



**ISABELA VOLPI FURTINI**

**ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM TESTES DE  
PROGÊNIES VISANDO À OBTENÇÃO DE  
CLONES DE EUCALIPTO PARA A INDÚSTRIA  
DE CELULOSE**

**LAVRAS – MG**

**2011**

**ISABELA VOLPI FURTINI**

**ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM TESTES DE PROGÊNIES VISANDO  
À OBTENÇÃO DE CLONÉS DE EUCALIPTO PARA A INDÚSTRIA DE  
CELULOSE**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Doutor.

Orientador  
Dr. Magno Antonio Patto Ramalho

**LAVRAS – MG**

**2011**

**Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da  
Biblioteca da UFLA**

Furtini, Isabela Volpi.

Estratégias de seleção em testes de progênies visando à obtenção de clones de eucalipto para a indústria de celulose / Isabela Volpi Furtini. – Lavras : UFLA, 2011.

111 p. : il.

Tese (doutorado) – Universidade Federal de Lavras, 2011.

Orientador: Magno Antonio Patto Ramalho.

Bibliografia.

1. Melhoramento de plantas. 2. Genética quantitativa. 3. Ganho com a seleção. 4. Modelos mistos. 5. Herdabilidade realizada. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 631.53

**ISABELA VOLPI FURTINI**

**ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM TESTES DE PROGÊNIES VISANDO  
À OBTENÇÃO DE CLONÉS DE EUCALIPTO PARA A INDÚSTRIA DE  
CELULOSE**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Doutor.

APROVADA em 19 de abril de 2011.

Dr. Júpiter Israel Muro Abad	Fibria Celulose S.A.
Dr. Aurélio Mendes Aguiar	Fibria Celulose S.A.
Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves	UFLA
Dr. José Airton Rodrigues Nunes	UFLA

Dr. Magno Antonio Patto Ramalho  
Orientador

**LAVRAS – MG**

**2011**

*Aos meus pais Eduardo e Marly, pela educação, torcida, apoio e amor incondicional durante toda minha vida; à minha irmã Karina pelo carinho e alegria e ao Ciro, pelo imenso amor, apoio e companheirismo*

**DEDICO**

## AGRADECIMENTOS

A Deus, por sua incessante presença em minha vida e por ter permitido mais essa vitória.

Aos meus pais, Eduardo e Marly, pelo incansável apoio, amor, carinho, dedicação e incentivo.

Ao meu marido e companheiro Ciro, pelo amor, incentivo, tranquilidade e compreensão em todos os momentos.

À minha irmã Karina, pelo carinho, amizade e alegria.

Aos meus queridos avós, pelos ensinamentos de vida, carinho, torcida e orações.

Ao Paulo, pela torcida e carinho.

Aos sogros Ciro e Nilza, pela confiança, carinho e incentivos.

Aos cunhados e sobrinhos, pela alegria e incentivos.

Ao professor e orientador Magno, exemplo de competência e dedicação como professor e pesquisador, pelos sábios ensinamentos, paciência e disponibilidade em todos os momentos, amizade e apoio. Sinto-me honrada por ter tido sua influência em minha formação pessoal e profissional.

A FIBRIA Celulose S. A., pela concessão dos dados utilizados neste trabalho, em especial aos pesquisadores Júpiter Israel Muro Abad e Aurélio Mendes Aguiar pela co-orientação e atenção durante a execução deste trabalho.

Ao Dr. Marcos Deon Vilela de Resende e ao Prof. José Airton Rodrigues Nunes, pela preciosa ajuda durante as análises estatísticas. À professora Flávia, pelas sugestões.

Aos membros da banca, pela disponibilidade e pelas valiosas sugestões para a melhoria do trabalho.

Ao Departamento de Biologia e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela oportunidade para realização do trabalho.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

Aos professores, pelos ensinamentos transmitidos e aos funcionários do Departamento de Biologia pela prazerosa convivência.

Aos colegas do Núcleo de Estudos de Genética pelo convívio e aprendizado.

Em especial agradeço aos meus amigos, Priscila, Cristiane Reis, Flavinha, Cristiana, Flávia Mendes e Sérgio por quem eu tenho grande admiração e carinho, pela amizade sincera, agradável convivência e incentivos.

A todos que estiveram presentes e contribuíram para que mais essa etapa fosse vencida, MUITO OBRIGADA!

## RESUMO

No intuito de avaliar a eficiência de diferentes estratégias de seleção a partir de experimentos de avaliação de progênies de *Eucalyptus* visando à obtenção de clones para indústria de celulose foram realizados dois trabalhos distintos. No primeiro, objetivou-se comparar a seleção de indivíduos pelo método melhor predição linear não viesada (BLUP) com a seleção por diferentes estratégias, envolvendo seleção massal, seleção massal estratificada, seleção entre e dentro de progênies e seleção combinada em testes de progênies de *Eucalyptus*. Para isso, foram avaliadas 192 progênies, sendo 62 de meios-irmãos de *E. grandis*, 68 de meios-irmãos de *E. urophylla* e 62 irmãos germanos entre *E. grandis* e *E. urophylla*, além de quatro testemunhas. Os experimentos foram instalados em três locais: Aracruz, ES; São Mateus, ES e Caravelas, BA, utilizando-se o delineamento experimental látice 14 x 14 com 40 repetições, sendo as parcelas constituídas por uma planta. No segundo trabalho, os objetivos foram: verificar o desempenho de clones oriundos de progênies de meios-irmãos e irmãos germanos de algumas espécies de *Eucalyptus* via método dos quadrados mínimos (MQM) e BLUP; verificar se o local de origem do indivíduo selecionado no teste de progênies afeta o seu desempenho no teste clonal e avaliar a eficiência de diferentes estratégias de seleção dos indivíduos no teste de progênies e sua performance no teste clonal. Para isso, foram avaliados 274 clones em Caravelas e 308 clones em Aracruz, sendo 257 clones comuns entre esses dois locais. Tanto no teste de progênies como no teste clonal, aos dois anos após o plantio, foram avaliados os caracteres circunferência à altura do peito, densidade básica da madeira e somatório das variáveis padronizadas ( $Z$ ) para a seleção simultânea dessas duas características. Nos testes de progênies, obteve-se a coincidência entre os indivíduos selecionados pelo BLUP e as demais estratégias de seleção. Também foram estimados os ganhos com a seleção (GS) em cada uma das estratégias. No teste clonal foram realizadas as análises BLUP e MQM. Para todas as estratégias de seleção foram estimados a herdabilidade realizada e o coeficiente de regressão linear padronizado. Constatou-se que a coincidência entre os indivíduos identificados pelo BLUP e os da seleção combinada, seleção massal e massal estratificada é de maior magnitude quando se compara o BLUP com a seleção entre e dentro de progênies. Contudo, todas as estratégias avaliadas apresentam estimativas semelhantes de ganhos genéticos; as análises via MQM e procedimento BLUP classificaram os clones de modo semelhante. A origem do indivíduo no teste de progênies afeta seu desempenho como clone quando avaliado em outros ambientes, porém, esse efeito é de pequena magnitude. As estimativas da herdabilidade realizada e do coeficiente de regressão linear, em todas as estratégias de seleção utilizadas, foram de pequena magnitude. Assim, a correspondência no desempenho das



árvores selecionadas no teste de progênies e dos seus respectivos clones no teste clonal é baixa.

Palavras-chave: Melhoramento de plantas. *Eucalyptus*. Índice de coincidência. Ganho com a seleção. Herdabilidade realizada.

## ABSTRACT

In order to evaluate the efficiency of different selection strategies of individuals from the evaluation experiments of progenies of *Eucalyptus* aiming to produce clones for the cellulose industry, two researches were carried out. In the first aimed to compare the selection of individuals by the BLUP (best linear unbiased prediction) procedure with different strategies, involving mass selection, stratified mass selection, selection among and within families and combined selection in progenies tests of *Eucalyptus*. For this, 192 progenies were evaluated, with 62 half-sib families of *E. grandis*, 68 half-sib families of *E. urophylla* and 62 full-sib families between *E. grandis* and *E. urophylla*, plus four checks. The experiments were carried out in three sites: Aracruz and São Mateus, in the Espírito Santo State, and Caravelas, Bahia State, Brazil, using a 14 x 14 lattice design, with single plant plots and 40 replicates. The second study was conducted to verify the performance of clones derived from half-sib and full-sib progenies of some *Eucalyptus* species via least squares method (MQM) and best linear unbiased prediction (BLUP) procedures; to verify if the place of origin of the selected individual in a progeny test affects their performance in the clonal test; to assess the efficiency of different selection strategies of individuals in the progeny test and its performance in the clonal test. For this, 274 clones were evaluated in Caravelas and 308 clones in Aracruz. There were 257 clones common to these two sites. The experimental design was a randomized complete block with single plant plots and 30 replications. Both in the progeny test as in the clonal test, two years following the planting, the circumference at breast height and the wood basic density were measured and, furthermore, the sum of standardized variables (Z) was estimated for simultaneous selection of both characteristics. In progeny tests, were obtained the coincidence between the individuals selected by BLUP and other selection strategies. There were also estimated gains from selection (GS) in each of the strategies. In the clonal test the analysis was carried out via least squares method (MQM) and best linear unbiased prediction (BLUP) procedures. For all selection strategies were estimated realized heritability and the standardized linear regression coefficient. It was found that the coincidence between the individuals identified by BLUP and mass selection, stratified mass selection and combined selection is greater when compared the BLUP with selection between and within families. However, all strategies evaluated have similar estimates of genetic gains; the analysis via the least squares method (MQM) and the BLUP procedure were similar to classify the clones; the origin of the individual in a progeny test affects your performance as a clone when evaluated in other environments, but this effect is small; in all selection strategies the estimates of realized heritability and the linear regression coefficient were small. Thus, the correspondence in the

performance of selected trees in progeny tests and their respective clones in the clonal test is low.

Keywords: Plant breeding. *Eucalyptus*. Index of coincidence. Gain from selection. Realized heritability.

## SUMÁRIO

	<b>CAPÍTULO 1</b> Introdução Geral.....	12
<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO</b> .....	13
<b>2</b>	<b>REFERENCIAL TEÓRICO</b> .....	15
<b>2.1</b>	<b>A eucaliptocultura e o setor florestal no Brasil</b> .....	15
<b>2.2</b>	<b>O melhoramento genético do eucalipto no Brasil</b> .....	17
<b>2.3</b>	<b>Controle genético de caracteres na cultura do eucalipto</b> .....	20
<b>2.4</b>	<b>Avaliação em testes de progênes e em testes clonais</b> .....	27
<b>2.5</b>	<b>Estratégias de seleção utilizadas no melhoramento do eucalipto</b> .....	30
<b>2.6</b>	<b>Comparação entre as estratégias de seleção na cultura do eucalipto</b> .....	34
<b>3</b>	<b>CONCLUSÕES</b> .....	37
	<b>REFERÊNCIAS</b> .....	38
	<b>CAPÍTULO 2</b> Estratégias de seleção em testes de progênes de <i>Eucalyptus</i> .....	46
<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO</b> .....	49
<b>2</b>	<b>MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	51
<b>2.1</b>	<b>Comparação entre as estratégias de seleção</b> .....	53
<b>2.2</b>	<b>Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos</b> .....	56
<b>2.3</b>	<b>Ganhos esperados com a seleção</b> .....	57
<b>3</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	59
<b>4</b>	<b>CONCLUSÕES</b> .....	75
	<b>REFERÊNCIAS</b> .....	76
	<b>CAPÍTULO 3</b> Eficiência de estratégias de seleção no teste de progênes no desempenho dos clones em teste clonal de <i>Eucalyptus</i> .....	79
<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO</b> .....	82
<b>2</b>	<b>MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	84
<b>3</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	89
<b>4</b>	<b>CONCLUSÕES</b> .....	101
	<b>REFERÊNCIAS</b> .....	102
	<b>ANEXOS</b> .....	105

## **CAPÍTULO 1**

### **Introdução geral**

## 1 INTRODUÇÃO

No melhoramento genético florestal para a obtenção de novos clones que substituam com vantagens os pré-existentes é necessário que sejam obtidas progênies de meios-irmãos ou irmãos germanos provenientes de genitores previamente escolhidos.

Essas progênies são comparadas em experimentos com repetições em alguns locais, em que são avaliados alguns milhares de indivíduos. Na escolha dos melhores indivíduos, existem algumas alternativas que podem ser utilizadas na sua identificação, tais como seleção massal, seleção massal estratificada, seleção entre e dentro de progênies e índice de seleção combinado, que contempla a avaliação do mérito do indivíduo e do desempenho de sua progênie (FREITAS et al., 2009; MARTINS et al., 2005; ROSADO et al., 2009).

Com a implementação das facilidades computacionais, sobretudo com o desenvolvimento de softwares estatísticos que traziam algoritmos especializados, passou-se a utilizar outros procedimentos estatísticos visando à melhoria da eficiência seletiva. Um deles baseia-se na utilização de análises de modelos mistos, principalmente pelo método *best linear unbiased prediction* (BLUP) ou seja, melhor predição linear não viesada.

No melhoramento vegetal, a utilização da análise de modelos mistos pelo BLUP tem sido frequente, nos últimos anos. Especialmente no melhoramento florestal, sua utilização se intensificou devido ao desbalanceamento dos dados, sobretudo porque grande parte dos experimentos tem sido conduzida utilizando-se parcelas de uma planta. Adicionalmente, o BLUP possibilita, ainda, a estimação de valores genéticos mais próximos do verdadeiro valor genotípico (NUNES; RAMALHO; FERREIRA, 2008; RESENDE, 2002).

Na cultura do eucalipto, alguns trabalhos foram realizados visando comparar a eficiência seletiva de algumas dessas estratégias por meio das expressões do ganho com a seleção (FREITAS et al., 2009; RESENDE, 2002; ROSADO et al., 2009). Resende (2002) demonstrou teoricamente a superioridade do BLUP e da seleção combinada sobre a seleção massal e seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos. Já Freitas et al. (2009), em campo, constataram que todas as estratégias de seleção são eficientes para aplicação no melhoramento do eucalipto. Ainda não foram encontrados relatos comparando a coincidência dos indivíduos selecionados em cada uma dessas estratégias em relação ao BLUP, sob condições de campo e, principalmente, a eficiência dessas estratégias em termos de desempenho futuro do clone.

A literatura é escassa também na avaliação da correspondência entre o desempenho do indivíduo no teste de progênies e sua performance no teste clonal. Essa informação é fundamental para os melhoristas, pois, em função dos resultados, eles podem identificar qual(is) a(s) melhor(es) estratégias de seleção. Nos poucos relatos encontrados, a correlação genética entre o desempenho das árvores selecionadas no teste de progênies e dos seus respectivos clones foi baixa; apenas 7% da variação genética entre os clones foi explicada pela variação entre as árvores selecionadas no teste de progênies (REIS, 2009).

Do exposto, foi realizado o presente trabalho com os seguintes objetivos: comparar a seleção de indivíduos pelo método BLUP com a seleção por diferentes estratégias em testes de progênies de *Eucalyptus*; verificar o desempenho de clones oriundos de progênies de meios-irmãos e irmãos germanos de algumas espécies de *Eucalyptus*; verificar se o local de origem do indivíduo selecionado no teste de progênies afeta o seu desempenho no teste clonal e avaliar a eficiência de diferentes estratégias de seleção dos indivíduos no teste de progênies e sua performance no teste clonal.

## 2 REFERENCIAL TEÓRICO

### 2.1 A eucaliptocultura e o setor florestal no Brasil

A história das plantações florestais no Brasil é recente. Aproximadamente um século atrás, os eucaliptos foram, pela primeira vez, plantados em um modelo similar ao da agricultura. Isso se deveu à inovação do engenheiro agrônomo Edmundo Navarro de Andrade, considerado o pai da silvicultura brasileira. Navarro de Andrade buscou, com as plantações de eucalipto, sanar as demandas por lenha, moirões, postes e dormentes da Companhia Paulista de Estradas de Ferro, que crescia vigorosa no início do século XX (FOELKEL, 2007).

Contudo, somente a partir de 1967, os incentivos fiscais concedidos ao setor de reflorestamento, em especial com espécies exóticas de rápido crescimento, tornaram o gênero *Eucalyptus* economicamente importante no Brasil, em virtude de seu rápido crescimento, sua elevada produtividade e suas várias aplicações (ODA et al., 2007).

De acordo com a Associação Brasileira de Produtores de Florestas Plantadas - ABRAF (2010), a área total de florestas plantadas com eucalipto no Brasil, em 2009, atingiu, 4,5 milhões de hectares. Cerca de 56% (2.534.240 ha) das áreas com florestas de eucalipto no Brasil se localizam na região sudeste, com destaque para o estado de Minas Gerais (1.300.000 ha), seguido por São Paulo, com 1.029.670 ha e Bahia (628.440 ha), com participação de 29%, 23% e 14%, respectivamente, do total do país. Em conjunto, estes três estados detêm 2/3 do total plantado com este grupo de espécies no Brasil.

Segundo a ABRAF (2010), a expansão na área plantada com eucalipto é resultado de um conjunto de fatores que vêm favorecendo o plantio em larga escala deste gênero. Entre os aspectos mais relevantes estão o rápido



crescimento em ciclo de curta rotação quando comparado à maioria das espécies florestais, a alta produtividade florestal e a expansão e direcionamento de novos investimentos por parte de empresas de segmentos que utilizam sua madeira como matéria-prima em processos industriais.

A atividade de base florestal divide-se em vários segmentos, como celulose e papel, papelão ondulado, carvão vegetal, móveis e madeira processada mecanicamente, que abrange a produção de madeira serrada, painéis reconstituídos, compensados e laminados e produtos de maior valor agregado, além de vários produtos não madeireiros (SOCIEDADE BRASILEIRA DE SILVICULTURA - SBS, 2008). Em 2009, o setor de celulose e papel, no Brasil, possuía cerca de 2.250.000 hectares de florestas de eucalipto, segundo dados da Associação Brasileira de Celulose e Papel - BRACELPA (2010). Essa elevada área de florestas para a produção de celulose caracteriza o setor de celulose e papel como um dos principais setores produtivos florestais do Brasil, com as maiores áreas reflorestadas no país (GOMIDE; COLODETTE, 2007).

Em se tratando de produtos de florestas plantadas, o Brasil figura como o quarto maior produtor mundial de celulose e o maior exportador mundial de celulose de fibra de eucalipto (BRACELPA, 2010). No caso dos produtos de madeiras tropicais, o Brasil é o terceiro maior exportador tanto de madeira serrada como de compensados (SBS, 2008).

O setor de base florestal brasileiro tem participação significativa no Produto Interno Bruto Nacional. Em 2007, a indústria de base florestal brasileira apresentou um PIB de US\$44,6 bilhões, representando 3,4% do PIB nacional. Com relação às exportações, o setor teve participação de cerca de US\$ 9,1 bilhões, correspondendo a 5,6% do total exportado pelo país em 2007, com destaque para o segmento de celulose e papel, que teve maior participação nas exportações brasileiras de produtos florestais, com US\$ 4,7 bilhões. Quanto à geração de empregos, o segmento de florestas plantadas proporcionou 4,6

milhões de empregos, incluindo diretos (656 mil), indiretos (1,8 milhão) e resultantes do efeito-renda (2,1 milhões) (SBS, 2008).

## **2.2 O melhoramento genético do eucalipto no Brasil**

Como já relatado anteriormente, o eucalipto foi introduzido no Brasil no início do século XX, em 1904, por Edmundo Navarro de Andrade. Durante o período de 1905-1915, o mesmo pesquisador realizou a introdução, no Horto de Jundiaí, SP, de uma série de espécies e procedências oriundas da Austrália, constatando boa adaptação do *Eucalyptus* no Brasil. Assim, foi estimulado o plantio desta cultura por fornecer, em menor tempo, combustível para a ferrovia, madeira para postes e dormentes (FERREIRA; SANTOS, 1997; VENCOVSKY; RAMALHO, 2000).

As espécies identificadas como as mais promissoras foram *E. grandis*, *E. saligna* e *E. urophylla*. Contudo, os plantios formados por essas espécies apresentavam baixa qualidade, sendo necessário o melhoramento das populações em cultivo. Sendo assim, Carlos Arnaldo Krug, em 1941, no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), iniciou um programa de melhoramento genético do eucalipto com os seguintes objetivos: melhorar a uniformidade das plantações; reduzir o número de falhas; melhorar a forma do tronco, as características dos ramos, o crescimento em altura e diâmetro das árvores; melhorar a capacidade de brotação e aumentar a produtividade de madeira (FERREIRA; SANTOS, 1997).

Para atingir esses objetivos, o programa do Instituto Agrônomo de Campinas previa a seleção de áreas de produção de sementes, a seleção de árvores superiores, a hibridação interespecífica e a seleção de mudas nos viveiros (FERREIRA; SANTOS, 1997). Contudo, foi só a partir dos anos 1960, por iniciativa de algumas empresas privadas e também do setor público, que o

melhoramento recebeu maior atenção e passou a ser realizado sistematicamente (VENCOVSKY; RAMALHO, 2000).

A primeira ênfase nos programas de melhoramento foi dedicada a novas introduções de diferentes espécies e procedências de eucalipto das regiões de origem e identificação daquelas mais adaptadas às condições ambientais brasileiras. Posteriormente, os esforços foram concentrados na seleção massal de indivíduos superiores e seleção com famílias de meios-irmãos, com o objetivo de produzir sementes melhoradas de algumas espécies (REZENDE, 2001).

Em 1967, a Aracruz Celulose S.A. iniciou o plantio de eucalipto no Espírito Santo. Logo se verificou que a espécie com melhor produtividade de madeira foi *E. grandis*. Constatou-se, contudo, que nesta espécie havia grande proporção de indivíduos suscetíveis ao cancro (*Chrysoporthe cubensis*). Por isso, começaram a trabalhar também com *E. urophylla*, que associava alta resistência ao cancro e boa produtividade de madeira. Já a partir de 1974, ficou evidenciado que o híbrido *E. grandis* x *E. urophylla* era uma combinação promissora para a obtenção de alta produtividade de celulose (FERREIRA; SANTOS, 1997).

O grande avanço genético ocorreu quando os pesquisadores da Aracruz Celulose S.A. vislumbraram a possibilidade de realizar plantios clonais. Passaram, então, a selecionar árvores superiores, especialmente nos plantios comerciais, a maioria, ao que tudo indica, híbridos naturais envolvendo *E. grandis* e *E. urophylla* (FERREIRA; SANTOS, 1997).

A seleção clonal, associada a técnicas de manejo, contribuiu para expressivo aumento no volume de madeira e produção de celulose por hectare no Brasil, principalmente porque as empresas dispunham de milhões de plantas oriundas de propagação sexuada e evidentemente aplicaram uma forte intensidade de seleção. Tanto é assim que a produtividade média de madeira

para celulose passou de 24 m<sup>3</sup>/ha/ano, em 1980, para 44 m<sup>3</sup>/ha/ano, em 2009, ou seja, ocorreu um incremento de 84% (BRACELPA, 2010).

A clonagem constitui o processo ideal para maximizar os benefícios da hibridação no contexto da formação de florestas altamente produtivas para finalidades industriais. O aproveitamento comercial da heterose em híbridos de *Eucalyptus*, por intermédio da clonagem, é um dos grandes responsáveis pela rápida evolução da produtividade florestal nos últimos anos e é um dos exemplos mais bem sucedidos do uso de híbridos em espécies florestais (ASSIS; MAFIA, 2007). A clonagem permite que toda a variância genética seja aproveitada com a seleção (ASSIS, 2000).

Há resultados na literatura que evidenciam a ocorrência de heterose para circunferência à altura do peito (CAP), altura e volume (BOUVET; SAYA; VIGNERON, 2009; BOUVET; VIGNERON, 1996; REZENDE; RESENDE, 2000). Bison et al. (2006) encontraram estimativa média de heterose para CAP de 38,6%. Falconer e Mackay (1996) comentam que a heterose depende da ocorrência de dominância na expressão do caráter e também da divergência genética entre os genitores. Nesse contexto, nos resultados obtidos por Bison et al. (2004), avaliando clones (F<sub>1</sub>) selecionados em testes de progênies híbridas do cruzamento entre as espécies *E. urophylla* e *E. grandis* e também a geração F<sub>2</sub> (sementes autofecundadas) desses mesmos clones, verificou-se que a contribuição dos locos em heterozigose foi de 20,91% para CAP.

Esse resultado é confirmado pela estimativa da depressão por endogamia (17,5%) obtida no mesmo trabalho (BISON et al., 2004). Os autores argumentaram que era esperado que a depressão por endogamia no eucalipto fosse maior. Uma das razões para que isso não tivesse ocorrido é que como, neste gênero, a taxa de autofecundação natural varia de 10,0% a 30,0% (ELDRIDGE et al., 1993), em cada geração, parte dos alelos letais é naturalmente eliminada, diminuindo gradativamente a depressão por endogamia.

Outra razão é que, durante a obtenção das mudas, há mortalidade das plântulas que expressam alelos deletérios. Essa mortalidade também ocorre no campo, durante o desenvolvimento das árvores. Desse modo, as estimativas estariam subestimadas.

### **2.3 Controle genético de caracteres na cultura do eucalipto**

A grande maioria dos caracteres de importância agrônômica no melhoramento de plantas é denominada de quantitativa ou poligênica e, quando plotados em gráficos de distribuição de frequências, apresentam distribuição normal (SOUZA JÚNIOR, 2001). Principalmente para estes caracteres, que são em geral muito influenciados pelo ambiente, é necessário conhecer quanto da variabilidade fenotípica é herdável e quais os principais tipos de ação gênica envolvidos para auxiliar na escolha do método de melhoramento mais adequado. O controle genético dos caracteres torna-se conhecido a partir das estimativas de parâmetros genéticos. Essas informações podem ser obtidas utilizando-se componentes de médias ou de variâncias (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004; RAMALHO; SANTOS; PINTO, 2008). Nesta revisão, a ênfase será direcionada ao emprego dos componentes da variância.

O emprego da variância no estudo dos caracteres quantitativos iniciou-se no início do século XX, com os trabalhos de Fisher (RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993). No modelo clássico da genética quantitativa, os efeitos genéticos podem ser separados em aditivos e em não-aditivos, como dominância e efeitos epistáticos. Os efeitos aditivos são transmitidos de uma geração para outra, enquanto os efeitos de dominância não são. Utilizando esse modelo, vários estudos já foram conduzidos em plantas, como milho, trigo e em outras culturas anuais de importância econômica para a agricultura, visando avaliar a contribuição da variância genética aditiva e não aditiva para alguns caracteres,

tais como produtividade, resistência a pragas e doenças etc. (BOUVET; SAYA; VIGNERON, 2009). Grande parte das estimativas obtidas até o momento foi para a cultura do milho. Um levantamento dessas estimativas foi apresentado por Hallauer, Carena e Miranda Filho (2010) e um resumo é apresentado na Tabela 1. Nessas estimativas, verifica-se que a variância aditiva quase sempre tem magnitude superior à variância de dominância. Para a produtividade de grãos, a relação  $\sigma_D^2 / \sigma_A^2$  foi inferior a 1,0.

Tabela 1 Estimativas da variância genética aditiva ( $\sigma_A^2$ ), de dominância ( $\sigma_D^2$ ), relação entre  $\sigma_D^2 / \sigma_A^2$ , erro padrão associado às estimativas e herdabilidade ( $h^2$ , %), para algumas características na cultura do milho

Característica	$\sigma_A^2$	$\sigma_D^2$	$\sigma_D^2 / \sigma_A^2$	$h^2$	Nº de estimativas
Produtividade (g)	469,1 (174,3) <sup>1</sup>	286,8 (210,1) <sup>1</sup>	0,9377 (0,6113) <sup>2</sup>	18,7	99
Altura de planta (cm)	212,9 (51,6) <sup>1</sup>	36,2 (46,5) <sup>1</sup>	0,5338 (0,1700) <sup>2</sup>	56,9	45
Altura de espiga (cm)	152,7 (35,5) <sup>1</sup>	11,1 (36,5) <sup>1</sup>	0,3743 (0,2324) <sup>2</sup>	66,2	52
Dias para florescimento	4,0 (0,9) <sup>1</sup>	-0,1 (0,9) <sup>1</sup>	0,6598 (-----) <sup>2</sup>	57,9	48
Acamamento (%) (x10 <sup>3</sup> )	126,1 (33,6) <sup>1</sup>	-30,2 (24,2) <sup>1</sup>	0,0265 (-----) <sup>2</sup>	-----	5

<sup>1</sup> Erro padrão associado às estimativas.

<sup>2</sup> Média das estimativas de  $\sigma_A^2$  e  $\sigma_D^2$ .

Fonte: Adaptada de Hallauer, Carena e Miranda Filho (2010)

As estimativas de parâmetros genéticos em algumas espécies de eucalipto começaram em 1980, no Brasil (BORGES, 1980; KAGEYAMA, 1980) e em 1976, na África do Sul (WYK, 1976). A maioria das informações a respeito do controle genético dos caracteres foi obtida para características relacionadas ao crescimento (BISON et al., 2004, 2006; BOUVET; SAYA; VIGNERON, 2009; MARQUES JÚNIOR; ANDRADE; RAMALHO, 1996; POKE et al., 2006).

A maior parte dos resultados existentes foi obtida utilizando-se progênies de meios-irmãos e, portanto, possibilitando estimativas apenas da variância genética aditiva (BOUVET; SAYA; VIGNERON, 2009).

Com o objetivo de obter informações sobre os efeitos de dominância relacionados com o aumento de volume em *Eucalyptus grandis*, *E. urophylla* e híbridos, Rezende e Resende (2000) revisaram vários trabalhos científicos e analisaram os dados de 14 testes de progênies e 81 testes clonais da empresa Aracruz Celulose S.A. Os resultados mostraram que as estimativas médias de herdabilidade no indivíduo, no sentido restrito e amplo, foram de 0,25 e 0,30, respectivamente. Consequentemente, a herdabilidade relacionada com os efeitos de dominância era de apenas 5%. Os autores comentaram que, mesmo sendo de baixa magnitude, a existência de dominância já seria suficiente para proporcionar vantagem de propagação clonal e permitir a exploração da capacidade específica de combinação.

Um trabalho visando avaliar a importância relativa das variâncias aditivas, de dominância e epistática para crescimento em diâmetro e densidade da madeira em *E. globulus* foi realizado por Silva, Borralho e Potts (2004). Os autores constataram que a variância genética aditiva foi o único componente significativo afetando tanto o diâmetro quanto a penetração do pilodyn, que é uma medida indireta da densidade da madeira. Para o diâmetro, as estimativas das variâncias aditivas, de dominância e de epistasia representaram 8%-10%,

0%-4% e 0,4% da variância fenotípica e, para a penetração do pilodyn, 11%-17%, 0% e 5%, respectivamente

Embora existam evidências de que os efeitos de dominância sejam de pequena magnitude na expressão de caracteres de crescimento, outros resultados têm demonstrado a participação significativa da variância de dominância no desempenho dessas características.

Em estudo realizado por Bouvet, Saya e Vigneron (2009) foi feito um levantamento das estimativas da variância genética em *Eucalyptus*. Verificou-se que a relação entre a variância de dominância e a variância aditiva ( $\sigma_D^2 / \sigma_A^2$ ) foi superior a 1, em oito dos dezesseis trabalhos pesquisados. Essa relação, contudo, variou com o tipo de característica avaliada (Tabela 2). Segundo os autores, a preponderância da  $\sigma_D^2$  sobre a  $\sigma_A^2$  não parece estar correlacionada com cruzamentos interespecíficos, como entre *E. nitens* x *E. globulus* ou *E. urophylla* x *E. grandis*, uma vez que as estimativas de  $\sigma_D^2 / \sigma_A^2$  nesses cruzamentos não são maiores àquelas obtidas para espécies puras. Contudo, os autores ressaltam que nenhuma conclusão geral pode ser tirada a partir desses estudos. O pequeno número de genitores e de famílias de irmãos germanos utilizados na maioria dos estudos e a baixa precisão das estimativas são razões para que os resultados sejam considerados com cautela.

Outro questionamento que surge, quando o objetivo é a identificação de combinações híbridas superiores, é se a variância aditiva e de dominância aumentam na mesma proporção com o passar do tempo. Bouvet, Saya e Vigneron (2009), avaliando o comportamento de híbridos de *E. grandis* x *E. urophylla* entre os 4 e os 65 meses de idade, observaram os seguintes resultados: nenhuma tendência significativa foi observada para os coeficientes de variação dos efeitos aditivos, de dominância e ambiental; a proporção da variância genética de dominância sobre a variância genética aditiva foi de



aproximadamente 1,2 para altura e circunferência, evidenciando que há existência de dominância para as características relacionadas com o crescimento. A herdabilidade no sentido amplo aumentou com a idade, para altura (de 35% para 50%) e circunferência (de 20% para 40%).

Além da contribuição da variância genética aditiva ( $\sigma_A^2$ ), de dominância ( $\sigma_D^2$ ) e epistática ( $\sigma_I^2$ ), as estimativas da contribuição das variâncias ambiental entre parcelas ( $\sigma_e^2$ ) e dentro das parcelas ( $\sigma_w^2$ ) para a variação fenotípica total são muito importantes, uma vez que essas estimativas influenciam a precisão experimental. Existem poucas referências a esse respeito na literatura.

Na cultura do eucalipto, Silva, Borralho e Potts (2004) verificaram que o componente residual foi a maior fonte de variação em todas as análises, com a variância ambiental, estimada diretamente a partir de ensaios com progênies clonadas, representando, em média, 81% e 67% da variância total para diâmetro e pilodyn, respectivamente. Já Reis (2009) estimou os componentes de variância para volume. Verificou-se que a estimativa do componente de variância genética dentro, na média de três locais (768,00), foi bem superior à obtida para a variância ambiental dentro das parcelas (264,00), confirmando boa precisão experimental.

Tabela 2 Estimativas da relação entre a variância genética aditiva ( $\sigma^2_A$ ) e de dominância ( $\sigma^2_D$ ) para algumas características, em diferentes experimentos conduzidos com a cultura do eucalipto

Espécies	Fonte	Delimitação e número de progênies avaliadas		Caracteres e idade (anos)	Relação entre as variâncias
<i>E. globulus</i>	Vaillancourt et al. (1995)	Fatorial	172 IG <sup>1</sup>	Volume (2)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 1,78$
<i>E. globulus</i>	Hodge et al. (1996)	Fatorial	88 IG	Volume (3)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 7,51$
<i>E. globulus</i>	Lemos et al. (1997)	Dialelo	124 IG	Capacidade de enraizamento	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 0,03$
<i>E. globulus</i>	Lopez et al. (2003)	Dialelo	75 IG	Altura (3)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 0,00$
<i>E. globulus</i>	Silva et al. (2004)	Dialelo	75 IG	Diâmetro à altura do peito (4)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 0,10$
				Densidade (4)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 0,00$
<i>E. globulus</i>	Volker et al. (2008)	Fatorial	172 IG	Diâmetro à altura do peito (2)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 1,13$
				Diâmetro à altura do peito (10)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 0,00$
<i>E. globulus</i>	Volker et al. (2008)	Fatorial	64 IG	Diâmetro à altura do peito (2)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 0,40$
				Diâmetro à altura do peito (10)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 2,57$
				Densidade (6)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 0,10$
<i>E. globulus</i>	Volker et al. (2008)	Fatorial	94 IG	Diâmetro à altura do peito (2)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 0,00$
				Diâmetro à altura do peito (10)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 0,23$
				Densidade (6)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 0,23$
<i>E. globulus</i>	Volker et al. (2008)	Fatorial	172 IG	Diâmetro à altura do peito (2)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 0,63$
				Diâmetro à altura do peito (10)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 0,80$
				Densidade (6)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 0,14$

“... continua...”

“Tabela 2, Continua”

<i>E. nitens</i>	Hodge et al. (1996)	Dialelo	40 IG	Volume (2)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 0,00$
<i>E. nitens</i>	Hardner e Tibbits (1998)	Fatorial	15 IG	Diâmetro à altura do peito (4)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 2,00$
				Diâmetro à altura do peito (7)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 1,20$
				Densidade (9)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 0,10$
<i>E. nitens</i>	Volker et al. (2008)	Dialelo	40 IG	Diâmetro à altura do peito (2)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 0,52$
				Diâmetro à altura do peito (10)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 0,00$
				Densidade (6)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 0,93$
<i>E. nitens x E. globulus</i>	Volker et al. (2008)	Fatorial	78 IG	Diâmetro à altura do peito (2)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 0,59$
				Diâmetro à altura do peito (10)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 0,00$
				Densidade (6)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 0,00$
<i>E. grandis</i>	Retief e Stanger (2007)	Dialelo	12 IG	Altura (1)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A \gg 1$
				Diâmetro à altura do peito (6)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A \gg 1$
<i>E. grandis</i>	Wyk (1990)	Fatorial	142 IG	Volume (3)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 1,29$
				Volume (9)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 1,09$
				Forma do tronco	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 0,47$
<i>E. urophylla</i>	Retief e Stanger (2007)	Dialelo	16 IG	Altura (1)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A \gg 1$
				Diâmetro à altura do peito (6)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A \gg 1$
<i>E. urophylla x E. grandis</i>	Retief e Stanger (2007)	Fatorial	172 IG	Diâmetro à altura do peito (2)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 1,26$
				Diâmetro à altura do peito (10)	$\sigma^2_D / \sigma^2_A = 1,41$

<sup>1</sup> IG – progênies de irmãos germanos

Fonte : Adaptada de Bouvet, Saya e Vigneron (2009)

## **2.4 Avaliação em testes de progênies e em testes clonais**

Dentre as etapas de um programa de melhoramento pode-se dizer que a avaliação de progênies e de clones consiste na mais demorada, dispendiosa e que exige maior atenção do melhorista. Especialmente no caso de plantas perenes, essa avaliação deve ser a mais eficiente possível, isto porque inferências erradas colocarão a perder anos de trabalho que não poderão ser mais recuperados. Para uma adequada avaliação, é necessário um perfeito planejamento, dando ênfase às técnicas experimentais. Nesse planejamento estão envolvidos inúmeros aspectos, tais como o delineamento experimental, escolha da área, dos locais, do número de famílias, número de repetições, dados a serem coletados e análise a ser executada que, se bem escolhidos e planejados, garantem elevada acurácia nas informações obtidas (RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2005).

Considerando uma mesma quantidade de recurso disponível, seja de área ou material experimental podem-se procurar alternativas para melhorar a precisão por meio da melhor combinação entre o número de repetições e o tamanho da parcela. No passado, na área florestal, era comum a utilização de parcelas de 25 plantas com 3 a 4 repetições. Com o aumento do número de clones a serem testados, houve a necessidade de reduzir o tamanho das parcelas que passou a ser de 1 linha com 6 plantas (ANDRADE, 2002). Mais recentemente, visando aumentar a chance de se utilizar maior número de repetições, optou-se por empregar parcelas com apenas um indivíduo e com vinte ou mais repetições.

Comparações entre essas várias alternativas não são frequentes na literatura com plantas perenes. Em testes clonais com eucalipto, Silva et al. (2003) concluíram que parcelas com 5 a 10 plantas são as mais adequadas para seleção precoce e, para inferências visando ao uso em plantios comerciais, parcelas maiores são mais indicadas.

Em trabalho realizado na região noroeste de Minas Gerais, com clones de *Eucalyptus*, foram avaliadas parcelas com 100, 20, 5 e 1 indivíduo. Nos três primeiros casos, utilizaram-se 3 repetições e no último, 15. Constatou-se que a classificação dos clones foi praticamente a mesma nas quatro condições. Sendo assim, torna-se evidente que o emprego de uma planta por parcela é favorável (ANDRADE, 2002). Resultados semelhantes foram obtidos por Scarpinati et al. (2009), ao avaliarem três formas de parcelas experimentais (retangular, uma linha – linear e parcela de uma árvore – STP) em testes clonais de *Eucalyptus*. Os autores verificaram que os experimentos envolvendo as três formas de parcelas resultaram em ordenamentos similares dos clones de maior incremento volumétrico médio anual (IMA). Nos clones de desempenho intermediário, existe maior dispersão no ordenamento. Nos clones com desempenho inferior, a dispersão é menor. Por ser de custo menor, o delineamento de parcela única (STP) pode ser recomendado para a seleção de genótipos com alto índice de acerto, não havendo, portanto, necessidade de uso de parcelas maiores.

Segundo Resende et al. (2005), a maior eficiência dos delineamentos com uma planta ou observação por parcela em relação àqueles com várias plantas por parcela advém de maior acurácia seletiva devido ao aumento do número de repetições, à maior herdabilidade individual no bloco devido à obtenção de blocos mais homogêneos e à atenuação dos efeitos de competição devido à ocorrência de maior número de vizinhos.

Como comprovação prática, a utilização de uma planta por parcela tem sido bastante empregada no melhoramento florestal. No Brasil, é empregada, por exemplo, em algumas empresas de celulose, em testes clonais e de progênies. Nesses experimentos, constataram-se aumento da herdabilidade, aumento da acurácia seletiva e ausência de efeitos de competição (RESENDE et al., 2005). Outra comprovação prática foi propiciada por Jansson, Danell e Stener (1998), que compararam a seleção baseada em parcelas com uma planta com aquela

baseada em parcelas quadradas com 36 plantas, avaliando-se as 16 plantas centrais. A correspondência entre as duas seleções de progênies foi acima de 80%, comprovando a eficiência do delineamento com uma planta por parcela.

Outro aspecto de grande relevância diz respeito à avaliação da interação genótipos x ambientes, pois o que, normalmente, as empresas desejam é a obtenção de clones adaptados às suas áreas de plantios comerciais. Assim, são indispensáveis a avaliação no maior número possível de ambientes e a adoção do maior rigor possível, de maneira a se obter dados com elevada acurácia, o que permite selecionar os melhores clones para serem multiplicados em escala comercial.

Merece destaque também a avaliação da interação de genótipos x anos, isso porque as melhores árvores dos testes de progênies são selecionadas a partir de informações obtidas em alguns anos e os seus clones são cultivados em outros. Essa informação é fundamental para orientar os melhoristas com relação às estratégias que possam ser utilizadas para incrementar o sucesso com a seleção. Na literatura, relatos desse tipo de estudo ainda são escassos. Em um deles, Costa (2008) observou que a correlação genética entre o desempenho dos indivíduos no teste de progênies e os mesmos no teste clonal foi de pequena magnitude ( $\hat{r}_g = 0,12$ ).

No intuito de obter mais informações a esse respeito, Reis (2009) procurou verificar a correspondência entre árvores selecionadas em um teste de progênies e seus respectivos clones no teste clonal. Foram selecionadas 497 árvores de melhor desempenho em volume no teste de progênies e seus respectivos clones mais 14 testemunhas foram avaliados no teste clonal, em três locais da empresa Veracel S.A. Contatou-se que a estimativa da correlação genética das árvores selecionadas no teste de progênies e dos seus respectivos clones foi baixa, tendo apenas 7% da variação genética entre os clones sido explicada pela variação entre as árvores. Confirmando esses resultados, a

estimativa da coincidência entre as melhores árvores e os melhores clones, na média de diferentes intensidades de seleção (5%, 10%, 15%, 20% e 25%), foi de 27%. Esses resultados evidenciam que a seleção das árvores no teste de progênies não deve ser muito drástica, para que não sejam eliminados indivíduos que possam ser úteis ao processo de seleção.

## **2.5 Estratégias de seleção utilizadas no melhoramento do eucalipto**

Um programa de melhoramento genético deve ter suas estratégias bem definidas, planejadas em curto, médio e longo prazo, obtendo-se, a partir delas, árvores melhoradas quanto à produtividade volumétrica de madeira, à forma do tronco, às qualidades desejáveis de madeira para diferentes fins e à resistência a doenças, insetos e condições ambientais adversas (ODA et al., 2007).

Como já mencionado anteriormente, no início dos programas de melhoramento genético do eucalipto, as estratégias de melhoramento foram fundamentadas em introduções de diferentes espécies e procedências de eucalipto, identificando aquelas mais adaptadas às condições ambientais brasileiras e na seleção massal de indivíduos superiores e seleção com famílias de meios-irmãos. O objetivo era produzir sementes melhoradas de algumas espécies (REZENDE, 2001).

Em um segundo momento, no programa de melhoramento genético, o emprego da clonagem, em vez dos métodos sexuais de produção de mudas, passou a ter prioridade. Os pesquisadores passaram a selecionar árvores superiores, especialmente nos plantios comerciais, a maioria, ao que tudo indica, híbridos naturais envolvendo *E. grandis* e *E. urophylla* (FERREIRA; SANTOS, 1997).

A identificação de clones superiores requer métodos de seleção eficientes, visando à maximização do ganho genético em relação às

características de interesse (ODA et al., 2007). Diversos métodos de seleção têm sido empregados em eucalipto, com destaque para a seleção massal, a seleção massal estratificada (FREITAS et al., 2009), a seleção entre e dentro de famílias (FREITAS et al., 2009; MARTINS et al., 2005; PAULA et al., 2002; ROSADO et al., 2009), a seleção combinada (FREITAS et al., 2009; MARTINS et al., 2005; PIRES et al., 1996; ROSADO et al., 2009) e a seleção por modelos mistos pelo método *best linear unbiased prediction*, ou BLUP (GARCIA; NOGUEIRA, 2005; ROCHA et al., 2006a, 2006b, 2007; ROSADO et al., 2009).

Segundo Allard (1960), a seleção massal é, entre os métodos de melhoramento conhecidos, o mais simples e antigo. Por meio deles, as plantas são avaliadas e selecionadas fenotipicamente, sendo um método efetivo para caracteres que são facilmente observados ou medidos. Nesse caso, a seleção é realizada desconsiderando a estrutura da progênie. Obtém-se o ranking classificatório procedendo à seleção dos melhores indivíduos (COTTERILL; DEAN, 1990).

Visando atenuar os efeitos da heterogeneidade da área experimental, outro método proposto é a seleção massal estratificada, que consiste essencialmente em dividir o campo em parcelas ou estratos, sendo a seleção praticada separadamente em cada estrato. Essa estratégia pode ser utilizada no processo de seleção individual (FREITAS et al., 2009). Por meio dela, Cotterill e Dean (1990) consideram cada repetição como um estrato. Assim, procede-se à seleção dos melhores indivíduos em cada estrato. Os autores propõem a ponderação de cada observação individual para o efeito de bloco por meio da expressão:  $\hat{P}_{ij} = P_{ij} + (\bar{P}_{..} - \bar{B}_{.j})$  (1), em que  $\hat{P}_{ij}$  : corresponde à observação individual ajustada para o efeito de bloco;  $P_{ij}$  : observação individual;  $\bar{P}_{..}$  : média geral do experimento e  $\bar{B}_{.j}$  : média do bloco.



Em experimentos de avaliação de progênies, pode-se adotar a seleção em dois estágios distintos. Na seleção entre e dentro de progênies, inicialmente, selecionam-se as melhores progênies e, em seguida, os melhores indivíduos dentro delas. Este tipo de seleção é apresentado por Cotterill e Dean (1990). Os autores argumentam que se deve obter o ranking das médias das progênies, procedendo-se à seleção das melhores. Posteriormente, realiza-se o ajuste dos dados individuais para o efeito de repetição utilizando a expressão (1), apresentada anteriormente.

Uma das críticas que se fazem a esse tipo de seleção é o fato de indivíduos superiores de progênies intermediárias ou indivíduos intermediários de progênies superiores não serem eventualmente considerados na seleção. Uma alternativa à seleção entre e dentro é a seleção com base no desempenho individual associado ao desempenho de sua progênie, isto é, a seleção combinada. Assim, os indivíduos não são avaliados em dois estágios, mas sim em um único, e seu valor individual, juntamente com os valores de seus aparentados, torna-se uma informação básica para a tomada de decisão sobre a seleção (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004). Pela natureza de obtenção, esse tipo de seleção é mais rico em informações e, normalmente, leva a melhores resultados que a seleção entre e dentro (MARTINS et al., 2005).

Com a implementação das facilidades computacionais, sobretudo com o desenvolvimento de softwares estatísticos que traziam algoritmos especializados, passou-se a utilizar outros procedimentos estatísticos visando à melhoria da eficiência seletiva. Um deles baseia-se na utilização de análises de modelos mistos, principalmente pelo método BLUP.

O procedimento BLUP foi desenvolvido por Henderson, em 1949, no contexto de modelos mistos, com a finalidade de prever valores genéticos de animais para a produção de leite sob condições de desbalanceamento nos dados (MRODE, 1996; WHITE; HODGE, 1989). Porém, somente foi apresentado

formalmente, por Henderson, em 1973 (RESENDE, 2002). Uma síntese histórica da evolução do procedimento BLUP é apresentada em Resende (2002).

No melhoramento vegetal, a utilização da análise de modelos mistos pelo BLUP tem sido ampliada. Há inúmeras situações em que o BLUP pode substituir com vantagem o método dos quadrados mínimos (MQM). Por isso, ele tem sido utilizado em algumas situações, tais como análise de dados com culturas perenes (BUENO FILHO, 1997; GARCIA; NOGUEIRA, 2005; RESENDE, 2002; ROCHA et al., 2006a, 2006b, 2007; ROSADO et al., 2009) e também em anuais, como milho (BERNARDO, 1994, 2002), soja (PANTER; ALLEN, 1995; YAN; RAJCAN, 2003), canola (PIEPHO; MORING, 2006) e feijão (BRUZI, 2008; NUNES; RAMALHO; FERREIRA, 2008).

Especialmente no melhoramento florestal, sua utilização se intensificou devido ao desbalanceamento dos dados e, sobretudo, pela possibilidade de selecionar os indivíduos no teste de progênies, envolvendo todos os parâmetros do modelo, o que proporciona maior eficiência no processo seletivo (RESENDE, 2002). Contudo, quando os dados são balanceados, o BLUP e o tradicional MQM fornecem os mesmos resultados (BERNARDO, 2002).

Segundo Resende et al. (2005), o BLUP é o procedimento que maximiza a acurácia seletiva e, portanto, é superior a qualquer outro índice de seleção combinada, exceto aquele que usa todos os efeitos aleatórios do modelo estatístico (índice multiefeitos) (RESENDE; HIGA, 1994), o qual é o próprio BLUP no caso balanceado (RESENDE; FERNANDES, 1999). O BLUP permite também o uso simultâneo de várias fontes de informação, tais quais aquelas advindas de vários experimentos instalados em um ou vários locais. Outra vantagem do BLUP é permitir estimar a interação de genótipos x ambientes, quando os genótipos não são os mesmos nos diferentes ambientes, o que não é possível pelo MQM.

Para aplicação do BLUP são necessárias estimativas de componentes de variância e de parâmetros genéticos, como a herdabilidade. O procedimento ótimo de estimação desses componentes de variância é o de máxima verossimilhança residual ou restrita (REML), o qual é superior ao método da análise de variância (ANOVA) em situação de dados desbalanceados e delineamentos não ortogonais (como os blocos aumentados e alguns blocos incompletos). O procedimento ótimo de avaliação genética é, então, o REML/BLUP (RESENDE et al., 2005). Detalhes sobre o REML/BLUP no melhoramento de plantas perenes são apresentados por Resende (2000, 2002).

## **2.6 Comparação entre as diferentes estratégias de seleção na cultura do eucalipto**

Conforme descrito previamente, existem vários métodos de seleção disponíveis para espécies alógamas. Assim, o melhorista terá a tarefa de decidir sobre qual método utilizar no seu programa de melhoramento. Para auxiliar na tomada desta decisão, torna-se patente a necessidade de informações para que se proceda à escolha pelo método mais adequado e ou eficiente para atender aos objetivos dos melhoristas (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010; RAMALHO; ABREU; SANTOS, 2001).

Especialmente no caso de plantas perenes, qualquer processo seletivo demanda tempo e recurso e, por essa razão, deve ser o mais eficiente possível. Assim, a predição de ganhos genéticos é fundamental para se ter o máximo sucesso com a seleção.

Na cultura do eucalipto, alguns trabalhos têm sido realizados com o objetivo de comparar as diferentes estratégias de seleção. Foi realizado um estudo com *Eucalyptus urograndis* com o objetivo de comparar as estimativas dos ganhos genéticos considerando-se seleção massal, seleção massal

estratificada, seleção entre e dentro e progênies e seleção combinada, em três locais (FREITAS et al., 2009). Os autores concluíram que essas diferentes estratégias de seleção apresentaram estimativas semelhantes de ganhos genéticos, devido aos valores elevados das estimativas de variabilidade genética e herdabilidades.

Outro trabalho realizado com o objetivo de avaliar parâmetros genéticos e comparar os ganhos preditos por meio de diferentes métodos de seleção em famílias de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla* foi realizado por Rosado et al. (2009). Foram empregadas seleção entre e dentro, seleção combinada e seleção com base em modelos mistos (REML/BLUP) para os caracteres diâmetro à altura do peito, altura total e volume total com casca. Constatou-se que todos os métodos avaliados foram eficientes para aplicação no melhoramento do eucalipto. Entretanto, a seleção combinada e a seleção por modelos mistos (BLUP) proporcionam estimativas de ganhos significativamente maiores que as obtidas com a seleção entre e dentro, e maior eficiência na escolha dos melhores indivíduos dentro da população.

Os processos de seleção entre e dentro e a seleção combinada, em progênies de populações de *Eucalyptus grandis*, foram comparados por Martins et al. (2005). Foram utilizados seis experimentos envolvendo progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis*, conduzidos pela Celulose Nipo Brasileira (CENIBRA), em seis locais, onde foram anotados dados de circunferência à altura do peito e altura das plantas. A partir dos resultados, os autores verificaram que a seleção combinada em progênies de *Eucalyptus grandis* apresentou estimativas de ganhos genéticos esperados superiores aos processos de seleção entre e dentro, em todos os locais de experimentação, mostrando-se mais eficiente como ferramenta de seleção nas progênies em estudo quando comparada com a seleção entre e dentro.

Resultados semelhantes foram obtidos por Martins, Martins e Correia (2001), ao compararem as metodologias de seleção entre e dentro com a seleção combinada, considerando-se a seleção de 20% e 25% das melhores progênies. Observaram que a eficiência do processo de seleção combinada em comparação aos processos de seleção entre e dentro foi sempre superior à unidade, verificando, mais uma vez, que a seleção combinada deve ser preferida como metodologia de seleção, principalmente quando se dispõem de recursos computacionais para a sua utilização. Contudo, os autores salientaram que, apesar da aparente superioridade da seleção combinada, os processos de seleção entre e dentro também proporcionaram ganhos bem expressivos e, como são mais simples de serem usados, por não envolverem cálculos matriciais, também devem ser considerados como instrumentos de ordenamentos de candidatos à seleção.

### 3 CONCLUSÕES

A coincidência entre os indivíduos identificados pelo BLUP e os da seleção combinada, seleção massal e massal estratificada é de maior magnitude quando se compara o BLUP com a seleção entre e dentro de progênies.

As seleções massal, massal estratificada, entre e dentro de progênies, seleção combinada e BLUP apresentam estimativas semelhantes de ganhos genéticos.

As análises via método dos quadrados mínimos (MQM) e procedimento BLUP classificaram os clones de modo semelhante.

A origem do indivíduo no teste de progênies afeta seu desempenho como clone quando avaliado em outros ambientes, porém, esse efeito é de pequena magnitude.

As estimativas da herdabilidade realizada e do coeficiente de regressão linear, em todas as estratégias de seleção utilizadas, foram de pequena magnitude. Assim, a correspondência no desempenho das árvores selecionadas no teste de progênies e dos seus respectivos clones no teste clonal é baixa.

## REFERÊNCIAS

ALLARD, R. W. **Principles of plant breeding**. New York: J. Wiley, 1960. 485 p.

ANDRADE, H. B. **Eficiência dos experimentos com clones na cultura do eucalipto**. 2002. 162 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2002.

ASSIS, T. F. Production and use of *Eucalyptus* hybrids for industrial purposes. In: HYBRID BREEDING AND GENETICS OF FOREST TREES, 5., 2000, Noosa. **Proceedings...** Noosa: Department of Primary Industries, 2000. p. 63-74.

ASSIS, T. F.; MAFIA, R. G. Híbridação e clonagem. In: BOREM, A. (Ed.). **Biotecnologia florestal**. Viçosa, MG: UFV, 2007. p. 93-121.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE CELULOSE E PAPEL. **Panorama da indústria brasileira de celulose e papel**. São Paulo, 2010. Disponível em: <<http://www.bracelpa.org.br/bra/estatisticas/pdf/booklet/booklet.pdf>>. Acesso em: 10 set. 2010.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS PRODUTORES DE FLORESTAS PLANTADAS. **Anuário estatístico ABRAF 2010**. Disponível em: <<http://www.abraflor.org.br/estatisticas/ABRAF09-BR.pdf>>. Acesso em: 10 set. 2010.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Minnesota: Woodbury, 2002. 368 p.

\_\_\_\_\_. Prediction of maize single-cross performance using RFLPs and information from related hybrids. **Crop Science**, Madison, v. 34, n. 1, p. 20-25, Jan./Feb. 1994.

BISON, O. et al. Comparison between open pollinated progenies and hybrids performance in *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla*. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 55, n. 4/5, p. 192-196, Nov. 2006.

\_\_\_\_\_. Inbreeding depression in *Eucalyptus* clones. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 4, n. 4, p. 459-464, Dec. 2004.

BORGES, R. C. G. **Estimativas de herdabilidade e correlações entre caracteres de crescimento em *Eucalyptus grandis***. 1980. 42 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1980.

BOUVET, J. M.; SAYA, A.; VIGNERON, P. H. Trends in additive, dominance and environmental effects with age for growth traits in *Eucalyptus* hybrid populations. **Euphytica**, Wageningen, v. 165, n. 1, p. 35-54, Jan. 2009.

BOUVET, J. M.; VIGNERON, P. Variance structure in *Eucalyptus* hybrid populations. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 45, n. 2/3, p. 171-177, 1996.

BRUZI, A. T. **Aplicações da análise de modelos mistos em programa de seleção recorrente no feijoeiro comum**. 2008. 71 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2008.

BUENO FILHO, J. S. S. **Modelos mistos na predição de valores genéticos aditivos em testes de progênies florestais**. 1997. 118 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 1997.

COSTA, R. R. G. F. **Performance dos indivíduos nos testes de progênies e os respectivos clones de eucalipto**. 2008. 66 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2008.



COTTERILL, P. P.; DEAN, C. A. **Successful tree breeding with index selection**. Canberra: CSIRO, 1990. 80 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados as melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, MG: UFV, 2004. v. 1, 480 p.

ELDRIDGE, K. et al. **Eucalypt domestication and breeding**. New York: Oxford University, 1993. 288 p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. London: Longman Malaysia, 1996. 463 p.

FERREIRA, M.; SANTOS, P. E. T. Melhoramento genético florestal dos *Eucalyptus* no Brasil: breve histórico e perspectivas. In: CONFERENCE ON SILVICULTURE AND IMPROVEMENT OF EUCALYPT, 5., 1997, Salvador. **Proceedings...** Salvador: IUFRO, 1997. p. 14-34.

FOELKEL, C. As plantações de florestas no Brasil. In: BORÉM, A. (Ed.). **Biotecnologia florestal**. Viçosa, MG: UFV, 2007. p. 13-24.

FREITAS, R. G. et al. Predição de ganhos genéticos em progênies de polinização aberta de *Eucalyptus urograndis* cultivadas em diferentes ambientes e submetidas a diferentes procedimentos de seleção. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 33, n. 2, p. 255-263, mar./abr. 2009.

GARCIA, C. H.; NOGUEIRA, M. C. S. Utilização da metodologia REML/BLUP na seleção de clones de eucalipto. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 68, p. 107-112, ago. 2005.

GOMIDE, J. L.; COLODETTE, J. L. Qualidade da madeira. In: BORÉM, A. (Ed.). **Biotecnologia florestal**. Viçosa, MG: UFV, 2007. p. 25-54.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University, 2010. 663 p.

JANSSON, G.; DANELL, O.; STENER, L. Correspondence between single-tree and multiple-tree plot genetic tests for production traits in *Pinus sylvestris*. **Canadian Journal of Forestry Research**, New Westminster, v. 28, n. 3, p. 450-458, Mar. 1998.

KAGEYAMA, P. Y. **Variações genéticas em progênes de uma população de *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden**. 1980. 125 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 1980.

MARQUES JÚNIOR, O. G.; ANDRADE, H. B.; RAMALHO, M. A. P. Assessment of the early selection efficiency in *Eucalyptus cloeziana* F. muell, in northwest of Minas Gerais State. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 45, n. 5/6, p. 359-361, Dec. 1996.

MARTINS, I. S. et al. Comparação entre os processos de seleção entre e dentro e o de seleção combinada, em progênes de *Eucalyptus grandis*. **Cerne**, Lavras, v. 11, n. 1, p. 16-24, jan./mar. 2005.

MARTINS, I. S.; MARTINS, R. C. C.; CORREIA, H. de S. Comparação entre seleção combinada e seleção direta em *Eucalyptus grandis*, sob diferentes intensidades de seleção. **Floresta e Ambiente**, Seropédica, v. 8, n. 1, p. 36-43, jan./dez. 2001.

MRODE, R. A. **Linear models for the prediction of animal breeding values**. Guildford: Biddles, 1996. 184 p.

NUNES, J. A. R.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F. Inclusion of genetic relationship information in the pedigree selection method using mixed models. **Genetic and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 31, n. 1, p. 73-78, Mar. 2008.

ODA, S. et al. Melhoramento florestal. In: BORÉM, A. (Ed.). **Biotecnologia Florestal**. Viçosa, MG: UFV, 2007. p. 51-71.

PANTER, D. M.; ALLEN, F. L. Using best linear unbiased predictions to enhance breeding for yield in soybean: I., choosing parents. **Crop Science**, Madison, v. 35, n. 2, p. 397-405, Mar./Apr. 1995.

PAULA, R. C. et al. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 2, p. 159-165, fev. 2002.

PIEPHO, H.; MOHRING, J. Selection in cultivar: is it ignorable? **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 1, p. 192-201, Jan./Feb. 2006.

PIRES, I. E. et al. Índice de seleção combinada aplicado ao melhoramento genético de *Eucalyptus* spp. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 20, n. 2, p. 191-197, abr./jun. 1996.

POKE, F. S. et al. Genetic parameters for lignin, extractives and decay in *Eucalyptus globulus*. **Annals of Forest Science**, Les Ulis, v. 63, n. 8, p. 813-821, Dec. 2006.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. Melhoramento de espécies autógamas. In: NASS, L. L. et al. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 201-230.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 2. ed. Lavras: UFLA, 2005. 322 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; PINTO, C. A. B. P. **Genética na agropecuária**. 4. ed. Lavras: UFLA, 2008. 463 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; ZIMMERMANN, M. J. O.  
**Genética quantitativa em plantas autógamas:** aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 1993. 271 p.

REIS, C. A. F. **Correspondência no desempenho entre árvores selecionadas em teste de progênies e seus clones em *Eucalyptus* spp.** 2009. 47 p.  
Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2009.

RESENDE, M. D. V. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP no melhoramento de plantas perenes.** Colombo: EMBRAPA Florestas, 2000. 101 p.

\_\_\_\_\_. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes.** Brasília: EMBRAPA Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

RESENDE, M. D. V. et al. Métodos e estratégias de melhoramento de espécies perenes: estado da arte e perspectivas. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 12., 2005, Gramado. **Anais...** Gramado: CNPT, 2005. 1 CD-ROM.

RESENDE, M. D. V.; FERNANDES, J. S. C. Procedimento BLUP individual para delineamentos experimentais aplicados ao melhoramento florestal. **Revista de Matemática e Estatística**, São Paulo, v. 17, n. 1, p. 89-107, 1999.

RESENDE, M. D. V.; HIGA, A. R. Maximização da eficiência da seleção em testes de progênies de *Eucalyptus* através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 28/29, p. 37-55, jan./dez. 1994.

REZENDE, G. D. S. P. Melhoramento genético do eucalipto. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 9., 2001, Goiânia. **Anais...** Goiânia: EMBRAPA Arroz e Feijão, 2001. 1 CD-ROM.

REZENDE, G. D. S. P.; RESENDE, M. D. V. Dominance effects in *Eucalyptus grandis*, *Eucalyptus urophylla* and hybrids. In: HYBRID BREEDING AND GENETICS OF FOREST TREES, 5., 2000, Noosa. **Proceedings...** Noosa: Department of Primary Industries, 2000. p. 93-100.

ROCHA, M. G. B. et al. Avaliação genética de progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus grandis* por meio dos procedimentos REML/BLUP e da ANOVA. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 71, p. 99-107, ago. 2006a.

\_\_\_\_\_. Avaliação genética de progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus urophylla* utilizando os procedimentos REML/BLUP e E(QM). **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 16, n. 4, p. 369-379, jul./ago. 2006b.

\_\_\_\_\_. Seleção de genitores de *Eucalyptus grandis* e de *Eucalyptus urophylla* para produção de híbridos interespecíficos utilizando REML/BLUP e informação de divergência genética. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 31, n. 6, p. 977-987, nov./dez. 2007.

ROSADO, A. M. et al. Ganhos genéticos preditos por diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus urophylla*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 12, p. 1653-1659, dez. 2009.

SCARPINATI, E. A. et al. Influência do modelo de análise estatística e da forma das parcelas experimentais na seleção de clones de *Eucalyptus* spp. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 33, n. 4, p. 769-776, jul./ago. 2009.

SILVA, J. C. e; BORRALHO, N. M. G.; POTTS, B. M. Additive and non-additive genetic parameters from clonally replicated and seedling progenies of *Eucalyptus globulus*. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 108, n. 6, p. 1113-1119, Apr. 2004.

SILVA, R. L. et al. Determinação do tamanho ótimo da parcela experimental pelos métodos da máxima curvatura modificado, do coeficiente de correlação intraclasse e da análise visual em testes clonais com eucalipto. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 27, n. 5, p. 669-676, set./out. 2003.

SOCIEDADE BRASILEIRA DE SILVICULTURA. **Fatos e números do Brasil florestal**. Piracicaba, 2008. Disponível em: <<http://www.sbs.org.br/FatoseNumerosdoBrasilFlorestal.pdf>>. Acesso em: 10 set. 2010.

SOUZA JÚNIOR, C. L. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L. L. et al. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 159-199.

VENCOVSKY, R.; RAMALHO, M. A. P. Contribuições do melhoramento genético de plantas no Brasil. In: PATERNIANI, E. (Ed.). **Agricultura brasileira e pesquisa agropecuária**. Brasília: EMBRAPA Comunicação para Transferência de Tecnologia, 2000. p. 57-89.

WHITE, T. L.; HODGE, G. R. **Predicting breeding values with applications in forest tree improvement**. Dordrecht: Kluwer Academic, 1989. 363 p.

WYK, G. van. Early growth results in a diallel progeny test of *Eucalyptus grandis*: 1., a field study. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 25, p. 126-132, 1976.

YAN, W.; RAJCAN, I. Prediction of cultivar performance based on single-versus multiple-year tests in soybean. **Crop Science**, Madison, v. 43, n. 2, p. 549-555, Mar./Apr. 2003.

## **CAPÍTULO 2**

### **Estratégias de seleção em testes de progênies de *Eucalyptus***

## RESUMO

Este trabalho foi realizado com o objetivo de comparar a seleção de indivíduos pelo método melhor predição linear não viesada (BLUP) com a seleção por diferentes estratégias, envolvendo seleção massal, seleção massal estratificada, seleção entre e dentro de progênies e seleção combinada em testes de progênies de *Eucalyptus*. Para isso, foram avaliadas 192 progênies, sendo 62 de meios-irmãos de *E. grandis*, 68 de meios-irmãos de *E. urophylla* e 62 irmãos germanos entre *E. grandis* e *E. urophylla*, além de quatro testemunhas. Os experimentos foram instalados em três locais: Aracruz, ES; São Mateus, ES e Caravelas, BA, utilizando-se o delineamento experimental látice 14 x 14 com 40 repetições, sendo as parcelas constituídas por uma planta. Dois anos após a implantação dos experimentos foram avaliados os caracteres circunferência à altura do peito, densidade básica da madeira e somatório das variáveis padronizadas (Z) para a seleção simultânea dessas duas características. Verificaram-se a coincidência entre os indivíduos selecionados pelo BLUP e as demais estratégias de seleção. Também foram estimados os ganhos com a seleção (GS) em cada uma das estratégias. Constatou-se que a coincidência entre os indivíduos identificados pelo BLUP e os da seleção combinada, seleção massal e massal estratificada é de maior magnitude quando se compara o BLUP com a seleção entre e dentro de progênies. Contudo, todas as estratégias avaliadas apresentam estimativas semelhantes de ganhos genéticos.

Palavras-chave: Melhoramento de plantas. Índice de Coincidência. Ganho com a seleção.



## ABSTRACT

This study aimed to compare the selection of individuals by the BLUP (best linear unbiased prediction) procedure with different strategies, involving mass selection, stratified mass selection, selection among and within families and combined selection in progeny tests of *Eucalyptus*. For this, 192 progenies were evaluated, with 62 half-sib families of *E. grandis*, 68 half-sib families of *E. urophylla* and 62 full-sib families between *E. grandis* and *E. urophylla*, plus four checks. The experiments were carried out in three sites: Aracruz and São Mateus, in the Espírito Santo State, and Caravelas, Bahia State, Brazil, using a 14 x 14 lattice design, with single plant plots and 40 replicates. Two years following the planting, the circumference at breast height and the wood basic density were measured and, furthermore, the sum of standardized variables ( $Z$ ) was estimated for simultaneous selection of both characteristics. In progeny tests, were obtained the coincidence between the individuals selected by BLUP and other selection strategies. There were also estimated gains from selection (GS) in each of the strategies. It was found that the coincidence between the individuals identified by BLUP and mass selection, stratified mass selection and combined selection is greater when compared the BLUP with selection between and within families. However, all strategies evaluated have similar estimates of genetic gains.

Keywords: Plant breeding. Index of Coincidence. Gain from selection.

## 1 INTRODUÇÃO

O grande sucesso no melhoramento genético do *Eucalyptus* no Brasil ocorreu por meio da seleção de indivíduos superiores em plantios comerciais, seguida da propagação clonal desses indivíduos (FERREIRA; SANTOS, 1997). O progresso obtido foi expressivo, porém, logo foi constatado que, para se obter ganhos adicionais, era necessário inter cruzar os indivíduos superiores visando à obtenção de novas combinações genotípicas (GONÇALVES et al., 2001).

Em função desse fato, todas as empresas que possuíam programas de melhoramento intensificaram as hibridações e conduziram programas de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos ou irmãos germanos.

Com a implementação das facilidades computacionais, sobretudo com o desenvolvimento de softwares estatísticos que traziam algoritmos especializados, outros procedimentos estatísticos visando à melhoria da eficiência seletiva passaram a ser utilizados. Um deles baseia-se na utilização de análises de modelos mistos, principalmente pelo método *best linear unbiased prediction*, ou seja, melhor predição linear não viesada, também conhecido por BLUP (BERNARDO, 2002; RESENDE, 2002).

Especialmente no melhoramento florestal, sua utilização se intensificou devido ao desbalanceamento dos dados e, sobretudo, pela possibilidade de selecionar os indivíduos no teste de progênies, envolvendo todos os parâmetros do modelo, o que proporciona maior eficiência no processo seletivo (PIEPHO et al., 2008; RESENDE, 2002).

Na cultura do eucalipto, alguns trabalhos foram realizados visando comparar a eficiência seletiva de diferentes estratégias como seleção massal, seleção entre e dentro de progênies, seleção combinada e BLUP. Resende (2002) demonstrou teoricamente a superioridade do BLUP e da seleção combinada sobre a seleção massal e seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos.

Em experimentos conduzidos em campo, Freitas et al. (2009) constataram que as estratégias de seleção massal, massal estratificada, entre e dentro de progênies e seleção combinada são eficientes para aplicação no melhoramento do eucalipto. Entretanto, há estudos que indicam que a seleção combinada e a seleção por modelos mistos (BLUP) proporcionam estimativas de ganhos genéticos esperados superiores aos demais processos de seleção (MARTINS et al., 2005; MARTINS; MARTINS; CORREIA, 2001; ROSADO et al., 2009). Contudo, não foram encontrados relatos comparando a coincidência dos indivíduos selecionados em cada uma dessas estratégias em relação ao BLUP, sobretudo utilizando dados de campo.

Neste contexto, foi realizado o presente trabalho, com o objetivo de comparar a seleção de indivíduos pelo método BLUP com a seleção por diferentes estratégias, envolvendo a seleção massal, a seleção massal estratificada, a seleção entre e dentro de progênies e a seleção combinada em testes de progênies de *Eucalyptus*.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos em três locais da Empresa Fibria, situados nos municípios de Aracruz, ES (19°50'10'' S e 40°12'43'' W), São Mateus, ES (18°36'13'' S e 40°01'32'' W) e Caravelas, BA (17°47'17'' S e 39°33'57'' W).

Foram avaliadas 192 progênies, sendo 62 de meios-irmãos de *E. grandis*, 68 de meios-irmãos de *E. urophylla* e 62 irmãos germanos entre *E. grandis* e *E. urophylla*. Nos experimentos, também foram adicionados quatro clones comerciais como testemunhas, totalizando 196 tratamentos.

Os experimentos foram instalados de outubro a novembro de 2001. O delineamento experimental foi um látice 14 x 14 com 40 repetições, sendo as parcelas constituídas por uma planta. O espaçamento entre plantas foi de 3 x 3 m e o manejo dos experimentos foi o mesmo adotado para o plantio comercial.

Dois anos após a implantação dos experimentos, foram obtidos os dados de circunferência à altura do peito (CAP, em cm) e penetração da agulha do pilodyn na madeira (mm). A partir da avaliação realizada com o pilodyn, foi estimada a densidade básica da madeira (DB, em kg m<sup>-3</sup>), pela expressão: Densidade = 615 – 11 x Leitura do pilodyn.

Para se ter informação dos dois caracteres simultaneamente, optou-se pela padronização dos dados, obtendo-se, posteriormente, o índice do somatório de Z (Z) das variáveis padronizadas (MENDES; RAMALHO; ABREU, 2009). Assim, a variável  $Z_{ij}$  foi estimada pelo seguinte estimador (RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2005):

$$Z_{ij} = \frac{x_{ij} - m_{.j}}{s_{.j}}$$

em que  $Z_{ij}$  : valor da variável padronizada correspondente ao indivíduo  $i$  na repetição  $j$ ;  $X_{ij}$  : valor observado da característica considerada do indivíduo  $i$  na repetição  $j$ ;  $m_{.j}$  : média de todos os indivíduos na repetição  $j$  e  $s_{.j}$  : desvio padrão fenotípico da média na repetição  $j$ .

Como a variável  $Z$  pode assumir tanto valores positivos como negativos, foi adicionada uma constante de valor quatro, de modo a tornar todos os valores positivos. Nesse caso, a média populacional por caráter, em vez de zero, assumiu o valor da constante. O emprego desse índice na seleção simultânea dos dois caracteres parte do pressuposto de que quanto maior o valor de  $Z$ , melhor.

Os dados de CAP, DB e  $Z$  foram submetidos às análises de variância, utilizando-se o software estatístico SAS<sup>®</sup> (STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM INSTITUTE - SAS INSTITUTE, 2002).

A avaliação genética do teste de progênies foi feita por meio do procedimento de máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viesada (REML/BLUP). Para isso, utilizou-se o programa computacional Seleção Genética Computadorizada – SELEGEN (RESENDE, 2007). As análises foram realizadas de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$y = X\beta + Wp + Z\gamma + \varepsilon$$

em que

$y$  : vetor de dados fenotípicos;

$\beta$  : vetor de efeitos fixos da repetição e blocos/repetição somados à média geral;

$p$  : vetor de efeitos fixos do tipo de progênie (meios irmãos *E. urophylla*, meios irmãos de *E. grandis* e irmãos germanos de *E. grandis* x *E. urophylla*);

$\gamma$ : vetor dos efeitos genéticos individuais das árvores, assumidos como aleatórios:  $\gamma \sim N(\emptyset, G)$ ; com  $G = \bigoplus_{k=1}^3 I_k \sigma_{gk}^2$  ( $\bigoplus$  indica a operação de soma direta de matrizes;  $I$  denota a matriz identidade e  $\sigma_{gk}^2$  o componente de variância associado aos efeitos genéticos individuais. Para progênies de meios irmãos,  $\sigma_g^2$  denota a variância genética aditiva individual, para irmãos germanos,  $\sigma_g^2$  denota a variância genotípica individual).

$\varepsilon$ : vetor de erros ou resíduos:  $\varepsilon \sim N(\emptyset, I\sigma_e^2)$

As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Como, nos experimentos, havia três tipos de progênies (meios irmãos de *E. grandis*, meios-irmãos de *E. urophylla* e irmãos germanos *E. grandis* x *E. urophylla*) foram efetuadas três análises distintas, uma para cada tipo de progênie. Porém, em cada uma das análises utilizou-se o conjunto completo de dados. Isso visou aproveitar adequadamente o delineamento experimental e sem confundir ou misturar efeitos de diferentes tipos de progênies. As rotinas computacionais utilizadas para as análises encontram-se no anexo A.

Por meio dessas análises, os valores genotípicos (BLUP) dos indivíduos foram preditos. Em seguida, os BLUPs individuais dos diferentes tipos de progênies foram agrupados e ordenados. Assim, procedeu-se à seleção dos melhores indivíduos em função do valor genotípico predito para cada variável.

## 2.1 Comparação entre as estratégias de seleção

Com os dados obtidos, foram comparadas diferentes estratégias de seleção, tendo como referência a seleção de 1.000 indivíduos por local. As metodologias comparadas foram:

a) seleção massal - efetuou-se a seleção dos 1.000 melhores indivíduos em função do valor fenotípico, independente da progênie ou repetição a que pertenciam;

b) seleção massal estratificada - nesse caso, a seleção foi efetuada por estrato, sendo cada estrato uma repetição. Como havia 40 repetições, os indivíduos foram ordenados dentro de cada estrato, independente da progênie. Em seguida, realizou-se a seleção dos 25 indivíduos de melhor desempenho, obtendo-se um total de 1.000 indivíduos selecionados;

c) seleção entre e dentro de progênies - a partir da análise de variância utilizando o método dos quadrados mínimos (MQM), foram obtidas as médias ajustadas das 192 progênies. A partir dessas médias procedeu-se à identificação das progênies superiores. Foram utilizadas duas intensidades de seleção. Considerou-se a seleção das 50 melhores progênies e dos 20 melhores indivíduos dentro de cada e também a seleção das 100 melhores progênies, selecionando-se os 10 indivíduos superiores em cada, totalizando 1.000 árvores;

d) índice de seleção combinado - no presente trabalho, utilizou-se o índice de seleção combinado apresentado por Resende (2002), em que as informações do indivíduo e de sua progênie são combinadas pela atribuição de pesos ótimos às duas fontes de informação. Para a obtenção do índice, utilizou-se a seguinte expressão:

$$I_{ij} = \beta_1(\bar{y}_i - \bar{y}_{..}) + \beta_2(y_{ij} - \bar{y}_i)$$

em que

$$\beta_1 = \frac{[1+(n-1)\rho_a]h_a^2 + [1+(n-1)\rho_d](h_g^2 - h_a^2)}{1+(n-1)[\rho_a h_a^2 + \rho_d(h_g^2 - h_a^2)]}$$

$$\beta_2 = \frac{[1-\rho_a]h_a^2 + [1-\rho_d](h_g^2 - h_a^2)}{[1-\rho_a h_a^2 - \rho_d(h_g^2 - h_a^2)]}$$

$y_{ij}$  : valor individual ajustado para o efeito de repetições;  $\bar{y}_i$  : média da progênie  $i$ ;  $\bar{y}_{..}$  : média geral;  $n$  : número de indivíduos por progênie;  $\rho_a$  : correlação genética aditiva intraclasse entre os indivíduos da progênie (1/4 – meios-irmãos e 1/2 - irmãos germanos);  $\rho_d$  : correlação genética de dominância intraclasse entre os indivíduos da progênie (1/4 – irmãos germanos e 0 – meios-irmãos);  $h_g^2$  : herdabilidade individual no sentido amplo e  $h_a^2$  : herdabilidade individual no sentido restrito.

No intuito de avaliar a correspondência entre o desempenho das árvores selecionadas pelo BLUP com as diferentes estratégias de seleção, estimou-se o índice de coincidência, utilizando-se a expressão proposta por Hamblin e Zimmermann (1986):

$$IC = \frac{A - C}{M - C} \times 100$$

em que

$C$  : número de árvores selecionadas nas duas estratégias de seleção, devido ao acaso. Assume-se que, do número de árvores selecionadas, uma proporção igual à intensidade de seleção coincida por acaso;  $A$  : número de árvores



selecionadas, comuns às duas estratégias de seleção e  $M$  : número de árvores selecionadas em uma das estratégias.

## 2.2 Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos

Considerando que a variância fenotípica entre plantas de um clone ( $\sigma_{c_i}^2$ ) é toda ambiental ( $\sigma_{c_i}^2 = \sigma_e^2$ ) e que a variância fenotípica do teste de progênies ( $\sigma_F^2$ ) contém a variância genética ( $\sigma_G^2$ ) e a variância ambiental ( $\sigma_e^2$ ), pode-se inferir que ( $\sigma_G^2 = \sigma_F^2 - \sigma_{c_i}^2$ ). A partir dessa informação pode-se estimar:

a) variância ambiental ( $\sigma_e^2$ )

Considerando que existiam quatro testemunhas nos experimentos, a variância ambiental foi obtida pela expressão:

$$\sigma_e^2 = \frac{\sigma_{C_1}^2 + \sigma_{C_2}^2 + \sigma_{C_3}^2 + \sigma_{C_4}^2}{4}$$

b) variância genética dentro de progênies ( $\sigma_{G_d}^2$ )

$$\sigma_d^2 = \frac{\sigma_{d_1}^2 + \sigma_{d_2}^2 + \dots + \sigma_{d_n}^2}{n^o \text{ Progênies}}$$

$$\sigma_d^2 = \sigma_{G_d}^2 + \sigma_e^2$$

$$\sigma_{G_d}^2 = \sigma_d^2 - \sigma_e^2$$

c) herdabilidade individual ( $h_{ind}^2$ )

$$h_{ind}^2 = \frac{\sigma_{F_{Total}}^2 - \sigma_e^2}{\sigma_{F_{Total}}^2}$$

d) herdabilidade dentro de progênies ( $h_d^2$ )

$$h_d^2 = \frac{\sigma_{G_d}^2}{\sigma_d^2}$$

e) herdabilidade entre médias de progênies ( $h_{mp}^2$ )

$$h_{mp}^2 = \frac{QM_{Progênies} - QM_{Erro}}{QM_{Progênies}}$$

### 2.3 Ganhos esperados com a seleção

Os ganhos esperados com a seleção ( $GS$ ), considerando cada uma das estratégias, foram estimados de acordo com as seguintes expressões:

a) Seleção massal e massal estratificada ( $GS_m$ )

$$GS_m = h_{ind}^2 \cdot ds$$

em que

$ds$ : diferencial de seleção;  $ds = (\bar{X}_s - \bar{X}_o)$ ;

$\bar{X}_s, \bar{X}_o$ : média dos indivíduos selecionados e média original dos indivíduos avaliados, respectivamente.

b) Seleção entre e dentro de progênes ( $GS_{ed}$ )

*Seleção entre* ( $GS_e$ )

$$GS_e = h_{mp}^2 \cdot xds$$

*Seleção dentro* ( $GS_d$ )

$$GS_d = h_d^2 \cdot xds$$

*Seleção entre e dentro* ( $GS_{ed}$ )

$$GS_{ed} = GS_e + GS_d$$

c) BLUP ( $GS_{Blup}$ )

Considerando que no caso de se utilizar o BLUP individual a herdabilidade é considerada igual a um, o ganho esperado com a seleção foi obtido pela expressão:

$$GS_{Blup} = ds_{Blup}$$

em que

$ds_{Blup}$  : valor genotípico dos 1.000 melhores indivíduos menos o valor genotípico médio de todos os indivíduos avaliados.

d) Seleção combinada ( $GS_{SC}$ )

$$GS_{SC} = \bar{I}_S$$

em que

$\bar{I}_S$  : média dos índices de seleção combinada dos indivíduos selecionados.

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Atualmente, nos experimentos florestais, tem se intensificado a utilização de parcelas de uma única planta. Essa estratégia propicia melhoria na precisão experimental devido ao maior número de repetições (RESENDE et al., 2005). Ao que tudo indica, a adoção dessa estratégia foi correta, haja vista que a precisão experimental avaliada pelo coeficiente de variação (CV) foi boa. Em todos locais, a estimativa do CV foi de baixa magnitude para a densidade básica da madeira (DB) e de média magnitude para a circunferência à altura do peito (CAP) e somatório de Z (Z) (Tabelas 1, 2 e 3). Esses resultados são semelhantes aos obtidos por Bison et al. (2004), ao avaliarem CAP e densidade básica da madeira em clones de eucalipto.

Contudo, com a utilização de uma única planta por parcela, caso ocorra perda de parcelas nos experimentos, o desbalanceamento dos dados é acentuado. No presente trabalho, a média harmônica do número de indivíduos por progênie ( $r_h$ ) foi de  $r_h=32,64$  em Aracruz,  $r_h=25,75$  em São Mateus e  $r_h=29,65$  em Caravelas. Essas estimativas evidenciam que a perda de parcelas foi expressiva, principalmente em São Mateus e Caravelas. Esse fato exige a adoção de estratégias que atenuem o desbalanceamento, como, por exemplo, a análise de modelos mistos, pelo método BLUP (BERNARDO, 2002; PIEPHO et al., 2008; RESENDE, 2002).

Nas três características consideradas, houve diferença significativa entre as progênies ( $P \leq 0,01$ ). Na sua decomposição, constatou-se que o teste de F foi significativo para as progênies de meios-irmãos intrapopulacionais de *E. grandis* e *E. urophylla* e para as progênies interpopulacionais de *E. grandis* x *E. urophylla*, indicando existência de variabilidade entre as mesmas, condição essa essencial para a seleção (Tabelas 1, 2 e 3).

Tabela 1 Resumo das análises de variância para a circunferência à altura do peito (CAP), densidade básica da madeira (DB) e somatório de Z (Z) obtidas na avaliação de progênies de meios-irmãos de *E. grandis* e *E. urophylla*, e progênies de irmãos germanos entre essas duas espécies, em Aracruz, ES

FV	GL	QM		
		CAP (cm)	DB (kg m <sup>-3</sup> )	Z
Blocos/repetições	520	43,598**	424,568*	1,400**
Repetições	39	106,909**	2794,333**	0,145 <sup>n.s</sup>
Tratamentos	195	653,84**	3806,781**	10,890**
Progênies (F)	191	664,425**	3672,787**	9,730**
G <sup>1/</sup>	61	234,066**	2997,809**	4,582**
U <sup>1/</sup>	67	207,537**	3425,304**	6,576**
UG <sup>1/</sup>	61	255,525**	4043,335**	7,292**
Entre espécies	2	41567,617**	21249,148**	346,691**
Testemunhas (T)	3	115,916**	926,630*	6,454**
F vs T	1	245,821**	38040,089**	245,821**
Erro	5920	27,702	375,725	0,758
Média de tratamentos		26,53	424,11	8,00
Média das progênies		26,51	423,55	7,97
Média das testemunhas		27,26	449,37	9,31
CV (%)		19,84	4,17	10,88

<sup>1/</sup> G – meios-irmãos de *E. grandis*; U – meios-irmãos de *E. urophylla*; UG – irmãos germanos de *E. grandis* x *E. urophylla*.

\*\* e \* - Significativo, a 1% e a 5% de probabilidade, pelo teste de F, respectivamente; n.s – não significativo.

Tabela 2 Resumo das análises de variância para a circunferência à altura do peito (CAP), densidade básica da madeira (DB) e somatório de Z (Z) obtidas na avaliação de progênies de meios-irmãos de *E. grandis* e *E. urophylla*, e progênies de irmãos germanos entre essas duas espécies, em São Mateus, ES

FV	GL	QM		
		CAP (cm)	DB (kg m <sup>-3</sup> )	Z
Blocos/repetições	520	104,875**	415,658**	1,164**
Repetições	39	174,161**	7923,942**	0,158 <sup>n.s</sup>
Tratamentos	195	1221,516**	4393,422**	11,929**
Progênies (F)	191	1210,351**	4033,820**	10,839**
G <sup>1/</sup>	61	410,616**	2960,623**	5,550**
U <sup>1/</sup>	67	401,774**	3599,194**	7,598**
UG <sup>1/</sup>	61	455,466**	3780,115**	6,582**
Entre espécies	2	75713,565**	59064,353**	410,585**
Testemunhas (T)	3	649,519**	1386,623**	3,953**
F vs T	1	5069,907**	82097,684**	244,105**
Erro	5156	62,230	312,583	0,898
Média de tratamentos		32,22	405,11	8,00
Média das progênies		32,11	404,65	7,97
Média das testemunhas		36,78	422,94	9,31
CV (%)		24,48	4,78	11,85

<sup>1/</sup> G – meios-irmãos de *E. grandis*; U – meios-irmãos de *E. urophylla*; UG – irmãos germanos de *E. grandis* x *E. urophylla*.

\*\* - Significativo a 1% de probabilidade, pelo teste de F, respectivamente; n.s – não significativo.

Tabela 3 Resumo das análises de variância para a circunferência à altura do peito (CAP), densidade básica da madeira (DB) e somatório de Z (Z) obtidas na avaliação de progênies de meios-irmãos de *E. grandis* e *E. urophylla*, e progênies de irmãos germanos entre essas duas espécies, em Caravelas, BA

FV	GL	QM		
		CAP (cm)	DB (kg m <sup>-3</sup> )	Z
Blocos/repetições	520	76,089**	683,939**	1,325**
Repetições	39	221,474**	3913,939**	0,104 <sup>n.s</sup>
Tratamentos	195	1069,314**	5893,082**	10,384**
Progênies (F)	191	1045,302**	5948,086**	9,614**
G <sup>1/</sup>	61	350,011**	4920,327**	4,502**
U <sup>1/</sup>	67	368,036**	4259,364**	6,501**
UG <sup>1/</sup>	61	387,597**	6918,188**	7,277**
Entre espécies	2	65000,350**	64279,223**	341,104**
Testemunhas (T)	3	214,038**	2203,341**	9,025**
F vs T	1	8221,342**	6456,528**	161,533**
Erro	5573	51,346	570,004	0,828
Média de tratamentos		27,76	386,90	8,00
Média das progênies		27,61	386,71	7,98
Média das testemunhas		34,45	395,13	9,02
CV (%)		25,81	6,17	11,37

<sup>1/</sup> G – meios-irmãos de *E. grandis*; U – meios-irmãos de *E. urophylla*; UG – irmãos germanos de *E. grandis* x *E. urophylla*.

\*\* - Significativo a 1% de probabilidade, pelo teste de F, respectivamente; n.s – não significativo.

A existência de variabilidade entre as progênies também pode ser constatada por meio das distribuições de frequências das características nos diferentes locais (Gráficos 1, 2 e 3). Para CAP, as estimativas variaram de 14,2 a 36,6 cm, em Aracruz, de 13,2 a 44,6 cm em São Mateus e de 11,9 a 38,4 cm, em Caravelas. Em Aracruz, 51,6% das progênies apresentaram desempenho superior à média geral. Em São Mateus, esse valor foi de 41,2% e em Caravelas,

38,5%. Para DB, as estimativas ficaram entre 398,2 e 453,6 kg m<sup>-3</sup> em Aracruz, 376,1 a 444,9 kg m<sup>-3</sup> em São Mateus e 344,9 a 430,7 kg m<sup>-3</sup> em Caravelas. Aproximadamente 52,6% das progênies tiveram desempenho superior à média em Aracruz e 61,5% em São Mateus e Caravelas. A variação encontrada para o Z ficou entre 6,6 e 9,3 em Aracruz, 5,9 e 9,3 em São Mateus e entre 6,5 e 9,3 em Caravelas. Em torno de 34,9% das progênies apresentaram desempenho superior à média em Aracruz, 56,3% em São Mateus e 41,7% em Caravelas. As altas estimativas das médias, associadas à variabilidade existente, evidenciam condição muito favorável à seleção.



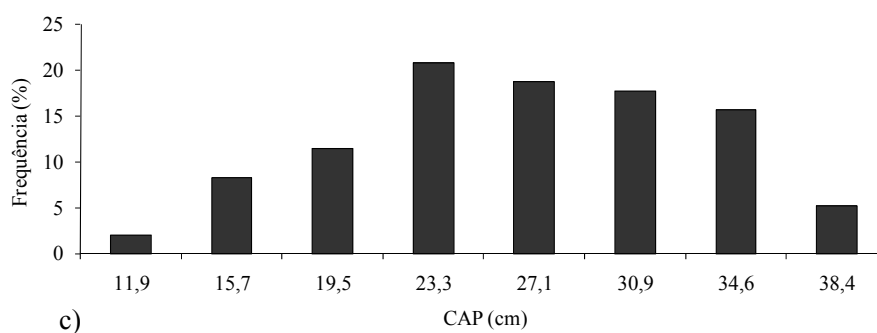
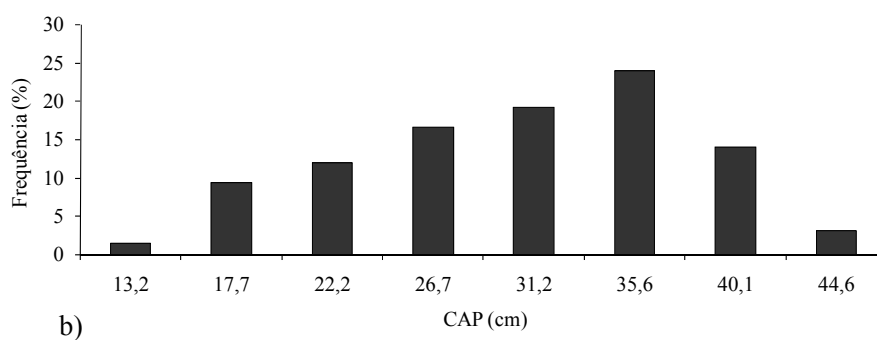
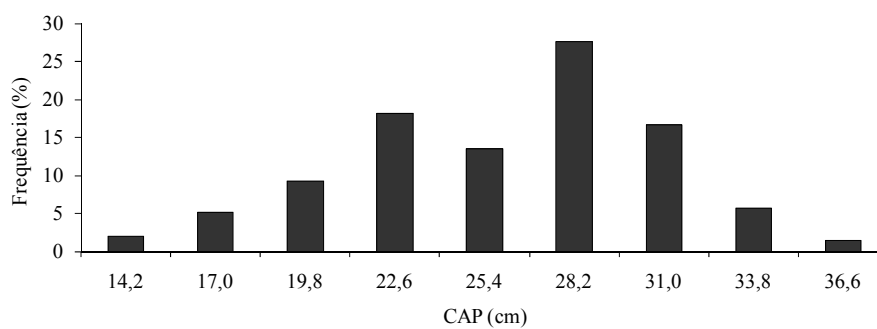


Gráfico 1 Distribuição de frequência das médias de progênies de meios-irmãos de *E. grandis* e *E. urophylla* e irmãos germanos entre *E. grandis* x *E. urophylla*, para circunferência à altura do peito (CAP), em Aracruz, ES (a), São Mateus, ES (b) e Caravelas, BA (c)

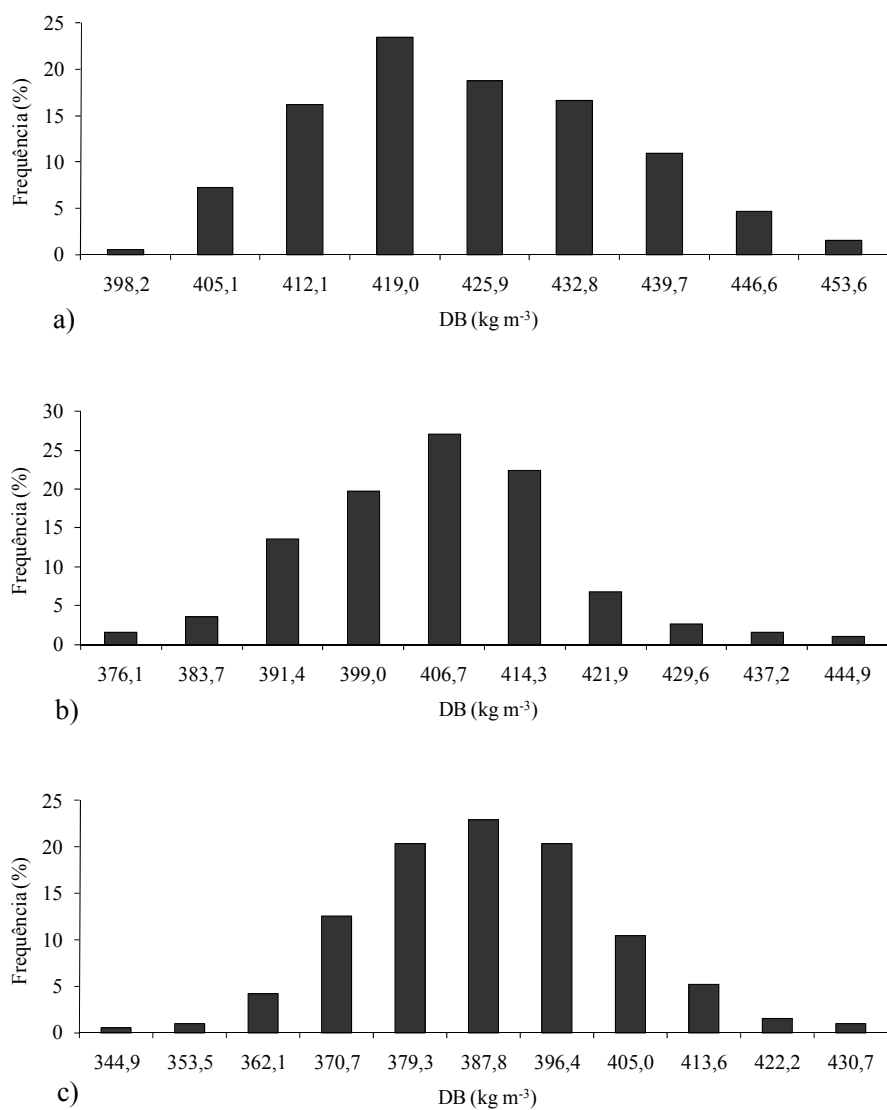


Gráfico 2 Distribuição de frequência das médias de progênies de meios-irmãos de *E. grandis* e *E. urophylla* e irmãos germanos entre *E. grandis* x *E. urophylla*, para densidade básica da madeira (DB), em Aracruz, ES (a), São Mateus, ES (b) e Caravelas, BA (c)

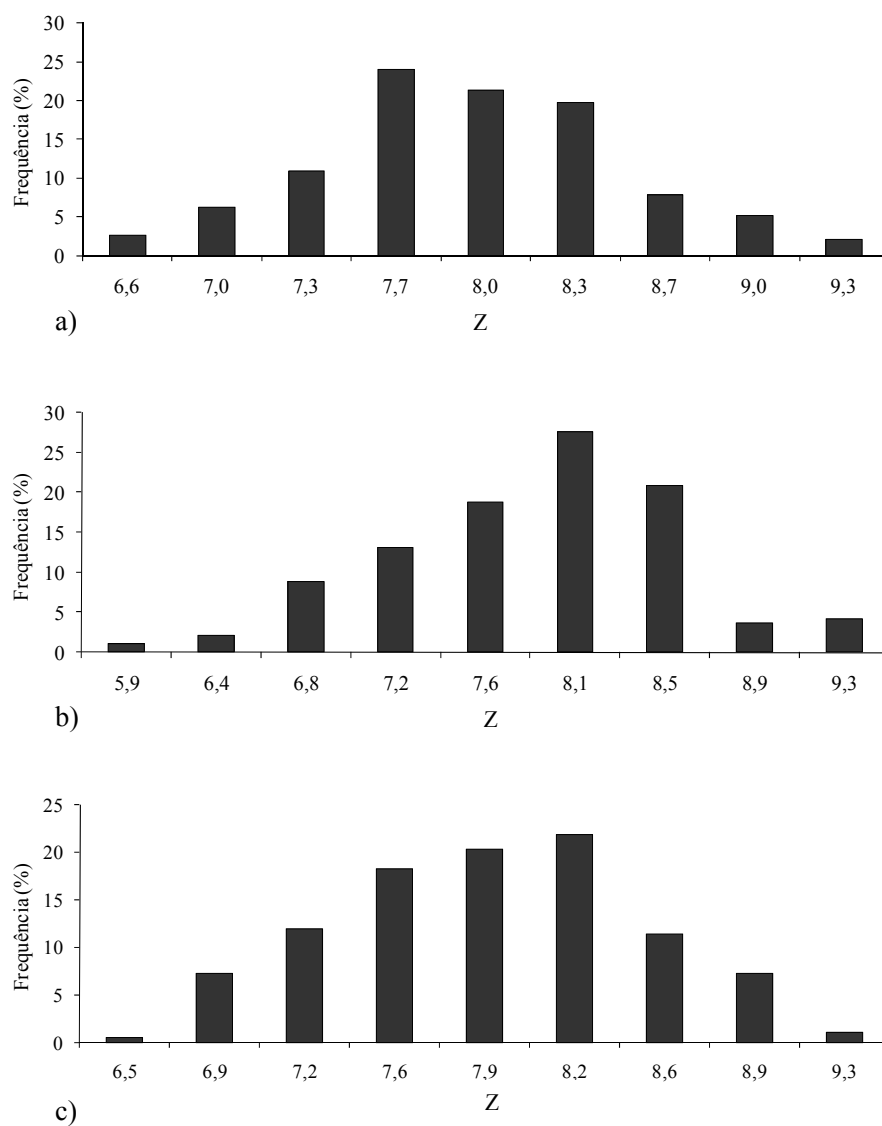


Gráfico 3 Distribuição de frequência das médias de progênies de meios-irmãos de *E. grandis* e *E. urophylla* e irmãos germanos entre *E. grandis* x *E. urophylla*, para o somatório de Z (Z), em Aracruz, ES (a), São Mateus, ES (b) e Caravelas, BA (c)

A variabilidade entre as progênies também pode ser confirmada pelas estimativas da herdabilidade ( $h^2$ ). Inicialmente, é preciso comentar que, para a obtenção dessas estimativas, foi considerada como variância ambiental a variância média entre as plantas de cada clone. Também foi verificado se as variâncias fenotípicas entre médias das progênies e dentro diferem entre as progênies de meios-irmãos e irmãos germanos. Assim, foram estimados os intervalos de confiança dessas variâncias. Por meio das estimativas do limite inferior (LI) e limite superior (LS), pode-se inferir que as estimativas foram semelhantes (Tabelas 1A, 2A e 3A). Desse modo, estimou-se uma única herdabilidade para os diferentes tipos de progênies.

Depreende-se que as estimativas de  $h^2$  foram elevadas, indicando condições favoráveis para a seleção para todos os caracteres em estudo (Tabela 4). Entre os valores estimados de herdabilidade, a estimativa tendo como unidade de seleção a média entre progênies foi a que apresentou maior magnitude, atingindo valores superiores a 89%, para todas as características avaliadas. Esses resultados evidenciam que os valores fenotípicos das progênies são bons preditores dos valores genotípicos e que a seleção fenotípica entre progênies é eficiente. Esses resultados corroboram o de outros estudos com espécies de *E. grandis* (MARTINS et al., 2005), *E. urograndis* (FREITAS et al., 2009) e *E. urophylla* (ROSADO et al., 2009). Os resultados demonstram também que a identificação dos melhores indivíduos utilizando, por exemplo, a seleção massal deve ser eficiente.

Normalmente, os melhoristas manuseiam alguns caracteres ao mesmo tempo. Esse trabalho, por exemplo, envolveu um caráter de crescimento das árvores e outro de qualidade da madeira. Nessa condição, a seleção simultânea para os caracteres é mais eficiente quando se utiliza um índice de seleção. Na literatura, há inúmeras opções de índices de seleção (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Trabalhando com *Eucalyptus*, Reis (2010) comparou três índices de

seleção e verificou que o índice do somatório de Z, por ser de fácil estimação e interpretação, é uma boa opção para os melhoristas de *Eucalyptus*. Além do mais, com as variáveis padronizadas, os dados podem ser comparados em qualquer situação. No presente trabalho, foi utilizado o índice obtido por meio do somatório das variáveis padronizadas (Z). Assim, as discussões serão focadas predominantemente no somatório de Z, que representa o que os melhoristas desejam.

Tabela 4 Estimativas das herdabilidades (%) entre médias de progênies ( $h_{mp}^2$ ), dentro de progênies ( $h_a^2$ ) e individuais ( $h_{ind}^2$ ) para circunferência à altura do peito (CAP, cm), densidade básica da madeira (DB, kg m<sup>-3</sup>) e somatório de Z (Z), em progênies de meios-irmãos de *E. grandis* e *E. urophylla*, e progênies de irmãos germanos entre essas duas espécies, nos locais de avaliação

Herdabilidade	Aracruz		
	CAP	DB	Z
$h_{mp}^2$	95,8	92,3	92,2
$h_a^2$	47,2	62,9	55,6
$h_{ind}^2$	67,7	70,9	67,0
	São Mateus		
	CAP	DB	Z
$h_{mp}^2$	94,8	89,7	91,7
$h_a^2$	63,1	73,3	67,5
$h_{ind}^2$	76,6	77,9	76,9
	Caravelas		
	CAP	DB	Z
$h_{mp}^2$	95,1	90,4	91,4
$h_a^2$	57,8	75,6	60,9
$h_{ind}^2$	73,8	79,9	71,1

Partindo do pressuposto de que as estimativas do BLUP são as que mais se aproximam do verdadeiro valor genotípico (BERNARDO, 2002; RESENDE, 2002) e que a ocorrência de desbalanceamento dos dados foi expressiva, neste trabalho utilizou-se o BLUP individual como referência, visando comparar a coincidência entre os indivíduos selecionados por essa metodologia e as demais estratégias de seleção.

A primeira estratégia de seleção comparada foi a seleção massal. A coincidência entre essa estratégia de seleção e o BLUP foi de 68,2% em Aracruz, 63,3% em São Mateus e 68,7% em Caravelas (Tabela 5). A seleção massal, como proposta originalmente, é toda fundamentada na seleção visual. Entretanto, a habilidade dos melhoristas em identificar visualmente, por meio do fenótipo, os indivíduos de genótipo superior é frequentemente questionada (CUTRIM; RAMALHO; CARVALHO, 1997). Nesse trabalho a seleção visual não foi considerada, pois foram obtidos os dados CAP e densidade básica da madeira.

Considerando que existiam 40 repetições no experimento, foi efetuada também a seleção massal estratificada, tendo, em cada estrato, 25 plantas selecionadas, uma de cada progênie. Observa-se que o fato de ter dividido o campo em estratos praticamente não alterou o número de indivíduos coincidentes em relação à seleção massal (Tabela 5). Em estudo de simulação em milho, Abreu et al. (2010) avaliaram se a estratificação ambiental iria melhorar a eficiência da seleção massal. Os autores consideraram diferentes níveis de  $h^2$ , com e sem gradiente ambiental e verificaram o percentual do índice de coincidência entre os valores genotípicos e fenotípicos, considerando a seleção massal e massal estratificada. Concluíram que a estratificação da área experimental só melhora a eficiência da seleção massal quando a  $h^2$  é baixa (10 e 25%) e quando há gradiente ambiental no campo. Neste estudo, como as

estimativas de  $h^2$  foram elevadas, a estratificação ambiental não foi eficiente em aumentar o índice de coincidência com o BLUP.

Outra estratégia avaliada foi a seleção entre e dentro de progênies. Nessa estratégia, optou-se por avaliar duas intensidades de seleção. Comparando-se as duas intensidades de seleção, ou seja, a seleção das 50 melhores progênies e dos 20 melhores indivíduos dentro (50x20) com a seleção das 100 melhores progênies e dos 10 melhores indivíduos dentro (100x10), observa-se que, em Aracruz e Caravelas, as estimativas dos índices de coincidências foram semelhantes (Tabela 5). Apenas em São Mateus ocorreu uma ligeira superioridade da coincidência da seleção entre e dentro (100x10) em relação ao BLUP. Mesmo assim, as estimativas dos índices de coincidência obtidas entre o BLUP e a seleção entre e dentro de progênies foram as menores. Vê-se que a maior coincidência obtida dos indivíduos que seriam selecionados por essa estratégia em relação ao BLUP ocorreu em Caravelas, em que o índice de coincidência foi de aproximadamente 50% (Tabela 5).

Tabela 5 Índice de coincidência (IC, %) das plantas selecionadas por diferentes estratégias de seleção em relação ao BLUP, para o somatório de Z (Z), nos três locais de avaliação

Estratégias de seleção	Aracruz	São Mateus	Caravelas
Massal	68,2	63,2	68,7
Massal estratificada	68,4	62,3	67,5
Entre e dentro (50x20)	44,0	36,7	50,5
Entre e dentro (100x10)	47,4	45,1	49,9
Seleção Combinada	75,7	67,4	73,4

<sup>1</sup> (50x20) - Seleção das 50 melhores progênies e dos 20 melhores indivíduos dentro de cada progênie;

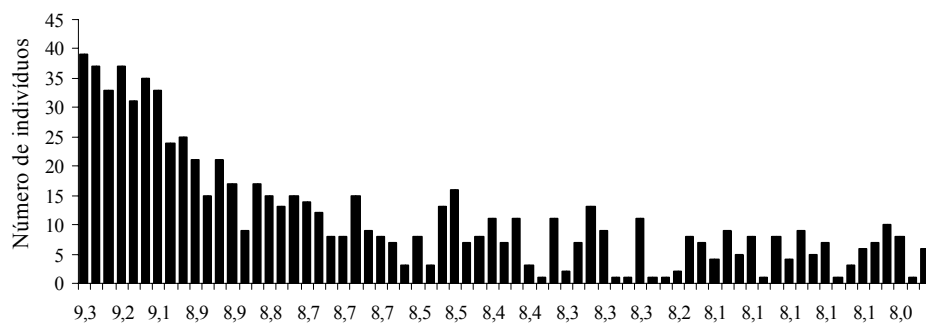
<sup>2</sup> (100x10) - Seleção das 100 melhores progênies e dos 10 melhores indivíduos dentro de cada progênie.

Nos esquemas de seleção entre e dentro de progênies, um mesmo número de indivíduos foram selecionados em cada uma das progênies. Este método de seleção fundamenta-se em medidas fenotípicas. Uma das críticas que se faz a esse tipo de seleção é que poderão existir indivíduos excepcionais em progênies que não foram selecionadas (progênies intermediárias e inferiores) e também que, dentre as progênies selecionadas, o melhor indivíduo de uma determinada progênie muitas vezes é inferior ao segundo, terceiro ou quarto melhores indivíduos de outras progênies. Assim, uma seleção mais efetiva poderia ser realizada ponderando os valores individuais e os valores de suas respectivas progênies, ou seja, a seleção pelo BLUP ou seleção combinada (RESENDE; HIGA, 1994).

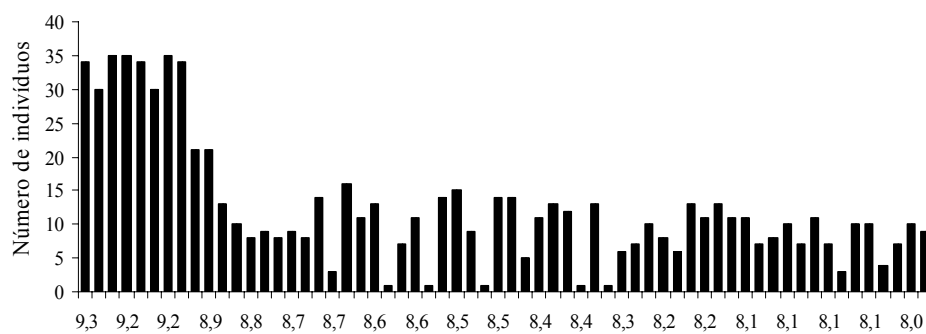
A seleção tendo como referência o BLUP individual identificou números de progênies e de plantas por progênies diferentes em cada local. De um total de 192, o número de progênies selecionadas pelo BLUP foi de 138 em Aracruz, 124 em São Mateus e de 125 em Caravelas, enquanto o número de plantas selecionadas por progênie variou de um até um total de 39 indivíduos em Aracruz, um a 35 em São Mateus e de um a 33 em Caravelas (Gráfico 4).

Como se constata no Gráfico 4, o BLUP tende a concentrar o maior número de plantas selecionadas nas progênies de maiores médias. Como na seleção entre e dentro de progênies o número de plantas selecionadas por progênie foi constante e como o número de plantas por progênies selecionadas pelo BLUP foi muito variável, o número de indivíduos coincidentes entre essas duas estratégias foi baixo.

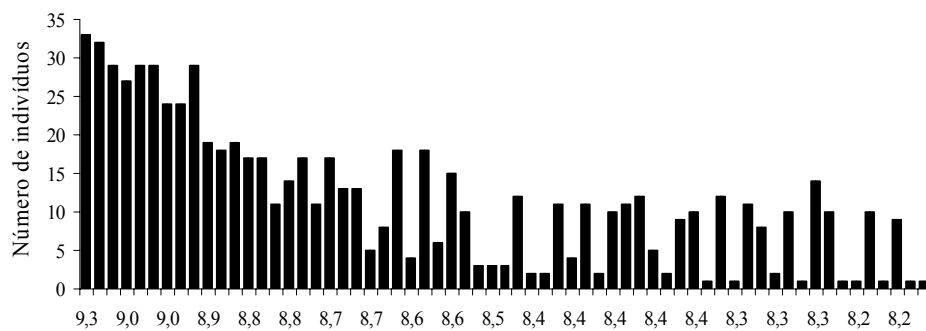




a)



b)



c)

Gráfico 4 Número de indivíduos selecionados por progênie utilizando o BLUP, em 50% das progênies de maior média fenotípica para o somatório de Z (Z) em Aracruz, ES (a), São Mateus, ES (b) e Caravelas, BA (c)

O índice de seleção combinado foi a estratégia de seleção que teve a maior coincidência com o BLUP (Tabela 5). Esse índice leva em consideração, simultaneamente, medidas genéticas estimadas do comportamento dos indivíduos e de suas progênes, e não medidas fenotípicas, as quais estão sujeitas à maior influência dos efeitos ambientais, como na seleção entre e dentro (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Segundo Resende (2002), em condições de balanceamento dos experimentos, o índice de seleção combinado equivale ao BLUP. No presente trabalho, como o desbalanceamento dos dados foi expressivo, a coincidência entre o BLUP e a seleção combinada não foi muito elevada. Na média dos três locais, a coincidência foi de 72%.

Os resultados obtidos, em um primeiro momento, possibilitam inferir que a seleção entre e dentro de progênes foi de baixa eficiência em relação ao BLUP. Contudo, pode ser que não seja identificado o mesmo indivíduo/progênie por duas ou mais estratégias de seleção, mas indivíduos bem semelhantes em termos de comportamento. Assim, outra alternativa para se avaliar as estratégias de seleção seria por meio das estimativas dos ganhos com a seleção (GS), que é um indicador do sucesso com a seleção. Na Tabela 6 estão apresentadas as estimativas de GS para o Z, para as diferentes estratégias de seleção. Depreende-se que a magnitude das estimativas de GS foi maior para o BLUP em todos os locais. As demais estratégias de seleção apresentaram estimativas semelhantes de ganhos genéticos.

Deve ser enfatizado, entretanto, que, embora a magnitude das estimativas dos GS do BLUP tenha sido superior, as demais estratégias de seleção também proporcionaram ganhos expressivos. Assim, é possível identificar indivíduos que apresentam bom desempenho por todas as estratégias de seleção. Esses resultados são semelhantes aos obtidos por Rosado et al. (2009). Os autores constataram que todos os métodos avaliados foram eficientes para aplicação no melhoramento do eucalipto. Entretanto, a seleção combinada e

a seleção por modelos mistos (BLUP) proporcionaram estimativas de ganhos significativamente maiores às obtidas com a seleção entre e dentro.

Tabela 6 Estimativas dos ganhos com a seleção (%) para as diferentes estratégias de seleção, considerando o somatório de Z (Z), nos três locais de avaliação

Estratégias de seleção	Aracruz	São Mateus	Caravelas
Seleção massal	13,68	15,68	14,41
Seleção massal estratificada	13,55	15,56	14,41
Seleção entre e dentro (50x20)	12,34	14,36	12,75
Seleção entre e dentro (100x10)	12,22	14,61	13,26
Seleção Combinada	12,80	14,30	13,41
BLUP	15,43	18,19	16,19

<sup>1</sup> (50x20) - Seleção das 50 melhores progênies e dos 20 melhores indivíduos dentro de cada progênie;

<sup>2</sup> (100x10) - Seleção das 100 melhores progênies e dos 10 melhores indivíduos dentro de cada progênie.

É frequentemente argumentado que o BLUP estima o verdadeiro valor genético. Na realidade, é esperado que ele forneça a melhor estimativa do valor genotípico, pois a ocorrência perfeita só ocorre quando a herdabilidade é de um ou próxima desse valor. Além do mais, há de se considerar o efeito da interação genótipos x anos (NUNES; MORETO; RAMALHO, 2008). Assim, uma comprovação útil seria também verificar o comportamento dos indivíduos no teste de progênies com o desempenho dos mesmos no teste clonal. Isso porque as melhores árvores dos testes de progênies são selecionadas a partir de informações obtidas em alguns anos e os seus clones são cultivados em outros. Essa informação é fundamental para orientar os melhoristas com relação às estratégias que possam ser utilizadas para incrementar o sucesso com a seleção.

#### **4 CONCLUSÕES**

A coincidência entre os indivíduos identificados pelo BLUP e os da seleção combinada, seleção massal e massal estratificada é de maior magnitude quando se compara o BLUP com a seleção entre e dentro de progênies.

As seleções massal, massal estratificada, entre e dentro de progênies, seleção combinada e BLUP apresentam estimativas semelhantes de ganhos genéticos.

## REFERÊNCIAS

ABREU, G. B. et al. Strategies to improve mass selection in maize. **Maydica**, Bergamo, v. 55, n. 3/4, p. 219-225, 2010.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma, 2002. 368 p.

BISON, O. et al. Inbreeding depression in *Eucalyptus* clones. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 4, n. 4, p. 459-464, Dec. 2004.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2006. v. 2, 585 p.

CUTRIM, V. dos A.; RAMALHO, M. A. P.; CARVALHO, A. M. Eficiência da seleção visual na produtividade de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 6, p. 601-606, jun. 1997.

FERREIRA, M.; SANTOS, P. E. T. Melhoramento genético florestal dos *Eucalyptus* no Brasil: breve histórico e perspectivas. In: CONFERENCE ON SILVICULTURE AND IMPROVEMENT OF EUCALYPT, 5., 1997, Salvador. **Proceedings...** Salvador: IUFRO, 1997. p. 14-34.

FREITAS, R. G. et al. Predição de ganhos genéticos em progênies de polinização aberta de *Eucalyptus urograndis* cultivadas em diferentes ambientes e submetidas a diferentes procedimentos de seleção. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 33, n. 2, p. 255-263, mar./abr. 2009.

GONÇALVES, F. et al. Progresso genético por meio de seleção de clones de eucalipto em plantios comerciais. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 25, n. 3, p. 295-301, jul./set. 2001.

HAMBLIN, J. E.; ZIMMERMANN, M. J. de O. Breeding common bean for yield in mixtures. **Plant Breeding Reviews**, New York, v. 4, n. 8, p. 245-272, Aug. 1986.

MARTINS, I. S. et al. Comparação entre os processos de seleção entre e dentro e o de seleção combinada, em progênies de *Eucalyptus grandis*. **Cerne**, Lavras, v. 11, n. 1, p. 16-24, jan./mar. 2005.

MARTINS, I. S.; MARTINS, R. C. C.; CORREIA, H. de S. Comparação entre seleção combinada e seleção direta em *Eucalyptus grandis*, sob diferentes intensidades de seleção. **Floresta e Ambiente**, Seropédica, v. 8, n. 1, p. 36-43, jan./dez. 2001.

MENDES, F. F.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B. Índice de seleção para escolha de populações segregantes de feijoeiro-comum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 10, p. 1312-1318, out. 2009.

NUNES, J. A. R.; MORETO, A. L.; RAMALHO, M. A. P. Using genealogy to improve selection efficiency of pedigree method. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 65, n. 1, p. 25-30, 2008.

PIEPHO, H. P. et al. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, Wageningen, v. 161, n. 1/2, p. 209-228, May 2008.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 2. ed. Lavras: UFLA, 2005. 326 p.

REIS, C. A. F. **Proposta de índice de seleção no melhoramento genético do eucalipto**. 2010. 89 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2010.

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

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

RESENDE, M. D. V. et al. Métodos e estratégias de melhoramento de espécies perenes: estado da arte e perspectivas. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 12., 2005, Gramado. **Anais...** Gramado: CNPT, 2005. 1 CD-ROM.

RESENDE, M. D. V.; HIGA, A. R. Estimação de valores genéticos no melhoramento de *Eucalyptus*: seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e de seus parentes. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 28/29, p. 11-36, jan./dez. 1994.

ROSADO, A. M. et al. Ganhos genéticos preditos por diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus urophylla*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 12, p. 1653-1659, dez. 2009.

STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM INSTITUTE. **SAS/STAT user's guide**. Version 9. Cary, 2002. Software.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

### **CAPÍTULO 3**

**Eficiência de estratégias de seleção no teste progênes no desempenho dos clones em teste clonal de *Eucalyptus***



## RESUMO

Este trabalho foi realizado com os objetivos de verificar o desempenho de clones oriundos de progênies de meios-irmãos e irmãos germanos de algumas espécies de *Eucalyptus* via método dos quadrados mínimos (MQM) e melhor predição linear não viesada (BLUP); verificar se o local de origem do indivíduo selecionado no teste de progênies afeta o seu desempenho no teste clonal e avaliar a eficiência de diferentes métodos de identificação dos indivíduos no teste de progênies e sua performance no teste clonal. Para isso, foram avaliados 274 clones em Caravelas, BA e 308 clones em Aracruz, ES, sendo 257 clones comuns entre esses dois locais. O delineamento experimental foi o de blocos casualizados com 30 repetições, sendo as parcelas constituídas por uma planta. Dois anos após a implantação dos experimentos, foram avaliados os caracteres circunferência à altura do peito, densidade básica da madeira e somatório das variáveis padronizadas ( $Z$ ) para a seleção simultânea dessas duas características. Foram realizadas as análises via modelos mistos (BLUP) e método dos quadrados mínimos (MQM). Para todas as estratégias de seleção foram estimados a herdabilidade realizada e o coeficiente de regressão linear padronizado. Constatou-se que as análises via MQM e procedimento BLUP classificaram os clones de modo semelhante; a origem do indivíduo no teste de progênies afeta seu desempenho como clone quando avaliado em outros ambientes, porém, esse efeito é de pequena magnitude; as estimativas da herdabilidade realizada e do coeficiente de regressão linear, em todas as estratégias de seleção utilizadas, foram de pequena magnitude. Assim, a correspondência no desempenho das árvores selecionadas no teste de progênies e dos seus respectivos clones no teste clonal é baixa.

Palavras-chave: Melhoramento de plantas. Herdabilidade Realizada. Interação genótipos x anos.

## ABSTRACT

This work was carried out to verify the performance of clones derived from half-sib and full-sib progenies of some *Eucalyptus* species via least squares method (MQM) and best linear unbiased prediction (BLUP) procedures; to verify if the place of origin of the selected individual in a progeny test affects their performance in the clonal test; to assess the efficiency of different methods of identifying individuals in the progeny test and its performance in the clonal test. For this, 274 clones were evaluated in Caravelas in the Bahia State, Brazil and 308 clones in Aracruz in the Espírito Santo State, Brazil. There were 257 clones common to these two sites. The experimental design was a randomized complete block with single plant plots and 30 replications. Two years following the planting, the circumference at breast height and the wood basic density were measured and, furthermore, the sum of standardized variables ( $Z$ ) was estimated for simultaneous selection of both characteristics. The analysis was carried out via least squares method (MQM) and best linear unbiased prediction (BLUP) procedures. For all selection strategies were estimated realized heritability and the standardized linear regression coefficient. It was found that the analysis via the least squares method (MQM) and the BLUP procedure were similar to classify the clones; the origin of the individual in a progeny test affects your performance as a clone when evaluated in other environments, but this effect is small; in all selection strategies the estimates of realized heritability and the linear regression coefficient were small. Thus, the correspondence in the performance of selected trees in progeny tests and their respective clones in the clonal test is low.

Keywords: Plant breeding. Realized heritability. Genotype x year.

## 1 INTRODUÇÃO

No início dos programas de melhoramento genético do eucalipto, as estratégias de melhoramento foram fundamentadas em introduções de diferentes espécies e procedências, identificando aquelas mais adaptadas às condições ambientais brasileiras, e na seleção massal de indivíduos superiores e seleção com famílias de meios-irmãos, com o objetivo de produzir sementes melhoradas de algumas espécies (REZENDE, 2001).

Em um segundo momento, o emprego da clonagem, em vez dos métodos sexuais de produção de mudas, passou a ter prioridade. Os pesquisadores passaram a selecionar árvores superiores, especialmente nos plantios comerciais, a maioria, ao que tudo indica, de híbridos naturais envolvendo *E. grandis* e *E. urophylla* (FERREIRA; SANTOS, 1997).

O progresso obtido foi expressivo, porém, logo foi constatado que, para se ter ganhos adicionais, era necessário inter cruzar os indivíduos superiores, visando à obtenção de novas combinações genotípicas (GONÇALVES et al., 2001). Em função desse fato, todas as empresas que possuíam programas de melhoramento intensificaram as hibridações e conduziram programas de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos ou irmãos germanos.

Com a implementação das facilidades computacionais, sobretudo com o desenvolvimento de softwares estatísticos que traziam algoritmos especializados, passou-se a utilizar outros procedimentos estatísticos visando à melhoria da eficiência seletiva. Um deles baseia-se na utilização de análises de modelos mistos, principalmente pelo método *best linear unbiased prediction*, ou seja, melhor predição linear não viesada, também conhecido como BLUP.

No melhoramento vegetal, a utilização da análise de modelos mistos pelo BLUP tem sido frequente. Especialmente no melhoramento florestal, sua utilização se intensificou devido ao desbalanceamento dos dados, sobretudo

porque grande parte dos experimentos tem sido conduzida utilizando-se parcelas de uma planta. Adicionalmente, o BLUP possibilita, ainda, a estimativa de valores genéticos mais próximos do verdadeiro valor genotípico (NUNES; RAMALHO; FERREIRA, 2008; RESENDE, 2002).

Na cultura do eucalipto, alguns trabalhos foram realizados visando comparar a eficiência seletiva de algumas estratégias (FREITAS et al., 2009; RESENDE, 2002; ROSADO et al., 2009). Resende (2002) demonstrou teoricamente a superioridade do BLUP e da seleção combinada sobre a seleção massal e seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos. Já Freitas et al. (2009), em campo, constataram que todas as estratégias de seleção são eficientes para aplicação no melhoramento do eucalipto. Ainda não foram encontrados relatos da comparação da eficiência dessas estratégias em termos de desempenho futuro do clone, sob condições de campo.

A literatura é escassa também na avaliação da correspondência entre o desempenho do indivíduo no teste de progênies e sua performance no teste clonal. Essa informação é fundamental para os melhoristas, pois, em função dos resultados, eles podem identificar qual(is) a(s) melhor(es) estratégias de seleção. Nos poucos relatos encontrados, a correlação genética entre o desempenho das árvores selecionadas no teste de progênies e dos seus respectivos clones foi baixa; apenas 7% da variação genética entre os clones foi explicada pela variação entre as árvores selecionadas no teste de progênies (REIS, 2009).

Do exposto, foi realizado o presente trabalho com os objetivos de verificar o desempenho de clones oriundos de progênies de meios-irmãos e irmãos germanos de algumas espécies de *Eucalyptus* via método dos quadrados mínimos (MQM) e BLUP; verificar se o local de origem do indivíduo selecionado no teste de progênies afeta o seu desempenho no teste clonal e avaliar a eficiência de diferentes estratégias de seleção de indivíduos no teste de progênies e sua performance no teste clonal.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos dos testes clonais foram avaliados em dois locais da Empresa FIBRIA, Aracruz, ES e Caravelas, BA. As coordenadas geográficas dos locais de plantio são: Aracruz: 19°50'19'' de latitude S e 40°12'43'' de longitude W e Caravelas: 17°47'17'' de latitude S e 39°33'57'' de longitude W.

Foram avaliados 274 clones em Caravelas e 308 clones em Aracruz, sendo 257 clones comuns a esses dois locais. A origem desses 257 clones é apresentada na Tabela 1. Os testes clonais foram implantados no período de agosto a setembro de 2007, adotando-se o delineamento de blocos casualizados com 30 repetições, sendo as parcelas constituídas por uma planta. Em 10 das 30 repetições, o espaçamento entre plantas foi de 3 x 2,5m e nas outras, de 3 x 3m. O manejo dos experimentos foi o mesmo adotado para o plantio comercial.

Tabela 1 Origem dos clones avaliados no teste clonal de *Eucalyptus* em Aracruz, ES e Caravelas, BA e dos clones comuns entre esses dois locais (Aracruz e Caravelas)

Locais	Origem			Total
	Aracruz	Caravelas	São Mateus	
Aracruz	97 (8 <sup>1/</sup> ; 12 <sup>2/</sup> ; 77 <sup>3/</sup> )	71 (5 <sup>1/</sup> ; 1 <sup>2/</sup> ; 65 <sup>3/</sup> )	140 (11 <sup>1/</sup> ; 20 <sup>2/</sup> ; 109 <sup>3/</sup> )	308
Caravelas	84 (7 <sup>1/</sup> ; 9 <sup>2/</sup> ; 68 <sup>3/</sup> )	64 (4 <sup>1/</sup> ; 1 <sup>2/</sup> ; 59 <sup>3/</sup> )	126 (9 <sup>1/</sup> ; 18 <sup>2/</sup> ; 99 <sup>3/</sup> )	274
Comuns	80 (6 <sup>1/</sup> ; 9 <sup>2/</sup> ; 65 <sup>3/</sup> )	56 (4 <sup>1/</sup> ; 1 <sup>2/</sup> ; 51 <sup>3/</sup> )	121 (9 <sup>1/</sup> ; 16 <sup>2/</sup> ; 96 <sup>3/</sup> )	257

<sup>1/</sup> Número de clones provenientes de progênies de meios irmãos de *E. grandis*;

<sup>2/</sup> Número de clones provenientes de progênies de meios irmãos de *E. urophylla*;

<sup>3/</sup> Número de clones provenientes de progênies de irmãos germanos de *E. grandis* x *E. urophylla*.

Aos 25 meses de idade foram tomados os dados de circunferência à altura do peito (cm) e penetração da agulha do pilodyn na madeira (mm). A partir da avaliação realizada com o pilodyn foi estimada a densidade básica da madeira ( $\text{kg m}^{-3}$ ) pela expressão: Densidade =  $615 - 11 \times$  Leitura do pilodyn.

Para se ter informação dos dois caracteres simultaneamente, optou-se pela padronização dos dados, obtendo-se, posteriormente, o índice do somatório de Z ( $Z$ ) das variáveis padronizadas (MENDES; RAMALHO; ABREU, 2009). Assim, a variável  $Z_{ij}$  foi estimada pelo seguinte estimador (RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2005):

$$Z_{ij} = \frac{x_{ij} - m_{.j}}{s_{.j}}$$

em que  $Z_{ij}$  : valor da variável padronizada correspondente ao indivíduo  $i$  na repetição  $j$ ;  $X_{ij}$  : valor observado da característica considerada do indivíduo  $i$  na repetição  $j$ ;  $m_{.j}$  : média de todos os indivíduos na repetição  $j$  e  $s_{.j}$  : desvio padrão fenotípico da média na repetição  $j$ .

Como a variável  $Z$  pode assumir tanto valores positivos como negativos, foi adicionada uma constante, de modo a tornar todos os valores positivos. Nesse caso, a média populacional por caráter, em vez de zero, assumiu o valor da constante. O emprego desse índice na seleção simultânea dos dois caracteres parte do pressuposto de que quanto maior o valor de  $Z$ , melhor.

As análises estatísticas para os caracteres CAP, densidade básica da madeira e somatório de  $Z$  foram realizadas utilizando-se os procedimentos método dos quadrados mínimos (MQM) e máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viesada (REML/BLUP). As análises de

variância por local e conjunta dos dois locais foram efetuadas utilizando-se o *Procedure for General Linear Models* (PROC GLM) do software estatístico SAS<sup>®</sup> (STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM INSTITUTE - SAS INSTITUTE, 2002). Para as análises de modelos mistos REML/BLUP, utilizou-se o software Seleção Genética Computadorizada - SELEGEN (RESENDE, 2007), o que permitiu obter os valores genotípicos preditos individuais.

Na avaliação genética por local foi utilizado o modelo estatístico:

$$y = Xr + Zg + \varepsilon$$

em que  $y$ : é o vetor de dados;  $r$ : é o vetor dos efeitos fixos de repetição somados à média geral;  $g$ : é o vetor dos efeitos genotípicos individuais, assumidos como aleatórios:  $g \sim N(0, G = I\sigma_g^2)$  ( $I$  denota a matriz identidade e  $\sigma_g^2$  o componente de variância associado aos efeitos genéticos individuais) e  $\varepsilon$ : é o vetor de erros ou resíduos:  $\varepsilon \sim N(0, R = I\sigma_e^2)$  ( $\sigma_e^2$ : variância ambiental). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Para a análise multilocalis foi utilizado o modelo estatístico:

$$y = Xr + Zg + Wi + \varepsilon$$

em que  $y$ : é o vetor de dados;  $r$ : é o vetor dos efeitos fixos da combinação repetição-local somados à média geral;  $g$ : é o vetor dos efeitos genotípicos individuais, assumidos como aleatórios:  $g \sim N(0, G = I\sigma_g^2)$  ( $I$  denota a

matriz identidade e  $\sigma_g^2$ : componente de variância associado aos efeitos genéticos individuais);  $i$ : é o vetor dos efeitos aleatórios da interação genótipos x locais:  $i \sim N(0, L = I\sigma_i^2)$  ( $\sigma_i^2$ : variância da interação genótipos x locais) e  $\varepsilon$ : é o vetor de erros ou resíduos:  $\varepsilon \sim N(0, R = I\overline{\sigma_e^2})$  ( $\sigma_e^2$ : variância ambiental). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Em etapa anterior deste trabalho, foram comparadas diferentes estratégias de seleção em um teste de progênies de *Eucalyptus* (Capítulo 2). Infelizmente, entre os 257 clones avaliados, alguns foram oriundos de árvores no teste de progênies cuja posição na classificação era acima de 1000. Assim, exceto para o BLUP e seleção massal, que agruparam todos os indivíduos e não só os 1.000 selecionados (Capítulo 2), verificou-se, para cada caráter, o número de clones do teste clonal que estava entre os 1.000 melhores indivíduos identificados no teste de progênies.

No intuito de avaliar se a estratégia de seleção da árvore que originou o clone tem eficiência diferente, considerando o desempenho clonal do indivíduo a *posteriori*, foram estimadas as herdabilidades realizadas ( $h_R^2$ ), considerando-se diferentes intensidades de seleção: 5, 10, 15, 20, 25%, pelo seguinte estimador:

$$h_R^2 = \frac{(Ms_j - Mo_j) / Mo_j}{(Ms_i - Mo_i) / Mo_i}$$

em que

$Mo_i$ : média original da população do teste de progênies;

$Ms_i$ : média dos indivíduos selecionados no teste de progênies;



$Mo_j$  : média original do teste clonal;

$Ms_j$  : média dos indivíduos do teste clonal, correspondentes aos indivíduos selecionados no teste de progênies.

Como os testes de progênies e os testes clonais foram conduzidos em ambientes diferentes, estimou-se também a herdabilidade padronizada em unidades de desvio padrão ( $Z$ ), conforme proposto por Frey e Horner (1957). Com os dados padronizados, estimou-se a herdabilidade por meio da regressão pai/filho, ou seja, a regressão do desempenho das árvores no teste de progênies ( $x$ ) e no teste clonal ( $y$ ) pelo seguinte estimador:

$$b = \frac{Cov(Z_x, Z_y)}{\sigma_{Z_x}^2}$$

em que  $b$ : coeficiente de regressão linear padronizado;  
 $Cov(Z_x, Z_y)$ : covariância entre as árvores selecionadas no teste de progênies ( $Z_x$ ) e os clones no teste clonal ( $Z_y$ ) e  $\sigma_{Z_x}^2$ : variância fenotípica entre as árvores selecionadas no teste de progênies.

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na comparação das análises de variância pelo MQM e pelo procedimento REML/BLUP identificaram-se os dez melhores clones de modo semelhante. Em Aracruz, por exemplo, a classificação dos dez melhores clones foi a mesma pelos dois procedimentos, nos três caracteres avaliados (Tabela 2).

As análises pelo MQM e BLUP fornecem os mesmos resultados quando não há perda de dados (BERNARDO, 2002). Em experimentos cuja parcela é constituída por uma planta é praticamente impossível não ocorrer a perda de parcelas, ou seja, ter experimentos balanceados. O que se questiona é qual o nível de desbalanceamento em que o procedimento BLUP seria o mais aconselhável. Neste trabalho, houve perda de 14% das árvores em Aracruz e de 11% em Caravelas e não houve vantagem do BLUP em relação ao MQM. Resultados semelhantes têm sido obtidos em algumas culturas, como o feijoeiro e eucalipto, em que o desbalanceamento foi semelhante (MENDES, 2011; REIS, 2010). Do exposto, a apresentação dos resultados terá como referência as análises efetuadas pelo MQM.

Normalmente, os melhoristas manuseiam alguns caracteres ao mesmo tempo. Esse trabalho, por exemplo, envolveu um caráter de crescimento das árvores e outro de qualidade da madeira. Nessa condição, a seleção simultânea para os caracteres é mais eficiente quando se utiliza um índice de seleção. Na literatura, há inúmeras opções de índices de seleção (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Em *Eucalyptus*, Reis (2010) comparou três índices de seleção e verificou que o índice do somatório de Z, por ser de fácil estimação e interpretação, é uma boa opção para os melhoristas de *Eucalyptus*. Além do mais, com as variáveis padronizadas, os dados podem ser comparados em qualquer situação. No presente trabalho, foi utilizado o índice obtido por meio do somatório das variáveis padronizadas (Z). Assim, as discussões serão focadas

predominantemente no somatório de Z, que representa o que os melhoristas desejam.

Tabela 2 Melhores clones identificados nas análises pelo método dos quadrados mínimos (MQM) e melhor predição linear não viesada (BLUP) para circunferência à altura do peito, densidade básica da madeira (DB) e índice do somatório de Z (Z)

Classificação	Aracruz					
	CAP		DB		Z	
	BLUP	MQM	BLUP	MQM	BLUP	MQM
1	80	80	104	104	49	49
2	270	270	75	75	156	156
3	130	130	98	98	54	54
4	9	9	54	54	60	60
5	273	273	60	60	273	273
6	71	71	163	163	28	28
7	53	53	160	160	174	174
8	78	78	145	145	277	277
9	45	45	76	76	133	133
10	96	96	157	157	72	72
	Caravelas					
	CAP		DB		Z	
	BLUP	MQM	BLUP	MQM	BLUP	MQM
1	256	256	119	85	26	26
2	26	26	85	119	142	142
3	206	206	147	147	96	96
4	173	173	91	91	109	109
5	94	94	151	151	270	270
6	209	209	114	114	101	101
7	174	174	72	24	47	151
8	51	51	8	8	151	47
9	270	270	52	72	119	119
10	186	246	183	183	94	94

Os resumos das análises de variância por local estão apresentados nas Tabelas 4A e 5A. O que é mais expressivo é que houve diferença significativa entre os clones ( $P \leq 0,01$ ). As análises de variância conjunta envolvendo os 257 clones comuns aos dois locais de avaliação são apresentadas na Tabela 3. Um aspecto importante em experimentos dessa natureza é a precisão experimental com que os clones foram avaliados. A precisão experimental avaliada tanto por meio do coeficiente de variação experimental (CV) como por meio da estimativa da acurácia pode ser considerada boa. Segundo Resende e Duarte (2007), a estimativa da acurácia é a mais adequada para avaliação da precisão. Os mesmos autores conceituam a acurácia como sendo um parâmetro que reflete a correlação entre o valor genotípico verdadeiro e aquele estimado ou predito a partir das informações dos experimentos de campo. Neste contexto, quanto maior a estimativa da acurácia, mais preciso é o experimento. No presente trabalho, os valores estimados da acurácia foram superiores a 75%, indicando que a precisão experimental foi de alta a muito alta, segundo os critérios apresentados por Resende e Duarte (2007).

Ocorreu diferença significativa entre os locais ( $P \leq 0,01$ ) somente para circunferência à altura do peito (CAP) (Tabela 3). As maiores estimativas obtidas foram em Aracruz. Nesse local, a média (37,9 cm) foi 8% superior à alcançada em Caravelas (34,8 cm).

Como os 257 clones avaliados foram oriundos de plantas provenientes de experimentos de avaliação de progênies de irmãos germanos e meios-irmãos avaliados em três locais (Capítulo 2), procurou-se verificar se a origem do clone afeta o seu desempenho. Verificou-se que, na média dos clones, fonte de variação origem, ocorreu diferença significativa ( $P \leq 0,01$ ) para os três caracteres (Tabela 3). Considerando o Z, observa-se que os clones provenientes de plantas avaliadas em São Mateus (SM) foram os de melhor desempenho. Porém, a diferença não foi expressiva. Em princípio, esse resultado mostra que o local de

seleção da árvore não afeta de modo expressivo o desempenho dos clones em outras condições. Na literatura, infelizmente, no caso do eucalipto, não foram encontrados relatos a respeito da influência da origem da progênie no desempenho dos clones avaliados em vários ambientes.

Tabela 3 Resumo das análises de variância conjuntas para a circunferência à altura do peito (CAP, cm), densidade básica da madeira (DB, kg m<sup>-3</sup>) e índice do somatório de Z (Z), obtidas na avaliação de clones de *Eucalyptus*, aos dois anos de idade

FV	GL	CAP		DB		Z	
		QM	P	QM	P	QM	P
Repetições/locais	58	391,48	0,00	69821,15	0,00	0,28	1,00
Locais (L)	1	29754,36	0,00	328,41	0,32	2,84	0,12
Clones (C)	256	392,86	0,00	17084,93	0,00	29,76	0,00
Origens (O)	2	232,32	0,00	61001,66	0,00	52,69	0,00
AR <sup>1/</sup>	79	396,38	0,00	17956,00	0,00	39,47	0,00
CA <sup>1/</sup>	55	345,12	0,00	12829,00	0,00	27,49	0,00
SM <sup>1/</sup>	120	415,78	0,00	17904,00	0,00	24,21	0,00
C x L	256	168,94	0,00	1115,59	0,00	8,52	0,00
O x L	2	563,60	0,00	3357,33	0,00	23,77	0,00
AR x L	79	166,86	0,00	1061,54	0,00	8,59	0,00
CA x L	55	165,94	0,00	968,79	0,00	7,02	0,00
SM x L	120	164,27	0,00	1177,34	0,00	8,88	0,00
Erro	12897	14,10		339,17		1,15	
CV (%)		10,24		4,24		13,42	
Acurácia (%)		76		97		84	
Média clones		36,68		434,23		7,95	
Média AR		36,20		434,37		7,92	
Média CA		36,71		428,95		7,79	
Média SM		36,29		436,96		8,03	

<sup>1/</sup> AR – clones selecionados em Aracruz, ES; CA – clones selecionados em Caravelas, BA e SM – clones selecionados em São Mateus, ES.

A fonte de variação origem x locais foi significativa ( $P \leq 0,01$ ). O mesmo ocorreu com as interações envolvendo os clones de cada origem x locais, indicando, a princípio, que o comportamento dos clones não foi coincidente nos dois locais de avaliação (Tabela 3). As estimativas da correlação genética ( $\hat{r}_g$ ) entre o desempenho médio dos clones nos dois locais realçam essa observação. Para o Z, por exemplo, a  $\hat{r}_g$  foi de apenas 0,58 (Tabela 4). A interação entre clones de eucalipto e ambientes também foi verificada em outros estudos (AGUIAR et al., 2007; LIMA; BREESE; CAHALAN, 2000; SILVA et al., 2009). Em função da ocorrência dessas interações significativas, a ênfase nos resultados será direcionada no desempenho dos clones por local.

A existência de variabilidade entre os clones pode ser constatada por meio das distribuições de frequências das médias dos clones nos dois locais (Gráficos 1 e 2). A amplitude de variação para o Z foi de 4,9, em Aracruz e de 4,6, em Caravelas. Vale ressaltar que, para circunferência à altura do peito (CAP), a média das testemunhas foi de 38,9 em Aracruz e de 35,5 cm em Caravelas. Para densidade básica da madeira (DB), as médias foram de 443,3 kg m<sup>-3</sup>, em Aracruz e de 440,4 kg m<sup>-3</sup>, em Caravelas. Considerando que alguns clones apresentaram desempenho acima da média das testemunhas para esses caracteres, os resultados evidenciam a possibilidade de selecionar clones que possam substituir com vantagens os pré-existentes.

As estimativas da herdabilidade ( $h^2$ ) na média dos clones, em Aracruz e em Caravelas, foram todas superiores a 93% e o intervalo de confiança mostra que elas são diferentes de zero, a 95% de probabilidade, como já era esperado em função da estimativa da acurácia experimental, que corresponde a  $\sqrt{h^2}$  (Tabela 4). As altas estimativas de  $h^2$  encontradas, associadas às altas estimativas das médias já comentadas, evidenciam condição muito favorável à seleção.

Tabela 4 Estimativas da herdabilidade na média de clones ( $h_{mc}^2$ , %) e correlação genética ( $\hat{r}_g$ ) entre o desempenho médio dos clones nos dois locais, para circunferência à altura do peito (CAP, cm), densidade básica da madeira ( $\text{kg m}^{-3}$ ) e somatório de Z (Z), obtidos na avaliação de clones de *Eucalyptus*, em Aracruz, ES e Caravelas, BA

Parâmetros	CAP		
	Aracruz	Caravelas	Conjunta
$h_{mc}^2$	95,5 (94,7 – 96,2) <sup>1/</sup>	94,5 (93,6 – 95,4)	56,9 (44,8 – 66,4)
$\hat{r}_g$	-	-	0,42
Parâmetros	DB		
	Aracruz	Caravelas	Conjunta
$h_{mc}^2$	96,4 (95,9 – 96,9)	96,2 (95,5 – 96,9)	93,5 (91,6 – 94,8)
$\hat{r}_g$	-	-	0,91
Parâmetros	Z		
	Aracruz	Caravelas	Conjunta
$h_{mc}^2$	94,4 (93,4 – 95,2)	93,5 (92,4 – 94,6)	71,4 (63,3 – 77,6)
$\hat{r}_g$	-	-	0,58

<sup>1/</sup> Valores entre parênteses referem-se aos limites inferiores e superiores dos intervalos de confiança, a 5% de probabilidade.

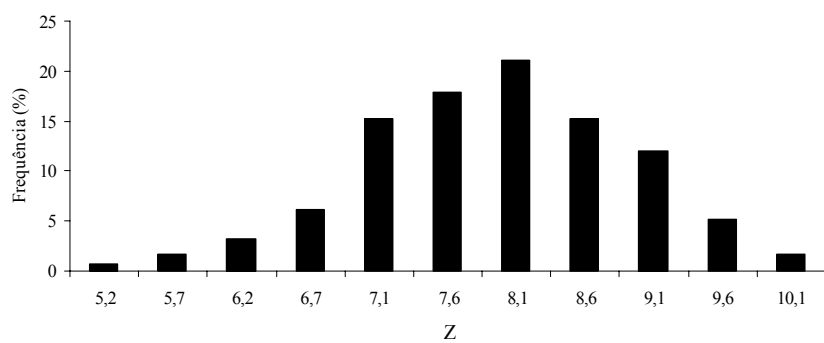
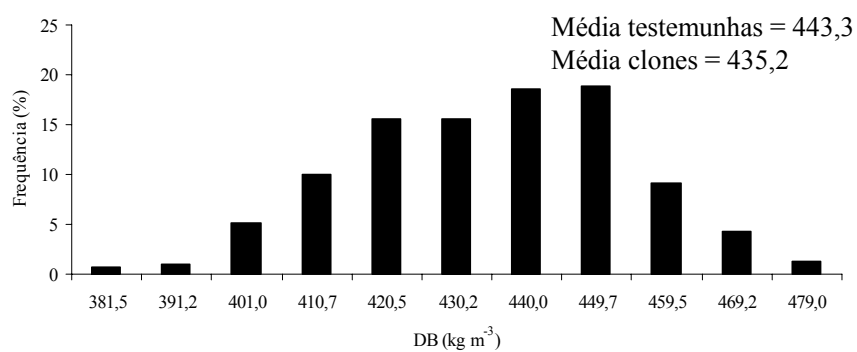
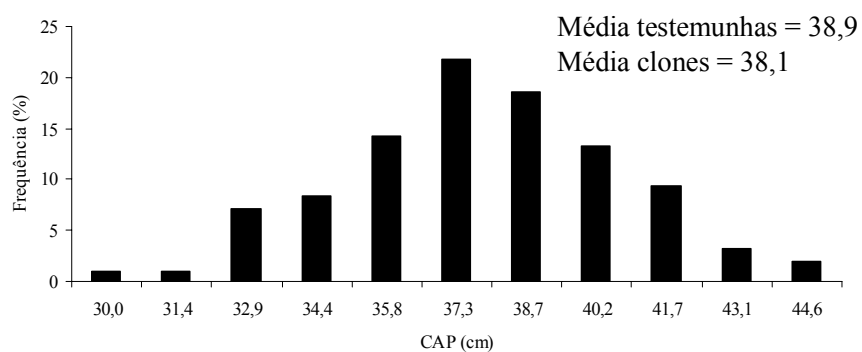


Gráfico 1 Distribuição de frequência das médias dos clones de eucalipto para circunferência à altura do peito (CAP), densidade básica da madeira (DB) e somatório de Z (Z), obtidas na avaliação de clones de *Eucalyptus* em Aracruz, ES



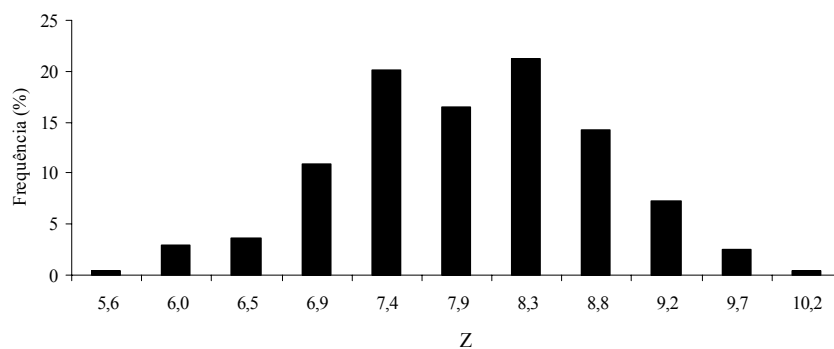
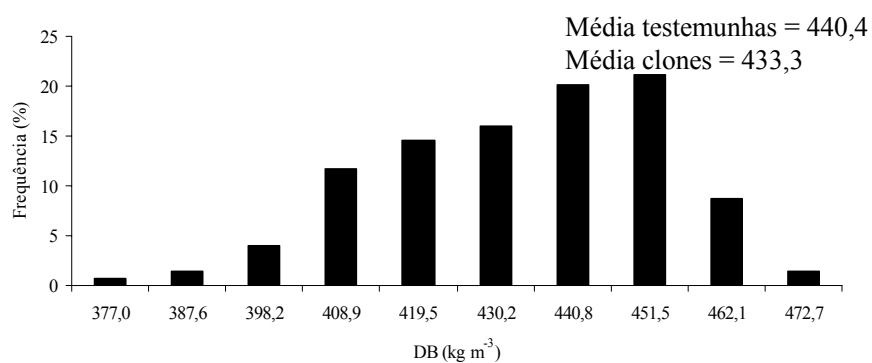
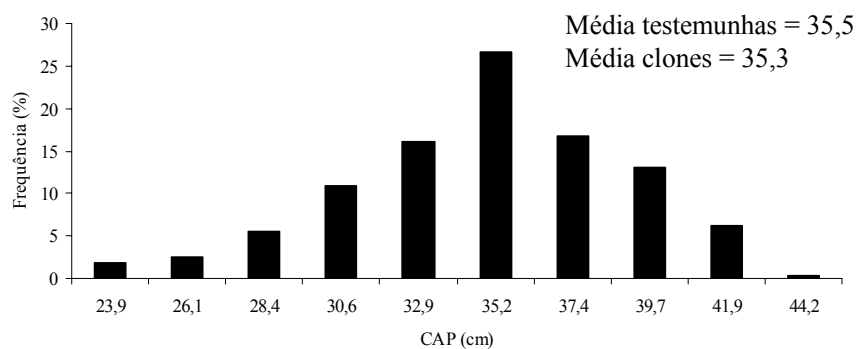


Gráfico 2 Distribuição de frequência das médias dos clones de eucalipto para circunferência à altura do peito (CAP), densidade básica da madeira (DB) e somatório de Z (Z), obtidas na avaliação de clones de *Eucalyptus* em Caravelas, BA

Um dos enfoques desse trabalho foi verificar a eficiência da seleção do teste de progênies no desempenho do clone em outras condições ambientais. Neste estudo, também foi possível avaliar se a estratégia de seleção da árvore que originará o clone tem eficiência diferente, considerando o desempenho clonal do indivíduo *a posteriori*. Essa eficiência pode ser comparada por alguns procedimentos. Um deles é a herdabilidade realizada ou o ganho realizado com a seleção, ou seja, estima-se o ganho esperado com a seleção do indivíduo no teste de progênies e o ganho realizado do clone no teste clonal.

Quando da obtenção dos clones, pelo fato de algumas árvores não terem emitido brotação ou apresentarem algum fenótipo indesejável do fuste, não necessariamente os indivíduos melhores classificados originaram clones. No caso do BLUP e da seleção massal, foram considerados, na classificação, todos os indivíduos do teste de progênies. Assim, todos os indivíduos que originaram os clones avaliados estiveram presentes na seleção efetuada. Para as demais estratégias, como foram consideradas apenas as 1.000 árvores de melhor performance no teste de progênies (Capítulo 2), o número de clones de acordo com a origem foi variável.

A herdabilidade realizada ( $h_R^2$ ), considerando diferentes intensidades de seleção das árvores no teste clonal é apresentada na Tabela 5. Observa-se que todas as estimativas de  $h_R^2$  foram de baixa magnitude. Com o incremento do número de clones selecionados, ou seja, com a diminuição da intensidade de seleção, na maioria das estratégias, as estimativas de  $h_R^2$  aumentaram, porém, mesmo assim, esses valores estiveram muito próximos de zero. As maiores estimativas obtidas ocorreram quando foram considerados a seleção massal e o BLUP, contudo, mesmo tendo magnitude superior às demais, as estimativas não foram expressivas.

Tabela 5 Estimativas da herdabilidade realizada ( $h^2_R$ ) considerando diferentes intensidades de seleção no teste clonal de *Eucalyptus*, para o somatório de Z (Z), em Aracruz, ES e Caravelas, BA

Estratégias	Aracruz				
	Intensidade de seleção				
	5%	10%	15%	20%	25%
Índice combinado	-0,111	-0,056	0,005	0,019	0,055
SED 50 x 20 <sup>1/</sup>	-0,298	-0,364	-0,159	-0,061	0,056
SED 100 x 10 <sup>2/</sup>	-0,162	-0,325	-0,199	-0,141	0,024
Massal	0,002	0,069	0,181	0,234	0,301
Massal estratificada	-0,267	-0,262	-0,207	-0,037	0,034
BLUP	-0,030	-0,070	-0,060	0,024	0,095
	Caravelas				
	Intensidade de seleção				
	5%	10%	15%	20%	25%
Índice combinado	-0,093	-0,037	0,013	0,045	0,090
SED 50 x 20	-0,334	-0,408	-0,164	-0,017	-0,064
SED 100 x 10	-0,245	-0,278	-0,515	-0,255	-0,059
Massal	-0,090	0,061	0,161	0,180	0,248
Massal estratificada	-0,105	-0,419	-0,095	0,061	0,023
BLUP	-0,119	-0,072	-0,069	0,090	0,190

<sup>1/</sup> (50x20) - Seleção das 50 melhores progênies e dos 20 melhores indivíduos dentro de cada progênie; <sup>2/</sup> (100x10) - Seleção das 100 melhores progênies e dos 10 melhores indivíduos dentro de cada progênie.

Outro modo de se avaliar a eficiência da seleção é por meio da regressão pai/filho (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). No presente trabalho estimou-se a regressão do desempenho das árvores no teste de progênies (x) e no teste clonal (y), utilizando os dados padronizados em unidades de desvio padrão. Sem a padronização dos dados, a estimativa do coeficiente de regressão linear ( $b$ ) pode assumir qualquer valor, independente do sinal. Com a padronização, os valores podem ser negativos, contudo, no intervalo de zero a um, como é esperado nas estimativas de  $h^2$ .

As estimativas do coeficiente de regressão linear ( $b$ ) foram também de pequena magnitude (Tabela 6). Por meio da análise de regressão, foi possível

verificar se essas estimativas são iguais ou diferentes de zero. Verifica-se que, em Aracruz, somente para seleção massal e BLUP é que as estimativas diferiram de zero, provavelmente em função do maior grau de liberdade envolvido na análise. O mesmo ocorreu em Caravelas, contudo, nesse local, o índice de seleção combinado também apresentou estimativa de  $b$  significativa ( $P \leq 0,052$ ). É oportuno salientar que, embora algumas das estimativas de  $b$  diferissem de zero, suas magnitudes foram baixas.

Tabela 6 Estimativas do coeficiente de regressão linear ( $b$ ) entre o desempenho das árvores no teste de progênies ( $x$ ) e no teste clonal ( $y$ ) de *Eucalyptus* para o somatório de  $Z$  ( $Z$ ), considerando diferentes estratégias de seleção, Aracruz, ES e Caravelas, BA

Estratégias	Aracruz			Caravelas		
	Nº de clones	$b$	P	Nº de clones	$b$	P
Índice combinado	150	0,076	0,198	172	0,159	0,052
SED 50 x 20 <sup>1/</sup>	125	0,056	0,502	144	-0,006	0,946
SED 100 x 10 <sup>2/</sup>	122	0,110	0,199	139	-0,021	0,817
Massal	308	0,370	0,000	274	0,302	0,000
Massal estratificada	155	0,051	0,498	177	0,024	0,766
BLUP	308	0,301	0,000	274	0,245	0,000

<sup>1/</sup> (50x20) - Seleção das 50 melhores progênies e dos 20 melhores indivíduos dentro de cada progênie; <sup>2/</sup> (100x10) - Seleção das 100 melhores progênies e dos 10 melhores indivíduos dentro de cada progênie.

Informações a respeito das estimativas dessa herdabilidade, para a cultura do eucalipto, não são frequentes na literatura. Nos poucos trabalhos encontrados foi estimada a correlação genética ( $\hat{r}_g$ ) entre as árvores selecionadas no teste de progênies e dos seus respectivos clones (COSTA, 2008; REIS, 2009). Reis (2009) verificou que a estimativa de  $\hat{r}_g$  foi de 0,27, tendo apenas 7% da variação genética entre os clones sido explicada pela variação

entre as árvores. Já Costa (2008) encontrou estimativa de correlação genética ainda mais baixa,  $\hat{r}_g = 0,12$ .

Depreende-se que a interpretação da  $h^2$  estimada por meio de regressão ( $b$ ) e pelo ganho realizado ( $h_R^2$ ) foi semelhante, independente do método de seleção aplicado no teste de progênies. Existem algumas hipóteses para explicar as baixas estimativas das herdabilidades obtidas. A primeira é que a seleção no teste de progênies não foi eficiente, mesmo considerando que a estimativa de  $h^2$  para a seleção de indivíduos no teste de progênies fosse relativamente alta (Capítulo 2). É provável que a estimativa de  $h^2$  obtida naquela situação possa ter erro de estimativa acentuado. Outra hipótese, a mais plausível, é a ocorrência da interação genótipos x anos. Infelizmente, não existem muitos relatos da ocorrência desse tipo de interação na cultura do eucalipto no Brasil.

Embora o BLUP seja o melhor preditor do valor genotípico (NUNES; RAMALHO; FERREIRA, 2008; RESENDE, 2002), a sua eficiência na resposta à seleção em anos posteriores não difere de qualquer dos outros métodos, pois ele também não tem como prever o efeito futuro da interação dos genótipos x anos. Infere-se que o sucesso da seleção sempre dependerá da avaliação das progênies com maior precisão possível, além da utilização de alternativas para reduzir o efeito da interação genótipos x anos. Desse modo, para atenuar o efeito dessa interação, a opção seria efetuar uma seleção mais branda das árvores no teste de progênies, visando o aumento na possibilidade de identificar os clones com melhor performance.

#### **4 CONCLUSÕES**

As análises via método dos quadrados mínimos e procedimento BLUP classificaram os clones de modo semelhante.

A origem do indivíduo no teste de progênies afeta seu desempenho como clone quando avaliado em outros ambientes, porém, esse efeito é de pequena magnitude.

As estimativas da herdabilidade realizada e do coeficiente de regressão linear, em todas as estratégias de seleção utilizadas, foram de pequena magnitude. Assim, a correspondência no desempenho das árvores selecionadas no teste de progênies e dos seus respectivos clones no teste clonal é baixa.

## REFERÊNCIAS

- AGUIAR, M. S. de et al. Potencial de híbridos entre clones-elite de eucalipto por meio de marcadores microssatélites. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 7, p. 1007-1012, jul. 2007.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma, 2002. 368 p.
- COSTA, R. R. G. F. **Performance dos indivíduos nos testes de progênies e seus respectivos clones de eucalipto**. 2008. 66 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2008.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2006. v. 2, 585 p.
- FERREIRA, M.; SANTOS, P. E. T. Melhoramento genético florestal dos *Eucalyptus* no Brasil: breve histórico e perspectivas. In: CONFERENCE ON SILVICULTURE AND IMPROVEMENT OF EUCALYPT, 5., 1997, Salvador. **Proceedings...** Salvador: IUFRO, 1997. p. 14-34.
- FREITAS, R. G. et al. Predição de ganhos genéticos em progênies de polinização aberta de *Eucalyptus urograndis* cultivadas em diferentes ambientes e submetidas a diferentes procedimentos de seleção. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 33, n. 2, p. 255-263, mar./abr. 2009.
- FREY, K. J.; HORNER, T. Heritability in standard units. **Agronomy Journal**, Madison, v. 49, n. 2, p. 59-62, Feb. 1957.
- GONÇALVES, F. et al. Progresso genético por meio de seleção de clones de eucalipto em plantios comerciais. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 25, n. 3, p. 295-301, jul./set. 2001.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University, 2010. 663 p.

LIMA, J. T.; BREESE, M. C.; CAHALAN, C. M. Genotype-environment interaction in wood basic density of *Eucalyptus* clones. **Wood Science and Technology**, New York, v. 34, n. 3, p. 197-206, Oct. 2000.

MENDES, F. F.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B. Índice de seleção para escolha de populações segregantes de feijoeiro-comum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 10, p. 1312-1318, out. 2009.

MENDES, M. P. **Emprego de modelos mistos na seleção de indivíduos no melhoramento do feijoeiro**. 2011. 69 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2011.

NUNES, J. A. R.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F. Inclusion of genetic relationship information in the pedigree selection method using mixed models. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 31, n. 1, p. 73-78, Mar. 2008.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 2. ed. Lavras: UFLA, 2005. 326 p.

REIS, C. A. F. **Correspondência no desempenho entre árvores em testes de progênies e seus clones em *Eucalyptus* spp**. 2009. 47 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2009.

\_\_\_\_\_. **Proposta de índice de seleção no melhoramento genético do eucalipto**. 2010. 89 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2010.

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



RESENDE, M. D. V. de. **Software Selegen REML/BLUP**: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos mistos. Colombo: EMBRAPA Florestas, 2007. 359 p.

RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 1, p. 182-194, jan./jul. 2007.

REZENDE, G. D. S. P. Melhoramento genético do eucalipto. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 9., 2001, Goiânia. **Anais...** Goiânia: EMBRAPA Arroz e Feijão, 2001. 1 CD-ROM.

ROSADO, A. M. et al. Ganhos genéticos preditos por diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus urophylla*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 12, p. 1653-1659, dez. 2009.

SILVA, J. C. e et al. Genetic parameters for growth, wood density and pulp yield in *Eucalyptus globulus*. **Tree Genetics & Genomes**, Berlin, v. 5, n. 2, p. 291-305, Apr. 2009.

STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM INSTITUTE. **SAS/STAT user's guide**. Version 9. Cary, 2002. Software.

## ANEXOS

As rotinas computacionais foram construídas pelo professor Dr. Marcos Deon Vilela de Resende, da Universidade Federal de Viçosa/Embrapa Florestas.

Os seguintes passos foram percorridos:

1- Criou-se uma coluna Rep-Bloc (coluna K do arquivo), visando codificar os blocos com diferentes números através das repetições (Figura 1A).

2- Criou-se uma coluna Germ (coluna L do arquivo), codificado a partir da coluna F. Nessa coluna, as testemunhas estão com os códigos dos clones (Figura 1A).

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L
1	Parcela (-)	Repetição (-)	Bloco	Tratamento	Número progênie	Descricao especie ( )	DB	CAP	Zero	Bloc	Rep-Bloc	Germ
2	1	1	2	14	372	E. grandis	461	13.3	0	02	102	GR
3	3	1	2	129	421	E. urophylla	422.5	23	0	02	102	UR
4	4	1	2	3	381	E. grandis	450	15.5	0	02	102	GR
5	5	1	2	20	309	E. grandis	439	19.7	0	02	102	GR
6	6	1	2	32	339	E. grandis	444.5	20.7	0	02	102	GR
7	7	1	2	107	273	E. urophylla	444.5	23.3	0	02	102	UR
8	8	1	2	124	268	E. urophylla	428	26.1	0	02	102	UR
9	9	1	2	137	255	E. urograndis	428	25.6	0	02	102	UG
10	185	1	1	195	3918	Testemunha	455.5	30.2	0	01	101	3918
11	11	1	2	64	417	E. urophylla	439	32.2	0	02	102	UR

Figura 1A. Arquivo original

3- A partir desse arquivo foram criados três arquivos .txt para análises. Isto foi necessário porque havia três populações distintas. Porém, todas as três análises usaram o conjunto completo de dados.

4- Análise do *E. grandis*: progênie de meios-irmãos, modelo 1. O arquivo de dados foi assim montado, conforme o arquivo original. Para montar esse arquivo, na coluna Trat, todas as famílias puras de *E. urophylla* e híbridas de *E. urograndis* foram reunidas em um só código para cada uma, ou seja, UG e UR (Figura 2A). Isso visou anular os efeitos dessas famílias pertencentes a diferentes populações, na predição para as famílias de GR. Dessa forma, esses

dois códigos UG e UR saem com o valor zero na predição dos efeitos aleatórios da coluna Trat. Mas saem como a média das populações UG e UR na estimação dos efeitos fixos na coluna Germ.

	A	B	C	D	E	F	G
1	Parcela (-)	Tratamento	Germ	Rep-Bloc	Planta	DB	CAP
2	1	14	GR	102	1	461	13.3
3	3	UR	UR	102	3	422.5	23
4	4	3	GR	102	4	450	15.5
5	5	20	GR	102	5	439	19.7
6	6	32	GR	102	6	444.5	20.7
7	7	UR	UR	102	7	444.5	23.3
8	8	UR	UR	102	8	428	26.1
9	9	UG	UG	102	9	428	25.6
10	185	195	3918	101	185	455.5	30.2

Figura 2A. Modelo do arquivo para análise de *E. grandis*

5- Análise do *E. urophylla*: progênies de meios-irmãos, modelo 1. O arquivo foi montado de maneira semelhante ao anterior, porém, na coluna Trat todas as famílias puras de *E. grandis* e híbridas de *E. urograndis* foram reunidas em um só código para cada uma, ou seja, GR e UG.

6- Análise do *E. urograndis*: progênies de irmãos completos, modelo 147. O arquivo foi montado de maneira semelhante ao anterior, porém, na coluna Trat todas as famílias puras de *E. grandis* e *E. urophylla* foram reunidas em um só código para cada espécie, ou seja, GR e UR.

Assim, todos os dados do experimento foram utilizados, aproveitando adequadamente o delineamento experimental e sem confundir ou misturar famílias de meios-irmãos com famílias de irmãos germanos.

7- Os arquivos úteis de resultados são .res (parâmetros genéticos, valores genéticos, etc), .efe (efeitos fixos, etc) e .fam (acurácias na seleção de famílias, etc). No arquivo.efe, o interesse reside nas estimativas das médias das populações UG, GR, UR e dos clones testemunhas. Estas médias é que foram

usadas na obtenção do valor genotípico. Não deve ser usada a média geral que sai no arquivo.res. Também a h2mp e Acprog do arquivo.res não deve ser usada.

8- Os valores genotípicos a serem usados para a seleção em cada uma das três populações foram tomados de cada um dos respectivos arquivos.

Tabela 1A Estimativas das variâncias fenotípicas entre médias de progênes ( $\sigma_p^2$ ) e dentro ( $\sigma_d^2$ ), para circunferência à altura do peito (CAP, cm), densidade básica da madeira (DB, kg m<sup>-3</sup>) e somatório de Z (Z), em progênes de meios-irmãos de *E. grandis* (G) e *E. urophylla* (U), e progênes de irmãos germanos (UG) entre essas duas espécies, em Aracruz, ES

Progênes	CAP					
	$\sigma_p^2$	LI <sup>1/</sup>	LS <sup>1/</sup>	$\sigma_d^2$	LI	LS
G	5,852	4,225	8,642	31,854	23,002	47,045
U	5,188	3,798	7,514	31,477	23,044	45,588
UG	6,388	4,613	9,435	27,262	19,686	40,262
Progênes	DB					
	$\sigma_p^2$	LI	LS	$\sigma_d^2$	LI	LS
G	74,945	54,118	110,686	436,861	315,455	645,195
U	85,633	62,690	124,022	401,115	293,650	580,936
UG	101,083	72,992	149,289	302,418	218,375	446,637
Progênes	Z					
	$\sigma_p^2$	LI	LS	$\sigma_d^2$	LI	LS
G	0,115	0,083	0,169	0,745	0,538	1,101
U	0,164	0,120	0,238	0,929	0,680	1,345
UG	0,182	0,132	0,269	0,770	0,556	1,138

<sup>1/</sup> LI e LS – limites inferiores e superiores dos intervalos de confiança, a 5% de probabilidade.

Tabela 2A Estimativas das variâncias fenotípicas entre médias de progênies ( $\sigma_p^2$ ) e dentro ( $\sigma_d^2$ ), para circunferência à altura do peito (CAP, cm), densidade básica da madeira (DB, kg m<sup>-3</sup>) e somatório de Z (Z), em progênies de meios-irmãos de *E. grandis* (G) e *E. urophylla* (U), e progênies de irmãos germanos (UG) entre essas duas espécies, em São Mateus, ES

Progênies	CAP					
	$\sigma_p^2$	LI	LS	$\sigma_d^2$	LI	LS
G	10,265	7,413	15,161	63,271	45,688	93,444
U	10,044	7,353	14,547	77,598	56,809	112,386
UG	11,387	8,222	16,817	65,337	47,179	96,495
Progênies	DB					
	$\sigma_p^2$	LI	LS	$\sigma_d^2$	LI	LS
G	74,016	53,446	109,313	491,922	355,215	726,514
U	89,980	65,873	130,318	476,502	348,840	690,120
UG	94,503	68,240	139,570	316,194	228,322	466,982
Progênies	Z					
	$\sigma_p^2$	LI	LS	$\sigma_d^2$	LI	LS
G	0,139	0,100	0,205	0,808	0,584	1,194
U	0,190	0,139	0,275	1,112	0,814	1,611
UG	0,165	0,119	0,243	0,839	0,606	1,240

<sup>IV</sup> LI e LS – limites inferiores e superiores dos intervalos de confiança, a 5% de probabilidade.

Tabela 3A Estimativas das variâncias fenotípicas entre médias de progênies ( $\sigma_p^2$ ) e dentro ( $\sigma_d^2$ ), para circunferência à altura do peito (CAP, cm), densidade básica da madeira (DB, kg m<sup>-3</sup>) e somatório de Z (Z), em progênies de meios-irmãos de *E. grandis* (G) e *E. urophylla* (U), e progênies de irmãos germanos (UG) entre essas duas espécies, em Caravelas, BA

Progênies	CAP					
	$\sigma_p^2$	LI	LS	$\sigma_d^2$	LI	LS
G	8,750	6,319	12,923	54,975	39,697	81,192
U	9,201	6,736	13,326	57,876	42,370	83,822
UG	9,690	6,997	14,311	52,105	37,625	76,953
Progênies	DB					
	$\sigma_p^2$	LI	LS	$\sigma_d^2$	LI	LS
G	123,008	88,824	181,669	860,545	621,395	1270,928
U	106,484	77,955	154,221	619,218	453,321	896,817
UG	172,955	124,890	255,435	469,979	339,369	694,106
Progênies	Z					
	$\sigma_p^2$	LI	LS	$\sigma_d^2$	LI	LS
G	0,113	0,081	0,166	0,783	0,565	1,156
U	0,163	0,119	0,235	0,988	0,723	1,431
UG	0,182	0,131	0,269	0,864	0,624	1,277

<sup>IV</sup> LI e LS – limites inferiores e superiores dos intervalos de confiança, a 5% de probabilidade.

Tabela 4A Resumo das análises de variância para a circunferência à altura do peito (CAP, cm), densidade básica da madeira (DB, kg m<sup>-3</sup>) e somatório de Z (Z), obtidas na avaliação de clones de *Eucalyptus*, aos dois anos de idade, em Aracruz, ES

FV	GL	CAP		DB		Z	
		QM	P	QM	P	QM	P
Repetições	29	434,85	0,00	78287,10	0,00	0,26	1,00
Clones	307	194,98	0,00	9167,82	0,00	20,88	0,00
Origens	2	200,62	0,00	56177,57	0,00	52,10	0,00
AR <sup>1/</sup>	96	208,66	0,00	9604,31	0,00	23,28	0,00
CA <sup>1/</sup>	70	163,81	0,00	7375,37	0,00	21,11	0,00
SM <sup>1/</sup>	139	202,96	0,00	9172,61	0,00	18,66	0,00
Erro	7583	8,77		322,96		1,17	
CV (%)		7,78		4,13		13,53	
Acurácia (%)		98		96		95	
Média clones		38,06		435,21		8,00	
Média AR		38,09		434,43		7,99	
Média CA		37,95		428,81		7,74	
Média SM		37,57		438,64		8,03	

<sup>1/</sup> AR – clones selecionados em Aracruz, ES; CA – clones selecionados em Caravelas - BA e SM – clones selecionados em São Mateus, ES

Tabela 5A Resumo das análises de variância para a circunferência à altura do peito (CAP, cm), densidade básica da madeira (DB, kg m<sup>-3</sup>) e somatório de Z (Z), obtidas na avaliação de clones de *Eucalyptus*, aos dois anos de idade, em Caravelas, BA

FV	GL	CAP		DB		Z	
		QM	P	QM	P	QM	P
Repetições	29	449,41	0,00	78767,10	0,00	0,11	1,00
Clones	273	358,40	0,00	9721,86	0,00	17,81	0,00
Origens	2	896,77	0,00	36543,57	0,00	13,11	0,00
AR	83	331,43	0,00	10326,00	0,00	24,65	0,00
CA	63	348,00	0,00	7345,94	0,00	16,16	0,00
SM	125	375,77	0,00	10110,00	0,00	14,28	0,00
Erro	6972	19,54		363,73		1,15	
CV (%)		12,52		4,40		13,42	
Acurácia (%)		97		98		94	
Média clones		35,30		433,30		8,00	
Média AR		34,36		434,64		7,88	
Média CA		35,72		428,21		7,87	
Média SM		34,71		436,35		8,00	

<sup>1/</sup> AR – clones selecionados em Aracruz, ES; CA – clones selecionados em Caravelas, BA e SM – clones selecionados em São Mateus, ES