volume e altura. Segundo Pires (1996), quando esta relação entre o coeficiente de variação dentro de parcelas e o coeficiente de variação entre parcelas igual a 1,0 indica que a variância genética dentro da progênie é nula, porém quando maior indica situação favorável a seleção dentro. A partir desta consideração a característica DAP é a que apresenta maior possibilidade de sucesso com a seleção.

### 3.1.4. Estimativas dos coeficientes de herdabilidade

A herdabilidade corresponde à proporção da variabilidade total, que é de natureza genética ou a fração do diferencial de seleção, que é retida na descendência (Sturion et al., 1994). A herdabilidade no sentido restrito, é a relação entre a variância genética aditiva e a fenotípica e tem a finalidade de orientar o melhorista sobre a quantidade relativa da variância genética, que é utilizável no melhoramento das descendências propagadas sexualmente (Vencovsky, 1969).

No Quadro 5 estão apresentadas as estimativas dos coeficientes de herdabilidade individual e de média de progênie no sentido restrito, são apresentados também, os coeficientes de determinação dos efeitos ambientais de parcelas e a acurácia.

Quadro 5-Estimativas dos coeficientes de herdabilidade individual no sentido restrito ( $h_a^2$ ), dos coeficientes de determinação dos efeitos de parcelas ( $c_p^2$ ) para as características diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (ALT) e volume (VOL) em progênie de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis*, aos 58 meses de idade.

Parâmetros	Características					
	DAP(cm)		ALT(m)		VOL(m <sup>3</sup> )	
	REML	E(QM)	REML	E(QM)	REML	E(QM)
$h_a^2$	0,2247	0,3222	0,2778	0,3792	0,2111	0,3077
$c_p^2$	0,0461	-	0,1438	-	0,0558	-

As estimativas de herdabilidade individual ficaram abaixo de 0,40 para todas as características, destacando-se que o procedimento REML estas estimativas foram ainda

menores comparativamente com o método dos quadrados mínimos. Estes resultados estão coerentes com aqueles obtidos por Kageyama & Vencovsky (1983), para famílias de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis* aos 5,0 anos de idade, usando o método dos quadrados mínimos.

O coeficiente de determinação devido ao ambiente comum da parcela ( $c_p^2$ ) quantifica a variabilidade dentro dos blocos, onde alto valor deste coeficiente significa alta variabilidade ambiental entre as parcelas. Nos bons experimentos em plantas perenes os valor deste coeficiente deve estar em torno de 0,10, ou seja, de toda variação fenotípica dentro dos blocos, apenas 10% é devida a variância ambiental entre parcelas (Resende, 2002b). Desta maneira, as características diâmetro e volume apresentaram baixa variação ambiental entre parcelas, enquanto a altura apresentou valor alto de 14,38%. A avaliação de altura, no campo, incorre em maior possibilidades de erros na tomada de dados, principalmente em áreas declivosas.

### **3.2. Ganho genético**

Optou-se por conduzir a seleção através da característica diâmetro à altura do peito (DAP) que apresenta uma alta correlação genética com a altura e volume. Além disso, nas avaliações de DAP ocorre menos erros de medição, se comparadas com as de altura total.

As estimativas de ganho genético para todas as características avaliadas foram obtidas com base no valor genético predito dos indivíduos, que resulta dos efeitos genéticos preditos mais a média geral do experimento com uso do procedimento BLUP. Através do modelo utilizado o efeito genotípico de procedências, que se refere aos valores genéticos aditivos mais os efeitos de dominância, vem somado aos efeitos genéticos preditos na seleção dos melhores indivíduos das melhores progênes e procedências.

#### **3.2.1. População de melhoramento (PSM)**

O ganho genético foi obtido pela seleção dos indivíduos portadores dos maiores valores genéticos preditos para a característica diâmetro à altura do peito (DAP). No Quadro 6 estão apresentados os ganhos genéticos das populações de melhoramento e de produção, o número de indivíduos selecionados, o percentual de seleção, tamanho efetivo populacional e as novas médias (valor genético aditivo predito) para a característica

diâmetro à altura do peito (DAP) em progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis*, aos 58 meses de idade.

Quadro 6- Ganho genético das populações de melhoramento e de produção ( $Ganho_{sc}$ ), número de indivíduos selecionados, o percentual de seleção (%seleção), tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) e as novas médias (valor genético aditivo predito) para a característica diâmetro à altura do peito (DAP) em progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis*, aos 58 meses de idade.

Parâmetros	População de melhoramento (PSM)	População de produção (PCS)
$Ganho_{sc}$ (%)	16,1	18,9
Nova média	13,7	14,04
Indivíduos selecionados	897	29
% seleção	10,4	0,34
$N_e$	480	17

A seleção praticada na característica diâmetro à altura do peito (DAP) conduziu a ganhos de 16,1 % para a população de melhoramento e de 18,9 % para a população de produção. A seleção pelos valores genéticos preditos tende a selecionar muitos indivíduos de determinadas famílias, em função do maior peso dado à informação de família e este fato não representaria grandes problemas nas populações de melhoramento desde que, nas próximas gerações houvesse oportunidade para a seleção contra os indivíduos endogâmicos com características desfavoráveis (Resende & Higa, 1990). Apesar disto, foi deixado apenas um indivíduo de cada família selecionada no bloco. Este cuidado além de evitar o cruzamento entre meios irmãos, lado a lado na mesma parcela, permite maior entrada de luz na população favorecendo o florescimento mais uniforme com maior participação dos indivíduos no fluxo gênico. O tamanho efetivo populacional foi estimado de 480 na população de melhoramento. Um número efetivo ( $N_e$ ) igual a 60 é considerado adequado para obtenção de ganhos nos próximos ciclos seletivos (Resende, 1990), maior que 30 é considerado satisfatório (Rawlings, 1970; Pereira & Vencovsky, 1978) e em torno de 50 a 60 conforme recomendado pela EMBRAPA, (1991).

### 3.2.2. População de produção (PCS)

No Quadro 7, estão apresentados os resultados referentes ao estabelecimento da população de produção (PCS) de *Eucalyptus grandis*, considerando diferentes números de indivíduos selecionados a estimativa dos ganhos genéticos considerando diferentes números de indivíduos selecionados.

Quadro 7- Resultados referentes ao estabelecimento da população de produção (PCS) de *Eucalyptus grandis* considerando diferentes números de indivíduos selecionados em famílias de meios-irmãos aos 58 meses de idade.

Indivíduos selecionados.	DAP (cm)			Ne	$r_{\hat{a}a}$
	Ganho	Ganho (%)	VG Predito		
03	2,56	21,78	14,10	2,42	0,53
10	3,39	20,32	13,99	6,46	0,55
20	2,28	19,40	13,93	11,79	0,54
30	2,22	18,89	13,87	13,75	0,53
50	2,12	18,04	13,79	31,49	0,54
100	1,96	16,67	13,61	58,11	0,53

$r_{\hat{a}a}$  = acurácia seletiva associada ao método de melhor predição não viesada (BLUP) para o caráter diâmetro à altura do peito.

Quanto menor o número de indivíduos selecionados maior é o ganho genético. Entretanto, ao determinar o número de indivíduos para recombinação na população de produção, onde procura a maximização do ganho genético, deve levar em consideração o tamanho efetivo populacional adequado para que haja segurança na seleção, considerando a endogamia na geração de plantio. (Resende & Bertolucci, 1995) recomendam um limite seletivo observando a variância do ganho, que indica o grau de confiabilidade da seleção. Nas expressões utilizadas por Resende (2002b), verifica-se que a variância do ganho reduz-se a medida em que aumenta o número de indivíduos selecionados, assim, deve-se encontrar um número ótimo de indivíduos que maximize o limite inferior do intervalo de confiança do ganho genético para a endogamia potencial. Para encontrar um número desejado de indivíduos que participarão na recombinação, este autor sugere a construção de intervalos de confiança para o ganho genético corrigido para a endogamia na geração de plantio.

No Quadro 8 estão apresentados os intervalos de confiança (IC) do ganho genético associados aos 30 melhores indivíduos selecionados pelo teste de t, com 95% de confiança em progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis*, aos 58 meses de idade.

Quadro 8 - Intervalos de confiança (IC) associados aos 30 melhores indivíduos selecionados pelo DAP em progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis*, aos 58 meses de idade.

Ord.	Fam.	Gs	Ne	F= 1/2Ne	Gsc	Gsc(%)	IC(%)
1	6	22,08	1,00	0,5000	1,32	11,04	-13,54____35,62
2	9	21,74	1,60	0,3125	1,78	14,95	-4,48____34,39
3	69	20,99	2,40	0,2083	1,98	16,62	0,75____32,49
4	69	20,57	3,40	0,1471	2,09	17,54	4,21____30,88
5	133	20,40	4,41	0,1134	2,15	18,09	6,38____29,80
6	3	19,06	5,35	0,0835	2,08	17,47	6,84____28,10
7	20	19,06	6,30	0,0794	2,09	17,55	7,75____27,34
8	215	19,06	7,25	0,0690	2,11	17,74	8,61____26,87
9	7	19,06	8,20	0,0610	2,13	17,90	9,31____26,48
10	6	18,98	9,16	0,0546	2,14	17,94	9,82____26,06
11	215	18,81	9,74	0,0513	2,13	17,94	9,97____25,72
12	3	18,81	10,40	0,0481	2,08	17,84	9,88____25,13
13	215	18,39	10,90	0,0459	2,09	17,50	10,10____24,99
14	7	18,39	11,50	0,0435	2,08	17,54	10,18____24,68
15	115	18,22	12,50	0,0400	2,08	17,43	10,54____24,44
16	3	18,22	13,00	0,0385	2,09	17,49	10,70____24,34
17	153	18,22	13,90	0,0360	2,08	17,52	10,97____24,16
18	16	18,22	14,80	0,0338	2,09	17,56	11,13____23,91
19	231	18,14	15,80	0,0316	2,08	17,52	11,30____23,67
20	7	18,05	16,30	0,0307	2,07	17,48	11,33____23,51
21	71	17,97	17,20	0,0291	2,07	17,42	11,44____23,29
22	7	17,88	18,40	0,0272	2,07	17,36	11,67____23,13
23	49	17,88	18,50	0,0270	2,07	17,40	11,69____23,12
24	69	17,88	19,20	0,0260	2,06	17,40	11,65____22,87
25	196	17,71	20,10	0,0249	2,05	17,26	11,71____22,68
26	49	17,63	20,80	0,0240	2,05	17,19	11,82____22,60
27	49	17,63	21,32	0,0234	2,05	17,21	11,90____22,54
28	218	17,55	22,24	0,0224	2,04	17,22	11,94____22,37
29	5	17,55	23,20	0,0215	2,05	17,16	12,07____22,27
30	133	17,38	23,90	0,0209	2,03	17,02	11,99____22,05

No estabelecimento da população de produção (PCS- pomar clonal de sementes) foram selecionados 29 indivíduos portadores dos maiores valores genéticos aditivos para a característica diâmetro à altura do peito (DAP). Na seleção dos indivíduos para recombinação na população de produção para a maximização do ganho genético, levou em

consideração o tamanho efetivo populacional adequado para a endogamia potencial na geração de plantio (Resende & Bertolucci, 1995). Segundo Resende (2002b), o número desejado de indivíduos que participarão na recombinação deve ser encontrado com a construção de intervalos de confiança para o ganho genético corrigido para a endogamia na geração de plantio. A escolha do número de indivíduos deve ser feita onde ocorre a maximização do limite inferior do intervalo de confiança do ganho genético para a endogamia potencial. julgados como os melhores, pois permitem maior segurança na seleção, embora o ganho genético e a variância sejam menores. A maximização do limite inferior do intervalo de confiança do ganho genético corrigido para a endogamia ocorreu com a seleção dos 29 melhores indivíduos, portadores dos maiores ganhos genéticos para DAP, portanto a recombinação destes indivíduos na população de produção promoverá um ganho de 17,16 % para a esta característica .

#### 4- CONCLUSÕES

- A análise de variância e o teste de F revelaram a existência de variabilidade genética entre e dentro de progênies de *Eucalyptus grandis* para as características diâmetro à altura do peito, altura e volume evidenciando possibilidade de ganho genético com a seleção.
- Os coeficientes de herdabilidade em nível de plantas, estimados pelo procedimento REML, foram semelhantes aos obtidos pelo método dos quadrados mínimos E (QM) para as três características em estudo.

#### 5- REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BARROS, N. F.& NOVAIS, R. F. **Relação solo-eucalipto**. Viçosa. Editora Folha de Viçosa. UFV, 1990. 330p
- BOLAND, D.J.; BROOKER, M.J.H. ; CHIPPENDALE , G.M.; HALL, N.;HYLAND, B.P.M.; JOHNSTON, R.D.; KLEINIG, D.A.; TURNER, J.D. **Forest tree of Austrália**. Melbourne, Thomas Nelson, Austrália, 1984.687 p.
- CRUZ, C.D.& CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**.Vol.2 Viçosa, MG: UFV, 2003. 585p.



- EMBRAPA. CNPJ, **Relatório de cooperação técnica (EMBRAPA/CENIBRA) em melhoramento genético de *Eucalyptus grandis***. Colombo, 1991. 20p. Não publicado.
- ELDRIDGE, K.; DAVIDSON, J.; HARDWOOD, C. ***Eucalypt domestication and breeding***. Oxford. Claderon Press, 1993. 288p.
- GARCIA, C. H. Tabelas para classificação do coeficiente de variação. Piracicaba: **IPEF**, 1989 11p (Circular Técnica, 171).
- HENDERSON, C.R.; KEMPTHOTNE, O.; SEARLE, S.R.; KROSIGK. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. *Biometrics*, v.15 n.6 p.192-218.1959.
- KAGEYAMA, P. Y.; VENCOVSKY, R. Variação genética em progênes de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) ex Maiden, **IPEF**, Piracicaba, v 24, p 9-26 – 1983.
- MORA, A.& GARCIA, C.H. **A cultura do Eucalipto no Brasil**. Sociedade Brasileira de Silvicultura. 2000. 112 p.
- PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block informaion when block sizes are unequal. **Biometrika**, v.58, p 545-554, 1971.
- PEREIRA, M. B.; VENCOVSKY, R. Limites da seleção recorrente.I. Fatores que afetam o acréscimo das frequências alélicas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.23, n.7.p.769-780, 1988.
- PIRES, I. E. **Eficiência da seleção combinada no melhoramento genético de *Eucalyptus spp*** . 1996. 116f . Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa. Viçosa, MG.

- RAMALHO, M.A . P. Emprego da seleção recorrente no melhoramento de essências florestais. In; WORKSHOP – Métodos de Seleção. CTGM (Comissão Técnica de Genética e Melhoramento) **Anais.....** 1994.p. 1-18.
- RAWLINGS, J. O. Present status of research on long and short-term recurrent selection in finite populations-choice of populations size. In: **Paper presented at 2<sup>nd</sup> meeting of Working Group on Quantitative Genetics**. USDA- SFES New Orleans, p. 1-15, 1970.
- RESENDE, M. D.V. de. & HIGA, A R. Estratégias de melhoramento para eucaliptos visando a seleção de híbridos. EMBRAPA **Boletim Pesquisa Florestal**. Colombo, (21): 49-60, dez. 1990.
- RESENDE, M. D.V. de, Delineamento de experimentos de seleção para a maximização da acurácia seletiva e do progresso genético. EMBRAPA **Boletim Pesquisa Florestal**. Colombo, PR, (21): 25p. 1990.
- RESENDE, M. D.V.& BERTOLUCCI, F. L. G. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: **IUFRO CONFERENCE “EUCALYPT PLANTATIONS: IMPROVING FIBRE YIELD AND QUALITY”**, 1995. Hobart. Proceedings Hobart: CRC for Temperate Hardwood Forestry, 1995 p. 167-170.
- RESENDE, M. D.V. de. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: EMBRAPA FLORESTAS, 2000. 101p (Embrapa Florestas. Documentos, 47).
- RESENDE, M.D.V. de. SELEGEN–REML/BLUP -**Seleção Genética Computadorizada: manual do usuário**. Colombo: EMBRAPA – CNPF, 2002a, 67p.
- RESENDE, M. D.V. de. **Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes**. EMBRAPA, 2002b. 975 p.

- SOUZA, M. J. H.; RIBEIRO, A. & LEITE, F.P. Balanço hídrico e caracterização climática de Guanhães, Nova Era e Rio Doce. **XIII Congresso Brasileiro de Agrometeorologia** (Situação atual e Perspectivas da Agrometeorologia) Anais Vol.1 p.131-132, Santa Maria, RS, 2003.
- STURION, J. A.; RESENDE, M.D.V.de.;CARPANEZZI, A. A.; ZANON. A. Variação genética e seleção para características de crescimento em teste de progênies de *Mimosa scabrella* var. *aspericarpa*. EMBRAPA. **Boletim Pesquisa Florestal**. Colombo, n. 28/29, p. 73-83, jan./dez. 1994
- VAN VYK, G. & HODGSON, L. M. Clonal seed orchards of *Eucalyptus grandis* in South Africa, **Silvicultura** 31, 566-71, 1983.
- VENCOVSKY, R. Genética Quantitativa. In: KERR, W. C. (Coord.) **Melhoramento e genética**. São Paulo: Melhoramento, 1969.p.17-37.
- VENCOVSKY, R. & BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 406 p.
- XAVIER, A.; COMÉRIO, J.; AUGUSTO, F. Eficiência da seleção massal em gerações F1 e F2 de *Eucalyptus grandis* Coff's Harbour. **In: Proceedings of the IUFRO Conference on Silviculture and Improvement of Eucalypts**. Salvador, August, Brazil, 1997. Vol 1 p.145-150.
- XAVIER, A .; CRUZ, C.D.;BORGES, R.C.G.; PIRE, I.E. Influência da correlação intraclasse nas estimativas da variância fenotípica dentro de famílias e da variância ambiental. **Revista Árvore**, v.17,n.1, p. 91-99, 1993.

## CAPÍTULO 3

### USO DO PROCEDIMENTO REML/BLUP PARA A SELEÇÃO DE GENITORES DE *Eucalyptus grandis* E DE *Eucalyptus urophylla* NA PRODUÇÃO DE HÍBRIDO INTERESPECÍFICOS.

#### RESUMO

Foram avaliadas 363 progênes de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla* e de 245 progênes de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis* visando a seleção, com base em seus valores genéticos preditos, de genitores para produção de híbridos interespecíficos em cruzamentos controlados em dialelo circulante. Os ensaios foram conduzidos em Guanhães - MG, no delineamento de blocos casualizados, com cinco repetições, parcelas lineares de seis plantas para *Eucalyptus urophylla* e oito plantas para *Eucalyptus grandis* no espaçamento de 3,0 x 2,0 metros. Os parâmetros genéticos foram estimados adotando-se através de modelos mistos com uso do procedimento REML / BLUP (máxima verossimilhança restrita / melhor predição linear não viesada) para as características diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (ALT) e volume individual (VOL). A predição dos valores genéticos foi feita somente para a característica diâmetro à altura do peito (DAP), na qual a seleção foi realizada. Em *Eucalyptus urophylla* foram obtidas estimativas de herdabilidade no sentido restrito, de 0,2785 e acurácia da ordem de 61% e em *Eucalyptus grandis* de 0,2247 e acurácia de 53%. A seleção dos 100 genitores de cada

espécie individualmente proporcionará ganhos genéticos na ordem de 20,6 % em *Eucalyptus urophylla* e de 16,4 % em *Eucalyptus grandis*. Ganho genético para a característica diâmetro à altura do peito em torno de 35,0% poderá ser obtido após o cruzamento entre os 10 primeiros indivíduos selecionados em cada espécie e portadores das maiores divergências genéticas.

Palavras-chave: *Eucalyptus urophylla*, *Eucalyptus grandis*, Híbrido interespecífico, melhoramento florestal.

## ABSTRACT

### USE OF THE REML/BLUP PROCEDURE FOR THE SELECTION OF *Eucalyptus grandis* AND *Eucalyptus urophylla* PARENTS IN THE PRODUCTION OF INTERSPECIFIC HYBRIDS.

The predicted parents genetic values of 363 half-sib *Eucalyptus grandis* progenies and 245 half-sib *Eucalyptus urophylla* progenies were evaluated for selection, in order to produce interspecific hybrids in controlled crosses in a circulant diallel. The essays were conducted in Guanhães, Minas Gerais State, in a complete randomized block design, in five replications, row plots of six *Eucalyptus urophylla* and eight *Eucalyptus grandis* plants in a of 3.0 x 2.0 meters spacing. The genetic parameters were estimated by mixed models using the REML / BLUP (restricted maximum likelihood / best linear unbiased prediction) procedure for the diameter at breast height (DAP), total height (ALT) and individual volume (VOL) characteristics. The genetic values were only predicted for the diameter at breast height (DAP) characteristic, which the selection was done. The heritability estimated values in the restricted sense for *Eucalyptus urophylla* were at 0.2785 and the accuracy at 61%, and 0.2247 and 53% in *Eucalyptus grandis*, respectively. The selection of 100 parents of each species individually will provide genetic gains of 20.6 % in *Eucalyptus urophylla* and at 16.4 % in *Eucalyptus grandis*. A genetic gain for the diameter at breast height characteristic around 35.0% can be obtained by crosses among the first 10 selected individuals of each species and carriers of the greatest genetic divergences.

Key-words: *Eucalyptus urophylla*, *Eucalyptus grandis*, interspecific hybrid, genetic parameters, forest improvement.

## 1. INTRODUÇÃO

Desde a década de 70, a estratégia de hibridação utilizada em eucaliptos no Brasil, contempla a realização dos cruzamentos controlados entre indivíduos de fenótipos superiores de cada espécie e posterior seleção clonal dos indivíduos que se destacam no teste de campo, quer seja, no plantio de parcelas ou de progênes (Assis, 1986,1987; Martins & Ikemori, 1987).

Os programas de melhoramento genético de *Eucalyptus* spp no Brasil, incluem as estratégias de hibridação e de clonagem como ferramentas obrigatórias na obtenção de ganhos genéticos e na transferência destes para os plantios clonais, embasados na existência de considerável divergência genética entre e dentro de espécies ou procedências associado à manifestação heterótica de algumas características dos híbridos (Resende & Higa, 1990). A heterose resulta da existência da divergência genética entre os parentais e algum nível de dominância nos locos que controlam um determinado caráter (Falconer, 1987). Em geral, os híbridos interespecíficos em *Eucalyptus* spp apresentam progênes superiores aos parentais em crescimento, adaptação e tolerância a doenças. Indivíduos selecionados dentro de progênes e clonadas garantem plantios mais homogêneos do que aqueles obtidos a partir de sementes de polinização aberta dos melhores parentais (Martins & Ikemori, 1987).

No melhoramento genético de eucaliptos avanços foram conseguidos em termos de definição de espécies, procedências adaptadas nos ambientes de cultivo, adequação ao produto final, métodos de propagação, silvicultura clonal, métodos de hibridação, onde é possível programar os cruzamentos fazendo a indução floral em genitores enxertados e conduzidos em casa de vegetação com condições adequadas de manejo de irrigação e temperatura. Contudo, falta uma estratégia que embase a condução do programa de hibridação com o melhoramento do próprio híbrido através das gerações com obtenção de aumento continuado da heterose. A expectativa é que os híbridos gerados entre os genitores selecionados pelos valores genéticos preditos em populações divergentes entre si e portadores de boa capacidade geral e específica de combinação apresentem superioridade ao longo das gerações, através da condução das populações genitoras em seleção recorrente recíproca.

Para obtenção e seleção de híbridos interespecíficos superiores é imprescindível que se faça os cruzamentos controlados num delineamento que enfatize a capacidade geral

(CGC) e a específica (CEC) de combinação. Quando o grupo de genitores é grande, vários obstáculos são encontrados como a falta de sincronismo e curto período de florescimento das espécies, grandes quantidades de polinizações, necessidade de mão-de-obra especializada, associados ao alto custo da obtenção de sementes híbridas. Por outro lado, quando se avalia um número reduzido de cruzamentos apenas com alguns genitores, os estimadores das funções estimáveis dos efeitos da capacidade combinatória ficam sujeitos a uma grande variação residual (Cruz & Pires, 1996). Com a finalidade de contornar estes problemas, estes autores sugerem o estudo da capacidade combinatória dos genitores através de uma amostra de cruzamentos entre eles com o uso do delineamento genético dialelo circulante.

Atualmente a estruturação de programas de melhoramento que visam o aumento da frequência de alelos favoráveis nas populações genitoras do híbrido que agregue ganhos nos híbridos a cada geração, é uma necessidade premente no setor florestal (Carneiro, 2000). O método de melhoramento adequado para este objetivo é a seleção recorrente recíproca (Comstock et al. 1949), que fundamenta melhoria da resposta heterótica entre duas populações. Na escolha de pares de genitores para a hibridação tem se utilizado os métodos preditivos da divergência genética com finalidade de fazer os cruzamentos entre os mais divergentes. Nos métodos preditivos a divergência genética é quantificada por uma medida de dissimilaridade estimada previamente como a distância Euclidiana ou a distância generalizada de Mahalanobis (Cruz & Regazzi, 1994).

A predição dos valores genéticos aditivos intrapopulacional norteia a seleção visando o melhoramento progressivo da espécie de cada população e permite a escolha criteriosa de indivíduos a serem empregados nos cruzamentos interespecíficos, conduzindo ao melhoramento do próprio híbrido em função do melhoramento das espécies puras (Resende, 2000a).

O melhoramento genético via seleção recorrente recíproca visando a produção de híbridos, vem sendo utilizado no Congo por Bouvet & Vigneron (1991), com resultados promissores dos híbridos *Eucalyptus urophylla* x *Eucalyptus grandis* e *Eucalyptus urophylla* x *Eucalyptus pellita*. No Brasil, os ganhos genéticos obtidos com o uso da seleção recorrente resultam da boa adaptação do germoplasma disponível, das características biológicas dos *Eucalyptus* spp por ser uma planta alógama, do sucesso dos cruzamentos artificiais e da propagação vegetativa viável (Ramalho, 1994) conferindo resultados expressivos na condução de um programa de hibridação. O êxito do



melhoramento genético está associado a capacidade de acerto na escolha dos melhores indivíduos que serão os genitores das próximas gerações (Cruz & Carneiro, 2003). Uma das maneiras de identificar os indivíduos portadores de genes desejáveis se faz com a avaliação genética dos candidatos à seleção. Em plantas perenes a seleção deve ser feita nos valores genéticos aditivos dos indivíduos que serão utilizados na recombinação e nos valores genotípicos dos indivíduos que serão clonados (Resende, 2002a). O procedimento adequado para a predição dos valores genéticos utilizados na avaliação genética de plantas perenes tem sido o BLUP (melhor predição linear não viesada) individual, que consiste basicamente na predição de valores genéticos dos efeitos aleatórios do modelo estatístico associado a observações fenotípicas, ajustando-se os dados aos efeitos fixos e ao número desigual de informações nas parcelas por meio de metodologia de modelos mistos (Henderson, 1959). A predição de valores genéticos usando o BLUP assume que os componentes de variância são conhecidos. Na prática não se conhecem os verdadeiros dos componentes de variância, que devem ser estimados com o procedimento da máxima verossimilhança restrita (REML), desenvolvido por Patterson & Thompson (1971).

Este trabalho teve como objetivo selecionar genitores de *Eucalyptus urophylla* e de *Eucalyptus grandis* portadores das maiores divergências genéticas, visando a produção de híbridos interespecíficos em cruzamento dialélicos circulantes.

## 2 - MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1- Material experimental

Utilizou-se cinco testes de progênies de *Eucalyptus urophylla* e um teste de *Eucalyptus grandis* instalados. Os testes de progênies de *Eucalyptus urophylla* foram instalados separadamente por procedência contendo 363 progênies e o teste de *Eucalyptus grandis* com 245 progênies, compreendendo 13 procedências. Os ensaios foram instalados em blocos casualizados com cinco repetições e parcelas lineares de oito e seis plantas, respectivamente, em Guanhães-MG, latitude de 18°48'06"S e longitude de 42°58'22"W. A avaliação foi feita aos 58 meses de idade com medição de altura total (ALT), diâmetro à altura do peito (DAP) e volume individual (VOL) obtido com a seguinte fórmula:

$$VOLUME_{cc} = \frac{\pi(DAP)^2 \times f \cdot f}{40.000} \times ALT \text{ em que: } \pi = 3,1416 \text{ e fator de forma } f \cdot f = 0,5$$

## 2.1. Estimativas de parâmetros genéticos

A avaliação dos valores genéticos feita por meio do procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita / melhor predição linear não viesada) para as características diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (ALT) e volume individual (VOL). A seleção dos genitores foi feita apenas para a característica diâmetro à altura do peito (DAP) devido alta correlação entre esta característica e as demais.

Os parâmetros genéticos foram obtidos através da análise conjunta dos cinco testes de progênies de *Eucalyptus urophylla* e da análise individual do teste de progênies de *Eucalyptus grandis*. O modelo utilizado na predição de valores genéticos aditivos nos testes do *Eucalyptus urophylla* foi o modelo linear misto, sem considerar os efeitos de procedências e no teste do *Eucalyptus grandis* o modelo linear misto com várias procedências conforme Resende (2000b).

A predição dos valores genéticos aditivos dos genitores foi feita através do programa Selegen-REML/BLUP, utilizando o modelo linear misto univariado conforme Resende (2002a):

$$Y = Xb + Za + Wc + e,$$

em que:

$y$ : vetor de dados;

$X$ : matriz de incidência para o efeito fixo de bloco;

$b$ : vetor dos efeitos de bloco, tomado como fixo;

$Z$ : matriz de incidência para o efeito aleatório de indivíduos;

$a$ : vetor dos efeitos genéticos aditivos tomados como aleatório;

$W$ : matriz de incidência para o efeito de parcela;

$c$ : vetor dos efeitos aleatórios de progênies;

$e$ : vetor de erros aleatórios.

As pressuposições acerca da distribuição de  $y, a, c, e$  estruturas de médias e variâncias para cada vetor, são dados por:

$$y \sim N(Xb, V)$$

$$a \sim N(0, A\sigma_a^2)$$

$$c \sim N(0, I\sigma_c^2)$$

$$e \sim N(0, I\sigma_e^2)$$

$\hat{\sigma}_a^2$  : variância genética aditiva;

$\hat{\sigma}_c^2$  : variância dentro da parcela = (ambiental dentro de parcelas mais a genética não aditiva);

$\hat{\sigma}_e^2$  : variância ambiental;

$\text{Cov}(a, c) = 0$ ;  $\text{Cov}(a, e) = 0$ ;  $\text{Cov}(c, e) = 0$

E na predição dos valores genéticos aditivos no teste de *Eucalyptus grandis* utilizou-se o modelo linear misto considerando o modelo aditivo univariado com várias procedências dado por:

$$Y = Xb + Za + Wc_1 + Uc_2 + e,$$

em que:

$y$  : vetor de dados;

$X$  : matriz de incidência para o efeito fixo de bloco;

$b$  : vetor dos efeitos de bloco, tomado como fixo;

$Z$  : matriz de incidência para o efeito aleatório de indivíduos;

$a$  : vetor dos efeitos genéticos aditivos tomados como aleatório;

$W$  : matriz de incidência para o efeito de parcela;

$c_1$  : vetor dos efeitos aleatórios de parcelas referentes a progênies;

$U$  : matriz de incidência dos valores genéticos de procedências;

$c_2$  : vetor dos efeitos aleatórios de parcelas referentes a procedências;

$e$  : vetor de erros aleatórios.

As pressuposições acerca da distribuição de  $y, a, c_1, c_2, e$  estruturas de médias e variâncias para cada vetor, são dados por:.

$$Y \sim N(Xb, V)$$

$$a \sim N(0, A\sigma_a^2)$$

$$c_1 \sim N(0, I\sigma_{c_1}^2)$$

$$c_2 \sim N(0, I\sigma_{c_2}^2)$$

$$e \sim N(0, I\sigma_e^2)$$

$\text{Cov}(a, c'_1) = 0$ ;  $\text{Cov}(a, c'_2) = 0$ ;  $\text{Cov}(a, e) = 0$ ;  $\text{Cov}(c_1, c'_2) = 0$ ;  $\text{Cov}(c_1, e) = 0$ ;  $\text{Cov}(c_2, e) = 0$ .

$\sigma_a^2$  : variância genética aditiva;

$\sigma_{c_1}^2$  : variância fenotípica dentro de parcelas;

$\sigma_{c_2}^2$  : variância fenotípica dentro de procedências;

$\sigma_e^2$  : variância ambiental;

## 2.2. Divergência genética

A divergência genética entre os genitores foi obtida através de métodos aglomerativos (Cruz & Regazzi, 1994), utilizando o GENES - programa computacional em Genética e Estatística (Cruz, 1997), a partir das medidas de dissimilaridade estimadas previamente com as distâncias Euclidianas médias:

$$d_{ij} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum (X_{ij} - X_{i'j})^2}, \text{ sendo,}$$

$X_{ij}$  a observação do  $i$ -ésimo progenitor  $i = 1, 2, \dots, 200$  e da  $j$ -ésima característica  $j = 1, 2, 3$ ;

O agrupamento dos genitores foi feito com o método proposto por Tocher, citado por Rao (1952), também com uso do programa GENES.

## 2.3. Dialelo circulante

O algoritmo para estabelecimento dos cruzamentos no dialelo circulante teve como orientação o trabalho de Cruz & Pires, (1996) com base nos valores de Kempthorne & Curnow (1961), como segue:

$$\text{Número de cruzamentos} = \frac{p \cdot s}{2}, \text{ onde:}$$

$p$ : número de progenitores a serem estudados;

$s$ : número de combinações híbridas de cada progenitor sendo  $s < p - 1$  e  $s \geq 3$  para dialelos que incluem apenas a geração  $F_1$ .

## 2..4. Ganho genético

Na estimativa de ganho nos cruzamentos híbridos utilizo-se duas fórmulas, na Fórmula 01 abaixo (Resende, 2000b), foi considerada uma heterose média de 15% para o cruzamento de *Eucalyptus urophylla* X *Eucalyptus grandis* e os efeitos genéticos aditivos médios obtidos nas populações analisadas individualmente  $\frac{1}{2}(\hat{g}_u + \hat{g}_g)$ , supondo correlacionados com os efeitos genéticos aditivos interpopulacionais. Na Fórmula 02 abaixo (Cruz, 2003)\* foram utilizados os maiores valores de divergência genética entre os pares de cruzamentos, em substituição ao valor de heterose média.

Fórmula 01.

$$\hat{G}_{(ug)} = \frac{1}{2}(\hat{\mu}_u + \hat{\mu}_g) + \hat{h}_{(ug)} + \frac{1}{2}(\hat{g}_u + \hat{g}_g),$$

em que:

$\hat{G}_{(ug)}$  = valor genotípico de um híbrido;

$\hat{\mu}_u$  e  $\hat{\mu}_g$  = média geral das populações selecionadas;

$\hat{h}_{(ug)}$  = heterose de *Eucalyptus urophylla* X *Eucalyptus grandis* (15%)

$(\hat{g}_u$  e  $\hat{g}_g)$  = efeitos genéticos aditivos dos genitores selecionados *Eucalyptus urophylla* X *Eucalyptus grandis*.

Fórmula 02.

$$\hat{G}_{(ug)} = \frac{1}{2}(\hat{\mu}_u + \hat{\mu}_g) + d_{ug} + \frac{1}{2}(\hat{g}_u + \hat{g}_g),$$

em que:

$\hat{G}_{(ug)}$  = valor genotípico de um híbrido;

$\hat{\mu}_u$  e  $\hat{\mu}_g$  = média geral das populações selecionadas;

$d_{ug}$  = distância genética;

$(\hat{g}_u$  e  $\hat{g}_g)$  = efeitos genéticos aditivos dos genitores selecionados *Eucalyptus urophylla* x *Eucalyptus grandis*.

\* Informação pessoal.

### 3 - RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.1. Estimativas das variâncias e coeficientes de variação

O Quadro 1 apresenta as estimativas da variância genética aditiva, variância dentro de parcelas, variância ambiental entre parcelas, variância fenotípica em nível do bloco, média geral e os coeficientes de variação experimental para as características diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (ALT) e volume individual (VOL) em famílias de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla* e de *Eucalyptus grandis*, aos 58 meses de idade.

Quadro 1-Estimativas da variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_a^2$ ), variância dentro de parcelas ( $\hat{\sigma}_c^2$ ), variância ambiental entre parcelas ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), variância fenotípica entre plantas no bloco ( $\hat{\sigma}_F^2$ ), coeficiente de variação experimental  $CV_{exp}(\%)$  e média das características diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (ALT) e volume (VOL) em progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla* e de *Eucalyptus grandis*, aos 58 meses de idade.

Espécie	Características	Média	$CV_{exp}$	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_c^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_F^2$
<i>E.urophylla</i>	DAP (cm)	11,90	5,06	2,2826	0,3630	5,5502	8,1957
	ALT (m)	16,96	4,76	2,6365	0,6518	3,8885	7,1768
	VOL (m <sup>3</sup> /arv)	0,0943	32,92	0,000967	0,000967	0,000967	0,00967
<i>E.grandis</i>	DAP (cm)	11,91	9,81	2,2314	0,4574	7,1393	9,9306
	ALT (m)	18,09	8,11	2,4687	1,2799	5,0464	8,8972
	VOL (m <sup>3</sup> /arv)	0,1008	23,62	0,0006	0,0002	0,0002	0,0003

Os coeficientes de variação experimentais para as características diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (ALT) e volume (VOL) podem ser considerados dentro dos padrões normalmente encontrados para *Eucalyptus* (Garcia, 1989), com boa precisão na análises dos dados, dando confiabilidade nos resultados obtidos.

As médias apresentadas para as características em estudo estão dentro dos padrões encontrados para as espécies estudadas, na idade avaliada, sendo que o *Eucalyptus grandis* tem melhor produtividade no local de cultivo.

As magnitudes das variâncias tiveram valores similares para as características em estudo nas populações de *Eucalyptus urophylla* e de *Eucalyptus grandis*. Boa proporção da variância total estimada tem causa genética, podendo ser atribuída a efeitos aditivos representados pelas magnitudes da variância genética aditiva. A variância genética aditiva constitui uma ferramenta do melhorista, indicando a potencialidade de melhoramento da população pela escolha do método de seleção apropriado. A existência de variância genética aditiva possibilita a identificação de genótipos superiores, os quais proporcionarão ganhos com a sua seleção (Cruz & Regazzi, 1994).

Para facilitar a visualização, o parâmetro mais indicado para comparar a variabilidade genética expressa em cada característica é o coeficiente de variação genética aditiva (CV<sub>a</sub>), conforme destacado por Resende, (2001). No Quadro 2, estão apresentadas as estimativas dos coeficientes de variação genética aditiva, de variação fenotípica dentro de parcelas, de variação ambiental entre parcelas, de variação fenotípica individual e a razão entre o coeficiente de variação genotípico e ambiental das características DAP, ALT e VOL em progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla* e de *Eucalyptus grandis*, aos 58 meses de idade.

Quadro 2-Estimativas do coeficiente de variação genética aditiva CV<sub>a</sub>(%), do coeficiente de variação dentro de parcelas CV<sub>c</sub>(%), do coeficiente de variação ambiental entre parcelas CV<sub>e</sub>(%) e do coeficiente de variação fenotípica CV<sub>F</sub>(%) das características diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (ALT) e volume (VOL) em progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla* e de *Eucalyptus grandis*, aos 58 meses de idade.

Espécie	Características	CV <sub>a</sub>	CV <sub>c</sub>	CV <sub>e</sub>	CV <sub>F</sub>
<i>E.urophylla</i>	DAP (cm)	12,68	5,05	19,78	24,03
	ALT (m)	9,57	4,76	11,63	15,80
	VOL (m <sup>3</sup> /arv)	32,97	12,68	47,49	59,20
<i>E.grandis</i>	DAP (cm)	12,54	5,68	22,43	26,45
	ALT (m)	8,89	6,25	12,41	16,48
	VOL (m <sup>3</sup> /arv)	24,30	14,03	14,37	16,89

Os valores dos coeficientes de variação para DAP e ALT foram similares nas duas espécies, diferindo para a característica volume, em que foram mais elevados com destaque para o *Eucalyptus urophylla*. Valores elevados para os coeficientes de variação

associados à característica volume foram encontrados por Pires (1996), em *Eucalyptus camaldulensis*, justificado pelo fato de ser uma característica derivada e dependente da ALT a do DAP.

### 3.2. Estimativas dos coeficientes de herdabilidade

A herdabilidade corresponde à proporção da variabilidade total, que é de natureza genética retida na descendência (Sturion et al., 1994). A herdabilidade no sentido restrito tem a finalidade de orientar o melhorista sobre a quantidade relativa de variância genética que é utilizável no melhoramento em descendências propagadas sexuadamente (Vencovsky, 1969). A herdabilidade é uma propriedade não somente de um caráter, mas também da população e das circunstâncias do ambiente em que os indivíduos se encontram. Portanto, o valor da herdabilidade depende da magnitude de todos os componentes de variância e uma alteração em qualquer deles afetará o seu valor (Falconer, 1987).

O Quadro 3 apresenta as estimativas dos coeficientes de herdabilidade individual no sentido restrito e de média de progênies. São apresentados também os coeficientes de determinação dos efeitos ambientais de parcelas para ALT, DAP e VOL.

Quadro 3-Estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito em nível de indivíduo ( $h_a^2$ ), de média de progênies ( $\hat{h}_{mp}^2$ ), dos coeficientes de determinação devido ao ambiente comum da parcela ( $c_p^2$ ) para as características diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (ALT) e volume (VOL) em progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla* e de *Eucalyptus grandis*, aos 58 meses de idade.

Espécie	Características	$h_a^2$	$\hat{h}_{mp}^2$	$c_p^2$
<i>E.urophylla</i>	DAP (cm)	0,2785	0,9182	0,0444
	ALT (m)	0,3674	0,9225	0,0908
	VOL (m <sup>3</sup> /arv)	0,3104	0,9258	0,0446
<i>E.grandis</i>	DAP (cm)	0,2247	—	0,0461
	ALT (m)	0,2778	—	0,1438
	VOL (m <sup>3</sup> /arv)	0,2111	—	0,0558

As estimativas de herdabilidades, no sentido restrito em nível de plantas indicam a presença de variabilidade genética considerável nestas populações. As herdabilidades



apresentaram para as características de crescimento valores entre 0,15 e 0,50, coerentes com os citados em literatura para as características de crescimento (Moraes, 1987).

As características DAP, ALT e VOL apresentaram baixa variação ambiental entre parcelas nas populações de *Eucalyptus urophylla* e na população de *Eucalyptus grandis*, o valor apresentado para altura foi de 14,38% podendo ser considerado alto, isto pode ser justificado devido a maior possibilidade de erros na tomada de dados desta característica, principalmente em áreas declivosas como é o caso.

O coeficiente de determinação devido ao ambiente comum da parcela, quantifica a variabilidade dentro dos blocos, onde alto valor deste coeficiente significa alta variabilidade ambiental dentro das parcelas. Nos bons experimentos em plantas perenes os valores desta correlação devem estar em torno de 0,10 (Resende, 2002b).

### **3.3. Ganho de seleção**

Optou-se por conduzir a seleção através da característica DAP, devido à sua facilidade de avaliação e precisão em relação à altura, além de ter alta correlação genética com altura e volume das árvores.

Foram selecionados 100 indivíduos de cada espécie, portadores dos maiores valores genéticos aditivos preditos com o uso do procedimento REML/BLUP para serem cruzados, através da polinização controlada em dialelos circulantes. A seleção por meio do DAP proporcionou estimativas de ganhos de 20,6 e de 15,44% para *E. urophylla* e *E. grandis*, respectivamente e ganhos indiretos na ordem de 53% e 29,76% para volume individual.

No Quadro 4, estão apresentadas as médias dos valores genéticos preditos, ganho genético direto em DAP e indireto para as características altura total (ALT) e volume (VOL) e acurácia para a característica diâmetro à altura do peito (DAP) na seleção dos genitores de *Eucalyptus urophylla* e de *Eucalyptus grandis*, aos 58 meses de idade.

Quadro 4- Valores genéticos aditivos preditos, ganho genético para as características altura total (ALT) e volume (VOL) e acurácia para a característica diâmetro à altura do peito (DAP) na seleção dos genitores em progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla* e de *Eucalyptus grandis*, aos 58 meses de idade.

Parâmetros	<i>Eucalyptus urophylla</i>			<i>Eucalyptus grandis</i>		
	Diâmetro (cm)	Altura (m)	Volume (m <sup>3</sup> /arv)	Diâmetro (cm)	Altura (m)	Volume (m <sup>3</sup> /arv)
Valor genético predito	14,36	18,50	0,1443	13,75	19,52	0,1008
Ganho	2,45	1,54	0,05	1,84	1,43	0,03
Ganho (%)	20,60	9,08	53,00	15,44	7,90	29,76
Acurácia	0,61	–	–	0,53	–	–

Os valores da acurácia encontrados na predição dos valores genéticos pelo método REML/BLUP estão de acordo com Resende et al.(1990) e Sturion et al.(1994), na seleção de *Pinus caribaea* e de *Mimosa scabrella*, respectivamente. A acurácia corresponde a correlação entre os valores genéticos preditos e os verdadeiros (Van Vleck et al.,1987), e quanto maior o seu valor maior a confiança na predição do valor genético. Somente os valores fenotípicos são diretamente medidos, mas são os valores genéticos aditivos os responsáveis pela transmissão do caráter às próximas gerações (Falconer, 1987).

### 3.4. Divergência genética

A partir da seleção dos genitores de *Eucalyptus urophylla* e de *Eucalyptus grandis* as divergências genéticas foram obtidas por métodos aglomerativos (Cruz e Regazzi, 1994) através do programa GENES – Aplicativo Computacional em Genética e Estatística (Cruz, 1997) para a característica diâmetro à altura do peito. Houve a formação de quatro grupos, conforme mostra o Quadro 5 (1 = 1.1 a 1.26; 2; 3; 4) dos 100 genitores de *Eucalyptus urophylla* e 100 de *Eucalyptus grandis* pelo método de Tocher, baseado na dissimilaridade expressa pela distância euclidiana média. Apesar das espécies terem características biológicas diferentes, houve uma grande concentração de indivíduos no grupo 1, e ao subdividir este grupo foi possível a concentrar os indivíduos de *Eucalyptus grandis* nos subgrupos 1.1 a 1.6.

Quadro 5 - Agrupamento dos 100 genitores de *Eucalyptus urophylla* e 100 de *Eucalyptus grandis* pelo método de otimização de Tocher, baseado na dissimilaridade expressa pela distância euclidiana média ( $d_{ii}$ ).

Grupo/subgrupos	Genitores
< 1.1 >	g4 g36 g61 g5 g27 g9 g22 g73 g80 g53 g69 g81 g14 g97 g98 g44 g56 g57 g93 g76 g88 g89 g91 u138 u189 g16 g30 g72 g67 g11 g99 g42 u180 g64 g71 g84
< 1.2 >	g8 g39 g41 g46 g47 g82 g18 g68 g13 g52 u114 g3 g59 g77 g85 g87 g50 u150 g25 g45 u164 g21 u118 u108 g38
< 1.3 >	g10 g86 g100 g63 g55 g1 g75 g7
< 1.4 >	g24 g70 g54 g43 u160 g31 u187 g34 u159 u188 u128 u139 u158 u165 g83 u193
< 1.5 >	g28 g66 g74 g12 u192 g6 u147 u176 u156 u123 u144 g23 u132 u119 u154 u155 u107 u182 u178 u136 u137 u146 u135
< 1.6 >	g32 g49 g95 g90 g96 g94 g65 u184
< 1.7 >	u173 u195 g60 g40 u191 u163 u152 g58 u134 u149 u179 u197 u169 u183 u145
< 1.8 >	g51 u121 u111 u168 g17 u127
< 1.9 >	u124 u177 u181 u171 u133 u186 u125 u140 u115 u141 u166 u161
< 1.10 >	g26 g35 g2 g92 g20 g33 g29 g48 u199 u200 u175
< 1.11 >	u174 u190 u151 u148 u122 u196 u120 u112
< 1.12 >	g62 g79 g37
< 1.13 >	u117 u143 u113 u131
< 1.14 >	u162 u167 u110 u116
< 1.15 >	u153 u172
< 1.16 >	u109 u142
< 1.17 >	u129
< 1.18 >	u126
< 1.19 >	u130
< 1.20 >	u104
< 1.21 >	u157
< 1.22 >	u194
< 1.23 >	g78
< 1.24 >	u170
< 1.25 >	u185
< 1.26 >	g19
< 2 >	u102 u103 u101 u106
< 3 >	g15 u105
< 4 >	u198

u – *E. urophylla*; g – *E. grandis*

O método de otimização de Tocher associou os genitores com menor divergência dentro do grupo e maior entre eles, contudo continuou uma grande dificuldade em escolher pares mais divergentes para cruzamentos, principalmente porque incluiu indivíduos das duas espécies no mesmo grupo.

### 3. 5. População de produção de sementes

No Quadro 6 estão apresentados os dados referentes ao estabelecimento de pomar de sementes clonal – PSC de *Eucalyptus urophylla* e de *Eucalyptus grandis* com diferentes números de indivíduos para a produção de sementes e para a realização dos cruzamentos controlados.

Quadro 6 - Resultados referentes ao estabelecimento do pomar de sementes clonal – PSC de *Eucalyptus urophylla* e de *Eucalyptus grandis*, considerando diferentes números de indivíduos selecionados.

n	<i>Eucalyptus urophylla</i>					<i>Eucalyptus grandis</i>				
	$N_e$	F	G	G (%)	IC (%)	$N_e$	F	G	G (%)	IC (%)
03	3,1	0,161	3,07	25,77	11,48__40,17	2,4	0,208	3,39	21,78	12,96__44,26
10	9,1	0,055	2,97	24,96	16,71__33,46	6,5	0,077	2,56	20,32	11,82__31,16
20	19,1	0,026	2,93	24,56	18,95__30,31	11,8	0,042	2,28	19,40	11,98__21,30
30	25,1	0,020	2,85	23,90	18,92__28,91	21,7	0,023	2,22	18,89	13,37__23,91
50	39,4	0,013	2,59	21,70	17,80__25,72	30,5	0,016	2,12	18,04	13,33__22,25
100	70,0	0,007	2,45	20,60	17,61__23,56	58,1	0,008	1,96	15,44	13,23__19,68

n: número de indivíduos selecionados;  $N_e$ : tamanho efetivo populacional; F: coeficiente de endogamia;

G: ganho genético e IC: intervalo de confiança a 95% de probabilidade.

Com o aumento do número de indivíduos selecionados o ganho genético diminui em consequência da redução da intensidade de seleção, portanto deve-se encontrar um número de indivíduos que maximize o limite inferior do intervalo de confiança do ganho genético corrigido para a endogamia (Resende, 2002b). No estabelecimento das populações de produção de sementes devem ser utilizados os ganhos genéticos corrigidos para a endogamia (Resende e Bertolucci, 1995) e utilizar os intervalos de confiança para assegurar um número adequado de indivíduos na recombinação.

A maximização do limite inferior do intervalo de confiança do ganho genético corrigido para a endogamia em *Eucalyptus urophylla* ocorreu com a seleção dos 20 melhores indivíduos selecionados, com um coeficiente de endogamia potencial de 2,6% e

em *Eucalyptus grandis* com a seleção dos 30 melhores com um coeficiente de endogamia potencial de 2,2%. A seleção destes indivíduos proporcionou um ganho genético em diâmetro à altura do peito (DAP) da ordem de 30,31% para o *Eucalyptus urophylla* e de 23,91% para *Eucalyptus grandis*.

Apesar da análise da divergência genética não ter revelado grandes dissimilaridades dentro de espécies (Quadro 5), os ganhos estimados podem ser justificados pela existência de variabilidade genética expressa pelos respectivos coeficientes de herdabilidade (Quadro 3).

### **3. 6. Desempenho das progênies híbridas**

Utilizando os dados estimados nos testes de progênies de *Eucalyptus urophylla* e de *Eucalyptus grandis* foi feita uma simulação do comportamento das progênies híbridas com relação ao ganho na característica DAP. Dado o fato da pouca dissimilaridade entre os grupos de genitores (Quadro 5), optou-se pela escolha dos pares de genitores para cruzamentos considerando as maiores distâncias genéticas entre o primeiro indivíduo selecionado de *Eucalyptus urophylla* e os três primeiros selecionados de *Eucalyptus grandis* portadores das maiores distâncias genéticas. Esta estratégia de cruzamento interespecífico entre os indivíduos mais divergentes tem sido utilizada nos trabalhos de melhoramento mais recentes levando em conta o desempenho individual e as suas divergências genéticas (Scapim et al.,1994). Para as sugestões de cruzamentos em dialelo parcial circulante envolvendo 100 genitores de cada espécie optou-se por realizar uma amostragem onde cada genitor seria cruzado com três outros com as maiores divergências genéticas.

O ganho de seleção para a característica diâmetro à altura do peito (DAP), considerando o valor de 15% de heterose (Fórmula 01, página 74) e os valores das divergências genéticas (Fórmula 02, página 74) entre os pares de genitores, estão apresentados no Quadro 8 para os 30 primeiros cruzamentos recomendados.

Quadro 8- Valor genotípico do híbrido  $\hat{G}$  (ug ) e ganho genético  $\hat{G}_s$ (%) do cruzamento dos 10 primeiros indivíduos de *Eucalyptus urophylla* x *Eucalyptus grandis* de maior efeito genético aditivo e com maior distância genética entre eles, pelo uso das Fórmulas 01 e 02.

<i>E. urophylla</i> Genitor Femin.	<i>E. grandis</i> Genitor Masc.	Distância Genética	Fórmula 01		Fórmula 02	
			$\hat{G}$ (ug )	$\hat{G}_s$ (%)	$\hat{G}$ (ug )	$\hat{G}_s$ (%)
101	4	3,5007	16,21	36,82	17,93	51,38
	5	3,4984	16,21	36,82	17,93	51,36
	9	3,5096	16,19	36,70	17,93	51,33
102	5	2,7592	16,15	36,32	17,13	44,61
	9	2,7750	16,13	36,29	17,13	44,62
	10	2,8043	16,13	36,15	17,15	44,83
103	2	2,4249	16,29	37,50	16,94	42,97
	4	2,2126	16,09	35,81	16,52	39,49
	6	2,5640	16,08	35,73	16,86	33,93
104	1	2,2644	16,24	37,12	16,73	41,24
	7	2,3916	16,01	35,28	16,63	40,37
	10	2,4109	16,00	35,10	16,64	40,45
105	1	2,1506	16,23	37,03	16,47	39,05
	2	2,0152	16,21	36,90	16,45	38,88
	8	1,5822	16,00	35,10	16,81	33,45
106	4	4,4422	16,00	35,09	16,67	57,60
	5	4,3540	16,00	35,09	16,58	56,85
	9	4,4947	15,99	35,00	18,71	57,91
107	1	0,9555	16,18	36,61	15,36	29,68
	3	0,6111	15,98	34,92	14,82	25,08
	7	1,0941	15,97	34,84	15,29	29,08
108	2	1,3864	16,18	36,60	15,79	33,28
	3	1,0015	16,00	35,10	15,23	28,55
	7	1,5398	15,97	34,80	15,73	32,80
109	6	0,8436	15,96	34,71	14,71	24,17
	3	0,5277	15,99	35,01	15,06	27,13
	8	0,7336	15,96	34,71	14,91	25,91
110	6	1,5197	15,94	34,54	15,68	32,37
	8	0,9775	15,94	34,54	15,14	27,80
	10	1,1191	15,93	34,46	15,27	28,91
Média			35,68		38,50	

Os ganhos genéticos estimados para a característica diâmetro à altura do peito (DAP) foram similares com média de 35,68% pelo uso da Fórmula 01 e de 38,50% pelo uso da Fórmula 02, evidenciando semelhança entre os resultados proporcionados pelas duas metodologias.

#### 4 – CONCLUSÕES

- Os genitores selecionados apresentaram pouca dissimilaridade entre eles, o que resultou em formação de poucos grupos e associação de indivíduos das duas espécies no mesmo grupo.
- Apesar da pouca dissimilaridade apresentada entre os genitores, os ganhos estimados podem ser justificados pela existência de variabilidade genética expressa pelos coeficientes de herdabilidade.
- Os desempenhos das progênes híbridas mostraram-se favoráveis a realização de cruzamentos controlados em dialelo circulante com ganhos da ordem de 35% para as duas espécies.

#### 5- REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ASSIS, T.F. Cultura do eucalipto, melhoramento genético de eucalipto. **Inf. Agropecário**, Belo Horizonte, 144:36-46, 1986.
- ASSIS, T.F. Produção de híbridos interespecíficos em *Eucalyptus spp.* In: REUNIÃO SOBRE TÉCNICAS PARA PRODUÇÃO DE HÍBRIDOS, Piracicaba, 1987. **Anais...** Piracicaba, IPEF, 1987 p. 2-5.
- BOUVET, J. M. & VIGNERON, P. Age Trends in Variances and Heritabilities in Eucalyptus Factorial Mating Designs. **Silvae Genetica** 44:106-16, 1995.
- CARNEIRO, P.C.S. Delineamentos de cruzamentos na produção de híbridos de eucaliptos. 2000. **In: Aspectos Quantitativos e Moleculares – XV Reunião da CTGM – Comissão Técnica de Genética e Melhoramento. 2000 – Guaíba – RS - SIF / UFV.**

- COMSTOCK, R. E. ; ROBINSON, H. F. & HARVEY, P. H. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. **Agron. J.** , Madison, 41:360-67, 1949.
- CRUZ, C.D. **Programa GENES - aplicativo computacional em genética e estatística.** Manual do usuário. Viçosa, MG- UFV, 1997. 442 p.
- CRUZ, C.D. (informação pessoal) UFV, Viçosa - MG 2003
- CRUZ, C.D. & PIRES, I.E. Curso sobre capacidade combinatória de genótipos de eucalipto. **SIF/UFV**, Viçosa - MG 1996. 30 p.
- CRUZ, C.D., REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa, MG: UFV, 1994. 390p.
- CRUZ, C.D.& CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Vol.2 Viçosa, MG: UFV, 2003. 585p.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa.** Tradução por M.A. Silva, J.C. Silva. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 1987. 279p.
- GARCIA, C. H. Tabelas para classificação do coeficiente de variação. Piracicaba: **IPEF**, 1989 11p (Circular Técnica, 171).
- HENDERSON, C.R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S.R.; KROSIK. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics**, v.15, n.6, p. 192-218, 1959.
- KEMPTHORNE, O. & CURNOW, R.N. The partial diallel cross. **Biometrics**, North Carolina, v. 17, p. 229-250, 1961.
- MARTINS, F.C.G. & IKEMORI, Y.K. Produção de híbridos DE EUCALIPTO NA Aracruz. In: REUNIÃO SOBRE TÉCNICAS PARA PRODUÇÃO DE HÍBRIDOS, Piracicaba, 1987. **Anais...** Piracicaba, IPEF, 1987 p. 48-60.



- MORAES, M. L. T. **Variação genética da densidade básica da madeira em progênies de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden e suas relações com as características de crescimento.** Dissertação (Mestrado). Piracicaba, ESALQ/USP, 1987, 115p.
- PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v.58, p 545-554, 1971.
- PIRES, I. E. **Eficiência da seleção combinada no melhoramento genético de *Eucalyptus* spp.** 1996. 116f. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa. Viçosa, MG.
- RAMALHO, M.A . P. Emprego da seleção recorrente no melhoramento de essências florestais. **In: WORKSHOP – Métodos de Seleção. CTGM (Comissão Técnica de Genética e Melhoramento) Anais.....** 1994.p. 1-18.
- RAO, R. C. **Advanced Statistical Methods in Biometric Research.** New York: John Wiley and Sons, 1952. 390p.
- RESENDE, M. D.V. de.; ARAÚJO, A . J.; SAMPAIO, P. de T. B.; WIECHETECK, M. S.S. Acurácia seletiva, intervalos de confiança e variâncias de ganhos genéticos associados a 22 métodos de seleção em *Pinus caribaea* var. hondurensis. **EMBRAPA - Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 21 18p. 1990.
- RESENDE, M. D.V. de. & HIGA, A R. Estratégias de melhoramento para eucaliptos visando a seleção de híbridos. **EMBRAPA - Boletim Pesquisa Florestal**. Colombo, (21): 49-60, dez. 1990.
- RESENDE, M. D.V. de. Uso do Procedimento BLUP /REML na análise de híbridos de *Eucalyptus*. **In: HIBRIDAÇÃO - Aspectos Quantitativos e Moleculares – XV Reunião da CTGM – Comissão Técnica de Genética e Melhoramento, 2000a p.1-37 – Guaíba. RS. SIF – UFV.**
- RESENDE, M. D.V. de. Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes. Colombo: EMBRAPA FLORESTAS, 2000b. 101p (*Embrapa Florestas*. Documentos, 47).

- RESENDE, M.D.V.de. SELEGEN-REML/BLUP -**Seleção Genética Computadorizada**: manual do usuário. Colombo: EMBRAPA – CNPF, 2002a, 67p.
- RESENDE, M. D.V. de. **Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes**. EMBRAPA, 2002b. 975 p.
- RESENDE, M. D.V.& BERTOLUCCI, F. L. G. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: **IUFRO** CONFERENCE “EUCALYPT PLANTATIONS: IMPROVING FIBRE YIELD AND QUALITY”, 1995. Hobart. Proceedings Hobart: CRC for Temperate Hardwood Forestry, 1995 p. 167-170.
- RESENDE, R. M.S. **Avaliação genética de populações e progênes de erva-mate (*Ilex paraguariensis* Saint Hilaire) em três locais no estado do Paraná**. 2001. 156f. Tese (Doutorado) – Universidade Federal do Paraná. Curitiba- PR.
- SCAPIM, C.A.; CRUZ, C. D. ; PIRES, I. E. Estudo da diversidade genética em *Eucalyptus camaldulensis*. In; WORKSHOP – Métodos de Seleção. CTGM (Comissão Técnica de Genética e Melhoramento) **Anais. . .** 1994.p. 45-57.
- STURION, J.A., RESENDE, M.D.V.de, CARPANEZZI, A. A. , ZANON, A. Variação genética e seleção para características de crescimento em teste de progênes de *Mimosa scabrella* var, *aspericarpa*. EMBRAPA - **Bol. Pesq. Fl.**, Colombo, n 28/29, p 73-83, jan/dez –1994.
- VAN VLECK, L.D.; POLLAK, E. J.; OLTENACU, E. A .B. **Genetics for the animal sciences**. New York: W. H. Freeman, 1987.
- VENCOVSKY, R. Genética Quantitativa. In: **KERR**, W. C.(Coord.). Melhoramento e Genética. São Paulo. Melhoramentos, 1969. P- 17-37.

## CONCLUSÕES GERAIS

- A análise de variância e teste de F revelaram a existência de variabilidade genética entre e dentro de progênies nas cinco populações de *Eucalyptus urophylla* e de *Eucalyptus grandis* evidenciando possibilidade de ganho genético com seleção.
- Os coeficientes de herdabilidade em nível de plantas, estimados pelo procedimento REML, foram semelhantes aos obtidos pelo método dos quadrados mínimos E (EQ), diferentemente dos coeficientes de herdabilidade em nível de médias de progênies, onde o procedimento REML proporcionou valores superiores para *Eucalyptus urophylla*.
- O procedimento REML mostrou-se adequado para estimativas de parâmetros genéticos em *Eucalyptus urophylla* e *Eucalyptus grandis* com alta confiabilidade conforme evidenciado pela acurácia.
- Os genitores selecionados em *Eucalyptus urophylla* e *Eucalyptus grandis* apresentaram pouca dissimilaridade entre eles, o que resultou em formação de poucos grupos e associação de indivíduos das duas espécies no mesmo grupo.
- Apesar da pouca dissimilaridade apresentada entre os genitores, os ganhos estimados podem ser justificados pela existência de variabilidade genética expressa pelos coeficientes de herdabilidade.
- O ganho genético das progênies híbridas mostraram-se favoráveis a realização de cruzamentos controlados em dialelo circulante com ganhos da ordem de 35% para as duas espécies.

ANEXO A

Quadro 1A - Ganho genético pela seleção de 100 genitores com base no mérito genético total (valor genético aditivo de procedência + valor genético aditivo de progênie) e acurácia ( $r_{\hat{a}a}$ ) para diâmetro em famílias de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla*, aos 58 meses de idade.

Ordem VG <sub>DAP</sub>	Fam	Bloco	Nº do Teste	Diâmetro					Efeito Genético ALT	Efeito Genético VOL	$r_{\hat{a}a}$
				Árv.	Efeito Genético	Ganho	Ganho (%)	Valor Genético Predito			
17	5	3	67	4	2.34	2.61	21.91	14.25	0.42	0.05	0,61
21	5	4	67	6	2.27	2.57	21.58	14.18	2.00	0.07	0,54
28	32	3	67	4	2.17	2.48	20.82	14.08	1.10	0.05	0,61
50	6	1	67	5	2.06	2.42	20.15	13.97	2.50	0.05	0,61
54	5	1	67	4	2.04	2.38	19.98	13.95	0.65	0.05	0,61
71	6	4	67	8	1.99	2.33	19.56	13.90	1.69	0.05	0,61
84	5	2	67	4	1.93	2.29	19.23	13.84	1.25	0.04	0,61
85	5	5	67	5	1.93	2.29	19.23	13.84	0.46	0.04	0,61
94	3	1	67	3	1.89	2.26	18.98	13.81	1.03	0.04	0,61
95	35	4	67	6	1.89	2.27	19.06	13.81	2.69	0.06	0,61
1	64	7	68	5	2.98	3.14	26.36	14.90	1.11	0.09	0,61
10	54	8	68	3	2.46	2.72	22.84	14.37	1.54	0.06	0,61
11	60	10	68	7	2.46	2.73	22.92	14.37	0.72	0.06	0,54
38	54	7	68	2	2.12	2.45	20.57	14.03	1.59	0.05	0,61
42	54	9	68	3	2.11	2.45	20.57	14.03	1.03	0.05	0,61
69	40	7	68	4	2.00	2.34	19.65	13.91	1.31	0.04	0,61
72	40	8	68	5	1.99	2.33	19.56	13.90	2.63	0.07	0,61
92	60	8	68	6	1.90	2.27	19.06	13.81	1.34	0.04	0,61
3	91	11	69	1	2.74	2.99	25.10	14.65	0.75	0.07	0,60
6	98	12	69	4	2.57	2.83	23.76	14.48	2.58	0.11	0,61
27	87	13	69	4	2.18	2.53	20.99	14.09	1.34	0.06	0,61
39	68	13	69	6	2.12	2.45	20.57	14.03	0.87	0.04	0,61
45	91	13	69	1	2.09	2.42	20.32	14.00	0.57	0.04	0,61
51	91	15	69	6	2.06	2.39	20.07	13.97	2.57	0.07	0,61
64	79	12	69	2	2.01	2.35	19.73	13.92	0.48	0.04	0,61
78	91	14	69	6	1.95	2.30	19.31	13.86	1.31	0.05	0,61
86	101	13	69	4	1.93	2.29	19.23	13.84	1.75	0.05	0,61
91	119	14	69	3	1.91	2.28	19.14	13.83	1.98	0.05	0,61
96	91	12	69	6	1.89	2.26	18.98	13.80	1.22	0.04	0,61
97	109	13	69	4	1.89	2.26	18.98	13.80	2.05	0.07	0,61
2	158	19	70	8	2.86	3.08	25.86	14.77	1.15	0.08	0,61
5	130	16	70	3	2.59	2.85	23.93	14.50	0.31	0.06	0,60
14	159	18	70	6	2.37	2.64	22.17	14.28	2.32	0.07	0,61
24	181	19	70	1	2.20	2.52	21.16	14.11	1.79	0.06	0,61
25	159	20	70	1	2.20	2.52	21.16	14.11	1.79	0.05	0,61

Ordem VG <sub>DAP</sub>	Fam	Bloco	Nº do Teste	Diâmetro					Efeito Genético ALT	Efeito Genético VOL	$r_{aa}$
				Árv.	Efeito Genético	Ganho	Ganho (%)	Valor Genético Predito			
29	186	20	70	2	2.17	2.49	20.91	14.08	0.74	0.06	0,61
34	159	17	70	4	2.13	2.46	20.65	14.04	1.76	0.05	0,61
40	209	18	70	5	2.12	2.46	20.65	14.04	2.79	0.06	0,61
43	130	20	70	6	2.10	2.42	20.32	14.01	2.17	0.06	0,61
46	138	16	70	2	2.08	2.41	20.24	13.99	0.66	0.05	0,61
48	186	19	70	5	2.07	2.41	20.24	13.98	1.62	0.06	0,61
52	131	19	70	3	2.06	2.40	20.15	13.97	1.06	0.04	0,61
58	174	17	70	4	2.03	2.37	19.90	13.94	1.52	0.05	0,61
59	193	18	70	8	2.03	2.37	19.90	13.95	1.77	0.05	0,61
60	159	16	70	5	2.02	2.36	19.82	13.93	1.85	0.05	0,61
61	131	18	70	1	2.02	2.37	19.90	13.94	1.51	0.05	0,61
65	128	20	70	2	2.01	2.35	19.73	13.92	1.19	0.05	0,61
74	128	16	70	3	1.97	2.32	19.48	13.88	1.98	0.06	0,61
75	209	17	70	5	1.96	2.32	19.48	13.87	2.86	0.07	0,61
79	174	20	70	4	1.95	2.31	19.40	13.87	1.55	0.04	0,61
82	130	19	70	2	1.94	2.30	19.31	13.85	1.40	0.05	0,61
83	159	19	70	5	1.94	2.30	19.31	13.85	1.97	0.05	0,61
89	180	17	70	3	1.92	2.28	19.14	13.83	1.73	0.06	0,61
93	186	17	70	4	1.90	2.27	19.06	13.81	1.36	0.06	0,61
98	161	16	70	1	1.89	2.26	18.98	13.80	2.19	0.06	0,61
61	131	18	70	1	2.02	2.37	19.90	13.94	1.51	0.05	0,61
65	128	20	70	2	2.01	2.35	19.73	13.92	1.19	0.05	0,61
74	128	16	70	3	1.97	2.32	19.48	13.88	1.98	0.06	0,61
75	209	17	70	5	1.96	2.32	19.48	13.87	2.86	0.07	0,61
79	174	20	70	4	1.95	2.31	19.40	13.87	1.55	0.04	0,61
82	130	19	70	2	1.94	2.30	19.31	13.85	1.40	0.05	0,61
83	159	19	70	5	1.94	2.30	19.31	13.85	1.97	0.05	0,61
89	180	17	70	3	1.92	2.28	19.14	13.83	1.73	0.06	0,61
93	186	17	70	4	1.90	2.27	19.06	13.81	1.36	0.06	0,61
98	161	16	70	1	1.89	2.26	18.98	13.80	2.19	0.06	0,61
4	343	22	71	7	2.61	2.86	24.01	14.52	0.68	0.06	0,60
7	277	25	71	2	2.53	2.77	23.26	14.44	2.37	0.07	0,54
8	268	23	71	3	2.52	2.77	23.26	14.43	1.20	0.06	0,60
9	277	24	71	3	2.50	2.76	23.17	14.41	2.33	0.07	0,61
12	277	21	71	1	2.44	2.71	22.75	14.35	1.67	0.06	0,60
13	275	22	71	4	2.42	2.69	22.59	14.33	2.01	0.07	0,61
15	274	24	71	7	2.37	2.64	22.17	14.28	2.67	0.07	0,61
16	263	21	71	3	2.35	2.62	22.00	14.26	1.61	0.06	0,61
18	284	21	71	2	2.34	2.61	21.91	14.25	2.39	0.07	0,61
19	291	25	71	8	2.31	2.59	21.75	14.22	1.80	0.06	0,61
20	284	23	71	2	2.29	2.58	21.66	14.20	1.37	0.05	0,61
22	277	23	71	3	2.26	2.56	21.49	14.17	1.72	0.05	0,61
23	262	22	71	8	2.23	2.54	21.33	14.14	1.78	0.06	0,61

Ordem VG <sub>DAP</sub>	Fam	Bloco	Nº do Teste	Diâmetro				Valor Genético Predito	Efeito Genético ALT	Efeito Genético VOL	$r_{aa}$
				Árv.	Efeito Genético	Ganho	Ganho (%)				
26	265	23	71	7	2.19	2.51	21.07	14.10	2.08	0.07	0,61
30	270	21	71	5	2.17	2.49	20.91	14.08	1.07	0.06	0,61
31	280	21	71	8	2.17	2.49	20.91	14.08	2.32	0.07	0,61
32	272	21	71	8	2.16	2.48	20.82	14.08	1.48	0.05	0,61
33	264	24	71	3	2.16	2.48	20.82	14.07	1.94	0.06	0,61
35	273	21	71	1	2.13	2.47	20.74	14.04	1.82	0.05	0,61
36	268	22	71	5	2.13	2.47	20.74	14.04	0.71	0.04	0,61
37	263	23	71	1	2.13	2.47	20.74	14.04	1.51	0.05	0,61
41	275	23	71	7	2.12	2.45	20.57	14.03	1.44	0.05	0,54
44	270	25	71	8	2.10	2.42	20.32	14.01	1.48	0.05	0,54
47	263	22	71	7	2.08	2.41	20.24	13.99	1.97	0.05	0,61
49	283	25	71	5	2.07	2.41	20.15	13.98	0.66	0.05	0,61
55	274	23	71	4	2.04	2.38	19.98	13.96	1.19	0.05	0,61
56	274	25	71	7	2.04	2.38	19.98	13.96	1.70	0.05	0,61
57	284	25	71	2	2.04	2.38	19.98	13.95	1.47	0.05	0,61
62	292	22	71	4	2.02	2.36	19.82	13.93	1.14	0.05	0,61
63	262	24	71	4	2.02	2.36	19.82	13.93	1.61	0.06	0,61
66	268	21	71	6	2.01	2.35	19.73	13.92	1.44	0.04	0,61
67	278	22	71	1	2.01	2.35	19.73	13.92	0.01	0.05	0,61
68	270	24	71	2	2.01	2.36	19.82	13.92	1.22	0.05	0,61
70	265	25	71	4	2.00	2.34	19.65	13.91	1.76	0.05	0,61
73	272	25	71	2	1.99	2.33	19.56	13.90	1.27	0.04	0,61
76	261	25	71	8	1.96	2.32	19.48	13.87	1.35	0.05	0,61
77	275	25	71	4	1.96	2.31	19.40	13.87	1.80	0.05	0,61
80	277	22	71	1	1.95	2.30	19.31	13.86	2.42	0.05	0,61
81	268	25	71	2	1.95	2.31	19.40	13.86	1.18	0.05	0,61
87	274	25	71	5	1.93	2.29	19.23	13.84	1.25	0.04	0,61
88	274	25	71	8	1.93	2.29	19.23	13.84	1.59	0.05	0,61
90	263	24	71	8	1.92	2.28	19.14	13.83	0.60	0.04	0,61
99	262	21	71	8	1.89	2.26	18.98	13.81	1.03	0.04	0,61
100	272	24	71	7	1.89	2.26	18.98	13.80	1.58	0.05	0,54
Média					2,13	2,45	20,60	14,36	1,54	0,05	0,61

VG<sub>DAP</sub>: valor genético para diâmetro à altura do peito.

Quadro 2A - Ganho genético pela seleção de 100 genitores com base no mérito genético total (valor genético aditivo de procedência + valor genético aditivo de progênie) e acurácia ( $r_{\hat{a}a}$ ) para diâmetro em famílias de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis*, aos 58 meses de idade.

Ordem VG <sub>DAP</sub>	Fam	Bloco	Nº do Teste	Diâmetro				Valor Genético Predito	Efeito Genético ALT	Efeito Genético VOL	$r_{\hat{a}a}$
				Árv.	Efeito Genético	Ganho	Ganho (%)				
4	69	1	5	3	2.19	2.45	20.82	13.96	1.26	0.04	0,56
9	7	1	1	4	2.16	2.27	19.29	13.94	1.68	0.04	0,56
21	71	1	5	1	2.01	2.13	18.10	13.78	1.63	0.04	0,48
36	152	1	11	2	1.91	1.99	16.91	13.68	1.33	0.05	0,48
38	227	1	12	3	1.90	1.99	16.91	13.67	1.61	0.04	0,56
39	3	1	1	3	1.89	1.98	16.82	13.75	2.10	0.04	0,56
43	6	1	1	6	1.87	1.97	16.74	13.65	0.80	0.03	0,48
47	87	1	7	4	1.84	1.92	16.31	13.61	1.11	0.03	0,48
51	215	1	12	4	1.79	1.91	16.23	13.57	1.55	0.03	0,48
55	115	1	9	3	1.76	1.90	16.14	13.53	1.27	0.03	0,56
56	9	1	1	1	1.75	1.89	16.06	13.52	1.48	0.03	0,56
58	20	1	2	6	1.75	1.88	15.97	13.52	1.51	0.03	0,48
62	223	1	12	2	1.72	1.85	15.72	13.50	1.46	0.03	0,48
64	226	1	12	1	1.71	1.84	15.63	13.48	1.61	0.03	0,56
72	133	1	10	2	1.66	1.80	15.29	13.44	1.35	0.03	0,55
73	231	1	12	3	1.66	1.80	15.29	13.43	1.34	0.03	0,48
80	5	1	1	3	1.63	1.77	15.04	13.41	1.80	0.03	0,56
84	102	1	8	1	1.61	1.76	14.95	13.39	0.91	0.03	0,48
86	233	1	12	6	1.60	1.76	14.95	13.38	1.31	0.03	0,48
100	116	1	9	2	1.55	1.71	14.53	13.32	1.04	0.03	0,48
1	6	2	1	1	2.63	2.63	22.34	14.41	1.01	0.03	0,55
11	215	2	12	5	2.14	2.24	19.03	13.92	1.68	0.04	0,48
24	69	2	5	6	1.99	2.11	17.93	13.77	1.40	0.04	0,56
31	7	2	1	1	1.92	2.05	17.42	13.69	1.55	0.04	0,56
34	3	2	1	2	1.91	2.01	17.08	13.69	2.07	0.04	0,56
46	5	2	1	2	1.84	1.94	16.48	13.62	1.79	0.03	0,56
52	19	2	2	3	1.78	1.91	16.23	13.56	0.51	0.03	0,55
57	20	2	2	5	1.75	1.88	15.97	13.53	1.93	0.03	0,48
69	231	2	12	2	1.68	1.83	15.55	13.45	1.94	0.03	0,56
75	245	2	13	5	1.66	1.80	15.29	13.43	1.21	0.03	0,55
79	152	2	11	2	1.64	1.78	15.12	13.41	1.72	0.04	0,56
85	12	2	2	5	1.60	1.76	14.95	13.37	1.60	0.03	0,56
87	201	2	12	6	1.60	1.75	14.87	13.37	1.64	0.03	0,48
92	13	2	2	1	1.58	1.75	14.87	13.36	1.26	0.03	0,48
5	133	3	10	6	2.19	2.43	20.65	13.96	1.38	0.05	0,56
6	3	3	1	2	2.17	2.27	19.29	13.94	2.06	0.04	0,56
14	7	3	1	6	2.10	2.17	18.44	13.88	1.40	0.04	0,48
19	231	3	12	3	2.05	2.15	18.27	13.83	1.72	0.04	0,55
29	5	3	1	3	1.94	2.09	17.76	13.72	1.77	0.03	0,56

Ordem VG <sub>DAP</sub>	Fam	Bloco	Nº do Teste	Diâmetro				Efeito Genético ALT	Efeito Genético VOL	$r_{aa}$	
				Árv.	Efeito Genético	Ganho	Ganho (%)				Valor Genético Predito
32	6	3	1	2	1.92	2.02	17.16	13.69	0.80	0.03	0,56
37	69	3	5	5	1.90	1.99	16.91	13.68	1.46	0.03	0,56
48	233	3	12	6	1.84	1.92	16.31	13.61	1.34	0.03	0,48
50	200	3	12	6	1.80	1.91	16.23	13.57	1.37	0.04	0,56
53	152	3	11	5	1.77	1.90	16.14	13.54	0.57	0.04	0,48
63	20	3	2	6	1.71	1.84	15.63	13.48	2.36	0.03	0,56
67	215	3	12	5	1.70	1.84	15.63	13.47	1.58	0.03	0,56
70	9	3	1	4	1.67	1.82	15.46	13.44	1.27	0.03	0,55
71	2	3	1	1	1.67	1.81	15.38	13.45	1.38	0.03	0,48
74	224	3	12	4	1.66	1.80	15.29	13.44	0.91	0.03	0,56
77	223	3	12	6	1.65	1.79	15.21	13.42	2.36	0.03	0,48
88	196	3	12	3	1.60	1.75	14.87	13.38	1.70	0.03	0,56
90	218	3	12	6	1.59	1.75	14.87	13.37	1.45	0.03	0,48
94	245	3	13	5	1.58	1.74	14.78	13.36	1.77	0.03	0,56
7	20	4	2	1	2.17	2.27	19.29	13.95	1.46	0.04	0,56
10	6	4	1	1	2.15	2.26	19.20	13.93	1.46	0.04	0,56
13	215	4	12	3	2.13	2.19	18.61	13.90	2.30	0.04	0,48
16	3	4	1	1	2.09	2.17	18.44	13.87	2.56	0.04	0,55
17	153	4	11	1	2.09	2.17	18.44	13.86	2.63	0.06	0,55
18	16	4	2	6	2.07	2.16	18.35	13.85	1.25	0.04	0,56
20	7	4	1	2	2.02	2.14	18.18	13.80	1.12	0.03	0,48
23	49	4	4	4	1.99	2.13	18.10	13.76	1.53	0.04	0,56
25	196	4	12	6	1.99	2.10	17.84	13.76	1.25	0.03	0,56
28	218	4	12	1	1.97	2.09	17.76	13.75	2.23	0.05	0,48
30	133	4	10	4	1.94	2.07	17.59	13.71	1.12	0.03	0,56
35	69	4	5	2	1.91	1.99	16.91	13.68	1.08	0.03	0,56
40	87	4	7	4	1.89	1.98	16.82	13.66	1.28	0.03	0,56
42	13	4	2	4	1.88	1.97	16.74	13.66	0.47	0.03	0,56
49	206	4	12	5	1.83	1.92	16.31	13.60	1.53	0.04	0,56
59	4	4	1	4	1.74	1.87	15.89	13.52	0.75	0.03	0,56
60	152	4	11	2	1.73	1.87	15.89	13.51	1.65	0.04	0,56
48	233	3	12	6	1.84	1.92	16.31	13.61	1.34	0.03	0,48
50	200	3	12	6	1.80	1.91	16.23	13.57	1.37	0.04	0,56
53	152	3	11	5	1.77	1.90	16.14	13.54	0.57	0.04	0,48
63	20	3	2	6	1.71	1.84	15.63	13.48	2.36	0.03	0,56
82	19	4	2	1	1.61	1.76	14.95	13.39	0.48	0.03	0,56
89	35	4	3	6	1.59	1.75	14.87	13.36	1.70	0.03	0,56
97	231	4	12	6	1.56	1.72	14.61	13.34	1.42	0.02	0,56
2	9	5	1	1	2.59	2.59	22.01	13.89	1.38	0.04	0,48
3	69	5	5	3	2.24	2.47	20.99	14.01	2.06	0.05	0,56
8	215	5	12	3	2.17	2.27	19.29	13.95	1.80	0.04	0,56
12	3	5	1	6	2.13	2.19	18.61	13.91	1.87	0.04	0,56
15	115	5	9	5	2.10	2.17	18.44	13.87	1.59	0.04	0,48
22	7	5	1	4	1.99	2.13	18.10	13.76	1.09	0.03	0,56
26	49	5	4	3	1.98	2.10	17.84	13.75	1.29	0.04	0,48



Ordem VG <sub>DAP</sub>	Fam	Bloco	Nº do Teste	Diâmetro				Efeito Genético ALT	Efeito Genético VOL	<i>r</i> <sub>aa</sub>	
				Árv.	Efeito Genético	Ganho	Ganho (%)				Valor Genético Predito
27	49	5	4	3	1.98	2.10	17.84	13.75	1.29	0.04	0,48
15	115	5	9	5	2.10	2.17	18.44	13.87	1.59	0.04	0,48
22	7	5	1	4	1.99	2.13	18.10	13.76	1.09	0.03	0,56
26	49	5	4	3	1.98	2.10	17.84	13.75	1.29	0.04	0,48
27	49	5	4	3	1.98	2.10	17.84	13.75	1.29	0.04	0,48
33	194	5	12	2	1.92	2.01	17.08	13.69	1.67	0.04	0,56
41	4	5	1	1	1.88	1.98	16.82	13.66	1.21	0.03	0,56
44	71	5	5	6	1.87	1.97	16.74	13.64	1.35	0.04	0,48
45	20	5	2	4	1.85	1.94	16.48	13.63	1.30	0.03	0,55
54	5	5	1	1	1.76	1.90	16.14	13.54	1.26	0.03	0,56
91	6	5	1	3	1.58	1.75	14.87	13.35	1.12	0.03	0,48
93	33	5	3	5	1.58	1.75	14.87	13.36	1.63	0.04	0,56
95	231	5	12	5	1.57	1.73	14.70	13.34	1.38	0.02	0,56
96	54	5	4	3	1.56	1.73	14.70	13.34	1,29	0.02	0,48
98	2	5	1	3	1.55	1.71	14.53	13.32	1.28	0.03	0,56
99	87	5	7	5	1.55	1.71	14.53	13.33	1.20	0.03	0,48
Média					1,84	1,96	16,44	13,61	1,43	0,03	0,53

VG<sub>DAP</sub>: valor genético para diâmetro à altura do peito.

ANEXO B

Quadro 1B-Dialelo circulante dos 100 indivíduos selecionados de *E. urophylla* (u) e 100 de *E. grandis* (g) de maior efeito genético aditivo e com maior distância genética entre eles.

	g1	g2	g3	g4	g5	g6	g7	g8	g9	g10		g11	g12	g13	g14	g15	g16	g17	g18	g19	g20
u101				x	x				x		u111	x				x	x				
u102					x				x	x	u112					x				x	x
u103		x		x		x					u113	x					x			x	
u104	x						x			x	u114		x		x					x	
u105	x	x						x			u115		x				x				x
u106				x	x				x		u116				x			x	x		
u107	x		x				x				u117	x		x		x					
u108		x	x				x				u118		x		x			x			
u109			x			x		x			u119			x				x	x		
u110						x		x		x	u120			x					x		x
	g21	g22	g23	g24	g25	g26	g27	g28	g29	g30		g31	g32	g33	g34	g35	g36	g37	g38	g39	g40
u121				x			x			x	u131		x		x			x			
u122	x					x			x		u132		x		x			x			
u123		x	x	x							u133			x		x				x	
u124	x				x				x		u134	x			x						x
u125				x	x	x					u135			x	x	x					
u126		x					x	x			u136	x	x						x		
u127							x	x		x	u137						x	x			x
u128	x		x			x					u138								x	x	x
u129					x			x	x		u139	x							x	x	
u130		x		x						x	u140			x		x	x				
	g41	g42	g43	g44	g45	g46	g47	g48	g49	g50		g51	g52	g53	g54	g55	g56	g57	g58	g59	g60
u141				x				x	x		u151	x				x				x	
u142		x		x	x						u152		x	x						x	
u143		x	x						x		u153	x			x				x		
u144			x	x					x		u154		x	x						x	
u145					x	x	x				u155	x			x			x			
u146					x			x		x	u156		x				x	x			
u147	x					x	x				u157				x		x				x
u148	x						x			x	u158			x				x	x		
u149		x	x			x					u159						x		x		x
u150	x							x		x	u160					x		x			x
	g61	g62	g63	g64	g65	g66	g67	g68	g69	g70		g71	g72	g73	g74	g75	g76	g77	g78	g79	g80
u161			x			x		x			u171	x						x	x		
u162			x			x	x				u172		x			x				x	
u163					x				x	x	u173		x							x	x
u164	x	x		x							u174					x		x	x		
u165					x		x			x	u175		x	x							x
u166			x				x	x			u176			x	x		x				
u167				x	x			x			u177	x		x			x				
u168	x	x								x	u178				x		x				x
u169		x		x					x		u179	x							x	x	
u170	x					x			x		u180				x	x		x			

	g81	g82	g83	g84	g85	g86	g87	g88	g89	g90		g91	g92	g93	g94	g95	g96	g97	g98	g99	g100
u181			x		x					x	u191				x	x	x				
u182				x		x				x	u192	x	x								x
u183					x	x				x	u193		x		x						x
u184	x				x		x				u194		x					x			x
u185		x				x	x				u195				x	x	x				
u186	x	x					x				u196	x		x							x
u187		x	x	x							u197							x	x	x	
u188	x							x	x		u198			x				x	x		
u189				x				x	x		u199	x		x		x					
u190			x					x	x		u200						x		x	x	