



**UNIVERSIDADE FEDERAL DE MATO GROSSO**  
**FACULDADE DE ENGENHARIA FLORESTAL**  
Programa de Pós-Graduação em Ciências Florestais e Ambientais

**ANÁLISE UNIVARIADA E MULTIVARIADA EM**  
**PROGÊNIES DE *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh EM**  
**MATO GROSSO**

JEANE CABRAL DA SILVA

CUIABÁ – MT  
2014

JEANE CABRAL DA SILVA

**ANÁLISE UNIVARIADA E MULTIVARIADA EM PROGÊNIES  
DE *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh EM MATO GROSSO**

Orientador: Prof. Dr. Reginaldo Brito da Costa

Dissertação apresentada à Faculdade de Engenharia Florestal da Universidade Federal de Mato Grosso, como parte das exigências do Curso de Pós-Graduação em Ciências Florestais e Ambientais, para a obtenção do título de mestre.

CUIABÁ – MT  
2014

### Dados Internacionais de Catalogação na Fonte.

S586a Silva, Jeane Cabral da.  
Análise Univariada e Multivariada em Progenies de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh em Mato Grosso / Jeane Cabral da Silva. --  
2014  
79 f. : il. ; 30 cm.

Orientador: Prof. Dr. Reginaldo Brito da Costa.  
Co-orientador: Prof. Dr. Diego Tyszka Martinez.  
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Mato Grosso,  
Faculdade de Engenharia Florestal, Programa de Pós-Graduação  
em Ciências Florestais e Ambientais, Cuiabá, 2014.  
Inclui bibliografia.

1. Parâmetros genéticos. 2. Métodos de seleção. 3.  
Agrupamentos. I. Título.

Ficha catalográfica elaborada automaticamente de acordo com os dados fornecidos pelo(a)  
autor(a).

**Permitida a reprodução parcial ou total, desde que citada a fonte.**



**FACULDADE DE ENGENHARIA FLORESTAL**  
**Programa de Pós-graduação em Ciências Florestais e Ambientais**

**CERTIFICADO DE APROVAÇÃO**

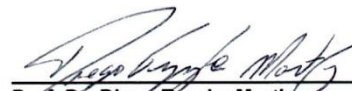
**Título: "Análise univariada e multivariada em progênies de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh em Mato Grosso."**


**Autora: Jeane Cabral da Silva**


**Orientador: Reginaldo Brito da Costa**

Aprovada em 25 de fevereiro de 2014.

Comissão Examinadora:

  
\_\_\_\_\_  
**Prof. Dr. Diego Tyszka Martinez**  
UFMT

  
\_\_\_\_\_  
**Prof. Dr. José Franklim Chichorro**  
UFES

  
\_\_\_\_\_  
**Prof. Dr. Reginaldo Brito da Costa**  
UFMT (Orientador)

## **AGRADECIMENTOS**

Agradeço primeiramente a DEUS por ter me dado força, dedicação e paciência para chegar até aqui.

Ao meu Orientador Reginaldo Brito da Costa, por ter acreditado em mim, pelos ensinamentos transmitidos, sua confiança, dedicação, paciência e a oportunidade de crescimento.

Ao meu Co-orientador Prof. Dr. Diego Tyszka Martinez, pelos ensinamentos transmitidos, dedicação, disposição e paciência para tirar as minhas dúvidas.

Ao Prof. Dr. Alberto Durval e a Msc. Soely Ovidio de Miranda pelas suas valiosas sugestões e considerações para enriquecimento da minha pesquisa.

Ao Prof. Msc. Oacy Eurico de Oliveira do Instituto Federal de Mato Grosso – IFMT (Campus São Vicente) pela disponibilidade do alojamento e alimentação para a coleta dos dados.

A minha equipe de coleta de campo: Gislaine, Daniel, Maisa e Manuella pela dedicação e paciência.

Aos colegas e amigos do mestrado, principalmente Bruna Almeida, Bruna Maria, Bruna Ribeiro, Diana Martínez, Ivani Silva, Juliana Silva e Thaianny Souza, pela amizade, companheirismo e boas conversas.

À Universidade Federal de Mato Grosso e à Faculdade de Engenharia Florestal juntamente com os professores que contribuíram direta ou indiretamente para a obtenção deste título.

Ao Programa de Pós Graduação em Ciências Florestais e Ambientais pela oportunidade de realização deste trabalho.

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão de bolsa de pesquisa.

A toda a minha família pelo apoio, paciência e dedicação, aos meus queridos amigos que me apoiaram e compreenderam a minha ausência, principalmente Luciana Soares, Josinete Amaral, Nelsa Dias, Juliana Assis, Cleide Lima e Patrícia Perez.

Meu muitíssimo obrigado a todos que colaboraram para que essa pesquisa fosse concluída com êxito.

## SUMÁRIO

<b>RESUMO</b> .....	8
<b>ABSTRACT</b> .....	9
<b>1. INTRODUÇÃO GERAL</b> .....	11
<b>2. REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	13
2.1 <i>EUCALYPTUS CAMALDULENSIS</i> DEHNH.....	13
2.2 MELHORAMENTO GENÉTICO DAS ESPÉCIES.....	14
2.4 CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE OS CARACTERES.....	16
2.5 DIVERSIDADE GENÉTICA.....	18
2.3 PARÂMETROS GENÉTICOS.....	19
2.6 ANÁLISE UNIVARIADA.....	21
2.7 ANÁLISES MULTIVARIADAS.....	22
<b>3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	24
<b>CAPÍTULO I - ANÁLISE UNIVARIADA EM PROGÊNIES DE <i>Eucalyptus camaldulensis</i> Dehnh</b> .....	30
RESUMO.....	31
ABSTRACT.....	32
UNIVARIATE ANALYSIS IN PROGENIES OF <i>Eucalyptus camaldulensis</i> Dehnh.....	32
1. INTRODUÇÃO.....	33
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	36
2.1. CARACTERIZAÇÃO DO EXPERIMENTO.....	36
2.2. ANÁLISE UNIVARIADA.....	37
2.2.1 SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS.....	39
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	41
3.1 ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS GENÉTICOS.....	41
4. CONCLUSÕES.....	54
3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	55
<b>CAPÍTULO II</b> .....	60
<b>ANÁLISE MULTIVARIADA EM PROGÊNIES DE <i>Eucalyptus Camaldulensis</i> Dehnh</b> .....	60
RESUMO.....	61
ABSTRACT.....	62
MULTIVARIATE ANALYSIS IN PROGENIES OF <i>Eucalyptus camaldulensis</i> Dehnh.....	62
1. INTRODUÇÃO.....	63
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	66
2.1. CARACTERIZAÇÃO DO EXPERIMENTO.....	66
2.2 ANÁLISE MULTIVARIADA.....	67
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	69
4. CONCLUSÕES.....	75
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	76

## LISTA DE TABELAS

CAPITULO I - ANÁLISE UNIVARIADA EM PROGÊNIES DE *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh pg.

TABELA 1 – DESCRIÇÃO DA FORMA DE FUSTE DAS ÁRVORES .....37

TABELA 2 – CLASSIFICAÇÃO DOS PARÂMETROS GENÉTICOS .....38

TABELA 3 – ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA OS CARACTERES EM CRESCIMENTO DE PROGÊNIES DE *Eucalyptus camaldulensis* EM SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT, 2012 .....41

TABELA 4 – VALORES GENÉTICOS ADITIVOS, GANHOS GENÉTICOS PREDITIVOS, NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO SELECIONADA E TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL DOS 20 MELHORES INDIVÍDUOS SELECIONADOS DE *Eucalyptus camaldulensis* PARA O DAP (CM) EM SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER - MT, 2012 .....44

TABELA 5 – VALORES GENÉTICOS ADITIVOS, GANHOS GENÉTICOS PREDITOS, NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO SELECIONADA E TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL DOS 20 MELHORES INDIVÍDUOS SELECIONADOS DE *Eucalyptus camaldulensis* PARA ALTT (m) EM SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT, 2012 .....46

TABELA 6 – VALORES GENÉTICOS ADITIVOS, GANHOS GENÉTICOS PREDITIVOS, NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO SELECIONADA E TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL DOS 20 MELHORES INDIVÍDUOS SELECIONADOS DE *Eucalyptus camaldulensis* PARA ALTTTC(m) EM SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER- MT, 2012.....47

TABELA 7 – VALORES GENÉTICOS ADITIVOS, GANHOS GENÉTICOS PREDITOS, NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO SELECIONADA E TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL DOS 20 MELHORES INDIVÍDUOS SELECIONADOS DE *Eucalyptus camaldulensis* PARA FF EM SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT, 2012 .....48

TABELA 8 – VALORES GENÉTICOS ADITIVOS, GANHOS GENÉTICOS PREDITOS, NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO SELECIONADA E TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL DOS 20 MELHORES INDIVÍDUOS SELECIONADOS DE *Eucalyptus camaldulensis* PARA SOB EM SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT, 2012 .....49

TABELA 9 – ESTIMATIVAS DE GANHO DIRETO E INDIRETO, SELEÇÃO (GS) E SELEÇÃO EM PORCENTAGEM (GS%) PELA SELEÇÃO INDIVIDUAL E A SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE PROGÊNIES DE *Eucalyptus camaldulensis* EM SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT, 2012 .....50

TABELA 10 – ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS DE 132 PROGÊNIES DE *Eucalyptus camaldulensis* EM SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT, 2012 .....51

TABELA 11 – EFEITOS ADITIVOS ( $\hat{A}$ ), VALORES GENÉTICOS ADITIVOS PREDITIVOS ( $U+\hat{A}$ ), EFEITOS GENOTÍPICOS ( $g$ ), VALORES GENOTÍPICOS PREDITIVOS ( $u + g$ ) PARA O DAP EM PROGÊNIES DE *Eucalyptus camaldulensis* EM SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT, 2012 .....52

CAPITULO II - ANÁLISE MULTIVARIADA EM PROGÊNIES DE *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh

TABELA 1 - DESCRIÇÃO DA FORMA DE FUSTE DAS ÁRVORES .....67

TABELA 2 – RESULTADOS DA ANÁLISE DE DEVIANCE E  $\chi^2$  PARA OS CARACTERES DIÂMETRO ALTURA DO PEITO (DAP), ALTURA TOTAL (ALTT), ALTURA COMERCIAL (ALTC) E FORMA DE FUSTE (FF), DE *Eucalyptus camaldulensis* EM SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT, 2012 .....69

TABELA 3 - ESTIMATIVAS DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE 132 PROGÊNIES DE *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh PELO MÉTODO TOCHER, ATRAVÉS DA DISTÂNCIA DE MAHALANOBIS EM SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT, 2012.....70

TABELA 4 - ESTIMATIVA DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE 132 PROGÊNIES DE *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh PELO MÉTODO TOCHER, ATRAVÉS DA DISTÂNCIA EUCLIDIANA MÉDIA, EM SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT, 2012.....72



## RESUMO

SILVA, JEANE CABRAL. **Análise Univariada e Multivariada em Progênes de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh em Mato Grosso**. 2014. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais e Ambientais) – Universidade Federal de Mato Grosso, Cuiabá – MT. Orientador: Prof. Dr. Reginaldo Brito da Costa.

O *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh destaca-se entre as espécies do seu gênero, devido a sua ampla plasticidade e seus multiprodutos. O sucesso de um programa de melhoramento genético depende do germoplasma disponível, fatores ambientais e metodologias de seleção. O presente estudo objetivou avaliar a variabilidade e diversidade genética de 132 progênes de *Eucalyptus camaldulensis* utilizando os métodos univariado e multivariado, instalados na região de Santo Antônio do Leverger – MT, localizado na Serra de São Vicente. Dessa forma, utilizaram-se metodologias para avaliar a variabilidade genética através dos parâmetros genéticos e as técnicas de agrupamentos. O trabalho foi dividido em dois capítulos. No primeiro utilizou-se análise univariada para avaliar os parâmetros genéticos e os ganhos com a seleção. Os resultados indicaram variabilidade genética para os caracteres analisados, especialmente para o caráter DAP. Os maiores ganhos genéticos foram encontrados através da seleção individual, quando comparados à seleção entre e dentro. Assim, esses resultados são importantes na sequência do programa de melhoramento da espécie na área de abrangência do estudo, no Estado de Mato Grosso. No segundo capítulo utilizou-se a análise multivariada para determinar a divergência genética entre as progênes pelo método de agrupamentos Tocher, através das distâncias de Mahalanobis e a Euclidiana. Os resultados mostraram-se eficazes para a alocação das progênes em grupos divergentes, bem como para a classificação das progênes selecionadas, facilitando as estratégias de melhoramento genético da espécie.

**Palavras-chave:** Parâmetros genéticos, métodos de seleção, agrupamentos.

## ABSTRACT

SILVA, JEANE CABRAL. **Univariate and Multivariate analysis for *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh in Mato Grosso.** 2014. Dissertation (Master's degree in Forestry and Environmental Sciences) – Federal University of Mato Grosso, Cuiabá - MT. Adviser Prof. Dr. Reginaldo Brito da Costa.

The *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh stands out between the species of the genus, due to the wide plasticity and their multi-products. The success of the genetic improvement program depends of the available germplasm, environmental factors and methodologies selection. The present study was estimate to evaluate the genetic variability and diversity to 132 progenies of *Eucalyptus camaldulensis* using analyze the univariate and multivariate methods, installed in the Santo Antônio de Leverger region - Mt, located in the Serra de São Vicente. Such a way were used methodologies to assess genetic variability through genetic parameters and a grouping techniques. The work was divided into chapters. In the first chapter were used the analysis univariate to evaluate the genetic parameters and the gains with the selection. The results indicated genetic variability for the analyzed characters in particular to DAP. The higher genetic gains were found through the individual selection when compared among the selection between and within. So, these results are important for the sequence of the improvement of the specie in the studies amount area in Mato Grosso State. In the second chapter were used the multivariate analysis for determining the genetic divergence between progenies for a groups methodologies, through the distances Mahalanobis and the Euclidiana. The results proved more effective for the progenies allocation in various groups, just as well for the select progenies classification, facilitates the strategies of the genetic improvemnet of the specie.

**Key-words:** Genetic parameters, selection methodologies, groups.

## 1. INTRODUÇÃO GERAL

As florestas plantadas com o gênero *Eucalyptus* têm ganhado posição de destaque no setor florestal brasileiro, principalmente com o auxílio do melhoramento genético, visando maximizar os ganhos na orientação de estratégias de melhoramento da espécie.

O gênero *Eucalyptus* devido a sua importância econômica é plantado em quase todo o território nacional, pelo fato da espécie ter uma grande diversidade e boa adaptabilidade a vários tipos de ambiente (MARTINS et al., 2002). Entre as espécies do gênero o *Eucalyptus camaldulensis* se destaca, devido a sua ampla plasticidade e seus múltiplos produtos.

O programa de melhoramento genético do eucalipto tem como finalidade o desenvolvimento de genótipos superiores, capazes de obterem ganhos nas próximas gerações, e com aplicação de métodos de seleção nos testes de progênies, tem tornado possível a identificação de indivíduos superiores, com ampla base genética, ao longo de vários ciclos de seleção (SANTOS, 2012).

Diante disso, existem várias técnicas de seleção para o melhoramento genético de espécies florestais, normalmente as mais utilizadas são as análises univariada e multivariada. Com possibilidade de predição de ganhos, através da genética quantitativa, contribuindo a domesticações de culturas de uma forma geral (MARTINS et al., 2005).

As culturas perenes possuem vários aspectos biológicos, tais como a sobreposição de gerações, longo ciclo reprodutivo, reprodução sexuada e assexuada e expressão dos caracteres ao longo das várias idades (RESENDE, 2002). Logo, a aplicação de metodologias eficientes durante o processo seletivo é de extrema importância para o melhoramento de espécies florestais.

Nesse sentido, as análises univariada e multivariada são considerados procedimentos importantes para o programa de melhoramento genético de *Eucalyptus camaldulensis*.

O presente estudo objetivou avaliar a variabilidade e diversidade genética por meio de caracteres quantitativos de 132 progênies de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh em Mato Grosso utilizando métodos univariado e multivariado.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh

O plantio de *Eucalyptus* iniciou-se no Brasil para fins produtivos em 1904, pelo Engenheiro Agrônomo Edmundo Navarro de Andrade, que implantou uma coleção de espécies e variedades do gênero, iniciando um reflorestamento experimental com o objetivo de produção de lenha e dormentes para a Companhia Paulista de Estradas de Ferro, este material representa o mais completo banco de germoplasma do gênero no Brasil, localizado na Floresta Estadual Edmundo de Andrade (EFENA) na cidade de Rio Claro, São Paulo (MARTINI, 2004).

As florestas plantadas com o gênero *Eucalyptus* merecem destaque no setor florestal brasileiro, em função da sua silvicultura ter conseguido um alto nível de desenvolvimento tecnológico, destacando-se o melhoramento genético, pois proporcionam ganhos de grande magnitude, principalmente na produtividade volumétrica (CAIXETA et al., 2003).

As principais espécies plantadas atualmente no Brasil são o *Eucalyptus camaldulensis*, *Eucalyptus grandis*, *Eucalyptus saligna* e o *Eucalyptus urophylla*, entre outras (GUIA DO EUCALIPTO, 2008), bem como alguns híbridos com alta produtividade.

No Brasil pode ser plantado desde o Rio Grande do Sul até a Amazônia em praticamente quase todo o território nacional, principalmente em regiões de clima tropical, utilizando sementes de procedências adequadas (FERREIRA e SILVA, 2004).

A espécie do gênero que possui uma ampla distribuição natural na Austrália continental é o *Eucalyptus camaldulensis*, sendo encontrada praticamente em todo o território australiano, considerada uma espécie endêmica (NIETO e RODRIGUEZ, 2003), pertence à família Myrtaceae, apresentando cerca de 600 espécies, muitas variedades e híbridos (NIETO e RODRIGUEZ, 2003).

É uma espécie de rápido crescimento, normalmente apresenta forma de fuste reta, podendo atingir de 25 a 30 m de altura e copa densa, apresentando no sistema radicular a presença de lignotubérculos, o que explica sua resistência a seca e ao frio, chegando a suportar uma temperatura mínima de  $-6,7^{\circ}\text{C}$  e máxima de  $52,8^{\circ}\text{C}$ , caracteriza-se pela a grande resistência ao vento e do ponto de vista ornamental é excelente, sobretudo a variedade pendula (NIETO e RODRIGUEZ, 2003).

As principais características edafoclimáticas da espécie são: capacidade de desenvolver-se bem em solos relativamente pobres, resistência a longos períodos de seca, tolerância a períodos chuvosos, alguma resistência à geada, a madeira produzida é mais dura, pesada e escura quando comparada às espécies *E. grandis* e *E. globulus* (MARTINS et al., 2002).

Por isso cresce o interesse pela utilização do *E. camaldulensis* para fins de melhoramento genético, pois objetiva introduzirem-se as características de interesse da espécie em seus híbridos e, na sequência, assegurar-se em seus clones (SILVA, 2010). Com isso tem-se levado a demanda de estudos para caracterizar e conservar a espécie, como pode ser constatado por: Paula et al. (2002); Moraes et al. (2007); Alves et al. (2009); Silva (2010) e Costa et al. (2012).

## 2.2 MELHORAMENTO GENÉTICO DAS ESPÉCIES

O melhoramento genético de espécies florestais vem complementar a ação do manejo florestal, gerando povoamentos mais produtivos e adaptados a diferentes regiões. Neste contexto, a seleção de fenótipos superiores é uma prática importante que se deseja em uma população melhorada (MARTINS et al., 2005).

A partir de 1950, surge os primeiros trabalhos desenvolvidos com o melhoramento das primeiras espécies em pequena e depois em

média e larga escala, por isso, o melhoramento genético é uma ciência relativamente nova, foram provavelmente *Pinus elliottii* e *Pinus taeda* nos Estados Unidos, e *Acacia mearnsii* na África do Sul. No Brasil, o melhoramento genético começou a partir de 1967, com a implantação da lei dos incentivos fiscais ao reflorestamento, o que colaborou muito para a silvicultura intensiva no país (RESENDE e FERNANDES, 1999).

O êxito de um programa de melhoramento genético de espécies florestais depende quase que exclusivamente de informação do produto final de interesse, do germoplasma disponível para aquisição de tais produtos, informação dos fatores ambientais que interferem na expressão fenotípica, metodologias de seleção e melhoramento, destacando-se o emprego eficiente das técnicas de genética quantitativa (RESENDE, 2002).

O plantio de espécies florestais para satisfazer as exigências de mercado deve considerar, além do desenvolvimento de novas técnicas de manejo, os aspectos genéticos, em função das interações de seus genótipos com o ambiente (MARTINS et al., 2005). Portanto, trata-se de um instrumento fundamental a seleção de genótipos superiores no melhoramento genético de espécies florestais para obter florestas mais produtivas e adaptadas a diferentes regiões (ROSADO et al., 2009).

Na condução de um programa de melhoramento genético, em sua avaliação é comum ter vários caracteres, cujo objetivo é praticar a seleção em alguns caracteres, simultaneamente, com isso o genótipo escolhido deve reunir simultaneamente um conjunto de atributos favoráveis e capazes de satisfazer as exigências do produtor ou consumidor (SILVA e VIANA, 2012).

De maneira geral, as populações de melhoramento genético são normalmente estruturadas em famílias, sendo avaliadas em testes de progênies com informação dentro da parcela e da sua procedência, podendo ser de polinização controlada ou aberta (FREITAS et al., 2009).

A literatura reporta diversos trabalhos de melhoramento genético de espécies florestais com inúmeras publicações, tais como a aroeira (FREITAS et al., 2005), eucalipto (SANTOS et al., 2006), açai (OLIVEIRA et al., 2007), ipê amarelo (COSTA et al., 2007), baru

(ROCHA et al., 2009), pequi (GIORDANI et al., 2012) e macaúba (MANFIO et al., 2012), entre outros.

Contudo, o melhoramento genético ainda carece de estudos para a grande maioria das espécies das florestas nativas, principalmente aquelas sem interesse comercial aparente ou em regiões específicas onde as espécies têm baixa produtividade.

Dessa forma, são crescentes os esforços no sentido de estabelecer florestas de usos múltiplos, voltados principalmente para atender à necessidade de madeira nos mercados nacional e internacional, utilizada para energia, celulose, serraria e outros fins, em substituição às madeiras nativas (MARTINS et al., 2005).

O gênero *Eucalyptus* apresenta, entre outras características, alta produtividade, idade reduzida de corte, homogeneidade de matéria-prima e custo competitivo da madeira, além da possibilidade de usos múltiplos do povoamento e a obtenção de multiprodutos da madeira (SOUZA et al., 2011).

Entre as muitas espécies do gênero cultivadas no Brasil, destaca-se o sucesso dos plantios de *Eucalyptus camaldulensis* atribuído a sua produção de madeira em relação a outras espécies em condições ambientais adversas, por isso vem crescendo o interesse para o melhoramento genético.

## 2.4 CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE OS CARACTERES

A correlação genética mede o grau de associação entre as características, interfere ou participa da seleção, sendo causado por efeitos pleitrópicos dos genes ou por falta de equilíbrio de ligação (VENCOVSKY 1978), por isso utilizada na orientação da estratégia de melhoramento genético (RIBEIRO et al., 2001).



Seu conhecimento é importante porque demonstra como a seleção para um caráter influencia a expressão de outros caracteres. No programa de melhoramento, geralmente, além de visar o aprimoramento de um caráter principal, busca-se também manter ou melhorar a expressão de outros caracteres simultaneamente (LOPES et al., 2002).

As estimativas conseguidas pelas correlações genéticas aditivas ao nível de plantas individuais, embora apresentem modificações de local para local, proporcionam uma nítida tendência para uma maior correlação entre determinados caracteres e para a falta de correlação entre outros (KAGEYAMA e VENCOVSKY, 1983).

Os caracteres correlacionados são de grande importância no melhoramento genético por duas causas principais: a) A conexão com as causas genéticas, através da ação pleiotrópica dos genes; b) A conexão com as prováveis modificações ocorridas pela seleção, ou seja, ao melhorar um caráter ocorrerão mudanças simultâneas em outros caracteres correlacionados geneticamente com o primeiro (FALCONER, 1987).

Portanto, pode-se elevar a eficiência da seleção de um determinado caráter empregando a correlação de caracteres em um programa de melhoramento (DAROS et al., 2004). Com a seleção de um determinado caráter pode modificar a média de todos os outros com as quais é correlacionado geneticamente, ocasionando efeito indireto de seleção em tais caracteres (VILARINHO, 2001). Dessa forma, com o conhecimento da natureza e da magnitude das correlações entre caracteres de interesse, proporciona uma maior visibilidade ao melhorista na condução dos trabalhos nos testes implantados (FERREIRA et al., 2003).

Deste modo, quando os caracteres estão associados ao crescimento das árvores, mostram normalmente correlações genéticas aditivas entre elas, de alta magnitude, indicando o reflexo desse caráter sobre o outro, quando se pratica a seleção para um deles (ZIMBACK et al., 2011).

## 2.5 DIVERSIDADE GENÉTICA

Em um programa de melhoramento, o estudo da diversidade genética por meio de análises biométricas é de grande importância para a definição da estratégia de melhoramento genético.

A divergência genética é o processo em que duas ou mais populações de uma espécie acumulam alterações genéticas independentes ao longo do tempo, ocorrendo em situações que se tornaram isoladas e reproduziram-se por período de tempo considerável (SINGH e SOFI, 2012).

O estudo da divergência genética possibilita aos melhoristas a utilização de genitores superiores detectados na população, a serem utilizados em cruzamentos (MARTINS et al., 2002) nas próximas gerações.

O estabelecimento de estratégias eficientes no melhoramento deve estar sujeito basicamente ao conhecimento precedente dos mecanismos genéticos, que são responsáveis pela herança do caráter que se deseja melhorar, tais como as ações e efeitos gênicos, o número de genes que controlam a repetibilidade, herdabilidade e associações genéticas com outros caracteres (RESENDE, 2002).

A diversidade genética é de grande relevância para o melhoramento genético, pois quando adequadamente analisada, pode diminuir o risco da cultura a doenças e, ao mesmo tempo pode acelerar o processo genético para determinados caracteres (CUI et al., 2001).

Existem vários métodos preditivos que podem ser utilizados no estudo da divergência genética, entre eles a análise multivariada, por meio das medidas de dissimilaridade envolvendo a distância Euclidiana e a distância de Mahalanobis, entre outros (CRUZ et al., 2004).

A distância Euclidiana é empregada para caracterizar os germoplasmas mantidos em coleções, em que o banco de dados não possuem repetições. A distância de Mahalanobis é

recomendada para dados originados de ensaios com delineamento experimental (CRUZ et al., 2004).

Logo, quanto mais divergentes forem os genitores, maior a possibilidade de ocorrer à variabilidade na população segregante, e obter uma maior possibilidade de reorganizar os alelos com novas combinações favoráveis (MANFIO et al., 2012).

Estudos sobre a diversidade genética vêm sendo largamente utilizados em programas de melhoramento genético apresentando informações importantes ao melhorista para seleção dos melhores indivíduos (LOPES, 2002; PAULA et al., 2002; ROCHA et al., 2007; ALVES et al., 2009).

### 2.3 PARÂMETROS GENÉTICOS

Os parâmetros genéticos consistem na dedução da estrutura genética, as quais variam para diferentes caracteres, idades e populações (DUDA, 2003). As variáveis que definem as características genéticas de uma população podem ser consideradas como um dos aspectos de grande relevância na genética quantitativa, explicando a variabilidade genotípica de uma característica de interesse (CRUZ, 2005).

No programa de melhoramento se utiliza, normalmente, os testes de progênies. Os testes são usados na estimação de parâmetros genéticos e seleção de indivíduos, principalmente em se tratando de espécies florestais (RESENDE, 2002).

As estimativas dos parâmetros genéticos permitem prever os ganhos originários de estratégias aplicadas no melhoramento genético e, dessa forma, obter informações importantes para a escolha do método de seleção apropriado à população em melhoramento (SANTOS, 2012), auxiliando no processo seletivo e na base teórica para dar suporte nas recomendações dos materiais genéticos que irão ser comercializadas (MAIA et al., 2009).

A estimação dos parâmetros genéticos, cuja finalidade seja conhecer a magnitude da variabilidade genética, em conjunto com a avaliação genética dos indivíduos que são fundamentais nas diversas etapas do programa de melhoramento com espécies perenes (MANFIO et al., 2012).

A obtenção dessas estimativas para as plantas perenes são ainda mais importantes do que nas plantas anuais, devido ao seu longo ciclo, assim, o melhorista pode decidir de forma mais consistente. Para tanto, é necessário que os experimentos estabelecidos em campo sejam bem delineados e conduzidos, a fim de se obter estimativas confiáveis (BISON, 2004).

Os parâmetros genéticos populacionais de grande relevância para o melhoramento florestal são a variância genotípica e os efeitos aditivos e não aditivos, a herdabilidade no sentido amplo e restrito, que se relacionam ao controle genético e o grau de facilidade ou dificuldade de melhorar certos caracteres, a interação genótipos x ambientes e as correlações genotípicas e fenotípicas entre as características (SANTOS, 2012).

O procedimento REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita/ Melhor Predição Linear não Viesada) tem sido empregado como uma ferramenta para estimar os parâmetros genéticos de interesse no melhoramento florestal de várias espécies, possibilitando estimativas de alta precisão, como nos trabalhos de Resende e Dias (2000), Sampaio et al. (2000), Farias Neto e Resende (2001), Rocha (2004), Farias Neto et al. (2008), Pedrozo et al. (2009), Atroch et al. (2011), Silva e Viana (2012) e Rosado et al. (2012), entre outros.

Diante disso, diversos métodos de seleção são utilizados em programas de melhoramento genético, destacando-se os métodos univariado e multivariado.

## 2.6 ANÁLISE UNIVARIADA

A utilização da análise univariada tem se constituído em estratégia eficiente para identificação dos genótipos superiores e são muito utilizada em programa de melhoramento genético no Brasil.

A identificação de genótipos superiores exige métodos de seleção adequados para explorar com eficiência o material genético acessível para análise, com isso tende a maximizar o ganho genético em relação às características de interesse (ODA et al., 2007), contribuindo assim para o progresso genético das espécies florestais, com a identificação dos melhores indivíduos dentro da população.

As populações melhoradas geneticamente para atenderem as exigências de produtividade do setor florestal devem ser constituídas de genótipos superiores desejados na população sob seleção (SAMPAIO et al., 2000).

Nos trabalhos de melhoramento, o método de seleção é um dos instrumentos de suma importância, para a obtenção de fenótipos superiores e recombinações de famílias e indivíduos superiores (MARTINS et al., 2006). Neste contexto, surge a necessidade de conhecer a estratégia de seleção, baseando-se em diferentes métodos, sendo que cada um possui características e propriedades peculiares (FREITAS et al., 2009).

A análise univariada é a maneira mais fácil e prática para obter ganhos com uma única característica por vez, consistindo em uma resposta a seleção com a modificação da média original de uma característica da população, em consequência da seleção praticada na própria característica (PAULA, 1997).

A seleção univariada por basear-se em apenas uma ou em poucas características pode ser em alguns casos, menos eficaz, em função da importância da avaliação e interpretação simultaneamente de um máximo possível de características envolvidas no sistema produtivo (MAÊDA et al., 2001).

Uma das críticas feita a esse tipo de seleção e na escolha do método, os indivíduos superiores de progênies intermediárias ou indivíduos intermediários de progênies superiores não são considerados (FREITAS et al., 2009). Este aspecto tem gerado dificuldades na obtenção das estimativas de divergência e, portanto, na seleção de indivíduos (OLIVEIRA et al., 2007). É possível que a informação de cada um dos caracteres se complemente e a análise do conjunto seja mais precisa do que nas análises univariadas (ALVES, 2002).

## 2.7 ANÁLISES MULTIVARIADAS

As técnicas multivariadas quantificam a diversidade genética existente nas espécies, identificando grupos similares ou dissimilares e, ainda, aperfeiçoando o uso dessa diversidade pela identificação dos caracteres, disponibilizando mais informações sobre a divergência genética (CRUZ et al., 2004).

A análise multivariada considera, simultaneamente, o comportamento dos indivíduos e de suas famílias (COSTA et al., 2000; MARTINS et al., 2005), com base em medidas genéticas (COSTA et al., 2000).

A aplicação da análise multivariada consiste em uma combinação das múltiplas informações inseridas na unidade experimental, de maneira que a seleção será baseada em um conjunto completo de variáveis importantes, que discriminam os materiais que são mais promissores (MAÊDA et al., 2001). Portanto, no método multivariado, a escolha é baseada no desempenho individual e no desempenho da progênie, em um único estágio. Dessa forma esse tipo de seleção disponibiliza mais informações e conseqüentemente, leva à melhores resultados que a seleção entre e dentro (MARTINS et al., 2005).

No melhoramento genético, o emprego de métodos de análises genéticas possibilita a identificação dos genitores divergentes à

hibridação, proporcionando uma divergência genética entre os acessos de bancos de germoplasma, entre outras finalidades (DIAS et al., 1994).

Esse tipo de análise tem sido aplicada para diversos propósitos, em grande número de espécies florestais, auxiliando os pesquisadores na redução de variáveis em um conjunto menor de dados. No sentido biológico, eliminam-se aqueles indivíduos que contribuem pouco para variação total.

A utilização de técnicas multivariadas para estimar a divergência genética tem sido empregada em vários trabalhos e em diversas culturas (OLIVEIRA et al., 2007; MANFIO et al., 2012; SILVA et al., 2012).

A escolha do método de seleção adequado está sujeito à intensidade, a observação dos ganhos genéticos preditos e a facilidade de aplicação de cada método (ROSADO et al., 2009).

### 3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALVES, P. F.; SILVA, J. M.; PAULA D. R.; MENDES, H. S. J.; SILVA, C. L. S. P.; MORAES, M. L. T.; FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M. Diversidade genética e sistema de reprodução em uma população base de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh procedente de Katharine river, Austrália. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 21, n. 2, p. 169-179, dez. 2009.

ALVES, R. M. **Caracterização genética de população de cupuazuceiro, *Theobroma grandiflorum* (Willd. Ex. Spreng.) Schum. por marcadores microssatélites e descritores botânico-agronômicos.** 2002. 146 f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luis de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba-SP.

ATROCH, A. L.; FILHO, F. J. N.; RESENDE, M. D. V.; LOPES, R.; CLEMENT, C. R. Predição de valores genéticos na fase juvenil de progênies de meios irmãos de guaranazeiro. **Revista Ciências Agrárias**, v. 54, n. 1, p. 71-77, jan/abr. 2011.

BISON, O. **Melhoramento de *Eucalyptus* visando à obtenção de clones para a indústria de celulose.** 2004. 169 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras-MG.

CAIXETA, R. P.; CARVALHO, D.; ROSADO, S. C. S.; TRUGILHO, P. F. Variações genéticas em populações de *Eucalyptus* spp. detectadas por meio de marcadores moleculares. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 27, n. 3, p. 357-363, 2003.

COSTA, R. B.; AZEVEDO, L. P. A.; MARTÍNEZ, D. T.; TSUKAMOTO FILHO, A. A.; FERNANDES, D. A.; OLIVEIRA, O. E.; RESENDE, M. D. V. Avaliação genética de *Eucalyptus camaldulensis* no Estado de Mato Grosso. **Revista Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 32, n. 70, p. 165-173, abr./jun. 2012.

COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; ARAÚJO, A. J.; GONÇALVES, P. S.; BORTOLETTO, N. Seleção combinada univariada e multivariada aplicada ao melhoramento genético da seringueira. **Revista Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 2, p. 381-388, 2000.

COSTA, R. B.; ROA, R. A. R.; XAVIER, T. M.; FLORES, H. C. G. Desenvolvimento inicial de progênies de ypê amarelo (*Tabebuia chrysotricha* (Mart. ex. A. DC.) Standl.) no município de Campo Grande, MS, Brasil. **Revista Ensaios e Ciências**, Campo Grande, v. 11, n. 2, p. 39-45, ago. 2007.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, O. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa: Imprensa Universitária, 2004. 480p.



CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2005. 394p.

CUI, Z.; THOMAS, E. C.; JUNIOR BURTON, J. W., WELLS, R. Phenotypic Diversity of Modern Chinese and North American Soybean Cultivars. **Published in Crop Sci**, v. 41, p. 1954–1967, 2001.

DAROS, M.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; PEREIRA, M. G.; SANTOS, F. S.; SCAPIM, C. A.; FREITAS JÚNIOR, S. P.; DAHER, R. F.; ÁVILA, M. R. Correlações entre caracteres agronômicos em dois ciclos de seleção recorrente em milho-pipoca. **Revista Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n.5, p.1389-1394, 2004.

DIAS, L. A. S. **Divergência genética e fenética multivariada na predição de híbridos e preservação de germoplasma de cacau** (*Theobroma cacao* L.). 1994. 94 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba–SP.

DUDA, L. L. **Seleção genética de árvores de *Pinus taeda* L. na região de Arapoti**. Paraná. 2003. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba–PR.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279 p.

FARIAS NETO, J. T.; RESENDE M. D. V. Aplicação da metodologia de modelos mistos (Reml/Blup) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes*). **Revista Brasileira Fruticultura**, Jaboticabal, v. 23, n. 2, p. 320-324, Agost. 2001.

FARIAS NETO, J. T.; RESENDE, M. D. V., OLIVEIRA, M. S. P., NOGUEIRA, O. L., FALCÃO, P. N. B., SANTOS, N. S. A. Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos de seleção em progênies de polinização aberta de açaizeiro. **Revista Brasileira Fruticultura**, Jaboticabal, v. 30, n. 4, p. 1051-1056, Dez. 2008.

FERREIRA, C. A.; SILVA, H. D.; **Comunicado Técnico 116**. Colombo, PR, Dezembro, 2004.

FERREIRA, M. A. J.; QUEIRÓZ, M. A.; BRAZ, L. T.; VENCOVSKY, R. Correlações genóticas, fenóticas e de ambiente entre dez caracteres de melancia e suas implicações para o melhoramento genético. **Revista Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 21, n. 3, 2003.

FREITAS, M. L. M.; AUKAR, A. P. A.; SEBBENN, A. M.; MORAES, M. L. T.; LEMOS, E. G. M. Variabilidade genética intrapopulacional em *Myracrodruon urundeuva* Fr.All. por marcador AFLP. **Revista Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 68, p. 21-28, 2005.

FREITAS, R. G.; VASCONCELOS, E. S.; CRUZ, C. D.; ROSADO, A. M.; ROCHAS, R. B.; TAKAMI, L. K. 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, v. 33, n. 2, p. 255-263, 2009.

GIORDANI, S. C. O.; FERNANDES, J. S. C.; TITON, M.; SANTANA, R. C. Parâmetros genéticos para caracteres de crescimento em pequiheiro em estágio precoce. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 43, n. 1, p. 146-153, jan/mar. 2012.

GUIA DO EUCALIPTO: **Oportunidade para o desenvolvimento sustentável**. Conselho de informações sobre a biotecnologia, Maio. 2008.

KAGEYAMA, P. Y.; VENCOVSKY, R. Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (hill) maiden . **Revista Instituto de Pesquisa e Estudos Florestais**, Piracicaba, n. 24, p. 9-26, ago.1983

LOPES, A. C.; VELLO, N. A.; PANDINI, F.; ROCHA, M.; TSUTSUMI, C.Y. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja. **Revista Scientia Agrícola**, Piracicaba, n. 59, p. 341-348, 2002.

MAÊDA, J. M., PIRES, I. E., BORGES, R. C. G.; CRUZ, C. D. Critérios de seleção uni e multivariados no melhoramento genético da *virola surinamensis* warb. **Revista Floresta e Ambiente**, Seropédica, v. 8, n. 1, p. 61 - 69, jan./dez. 2001.

MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D. V.; PAIVA, J. R.; CAVALCANTI, J. J. V.; BARROS, L. M. B. Seleção simultânea para a produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Revista Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 39, p. 43-50, 2009.

MANFIO, C. E.; MOTOIKE, S. Y.; RESENDE, M. D. V.; SANTOS, C. E. M.; SATO, A. Y. Avaliação de progênies de macaúba na fase juvenil e estimativas de parâmetros genéticos e diversidade genética. **Revista Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 32, n. 69, p. 63-68, jan/mar. 2012.

MARTINS, I. S.; PIRES, I. E.; OLIVEIRA, M. C. Divergência genética em progênies de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. **Revista Floresta e Ambiente**, Seropédica, v. 9, n. 1, p. 81-89, jan./dez. 2002.

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

MARTINS, I. S.; MARTINS, R. C. C.; PINHO, D. S. Alternativas de índices seleção em uma população de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Revista Cerne**, Lavras, v. 12, n. 3, p. 287-291, jul./set. 2006.

MARTINI, E. J. **O plantador de eucaliptos: a questão da preservação florestal no Brasil e o resgate documental do legado de Edmundo Navarro de Andrade**. 2004. 320f. Dissertação (Mestrado em História Social) - Faculdade de Filosofia, Letras e Ciências Humanas, Universidade de São Paulo, São Paulo-SP.

MORAES, M. A.; ZANATTO, A. C. S.; MORAES, E.; SEBBENN, A. M.; FREITAS, M. L. M. Variação genética para caracteres silviculturais em progênies de polinização aberta de *Eucalyptus camaldulensis* em Luiz Antônio - SP. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 19, n. 2, p. 113-118, dez. 2007.

NIETO, V. M.; RODRIGUEZ, J. *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. In: VOZZO, J.A. (Ed.). **Tropical tree seed manual**. Washington, D.C.: United States Department of Agriculture/Forest Service, 2003. p. 466-467.

ODA, S.; MELLO, E. J.; SILVA, J. F.; SOUZA, I. C. G. Melhoramento florestal. In: BORÉM, A. (Ed.). **Biotecnologia Florestal**. Viçosa: UFV, 2007. p.51-71.

OLIVEIRA, M. S. P.; FERREIRA, FERREIRA, D. F.; SANTOS, J. S. Divergência genética entre acessos de açazeiro fundamentada em descritores morfoagronômicos. **Revista Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 4, p. 501-506, abr. 2007.

PAULA, R. C. **Avaliação de diferentes critérios de seleção aplicados em melhoramento florestal**. Viçosa: UFV, 1997. 74 f. Tese (Doutorado em Ciência Florestal) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG.

PAULA, R. C.; Pires, I. E.; BORGES, R. C. G.; CRUZ, C. D. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Revista Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, p. 159-165, 2002.

PEDROZO, C. A.; BENITES, F. R. G.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. L. Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia Reml/Blup no melhoramento da cana-de-açúcar. **Revista Scientia Agrária**, Curitiba, v. 10, n. 1, p. 031-036, Jan./Feb, 2009.

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. p. 89-107, 1999.

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

RESENDE, M. D. V.; DIAS, L. A. S. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos aditivos e genotípicos em espécies frutíferas. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 22, n. 11, p. 44-52, 2000.

RIBEIRO, N.; MELLO, R. M.; DALLA, R. C.; SLUSZZ, T. Correlações genéticas de caracteres agromorfológicos e suas implicações na seleção de genótipos de feijão carioca. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 7, n. 2, p. 93-99, mai./ago. 2001.

ROCHA, M. G. B. **Predição de valores genéticos em progênes de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis* e de *Eucalyptus urophylla* utilizando o procedimento REML/BLUP**. 2004. 133 f. Tese (Doutorado em Ciência Florestal) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa–MG.

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

ROCHA, R. B.; ROCHA, M. G. B.; SANTANA, R. C.; VIEIRA, A. H. Estimação de parâmetros genéticos e seleção de procedência e famílias de *Diptera alata* Vogel (Baru) utilizando metodologia de REML/BLUP e E(QM). **Revista Cerne**, Lavras, v. 15, n. 3, p. 331-338, jul./set. 2009.

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

ROSADO, A. M.; ROSADO, T. B.; ALVES, A. A.; LAVIOLA, B. G.; BHERING, L. L. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. **Revista Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47, n. 7, p. 964-971, jul. 2012.

SAMPAIO, P. T. B.; RESENDE, M. D. V.; ARAUJO, A. J. Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus caribaea* var. hondurensis. **Revista Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 11, p. 2243-2253, nov. 2000.

SANTOS, L. F. **Avaliação da diversidade genética em *Eucalyptus* ssp. por meio de marcadores moleculares e métodos quantitativos**. 2012. 69 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual de Santa Cruz, Ilhéus–Bahia.

SANTOS, G. A.; XAVIER, A.; CRUZ, C. D. Desempenho silvicultural de progênies de *Eucalyptus grandis* em relação às árvores matrizes. **Revista Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 70, p. 67-76, abr. 2006.

SILVA, J. M. **Avaliação da variabilidade genética em uma população base de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh, para fins de conservação e melhoramento genético.** 2010. 155 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira–SP.

SILVA, J. M.; AGUIAR, A. V.; MORI, E. S.; MORAES, M. L. T. Divergência genética entre progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea* com base em caracteres quantitativos. **Revista Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 32, n. 69, p. 69-77, jan./mar. 2012.

SILVA, M. G. M.; VIANA, A.P. Alternativas de seleção em população de maracujazeiro-azedo sob seleção recorrente intrapopulacional. **Revista Brasileira Fruticultura**, Jaboticabal, SP, v. 34, n. 2, p. 525-531, jun. 2012.

SINGH, O.; SOFI, A. H. Variability in seed traits and genetic divergence in a clonal seed orchard of *Dalbergia sissoo* Roxb. **Journal of Forestry Research**, v. 23, n.1, p. 109–114, DOI 10.1007/s11676-012-0240-x, 2012.

SOUZA, M. O. A.; SILVA, J. C.; EVAGELISTA, W. V. Aplicação de acabamentos superficiais em madeira de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. e *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake visando ao uso na indústria moveleira. **Revista Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 39, n. 92, p. 403-409, dez. 2011.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. Melhoramento de milho no Brasil. **Revista Fundação Cargill**, Piracicaba, p. 122-99, 1978.

VILARINHO, A. A. **Seleção de progênies endogâmicas S1 e S2 em programas de melhoramento intrapopulacional e de produção de híbridos de milho pipoca (*Zea mays* L.).** 2001. 79 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Curso de Pós - graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa.

ZIMBACK, L.; MORI, E.S.; BRIZOLLA, T.F.; CHAVES, R. Correlações entre caracteres silviculturais durante o crescimento de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 23 n. 1 p. 57-67, jun. 2011.

## **CAPITULO I**

### **ANÁLISE UNIVARIADA EM PROGÊNIES DE *Eucalyptus camaldulensis***

Dehnh

## RESUMO

### ANÁLISE UNIVARIADA EM PROGÊNIES DE *Eucalyptus camaldulensis*

Dehnh

O presente estudo objetivou analisar os parâmetros genéticos através da análise univariada para progênies de *Eucalyptus camaldulensis* em Mato Grosso. Os dados foram obtidos de um teste de progênie estabelecido no campo experimental do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Mato Grosso – IFMT/Campus São Vicente, Município de Santo Antônio do Leverger. O referido teste de progênies foi instalado sob delineamento de blocos ao acaso com 132 progênies, cinco repetições e três plantas por parcela em linhas simples, no espaçamento 3 m x 2 m. Aos quatro anos de idade avaliaram-se os caracteres: a) Diâmetro altura do peito (DAP), Altura total (ALTT), Altura comercial (ALTC), Forma de fuste (FF) e Sobrevivência (SOB), utilizando-se o procedimento de modelo linear misto univariado aditivo através do software SELEGEN (REML/BLUP). Os resultados obtidos das estimativas de parâmetros genéticos demonstraram que os valores de herdabilidades individuais obtidos foram de baixa magnitude para os caracteres ALTT, ALTC, FF, SOB e mediana para o DAP. Os coeficientes de herdabilidades médias de progênies apresentaram magnitudes medianas para o DAP, SOB e FF e baixa para ALTT e ALTC, evidenciando certo controle genético e condições favoráveis para seleção. Os coeficientes de variação experimental variaram de 8% a 29% considerados aceitável para experimento em campo. As acurácias encontradas foram de magnitudes moderadas para todos os caracteres estudados. Os maiores ganhos genéticos foram obtidos pela seleção individual, quando comparados a seleção entre e dentro, podendo proporcionar ganhos genéticos importantes na sequência do programa de melhoramento da espécie. A correlação genética foi positiva para todos os caracteres, com forte correlação entre ALTT e ALTC. Assim os resultados obtidos indicam que há variabilidade genética para os caracteres analisados, especialmente para o caráter DAP nas condições de abrangência do estudo.

**Palavras-chave:** Parâmetros genéticos, ganhos genéticos, Selegen Reml/Blup.

## ABSTRACT

### UNIVARIATE ANALYSIS IN PROGENIES OF *Eucalyptus camaldulensis*

Dehnh

The present study was aimed to analyze the genetic parameters through the univariate analysis for progenies of *Eucalyptus camaldulensis* in Mato Grosso. The data been obtained from the progenies test established in the in Experimental Field in the Federal Institute of Education, Science and Technology of Mato Grosso-IFMT/Campus São Vicente, the municipality Santo Antônio de Leverger. The reffered progenies test was installed in the form of design blocks with 132 progenies, five repetitions and three plants for parcels in simple lines, in the spacing of 3m x 2m. The age of four years old,evaluated the characters: a) Diameter at breast height (DAP), Total height (ALTT), Commercial height (ALTC), in the form of shaft (FF) ans survive (SOB), using a linear procedure mixed univariate additives via software SELEGEN (REML/BLUP). The results obtained of genetic parameters showed that the values of heritability were low magnitude for the characters ALTT, ALTC, FF, SOB and was moderated for DAP. The indices of average heritability of progenies. Showed moderate magnitude for DAP, SOB e FF and low for ALTT e ALTC, suggesting the genetic control and favourable conditions for the selection. Coefficients of experimental variation varied 8% until 29% were considered acceptable for the field experiment. The accuracy founded were moderate magnitude for all the characters studied. The higher genetic gains were obtained for individual selection, when compared among the selection between and within, and may also provide important genetic gains in the sequence of improvement program of species. The genetic correlation was positive for all the characters, with a strong correlation between ALTT and ALTC. So, the results proved that the genetic variability for the analyzed characters, specially for DAP in the avarage conditions for study.

**Keywords:** Genetic parameters, genetic gains, Selegen Reml/Blup.



## 1. INTRODUÇÃO

No Brasil, a expansão do gênero *Eucalyptus* ocorre principalmente em função de seu rápido crescimento, produção madeira e os seus multiprodutos. Ocupa uma área de aproximadamente 5,1 milhões de hectares de plantios florestais (ABRAF, 2013).

O avanço de novas tecnologias associadas com os progressos das técnicas, como a produção de bio-óleo, celulignina catalítica, gases de síntese e álcool a partir da celulose vêm destacando-se e complementando os atuais usos da madeira para fins energéticos (PALUDZYSZYN FILHO, 2011).

Essas alternativas tecnológicas têm se tornada promissoras e com perspectivas de disfunção de médio prazo, o que sugere a necessidade de germoplasma específico (PALUDZYSZYN FILHO, 2011).

Dentre as muitas espécies, o *Eucalyptus camaldulensis* destaca-se em função da sua extensa distribuição natural, ampla plasticidade, condições ambientais adversas e a existência de grande variabilidade genética na espécie (NIETO e RODRIGUEZ, 2003).

A espécie é cultivada para lenha, celulose, construção civil e recuperação de áreas degradadas, bem como pode ser utilizado em programas de melhoramento de híbridos para combater a tolerância à seca e salinidade (BUTCHER et al., 2009).

Os programas de melhoramento genético existem há alguns anos, com inúmeros experimentos que oferecem uma nova oportunidade para melhorar a nossa compreensão relacionada à expressão de efeitos aditivos e não aditivos e sobre a idade das árvores, entre outros (BOUVET et al., 2009).

Dessa forma, o melhoramento genético visa garantir o aumento da produtividade e da qualidade da madeira a cada ciclo de seleção, sem que isso possa afetar a base genética da população selecionada (MARTINS et al., 2006).

Uma das possíveis maneiras de identificar os indivíduos portadores de genes desejáveis ocorre através da avaliação genética dos candidatos à seleção, baseando-se nos valores genéticos aditivos individuais, pois serão utilizados na recombinação dos indivíduos que serão melhorados, ou seja, são imprescindíveis na obtenção da estimativa da variância genética aditiva para a predição dos ganhos, subsidiando as estratégias para reprodução sexuada e a variância genética não aditiva para as estratégias baseadas em reprodução assexuada (ROCHA et al., 2006).

A seleção quando é baseada em procedimentos biométricos inadequados podem conduzir a uma confusão entre efeitos genéticos e ambientais, resultando em uma baixa eficiência da seleção (ATROCH et al., 2011). Dessa forma, torna-se importante a utilização de métodos univariados adequados para a acuracidade dos ganhos genéticos preditos.

Em relação à análise univariada, na primeira etapa ocorre a identificação das melhores famílias com base na média das parcelas e, posteriormente, selecionam-se nas famílias os indivíduos com melhor desempenho (SAMPAIO et al., 2000; COSTA et al., 2000; MARTINS et al., 2005; ROSADO et al., 2009; FREITAS et al., 2009), baseadas a partir de medidas fenotípicas (COSTA et al., 2000).

A seleção fenotípica individual das plantas é um processo mais simples, pois consiste na opção de escolher os melhores indivíduos com base nos caracteres de produção, porte, peso do fruto e estado fitossanitário, entre outros (PAIVA et al., 1999).

Essa seleção é uma opção interessante no melhoramento da população, pois seleciona tanto as melhores famílias quanto os melhores indivíduos dentro das famílias (MARTINS et al., 2005).

Uma das principais contribuições da genética quantitativa é a possibilidade de definir estratégias de seleção, com a obtenção de predições dos ganhos genéticos. Assim, essas informações orientam os melhoristas sobre a forma mais eficiente de utilizar os dados obtidos no programa de melhoramento, podendo predizer o sucesso ou insucesso do método de seleção adotado e decidir por técnicas alternativas que possam ser mais eficazes (MORAES et al., 2008). E os valores preditivos

podem indicar com segurança o germoplasma em estudo maximizando as possibilidades de progresso genético com seleção (COSTA et al., 2009).

No melhoramento de espécies perenes, o uso de métodos de avaliação genética, com base em modelos mistos REML/BLUP, é essencial para prever os valores genéticos aditivos e genotípicos de indivíduos com potencial para a seleção, em nível intrapopulacional e interpopulacional (RESENDE e DIAS, 2000). Portanto, é de extrema importância a aplicação de metodologias eficientes no processo seletivo (FARIAS NETO et al., 2008).

Neste contexto, o presente estudo objetivou estimar parâmetros genéticos, ganhos com seleção, correlações genéticas e propagação assexuada e sexuada pelo método univariado, em progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus camaldulensis*, via procedimento REML/BLUP.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1. CARACTERIZAÇÃO DO EXPERIMENTO

As sementes do *Eucalyptus camaldulensis* foram coletadas de árvores matrizes de polinização aberta, procedência Katherine River, Estado de Queensland, Austrália, obtidas em parceria com a Embrapa Florestas.

As mudas foram produzidas no Campus da Faculdade de Engenharia - UNESP/ Ilha Solteira e plantada no campo experimental do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Mato Grosso – IFMT/Campus São Vicente em Santo Antônio do Leverger. A área está localizada na coordenadas 15°49'21" S latitude e 55°25'06 W longitude, com altitude média de 750 m.

O clima é caracterizado como tropical (Aw), segundo a classificação de Köppen e apresenta duas estações bem definidas: uma quente e úmida e outra mais fria e seca com déficit hídrico. A temperatura anual média está em torno de 20 °C e precipitação média anual é de 2.000 mm (MIRANDA e AMORIM, 2000).

O teste de progênies foi instalado sob delineamento de blocos ao acaso com 132 tratamentos (progênies), cinco repetições e três plantas por parcela em linhas simples, no espaçamento 3 m x 2 m.

Aos 48 meses de idade, as progênies foram avaliadas quanto aos caracteres:

a) Diâmetro à altura do peito (DAP), em cm, medida com fita graduada a 1,30 m acima do nível do solo;

b) Altura total (ALTT), em metros, medido com aparelho hipsômetro Blume-Leiss;

c) Altura comercial (ALTC), em metros, medido com aparelho hipsômetro Blume-Leiss;

d) Sobrevivência (SOB) adotou-se a classificação “1” para plantas vivas e “0” para plantas mortas.

e) Forma de fuste (FF), com base na classificação de Kageyama et al. (1979) (Tabela 1).

TABELA 1 – DESCRIÇÃO DA FORMA DE FUSTE DAS ÁRVORES

Notas	Classe da forma de fuste
1	Tronco com defeito muito grave
2	Tronco com defeito grave
3	Tronco com defeito bastante visível
4	Tronco com defeito pouco visível
5	Tronco sem defeito

Fonte: Adaptado de Kageyama et al. (1979)

## 2.2. ANÁLISE UNIVARIADA

Os dados obtidos foram analisados por meio da metodologia de modelos mistos univariado, procedimento REML (Máxima Verossimilhança Restrita) / BLUP (Melhor Predição Linear não Viesada) (RESENDE, 2007), aplicados aos testes de progênies de meios irmãos, delineamento de blocos ao acaso, várias plantas por parcela, um só local e uma única população, conforme o modelo 1, seguindo o procedimento proposto por Resende (2002 b).

$$y = Xb + Za + Wc + e \quad (1)$$

Onde:

$y, b, a, c, e$  - são vetores de dados, dos efeitos das médias de blocos (fixo), de efeitos genéticos aditivos (aleatório), de efeitos de parcela (aleatório) e de erros aleatórios; respectivamente;

$X, Z$  e  $W$  - matrizes de incidência para  $b, a$  e  $c$ , respectivamente.

A partir das análises foram obtidos os parâmetros genéticos via REML e a média predita via BLUP. Dessa maneira,

foram estimados os seguintes parâmetros genéticos, conforme Resende (2002 a), empregando-se o software genético – estatístico SELEGEN – REML/BLUP.

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

$$\hat{h}_{mp}^2 = \frac{0,25\hat{\sigma}_a^2}{0,25\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2/b + \hat{\sigma}_e^2/(nb)} \quad (3)$$

$\hat{h}_a^2$  = herdabilidade individual no sentido restrito do bloco;  
 $\hat{h}_{mp}^2$  = herdabilidade média de progênies no sentido restrito no bloco;  
 $\hat{\sigma}_a^2$  = variância genética aditiva;  
 $\hat{\sigma}_c^2$  = variância ambiental entre parcelas;  
 $\hat{\sigma}_e^2$  = variância residual dentro da parcela (ambiental + não aditiva).

$$CV_{gi} (\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_a^2}}{\bar{X}} 100 \quad (4)$$

$CV_{gi} (\%)$  = coeficiente de variação genética individual;  
 $\bar{X}$  = média geral da característica.

A classificação dos valores da herdabilidade e acurácia de foi feita conforme Resende (2002 a) (Tabela 2).

**TABELA 2 – CLASSIFICAÇÃO DOS PARÂMETROS GENÉTICOS**

<b>Parâmetros genéticos</b>	<b>Baixa</b>	<b>Média</b>	<b>Alta</b>
Herdabilidade	0,01 a 0,14	0,15 a 0,49	≥ 0,50
Acurácia	0,10 a 0,39	0,40 a 0,69	≥ 0,70

Fonte: Resende (2002a)

### 2.2.1 Seleção entre e dentro de famílias

Estes tipos de seleção ocorrem em dois estágios, em que, inicialmente, selecionam-se as melhores famílias e, em seguida, os melhores indivíduos dessas famílias. Para isso, foram adotados como critério de seleção entre e dentro de famílias, utilizando-se as expressões apresentadas por Cruz (2005).

a) Seleção entre:

$$GS_e(\%) = \frac{100 GS_e}{\bar{X}_0} \quad (5)$$

Sendo:  $GS_e(\%) = h_{mp}^2 * Ds$  (6)

b) Seleção dentro:

$$GS_d(\%) = \frac{100 GS_d}{\bar{X}_0} \quad (7)$$

Sendo:  $GS_d(\%) = h_{ad}^2 * Ds$  (8)

c) Seleção entre e dentro:

$$GS_{ed} = GS_e + GS_d \quad (9)$$

Onde:

$\bar{X}_0$ : média da população original;

$h_{mp}^2$ : herdabilidade da média de progênie;

$h_{ad}^2$ : herdabilidade aditiva dentro de progênie;

Ds: diferencial de seleção;

$GS_e(\%)$ : ganho de seleção entre progênies;

$GS_d(\%)$ : ganho de seleção dentro de progênies e;

$GS_{ed}$ : ganho de seleção entre e dentro de progênie.

Determinou-se, a correlação genética, dada pela relação entre os valores genotípicos obtidos pelo BLUP para os caracteres avaliados, conforme descritos por Resende (2007) e a simulação das estratégias de propagação assexuada e sexuada, visando ampliar a possibilidade de utilização de genótipos superiores, usando o caráter DAP.



### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.1 ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS GENÉTICOS

As estimativas dos parâmetros genéticos são apresentadas na Tabela 3.

TABELA 3 – ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA OS CARACTERES EM CRESCIMENTO DE PROGÊNIES DE *Eucalyptus camaldulensis* EM SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT, 2012

Estimativas <sup>1</sup>	DAP (cm)	ALTT (m)	ALTC (m)	FF	SOB
$h_a^2$	0,1660	0,0822	0,0521	0,0684	0,1234
$h_{mp}^2$	0,2825	0,1356	0,0938	0,1634	0,3037
$CV_{gi}$ %	16,5691	7,2243	7,7475	3,3262	10,3418
$CV_{gp}$ %	8,2178	4,1121	3,8737	1,6631	5,1709
$CV_e$ %	29,5185	23,2063	26,9118	8,4142	17,5044
$CV_r$ %	0,2806	0,1772	0,1439	0,1976	0,2954
$A_{cprog}$	0,5315	0,3683	0,3063	0,4042	0,5511
<b>Média Geral</b>	<b>8,3967</b>	<b>8,5453</b>	<b>5,9954</b>	<b>4,5623</b>	<b>0,9196</b>

Em que: <sup>1</sup> = herdabilidade individual no sentido restrito ( $h_a^2$ ); herdabilidade da média de progênies ( $h_{mp}^2$ ); coeficiente de variação genética aditiva individual ( $CV_{gi}$  %); coeficiente de variação genotípica entre progênies ( $CV_{gp}$  %);  $CV_e$  % (coeficiente de variação experimental);  $CV_r = CV_{gp}/CV_e$  = coeficiente de variação relativa; acurácia seletiva de progênies ( $A_{cprog}$ ).

De acordo com os resultados apresentados na Tabela 3, as herdabilidades individuais ( $h_a^2$ ), no sentido restrito foram de média magnitude para o caractere DAP (0,16) e de baixa magnitude para os caracteres ALTT (0,08), ALTC (0,05), FF (0,07) e SOB (0,12). Tais estimativas são coerentes com aquelas encontradas por Santos et al. (2008), para outra população de *Eucalyptus camaldulensis*, Guerra et al. (2009) para *Myracrodruon urundeuva* e Madhibha et al. (2013) para híbridos de *Eucalyptus*, o que denota uma expectativa a ser explorada ao longo do tempo no programa de melhoramento genético.

As herdabilidades médias das progênies ( $h_{mp}^2$ ) para a DAP (0,28), SOB (0,30) e FF (0,16) foram de magnitude mediana, para a ALTT (0,13) e ALTC (0,09) foram de magnitude baixa e são condizentes com

Resende (2002 a). Desta forma, DAP, FF e SOB, apresentam um maior controle genético, possibilitando ganhos mediante seleção, o que condiz com os resultados obtidos por Rosado et al. (2009) para *E. urophylla*.

De acordo com Majidi et al. (2009) as estimativas de herdabilidades proporcionam uma resposta esperada na seleção de populações segregantes e são úteis nas análises de programas de melhoramento.

A SOB foi elevada (91,96%) para as progênies na área de estudo. O crescimento em DAP e a alta taxa de sobrevivência na avaliação aos quarenta e oito meses, indicam que a espécie adaptou-se bem às condições edafoclimáticas e experimentais da região de abrangência deste estudo.

O coeficiente de variação genotípica individual ( $CV_{gi}\%$ ), que expressa em porcentagem a média geral da quantidade de variação genética existente é um parâmetro utilizado para detectar a variabilidade genética expressa para cada caráter (RESENDE, 2002a). Neste estudo, os  $CV_{gi}\%$  variaram de 3,32% para SOB a 16,56% para DAP. Os valores encontrados estão de acordo com os resultados obtidos para *E. grandis* e *E. urophylla* (ROCHA et al., 2007) e *E. tereticornis* (KUMAR et al., 2010).

Os resultados encontrados de  $CV_{gi}$  foram de alta magnitude para todos os caracteres com exceção do caráter SOB, pois quanto maior o valor  $CV_{gi}$ , maior a facilidade de encontrar indivíduos superiores que irão proporcionar ganhos com a seleção. Para Sebbenn et al. (1998) um coeficiente de variação genética acima de 7 % é considerado alto.

Os coeficientes de variação experimental ( $CVe\%$ ) encontrados apresentaram valores que variaram de 8,41% para FF a 29,51 % para o DAP, esses valores indicam um nível de média magnitude (GARCIA, 1989) para as espécies florestais. Valores aproximados também foram encontrados por (SILVA, 2010), analisando a variabilidade genética em uma população base de *E. camaldulensis* com DAP (31,24%), ALT (57,04%) e VOL (73,20%), Alves (2009) investigando a diversidade genética por caracteres quantitativos para o gênero *Eucalyptus* com DAP (25,47%), ALT (13,33%) e VOL (59,51%), onde o valor para volume

apresenta-se mais elevado devido à característica mais complexa de obtenção dos dados, envolvendo duas variáveis (altura e diâmetro).

A escolha de um caráter para a seleção pode ter como base aquele que apresenta as maiores estimativas de coeficiente de variação relativa ( $CV_r$ ), assim, nesse estudo foram obtidos para o DAP (0,28), ALTT (0,17), ALTC (0,14), FF (0,19) e SOB de (0,29), valores abaixo de 1. Os valores desses coeficientes indicam sucesso na seleção, principalmente quando forem maiores que 1, proporcionando condições favoráveis para a obtenção dos ganhos com seleção (VENCOVSKY, 1987). Rocha et al. (2007) em um estudo para seleção de híbridos interespecíficos também encontraram valores abaixo de 1 (DAP, 0,23), (ALT, 0,28) e (VOL, 0,2).

A acurácia de progênie ( $A_{cprog}$ ) é uma medida que está associada à precisão na seleção, componente importante para a maximização do progresso genético (RESENDE, 2002 a), conduzindo a maiores possibilidades de ganhos genéticos com seleção (RESENDE e DUARTE, 2007). Os valores encontrados nesse estudo foram de magnitude moderada (RESENDE 2002 a) para os caracteres estudados: DAP (0,53), ALTT (0,36), ALTC (0,30), FF (0,40) e SOB (0,55).

Neste caso, recomenda-se que o caráter DAP, seja utilizado na seleção dos melhores indivíduos, aliado ao fato de que as estimativas obtidas foram de alta acurácia e também na praticidade de obtenção das mensurações.

Os resultados referentes ao ranking do Blup com a seleção de vinte melhores indivíduos para DAP com base em seus valores genéticos aditivos estão apresentados na Tabela 4.

TABELA 4 – VALORES GENÉTICOS ADITIVOS, GANHOS GENÉTICOS PREDITOS, NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO SELECIONADA E TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL DOS 20 MELHORES INDIVÍDUOS SELECIONADOS DE *Eucalyptus camaldulensis* PARA O DAP (cm) EM SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER - MT, 2012

BI	Prog	Ind	Valores genéticos aditivos	Ganho genético	Nova média da população	Tamanho efetivo populacional
1	81	3	10,3382	1,9415	10,3382	1,0000
1	15	2	10,3128	1,9288	10,3255	2,0000
3	75	1	10,2977	1,9195	10,3162	3,0000
1	99	3	10,2818	1,9109	10,3076	4,0000
5	110	3	10,2042	1,8902	10,2869	5,0000
2	32	2	10,0661	1,8534	10,2501	6,0000
2	15	3	10,0531	1,8252	10,2220	6,4972
2	12	2	10,0258	1,8007	10,1975	7,4979
3	15	2	10,0111	1,7800	10,1768	7,6107
5	78	3	10,0039	1,7627	10,1595	8,6022
5	15	2	9,9957	1,7478	10,1446	8,4726
4	15	2	9,9612	1,7326	10,1293	8,2286
4	104	1	9,9552	1,7192	10,1159	9,1627
1	85	2	9,9411	1,7067	10,1034	10,1031
2	92	3	9,9275	1,6950	10,0917	11,0491
2	64	2	9,9216	1,6843	10,0811	12,0000
2	126	1	9,9212	1,6749	10,0717	12,9552
3	43	3	9,9147	1,6662	10,0629	13,9141
3	80	3	9,8781	1,6565	10,0532	14,8764
4	126	2	9,8750	1,6476	10,0443	15,5196
					<b>MG</b>	<b>8,3967</b>

Legenda: BI=Bloco; Prog=Progênie; Ind=Indivíduos; MG=média geral.

A seleção de vinte melhores indivíduos para o caráter DAP visando transformar o teste em pomar de sementes por mudas proporcionará um ganho genético de 19,62%, elevando a média do caráter de 8,39 cm na população original para 10,04 cm para a população melhorada (Tabela 4).

O tamanho efetivo populacional foi de 15,51 para o DAP, sendo que esses indivíduos estão distribuídos entre 15 progênies distintas, destacando-se famílias 15 (com 5 árvores selecionadas) e 126 (com 2 árvores selecionadas). Esses resultados sugerem que não haverá problemas de endogamia nas posteriores gerações de plantio,

corroboram com outros estudos, como em *Eucalyptus urophylla* (ROCHA et al., 2006) e *Euterpe oleracea* (FARIAS NETO et al., 2008).

Para determinar o número adequado de indivíduos a serem selecionados deve-se levar em consideração a endogamia na geração de plantios na composição da população de produção de sementes e manter o tamanho efetivo populacional compatível, obtendo-se, dessa forma, o limite seletivo da população de melhoramento (RESENDE e BERTOLUCCI, 1995).

É importante salientar que os valores genéticos aditivos são úteis no planejamento para cruzamento no próximo ciclo seletivo, sendo que os indivíduos com maiores ganhos genéticos aditivos podem participar de um maior número de cruzamentos (FARIAS NETO et al., 2008).

A seleção dos vinte melhores indivíduos baseados no ranking do Blup para o caráter ALTT (m) proporcionará um ganho genético de no mínimo de 6,99% aumentando a média da população de 8,54 m para 9,14 m (Tabela 5).

O tamanho efetivo populacional foi de 18,57 para ALTT, com os indivíduos distribuídos em 17 famílias distintas, destacando-se as famílias 15, 18 e 35 com 2 árvores selecionadas de cada família.

TABELA 5 – VALORES GENÉTICOS ADITIVOS, GANHOS GENÉTICOS PREDITOS, NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO SELECIONADA E TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL DOS 20 MELHORES INDIVÍDUOS SELECIONADOS DE *Eucalyptus camaldulensis* PARA ALTT (m) EM SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT, 2012

BI	Prog	Ind	Valores genéticos aditivos	Ganho genético	Nova média da população	Tamanho efetivo populacional
1	60	2	9,5413	0,9960	9,5413	1,0000
1	85	2	9,3516	0,9011	9,4465	2,0000
3	6	3	9,2613	0,8394	9,3848	3,0000
3	3	1	9,2317	0,8012	9,3465	4,0000
1	103	3	9,1869	0,7692	9,3146	5,0000
1	15	2	9,1571	0,7430	9,2883	6,0000
3	15	2	9,1448	0,7225	9,2678	6,4972
1	119	3	9,1371	0,7061	9,2515	7,4979
3	7	1	9,1220	0,6918	9,2371	8,4984
3	100	3	9,0867	0,6767	9,2221	9,4987
1	21	1	9,0852	0,6643	9,2096	10,4989
3	89	2	9,0754	0,6531	9,1984	11,4991
3	35	1	9,0731	0,6434	9,1888	12,4992
2	18	1	9,0630	0,6345	9,1798	13,4993
2	18	2	9,0630	0,6267	9,1720	14,0316
2	35	2	9,0611	0,6197	9,1651	14,5885
1	95	3	9,0593	0,6135	9,1589	15,5834
1	86	2	9,0570	0,6079	9,1532	16,5789
4	30	1	9,0540	0,6026	9,1480	17,5749
4	14	3	9,0474	0,5976	9,1430	18,5713
					<b>MG</b>	<b>8,545</b>

Legenda: BI=Bloco; Prog=Progênie; Ind=Indivíduos; MG=média geral.

A Tabela 6 apresenta o ranking do Blup da seleção dos vinte melhores indivíduos para o caráter ALTC (m) e demonstram um ganho genético de, no mínimo de 4,83%, aumentando a média da população original de 5,99 m para 6,28 m na população selecionada.

O tamanho efetivo populacional foi de 16,56 sendo distribuídos entre 15 progênies distintas, destacando-se as famílias 15 e 100 (com 2 árvores selecionadas de cada família), 18 e 19 (com 3 árvores selecionadas de cada família).

TABELA 6 – VALORES GENÉTICOS ADITIVOS, GANHOS GENÉTICOS PREDITOS, NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO SELECIONADA E TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL DOS 20 MELHORES INDIVÍDUOS SELECIONADOS DE *Eucalyptus camaldulensis* PARA ALTC (m) EM SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER- MT, 2012

Bl	Prog	Ind	Valores genéticos aditivos	Ganho genético	Nova média da população	Tamanho efetivo populacional
1	119	3	6,3746	0,3791	6,3746	1,0000
3	6	3	6,3710	0,3773	6,3728	2,0000
3	106	2	6,3303	0,3632	6,3586	3,0000
5	19	1	6,3088	0,3507	6,3462	4,0000
1	15	2	6,2986	0,3412	6,3367	5,0000
3	48	1	6,2926	0,3339	6,3293	6,0000
2	18	1	6,2880	0,3280	6,3234	7,0000
5	107	2	6,2779	0,3223	6,3177	8,0000
4	15	1	6,2775	0,3178	6,3133	8,4984
1	103	3	6,2729	0,3138	6,3092	9,4987
3	35	1	6,2699	0,3102	6,3056	10,4989
1	81	3	6,2682	0,3071	6,3025	11,4991
1	18	1	6,2668	0,3043	6,2998	12,0363
4	19	2	6,2656	0,3019	6,2973	12,6008
1	85	2	6,2635	0,2997	6,2951	13,5942
1	100	2	6,2620	0,2976	6,2930	14,5885
4	126	3	6,2614	0,2957	6,2912	15,5834
1	19	3	6,2541	0,2937	6,2891	15,7332
3	100	3	6,2523	0,2917	6,2872	16,3346
2	18	2	6,2516	0,2900	6,2854	16,5680
					<b>MG</b>	<b>5,9954</b>

Legenda: Bl=Bloco; Prog=Progênie; Ind=Indivíduos; MG= média geral.

Na Tabela 7 observam-se os resultados dos 20 melhores indivíduos selecionados pelo ranking Blup para o caráter FF.

A seleção dos vinte melhores indivíduos para o caráter FF proporcionou um ganho genético de no mínimo 1,73%, aumentando a média da população original de 4,56 para 4,64 na população melhorada.

O tamanho efetivo populacional foi de 11,25 sendo que estão distribuídos entre 9 progênies distintas, destacando-se as famílias 20 (com 7 árvores selecionadas), 68 e 71 (com 2 árvores selecionadas de cada família), 86 (com 4 árvores selecionadas) (Tabela 7).

TABELA 7 – VALORES GENÉTICOS ADITIVOS, GANHOS GENÉTICOS PREDITOS, NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO SELECIONADA E TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL DOS 20 MELHORES INDIVÍDUOS SELECIONADOS DE *Eucalyptus camaldulensis* PARA FF EM SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT, 2012

Bl	Prog	Ind	Valores genéticos aditivos	Ganho genético	Nova média da população	Tamanho efetivo populacional
3	116	3	4,6475	0,0851	4,6475	1,0000
1	41	3	4,6467	0,0847	4,6471	2,0000
1	119	3	4,6467	0,0846	4,6470	3,0000
1	86	1	4,6455	0,0842	4,6466	4,0000
1	86	2	4,6455	0,0840	4,6464	4,4944
5	7	3	4,6436	0,0835	4,6459	5,4962
5	20	2	4,6421	0,0830	4,6450	6,4972
5	20	3	4,6421	0,0826	4,6450	7,0588
5	86	1	4,6421	0,0822	4,6446	7,2483
5	86	2	4,6421	0,0820	4,6444	7,2115
5	20	1	4,6404	0,0816	4,6440	8,1639
5	68	3	4,6404	0,0813	4,6437	8,8292
4	68	1	4,6404	0,0811	4,6435	9,2003
4	20	3	4,6404	0,0808	4,6432	9,3333
5	57	2	4,6391	0,0806	4,6430	10,2460
5	71	2	4,6378	0,0802	4,6426	11,1675
5	71	3	4,6378	0,0800	4,6424	11,8429
1	20	1	4,6376	0,0797	4,6421	11,7551
1	20	2	4,6376	0,0795	4,6419	11,5417
1	20	3	4,6376	0,0792	4,6416	11,2522
<b>MG</b>						<b>4,5623</b>

Legenda: Bl=Bloco; Prog=Progênie; Ind=Indivíduos; MG= média geral.

Na Tabela 8 são apresentados os resultados dos 20 melhores indivíduos selecionados pelo ranking do Blup para o caráter SOB.

Os resultados demonstram que a seleção proporciona um ganho genético de no mínimo 3,69%, aumentando a média da população de 0,91 para 0,95.

O tamanho efetivo populacional foi de 13,54 sendo que estão distribuídos entre as progênies distintas, destacando-se as famílias 1, 6, 16, 25, 27 e 107 (com 3 árvores selecionadas para cada família).



TABELA 8 – VALORES GENÉTICOS ADITIVOS, GANHOS GENÉTICOS PREDITOS, NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO SELECIONADA E TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL DOS 20 MELHORES INDIVÍDUOS SELECIONADOS DE *Eucalyptus camaldulensis* PARA SOB EM SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT, 2012

Bl	Prog	Ind	Valores genéticos aditivos	Ganho genético	Nova média da população	Tamanho efetivo populacional
5	107	1	0,9536	0,0339	0,9536	1,0000
5	107	2	0,9536	0,0339	0,9536	1,6000
5	107	3	0,9536	0,0339	0,9536	2,0000
5	1	1	0,9536	0,0339	0,9536	2,6667
5	1	2	0,9536	0,0339	0,9536	3,5088
5	1	3	0,9536	0,0339	0,9536	4,0000
5	6	1	0,9536	0,0339	0,9536	4,7419
5	6	2	0,9536	0,0339	0,9536	5,5252
5	6	3	0,9536	0,0339	0,9536	6,0000
5	16	1	0,9536	0,0339	0,9536	6,7797
5	16	2	0,9536	0,0339	0,9536	7,5331
5	16	3	0,9536	0,0339	0,9536	8,0000
5	25	1	0,9536	0,0339	0,9536	8,8021
5	25	2	0,9536	0,0339	0,9536	9,5377
5	25	3	0,9536	0,0339	0,9536	10,0000
5	27	1	0,9536	0,0339	0,9536	10,8169
5	27	2	0,9536	0,0339	0,9536	11,5408
5	27	3	0,9536	0,0339	0,9536	12,0000
5	29	1	0,9536	0,0339	0,9536	12,8274
5	29	2	0,9536	0,0339	0,9536	13,5429
<b>MG</b>						<b>0,9196</b>

Legenda: Bl=Bloco; Prog=Progenie; Ind=Individuos; MG= média geral.

As progênies 15, 85, 107, 7 demonstraram maiores potenciais de ganho genético em toda população quando comparadas aos 20 melhores indivíduos pelo ranking Blup de cada caráter, confirmando sua superioridade na maioria dos caracteres avaliados.

Com os valores genéticos preditos, realizou-se uma simulação do ganho genético entre progênies, considerando-se uma intensidade de seleção de 20% pelos critérios adotados, para comparação dos métodos de seleção através dos ganhos estimados e da nova média esperada na população.

Os resultados apresentados na Tabela 9 são importantes quanto se deseja conhecer os ganhos genéticos pelo procedimento de seleção individual e seleção entre e dentro de progênies para os caracteres DAP, ALTT, ALTC e FF. Verificou-se que os ganhos foram

positivos para todos os caracteres estudados, com maiores ganhos obtidos pela seleção individual.

TABELA 9 – ESTIMATIVAS DE GANHO DIRETO E INDIRETO, SELEÇÃO (GS) E SELEÇÃO EM PORCENTAGEM (GS%) PELA SELEÇÃO INDIVIDUAL E A SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE PROGÊNIES DE *Eucalyptus camaldulensis* EM SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT, 2012

Estimativas de Ganhos	Método de Seleção	Caracteres	DAP	ALTT	ALTC	FF
GS	Individual	DAP	<b>1,6543</b>	0,4025	0,1543	0,0036
		ALTT	1,0220	<b>0,6030</b>	0,2159	0,0345
		ALTC	1,1332	0,5250	<b>0,2954</b>	0,0265
		FF	0,0800	0,0367	0,0274	<b>0,0819</b>
	Entre e Dentro	DAP	1,5300	0,3713	0,1749	0,0174
		ALTT	1,2017	0,5066	0,1799	0,0227
		ALTC	0,9095	0,4078	0,2556	0,0290
		FF	0,1362	0,0423	0,0428	0,0748
GS(%)	Individual	DAP	<b>19,7175</b>	4,7126	2,5761	0,08
		ALTT	12,1806	<b>7,0603</b>	3,6042	0,7561
		ALTC	13,5069	6,1472	<b>4,9312</b>	0,582
		FF	0,9533	0,4299	0,4567	<b>1,7952</b>
	Entre e Dentro	DAP	18,2355	4,3472	2,9191	0,3823
		ALTT	14,3227	5,9324	3,0038	0,4973
		ALTC	10,8407	4,7754	4,2672	0,6357
		FF	1,6236	0,4948	0,7139	1,6405

As expectativas de ganhos genéticos obtidas com a comparação dos métodos de seleção (Tabela 9), levando em consideração os critérios de seleção estudados, conduzem a ganhos positivos para a maioria dos caracteres, com maiores ganhos na seleção individual. Esses resultados estão de acordo com aqueles encontrados por Beltrame et al. (2012) para híbridos de *Eucalyptus* e Rosado et al.(2009) para *Eucalyptus urophylla*.

A seleção individual facilita na predição de valores genéticos dos efeitos aleatórios do modelo estatístico que associado com as observações do fenótipo, ajustam-se os dados aos efeitos fixos e ao número de informações desiguais nas parcelas através da metodologia dos modelos mistos (RESENDE, 2002 a).

Os ganhos diretos e indiretos foram eficientes no sentido de proporcionar uma distribuição de ganhos positivos para as características DAP, ALTT, ALTC e FF, pois quando se seleciona para uma característica na qual se quer ganho positivo obtém-se ganhos no mesmo sentido para todas as outras e vice-versa, o que corrobora com outros estudos com diferentes espécies, como em *Acacia mearnsii* (RESENDE et al., 1992); *Eucalyptus grandis* (PINTO, 2009).

As estimativas de correlações genéticas entre os quatro caracteres avaliados para 132 progênies de *Eucalyptus camaldulensis*, estão contidas na Tabela 10.

TABELA 10 – ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES GENÉTICA DE 132 PROGÊNIES DE *Eucalyptus camaldulensis* EM SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT, 2012

VARIAVEL	DAP	ALTT	ALTC	FF
DAP	-----	0,8244	0,7874	0,1226
ALTT	0,8244	-----	0,8804	0,2145
ALTC	0,7874	0,8804	-----	0,2355
FF	0,1226	0,2145	0,2355	-----

A menor correlação foi entre DAP e FF com o valor de (0,12) e as características que apresentaram maior correlação foram: ALTT e ALTC (0,88), DAP e ALTT (0,82), DAP e ALTC com os valores (0,78), indicando que a seleção praticada sobre os caracteres ocasiona variações expressivas nos demais caracteres. Resultados semelhantes foram obtidos por Zimback et al. (2011), para *Eucalyptus grandis* com alta correlação entre DAP e ALTT, por Sebbenn et al. (2008), para *Pinus elliottii* para DAP e ALTT e Sebbenn et al. (2009), para *Cariniana legalis*.

Os valores obtidos para a correlação na área de estudo foram de 0,12 a 0,88 estão de acordo com Resende (2002 a) que considera em experimentos precisos para espécies perenes valores em torno de (0,10). Como os resultados não tiveram correlação negativa, possibilitará uma resposta correlacionada à seleção praticada (MASSARO et al., 2010).

Na Tabela 11 encontram-se os valores do efeito aditivos ( $\hat{a}$ ), valores genéticos aditivos preditivos ( $u+\hat{a}$ ), efeitos genotípicos ( $\hat{g}$ ), valores genotípicos preditivos ( $u + \hat{g}$ ) para o DAP.

TABELA 11 – EFEITOS ADITIVOS, VALORES GENÉTICOS ADITIVOS PREDITIVOS, EFEITOS GENOTÍPICOS, VALORES GENOTÍPICOS PREDITIVOS PARA O DAP EM PROGÊNIES DE *Eucalyptus camaldulensis* EM SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT, 2012

Sexuada						Assexuada					
Ord	Bl	Prog	Arv	$\hat{a}$	$\mu + \hat{a}$	Ord	Bl	Prog	Arv	$\hat{g}$	$\mu + \hat{g}$
1	1	99	3	1,0542	9,4692	1	1	99	3	1,6115	10,0265
2	3	75	1	1,0399	9,4405	2	3	75	1	1,4757	9,8907
3	2	92	3	1,0203	9,3962	6	2	12	2	1,4286	9,8436
4	1	15	2	1,0087	9,3890	5	1	81	3	1,4065	9,8215
5	1	81	3	0,9917	9,3387	3	2	92	3	1,3818	9,7968
6	2	12	2	0,9800	9,3365	4	1	15	2	1,3282	9,7432
7	2	126	1	0,9660	9,2973	14	1	85	2	1,2767	9,6917
8	2	92	2	0,9497	9,2503	11	2	32	2	1,2294	9,6444
9	2	15	3	0,9353	9,2347	7	2	126	1	1,2042	9,6192
10	4	15	2	0,9236	9,2341	15	2	40	1	1,1424	9,5574
11	2	32	2	0,9126	9,2171	8	2	92	2	1,1386	9,5536
12	2	90	1	0,9023	9,2045	18	3	43	3	1,1300	9,5450
13	1	47	3	0,8932	9,1985	13	1	47	3	1,1224	9,5374
14	1	85	2	0,8844	9,1845	12	2	90	1	1,0964	9,5114
15	2	40	1	0,8765	9,1810	17	1	89	1	1,0888	9,5038
16	5	78	3	0,8691	9,1741	19	5	47	1	1,0757	9,4907
17	1	89	1	0,8626	9,1738	9	2	15	3	1,0710	9,4860
18	3	43	3	0,8568	9,1720	10	4	15	2	1,0700	9,4850
19	5	47	1	0,8514	9,1705	16	5	78	3	1,0626	9,4776
20	1	126	1	0,8463	9,1645	20	1	126	1	0,9829	9,3979
<b>MPS 9,2614</b>						<b>MPS 9,6312</b>					

Legenda: Legenda: Ord = Ordem; Bl=Bloco; Prog=Progênie; Arv=Árvores;  $\hat{a}$  = Efeito aditivo;  $\mu + \hat{a}$  = Valores genéticos aditivo;  $\hat{g}$  = Efeito genotípico;  $\mu + \hat{g}$  = Valores genotípicos preditos; MPS= Média Pomar de Sementes.

Os resultados obtidos permitem ao melhorista tomar decisão relacionada a linha de melhoramento que deve seguir, tais como: Área de produção de sementes (APS) ou Pomar de sementes clonais (PSC), podendo-se optar pela propagação sexuada dos melhores materiais genéticos com os melhores ganhos em “ $\hat{a}$ ”. Em relação ao caráter DAP, destacaram-se as famílias: 126, 99, 92, 81, 75, 15, 12; e para a propagação assexuada com os melhores ganhos em “ $\hat{g}$ ”, as famílias: 126, 99, 92, 81, 85, 75, 40, 32, 15, 12.

Com os resultados mostrados na Tabela 11, verifica-se que os valores genotípicos foram maiores que os valores genéticos aditivos, pois na reprodução assexuada, toda a variação genética (aditiva, dominante e epistática) é passada para os clones, enquanto que na

reprodução sexuada, apenas a variação genética aditiva é repassada na próxima geração (FALCONER, 1981).

A propagação, tanto via sementes como via propágulos vegetativos possuem em comum as famílias: 99, 75, 92, 15, 81, 12, 126. Isto sugere a possibilidade de propagação desses materiais genéticos em ambas às situações, podendo capitalizar, para o caráter DAP, ganhos com seleção na sequência do programa de melhoramento genético.

#### 4. CONCLUSÕES

- As estimativas de parâmetros genéticos pelo método univariado demonstraram a existência de variabilidade genética para os caracteres analisados nas progênes de *Eucalyptus camaldulensis*.
- A variável DAP é a mais indicada entre os caracteres estudados, evidenciada pelos valores de coeficiente de variação relativa, herdabilidade e acurácia.
- Existe a possibilidade de ganhos genéticos preditos para as propagações sexuadas e assexuadas, contudo ganhos mais expressivos são detectados com a propagação assexuada.
- A correlação genética foi positiva para todos os caracteres, com forte correlação entre altura total e altura comercial.
- Os maiores ganhos genéticos para os caracteres foram obtidos com a seleção individual, garantindo avanços importantes na sequência do programa de melhoramento da espécie na área de abrangência do estudo, no Estado de Mato Grosso.

### 3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALVES, P. F. **Variação genética para caracteres silviculturais e marcador molecular em uma população base de *Eucalyptus camaldulensis*** Dehnh. 2009. 63 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Faculdade de Engenharia do Campus de Ilha Solteira, Ilha Solteira–SP

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE PRODUTORES DE FLORESTAS PLANTADAS - ABRAF. **Anuário Estatístico da ABRAF 2013**. Disponível em: <http://www.abraflor.org.br/estatisticas.asp>. Acesso em 24 julho de 2013.

ATROCH, A. L.; FILHO, F. J. N.; RESENDE, M. D. V.; LOPES, R.; CLEMENT, C. R. Predição de valores genéticos na fase juvenil de progênies de meios irmãos de guaranazeiro. **Revista Ciência Agrárias**, v. 54, n. 1, p. 71-77, jan/abr, 2011.

BELTRAME, R.; BISOGNIN, D. A.; MATTOS, B. D.; CARGNELUTTI FILHO, A.; HASELEIN, C. R.; GATTO, D. A.; SANTOS, G. A. Desempenho silvicultural e seleção precoce de clones de híbridos de eucalipto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.47, n.6, p.791-796, jun. 2012.

BUTCHER, P. A.; McDONALD, M. W.; BELL, J. C. Congruence between environmental parameters. morphology and genetic structure in Australia's most widely distributed eucalypt, *Eucalyptus camaldulensis*. **Tree Genetics e Genomes** v. 5, p. 189–210. DOI 10.1007/s11295-008-0169-6, 2009.

BOUVET, J. M.; SAYA, A.; VIGNERON, Ph. Trends in additive. dominance and environmental effects with age for growth traits in *Eucalyptus* hybrid populations. **Euphytica**, v. 165, p. 35–54. DOI 10.1007/s10681-008-9746-x, 2009.

COSTA, R. B. C.; RESENDE, M. D. V.; ROA, R. A. R.; BUNGENSTAB, D. J.; MARTINS, W. J.; ROEL, A. R. Melhoramento genético de erva-mate nativa do estado de Mato Grosso do sul. **Revista Bragantia**, Campinas, v. 68, n. 3, p. 611-619, 2009.

COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; ARAÚJO, A. J.; GONÇALVES, P. S.; BORTOLETTO, N. Seleção combinada univariada e multivariada aplicada ao melhoramento genético da seringueira. **Revista Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 2, p. 381-388, 2000.

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa. MG: UFV, 2005. 394 p.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa. MG: UFV, 1981. 279 p.

FARIAS NETO, J. T.; RESENDE, M. D. V.; OLIVEIRA, M. S. P.; NOGUEIRA, O. L.; FALCÃO, P. N. B.; SANTOS, N. S. A. Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos de seleção em progênies de polinização aberta de açazeiro. **Revista Brasileira Fruticultura**, Jaboticabal, v. 30, n. 4, p. 1051-1056, dez. 2008.

FREITAS, R. G.; VASCONCELOS, E. S.; CRUZ, C. D.; ROSADO, A. M.; ROCHA, R. B.; TAKAMI, L. K. 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, v. 33, n.2, p. 255-263, 2009.

GARCIA, C. H. Tabelas para classificação do coeficiente de variação. **Revista Instituto de Pesquisa e Estudos Florestais**, Piracicaba, 1989, 11 p. (Circular técnica N° 171).

GUERRA, C. R. S. B.; MORAES, M. L. T.; SILVA, C. L. S. P.; CANUTO, D. S. O.; ANDRADE, J. A. C.; FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M. Estratégias de seleção dentro de progênies em duas populações de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. **Revista Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 37, n. 81, p. 079-087, mar. 2009.

KAGEYAMA, P. Y.; KRUGNER, T. L.; MORA, A. L.; BERTOLOTTI, G.; GAIAD, S. Avaliação de progênies de árvores superiores de *Eucalyptus grandis* (nota prévia). **Revista Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais**, n. 80, 1979. (Circular Técnica).

KUMAR, A.; LUNA, R. K.; PARVEEN; KUMAR, V. Variability in growth characteristics for different genotypes of *Eucalyptus tereticornis* (SM.). **Journal of Forestry Research**, v. 21 n. 4, p. 487-491, 2010.

MADHIBHA, T.; MUREPA, R.; MUSOKONYI, C.; GAPARE, W. Genetic parameter estimates for interspecific *Eucalyptus* hybrids and implications for hybrid breeding strategy. **New Forests**, v. 44, p. 63-84, DOI 10.1007/s11056-011-9302-8, 2013.

MAJIDI, M.M.; MIRLOHI, A.; AMINI, F. Genetic variation heritability and correlation of agro-morphological traits in tall fescue (*Festuca arundinaceae* Schreb.). **Euphytica**, v. 167, p. 323-331, 2009.

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

MARTINS, I. S.; MARTINS, R. C. C.; PINHO, D. S. Alternativas de índices seleção em uma população de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Revista Cerne**, Lavras, v. 12, n. 3, p. 287-291, jul./set. 2006.



MASSARO, R. A. M.; BONINE, C. A. V.; SCARPINATI, E. A.; PAULA, R. C. Viabilidade de aplicação da seleção precoce em testes clonais de *Eucalyptus* spp. **Revista Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 20, n. 4, p. 597-609, out./dez. 2010.

MIRANDA, L.; AMORIM, L. **Mato Grosso: atlas geográficos**. Cuiabá: Entrelinhas, 2000. 50 p.

MORAES, M. L. T.; MORI, E. S.; SILVA, A. M.; CANUTO, D. S. O.; SILVA, J. M.; GOMES, J. E.; AULES, D. S. Demonstração da utilização do Software Selegen – “Seleção genética computadorizada” para o melhoramento de espécies perenes. **Revista Científica Eletrônica de Engenharia Florestal**, Ano VII, n. 12, Agos. 2008.

NIETO, V. M.; RODRIGUEZ, J. *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. In: VOZZO, J.A. (Ed.). **Tropical tree seed manual**. Washington. D.C.: United States Department of Agriculture/Forest Service, 2003. p. 466-467.

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

RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEN - REML/BLUP**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002 b. 67 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 77).

RESENDE, M. D. V.; DIAS, L. A. S. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos aditivos e genotípicos em espécies frutíferas. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 22, n. 11, p. 44-52, 2000.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Revista Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, set. 2007.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 975p.

RESENDE, M. D.V.; BERTOLUCCI, F. L. G. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: IUFRO CONFERENCE “*Eucalyptus* plantations: improving fibre yield and quality”. Hobart. Proceedings.. Hobart: CRC for Temperate Hardwood Forestry, 1995. p. 167-170.

RESENDE, M. D.V.; HIGA, A. R.; HELLER, J. B.; STEIN, P. P. Parâmetros genéticos e interação genótipo x ambiente em teste de procedências e progênies de acácia-negra (*Acacia mearnsii*). Embrapa Florestas. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 24/25, p.55-65, Jan./Dez. 1992.

ROSADO, A. M.; ROSADO, T. B.; RESENDE JUNIOR, M. F. R.; BHERING, L. L.; CRUZ, C. D. Ganhos genéticos preditos por diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus urophylla*. **Revista Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 4, n. 12, p. 1653-1659, dez, 2009.

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

ROCHA, M. G. B.; PIRES, I. E.; XAVIER, A.; CRUZ, C. D.; ROCHA, R. B. Avaliação genética de progênies de meio-irmão de *Eucalyptus urophylla* utilizando os procedimentos REM/BLUP E E(QM). **Revista Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 16, n. 04, p. 369–379, out.–dez., 2006.

SAMPAIO, P. T. B.; RESENDE, M. D. V.; ARAÚJO, A. J. Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus caribaea* var. *Hondurensis*. **Revista Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 11, p. 2243-2253, nov. 2000.

SANTOS, F. W.; FLORSHEIM, S. M. B.; LIMA, I. L.; TUNG, W. S. C.; SILVA, J. M.; FREITAS, M. L. M.; TUNG, E. S. C.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Variação genética para a densidade básica da madeira e caracteres silviculturais em uma população base de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 20, n. 2, p.185-194, 2008.

SEBBENN, A. M.; SIQUEIRA, A. C. M.; KAGEYAMA, P. Y.; MACHADO, J. A. R. Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva: *Myroxylon peruiferum* L. F. Allemão. **Revista Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 53, p. 31-38, 1998.

SEBBENN, A. M.; VILAS BOAS, O.; MAX, J. C. M. Variação genética, herdabilidades e ganhos na seleção para caracteres de crescimento em teste de progênies de *Pinus caribaea* var. *bahamensis* aos 20 anos de idade em Assis-SP. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 20, n. 2 p.103-115, 2008.

SEBBENN, A. M.; FREITAS, M. L. M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAES, E. Seleção dentro de progênies de polinização aberta de *Cariniana legalis* Mart. O. Ktze (Lecythidaceae), visando à produção de sementes para recuperação ambiental. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 21, n.1, p. 27-37, 2009.

SILVA, J. M. **Avaliação da variabilidade genética em uma população base de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh, para fins de conservação e melhoramento genético.** 2010. 153 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Estadual Paulista. Ilha Solteira–SP

PAIVA, J. R.; PAIVA, W. O.; CORDEIRO, E. R.; NETO, H. S. Parâmetros genéticos em progênies de polinização livre de acerola. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 4, p. 629-634, abr.1999.

PALUDZYSZYN FILHO, E. **Programa de melhoramento genético de eucalipto da Embrapa Florestas**. 2011. Colombo: Embrapa Floresta.

PINTO, D. S. **Efeito da competição dentro de parcelas, da interação genótipos X ambientes e influência de estratégias de seleção no melhoramento genético de *Eucalyptus***. 2009. 99 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa. Viçosa – MG.

VENCOVSKY, R. Tamanho efetivo populacional na coleta e preservação de germoplasmas de espécies alógamas. **Revista Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais**, Piracicaba, v. 35, p. 79-84, 1987.

ZIMBACK, L.; MORI, E. S.; BRIZOLLA, T. F.; CHAVES, F. Correlações entre caracteres silviculturais durante o crescimento de *Eucalyptus grandis* hill ex maiden. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 23, n. 1, p. 57-67, jun., 2011.

## CAPITULO II

### ANÁLISE MULTIVARIADA EM PROGÊNIES DE *Eucalyptus* *camaldulensis* Dehnh.

## RESUMO

### ANÁLISE MULTIVARIADA EM PROGÊNIES DE *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh

O presente estudo objetivou-se analisar a diversidade genética através da análise multivariada em progênies de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh em Mato Grosso. Os dados foram obtidos de um teste de progênies estabelecido no campo experimental do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Mato Grosso – IFMT/Campus São Vicente, Município de Santo Antônio do Leverger. O referido teste de progênies foi instalado sob delineamento de blocos ao acaso com 132 progênies, cinco repetições e três plantas por parcela em linhas simples, no espaçamento 3 m x 2 m. Aos quatro anos de idade avaliaram-se os caracteres: a) Diâmetro altura do peito (DAP), Altura total (ALTT), Altura comercial (ALTC), Forma de fuste (FF), utilizando-se o procedimento de Tocher, através da distância de Mahalanobis e a distância Euclidiana. Os resultados demonstraram que a análise da diversidade pelo agrupamento de Tocher, através da distância de Mahalanobis resultou na formação de quatorze grupos distintos. Os mais similares se encontram no o grupo I (86 Progênies) e as mais divergentes encontram-se no grupo XIV (1 progênie). A distância de Euclidiana resultou na formação de oito grupos distintos, sendo que as mais similares se encontram no grupo I (76 Progênies) e as mais divergentes se encontram no grupo VIII (1 progênie). O método de agrupamento de Tocher, através da distância de Mahalanobis, destacou-se no arranjo dos agrupamentos, ao alocar um maior número de grupos, aumentando a possibilidade de direcionar os cruzamentos entre progênies com maiores divergências, mantendo-se tamanho efetivo populacional desejável na população segregante, ao longo dos ciclos de seleção.

**Palavras-chave:** Correlação genética, diversidade, agrupamentos.

## ABSTRACT

### MULTIVARIATE ANALYSIS IN PROGENIES OF *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh

The present study was aimed to analyze the genetic diversity through multivariate analysis in progenies *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh in Mato Grosso. The data been obtained from the progenies test established in the in Experimental Field in the Federal Institute of Education, Science and Technology of Mato Grosso - IFMT/Campus São Vicente, the municipality Santo Antônio de Leverger. The reffered progenies test was installed in the form of design blocks with 132 progenies, five repetitions and three plants for parcels in simple lines, in the spacing of 3m x 2m. The age of four years old, evaluated the characters: a) Diameter at Breast Height (DAP), Total height (ALTT), Commercial Height (ALTC), in the form of shaft (FF) using Tocher procedure, through the distance of Mahalanobis and Euclidiana. The results showed that the anlaysis of Tocher procedure, through the distance of Mahalanobis result into formation of fourteen different groups. And the more similar been founded in group I (86 progenies) and the more divergents been founded in the XIV group (1 progenies). The distance of Mahalanobis result in the formation of eight different groups, the resulting more purchased in VIII group (1progenies). The method of groups Tocher, through the distance of Mahalanobis, stands out in the arrangement groups, when allocates a many groups, increasing the possibility to guide the crossing between progênies with higher divergences, keeping the desirable effective population size in the weep population during the selection cycles.

**Keywords:** genetic correlation, diversity, groups.

## 1. INTRODUÇÃO

As espécies do gênero *Eucalyptus* ocupam posição de destaque no setor florestal pelo seu rápido crescimento, propriedades desejáveis da madeira e sua ampla plasticidade.

Dentre as muitas espécies, o *Eucalyptus camaldulensis* destaca-se, devido a sua ampla distribuição geográfica na Austrália, com exceção da Tasmânia, ocorre entre as altitudes que vão desde o nível do mar até 1.000 m e com precipitação entre 250 a 625 mm (NIETO e RODRIGUEZ, 2003).

No Brasil pode ser encontrada desde o Rio Grande do Sul até a Amazônia, ou seja, em praticamente quase todo o território nacional, principalmente em regiões de clima tropical (FERREIRA e SILVA, 2004) e devido ao seu potencial e diversidade de uso vem se destacando entre as espécies do gênero.

Para o sucesso de um programa de melhoramento de espécies perenes, é necessário um banco de germoplasma disponível para utilização em diversas finalidades e, dentre elas, o melhoramento genético na busca do produto desejado. Assim, como a sua variação biológica entre as espécies do gênero, população, dentre as espécies e indivíduos (ABREU et al., 2009).

A análise da diversidade genética é importante para o planejamento de estratégias de melhoramento e também fornece uma base científica para melhor gestão dos recursos genéticos em espécies florestais (POLTRI et al., 2003).

Entre os principais procedimentos para estimação da diversidade genética, destaca-se a análise multivariada, que consiste em um conjunto de métodos e técnicas que considera simultaneamente todas as variáveis, com o auxílio da interpretação teórica do conjunto de dados, podendo-se analisar simultaneamente uma ou mais variáveis, cuja estrutura é apresentada pela variável que é constituída de combinação

linear das variáveis originais, com pesos que são determinados pela análise multivariada (HAIR et al., 2005).

Portanto, a determinação da distância genética de uma população para outra é importante e, normalmente são utilizados os métodos biométricos, nos quais realizam-se as análises, via estatística multivariada, permitindo unificar múltiplas informações de um conjunto de caracteres que são retirados das unidades experimentais, proporcionando ao melhorista uma maior oportunidade de escolher os genitores divergentes (SUDRÉ et al., 2005).

Deste modo, as técnicas multivariadas tornam-se úteis ao avaliar os indivíduos em vários aspectos e, além disso, proporcionam uma visão holística de cada acesso (CRUZ et al., 2004).

Entre as técnicas para a análise multivariada mais comumente utilizada para o estudo da divergência genética, destaca-se análise de agrupamentos (FLAMINI et al., 2006; OLIVEIRA et al., 2007; SILVA et al., 2012; MANFIO et al., 2012).

Este tipo de análise tem por finalidade reunir informações, levando-se em consideração algum critério de classificação, ou seja, os genitores são organizados em grupo, de modo que possa existir a homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre os grupos, identificando-se os genitores divergentes e com maior possibilidade de sucesso nos cruzamentos (CARGNELUTTI FILHO et al., 2008).

Os métodos preditivos de divergência genética são muito utilizados por se basearem em diferenças morfológicas e fisiológicas dos genitores, com isso dispensa a combinação dos híbridos entre eles, o que é vantagem, principalmente se o número de genitores, cuja diversidade esperada for elevada (MANFIO et al., 2012).

A identificação da diversidade genética através de características morfológicas tem sido amplamente usada pelos melhoristas, com a finalidade de identificar cruzamentos com potencial de obter populações segregantes (OLIVEIRA et al., 2008). Sendo assim, o estudo da divergência genética com o auxílio da análise multivariada é uma ferramenta valiosa para o programa de melhoramento genético.



A separação das progênies em grupos distintos é essencial para o melhoramento genético da espécie, pois a partir dos agrupamentos a heterose pode ser obtida para os caracteres quantitativos de interesse econômico, através do cruzamento de progênies pertencentes a diferentes grupos (MANFIO et al., 2012).

O presente estudo objetivou avaliar a diversidade genética em progênies de *Eucalyptus camaldulensis* visando à formação de grupos de progênies mais divergentes, os quais possibilitarão selecionar genótipos mais produtivos no futuro pomar de sementes e na seqüência do programa de melhoramento.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1. CARACTERIZAÇÃO DO EXPERIMENTO

As sementes do *Eucalyptus camaldulensis* foram coletadas de árvores matrizes de polinização aberta, procedência Katherine River, Estado de Queensland, Austrália, obtidas em parceria com a Embrapa Florestas.

As mudas foram produzidas no Campus da Faculdade de Engenharia - UNESP/ Ilha Solteira e plantada no campo experimental do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Mato Grosso – IFMT/Campus São Vicente em Santo Antônio do Leverger. A área está localizada na coordenadas 15°49'21" S latitude e 55°25'06 W longitude, com altitude média de 750 m.

O clima é caracterizado como tropical (Aw), segundo a classificação de Köppen e apresenta duas estações bem definidas: uma quente e úmida e outra mais fria e seca com déficit hídrico. A temperatura anual média está em torno de 20 °C e precipitação média anual é de 2.000 mm (MIRANDA e AMORIM, 2000).

O teste de progênies foi instalado sob delineamento de blocos ao acaso com 132 tratamentos (progênies), cinco repetições e três plantas por parcela em linhas simples, no espaçamento 3 m x 2 m.

Aos 48 meses de idade, as progênies foram avaliadas quanto aos caracteres:

a) Diâmetro à altura do peito (DAP), em cm, medida com fita graduada a 1,30 m acima do nível do solo;

b) Altura total (ALTT), em metros, medido com aparelho hipsômetro Blume-Leiss;

c) Altura comercial (ALTC), em metros, medido com aparelho hipsômetro Blume-Leiss;

d) Forma de fuste (FF), com base na classificação de Kageyama et al. (1979), foi realizada a Tabela 1.

TABELA 1 - DESCRIÇÃO DA FORMA DE FUSTE DAS ÁRVORES

Notas	Classe da forma de fuste
1	Tronco com defeito muito grave
2	Tronco com defeito grave
3	Tronco com defeito bastante visível
4	Tronco com defeito pouco visível
5	Tronco sem defeito

Fonte: Adaptado de Kageyama et al. (1979).

## 2.2 ANÁLISE MULTIVARIADA

Para analisar as variáveis quantitativas no método multivariado, os dados foram processados inicialmente no modelo univariado, pois a análise multivariada só leva em consideração os valores genéticos preditos, que serão utilizados no modelo multivariado.

### 2.2.1 Análise univariada

As variáveis quantitativas foram primeiramente avaliadas através da análise Deviance e por meio do procedimento de modelo linear misto univariado aditivo REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Predição Linear não Viesada) (RESENDE, 2007), aplicados aos testes de progênies de meios irmãos, delineamento de blocos ao acaso, várias plantas por parcela, um só local e uma única população, conforme o Modelo 1 (Software Selegen - REML/BLUP), seguindo o procedimento proposto por Resende (2002).

$$y = Xb + Za + Wc + e \quad (1)$$

onde:

$y, b, a, c$  e  $e$ : são vetores de dados, dos efeitos das médias de blocos (fixo), de efeitos genéticos aditivos (aleatório), de efeitos de parcela (aleatório) e de erros aleatórios; respectivamente;  
 $X, Z$  e  $W$ : matrizes de incidência para  $b, a$  e  $c$ , respectivamente.

### 2.2.2 Análise Multivariada

Para a análise multivariada, utilizou-se os dados processados pelo modelo 1, da análise univariada (Software Selegen - REML/BLUP). Na sequência os dados foram analisados pelo método multivariada, utilizando o modelo 104 do mesmo Software, que consiste na técnica de agrupamento Tocher (RESENDE, 2007).

Para a separação das 132 progênies de acordo com os caracteres, estabelecendo-se o agrupamento das progênies, utilizou-se o referido método de Tocher, considerando a distância de Mahalanobis e a distância Euclidiana média para determinar a dissimilaridade genética e delimitação dos grupos entre as progênies.

O método de Tocher é uma técnica de agrupamentos que adota o critério da distância média intragrupo e que deve ser menor que a distância intergrupo (CRUZ, 2008).

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 2, estão os resultados de significância dos efeitos genéticos aditivos das progênies de *Eucalyptus camaldulensis* avaliadas, por meio da análise de deviance. A análise visa avaliar o efeito do modelo estatístico no contexto da análise de modelos mistos por REML.

TABELA 2 – RESULTADOS DA ANÁLISE DE DEVIANCE E  $\chi^2$  PARA OS CARACTERES DIÂMETRO ALTURA DO PEITO (DAP), ALTURA TOTAL (ALTT), ALTURA COMERCIAL (ALTC) E FORMA DE FUSTE (FF), DE *Eucalyptus camaldulensis* EM SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT, 2012

Caracteres	Efeito	Deviance	LTR( $\chi^2$ )
DAP	h <sup>2</sup> a	6110,90	5,6117*
	c <sup>2</sup> parc	6249,07	143,7817**
	Completo	6105,2883	
ALTT	h <sup>2</sup> a	4677,46	1,0946 <sup>ns</sup>
	c <sup>2</sup> parc	5036,79	360,4246**
	Completo	4676,3654	
ALTC	h <sup>2</sup> a	4085,92	0,5046 <sup>ns</sup>
	c <sup>2</sup> parc	4375,06	289,6446**
	Completo	4085,4154	
FF	h <sup>2</sup> a	-185,36	1,5787 <sup>ns</sup>
	c <sup>2</sup> parc	-148,50	38,4387**
	Completo	-186,9387	

$\chi^2$  tabelado: 3,84 e 6,63, para níveis de significância de 5% e 1%, respectivamente (\*) e (\*\*), "não significativo (<sup>ns</sup>) a 5% de probabilidade."

Constata-se que o efeito da parcela foi significativo para todos os caracteres, o que significa que há diferenças dentro das parcelas, porém para o efeito de progênies somente o caráter DAP foi significativo. Tais resultados foram coerentes para Sturion e Resende (2010) em uma população de *Ilex paraguariensis*.

Os resultados referentes à divergência genética entre as progênies de *Eucalyptus camaldulensis* pelo método Tocher, através da distância de Mahalanobis estão apresentados na Tabela 3.

TABELA 3 - ESTIMATIVAS DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE 132 PROGÊNIES DE *Eucalyptus camaldulensis* PELO MÉTODO TOCHER, ATRAVÉS DA DISTÂNCIA DE MAHALANOBIS EM SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT, 2012

Grupo	Progênies	Total
I	1 3 4 6 8 9 11 12 13 14 16 19 21 22 23 24 26 27 30 31 32 33 34 37 38 39 40 41 42 43 45 46 48 49 50 51 52 53 54 55 57 59 61 63 65 67 71 73 74 75 77 79 80 84 87 88 90 91 92 93 95 96 97 98 101 102 103 105 107 110 112 113 114 115 116 117 119 120 122 123 124 125 127 129 130 72	86
II	7 18 56 62 70 85 89 100	8
III	17 29 60 94 118	5
IV	5 25 28 36 69 76 82 109 121	9
V	15 58 64 78 83 104 106 126	8
VI	2 10 86 111	4
VII	47 81	2
VIII	20 99 108 131	4
IX	68	1
X	128	1
XI	66	1
XII	132	1
XIII	35	1
XIV	44	1

O agrupamento dos indivíduos pelo teste de progênies utilizando o método de Tocher resultou na formação de quatorze grupos distintos, sendo que as mais similares se encontram no grupo I (86 progênies) e as mais divergentes encontram-se no grupo XIV (1 progênie), apresentados na Tabela 3.

Em termos de número de grupos de espécies arbóreas de uso comercial, tais agrupamentos são com aqueles encontrados por Silva et al. (2012) que obtiveram a formação de 13 grupos pelo método de Tocher, dos quais quatro foram unitários, para 99 progênies de *Pinus caribaea* avaliadas para o caráter DAP e, para outra população Missio et al. (2007), obtiveram a formação de 14 grupos pelo método de Tocher, dos quais seis foram unitários, para 119 progênies de *Pinus caribaea* avaliadas para quatro caracteres, entre eles DAP.

O agrupamento facilita a identificação de progênies com desempenho silvicultural e genético superior ou com maior vigor de crescimento nos caracteres analisados.

O grupo I é formado por 86 famílias, ou seja, a maioria das famílias, no grupo IV é formado por 9 famílias, o grupo V e II por 8 famílias, o grupo III por 5 famílias, o grupo VI e VIII é formado por famílias, o grupo VII por 2 famílias as demais distribuem-se nos grupos IX, X, XI, XII, XIII e XIV com 1 família, evidenciando uma ampla diversidade das famílias.

A tendência do método em formar grupos exclusivos e tomar as distâncias intergrupos favoreceu o agrupamento das famílias de forma individualizada, por exemplo, os indivíduos dos grupos IX a XIV evidenciando que estas podem ter vindo de populações distantes para a formação do teste.

Os grupos IX, X, XI, XII, XIII e XIV são menos divergentes em relação aos demais, recomenda-se evitar os cruzamentos em famílias de grupos similares, para evitar que a variabilidade seja limitada, devido inviabilizar os ganhos genéticos a serem alcançados na próxima geração, pois ela é fundamental em um programa de melhoramento (CRUZ et al., 1994).

De acordo com Santos (2012), o agrupamento dos indivíduos é baseado em valores pré-determinados, podem incluir ou não um genótipo no grupo, sendo que este valor é influenciado pela presença de discrepância entre os mesmos, o que possibilita agrupar os genótipos em poucos grupos.

Com base nos resultados encontrados recomendam-se os cruzamentos usando-se polinização controlada entre os progenitores dos grupos mais divergentes (I e XIV, IV e XIII, V e XII, II e XI), entre outros.

Com a separação das famílias em grupos distintos de progênies, pode-se recomendar progenitores para cruzamentos no futuro pomar de sementes, levando em consideração as características desejáveis para as próximas gerações. Portanto, a divergência genética se torna importante para o programa de melhoramento, pois envolverá os cruzamentos de progenitores geneticamente divergentes que são mais indicados para proporcionar maior variabilidade genética nas futuras gerações (MARTINS et al., 2002).

Desta maneira, os pares mais divergentes serão utilizados para a geração de genótipos heterozigóticos, entretanto os menos divergentes serão diferenciados através dos genes a ser transferido, permitindo assim recuperar o genitor recorrente mais rapidamente por meio de retrocruzamento (FERRAZ FILHO et al., 2008; SILVA et al., 2012, MANFIO et al., 2012).

A divergência genética também pode ser obtida pelo método Tocher através da distância Euclidiana média.

Os resultados do agrupamento das progênes referentes à divergência genética de 132 progênes de *E. camaldulensis*, através do método Tocher utilizando a distância Euclidiana média, estão apresentados na Tabela 4.

TABELA 4 - ESTIMATIVA DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE 132 PROGÊNES DE *Eucalyptus camaldulensis* PELO MÉTODO TOCHER, ATRAVÉS DA DISTÂNCIA EUCLIDIANA MÉDIA, EM SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT, 2012

Grupo	Progênes	Total
I	1 2 3 4 6 7 8 9 11 12 13 14 16 21 22 23 24 27 30 31 32 33 34 37 38 39 40 41 43 45 46 47 48 49 50 51 52 56 59 61 62 70 71 74 75 78 79 80 83 84 85 90 91 93 95 96 99 101 103 105 106 107 110 111 113 114 115 116 117 122 123 124 127 129 130 72	76
II	10 17 26 29 36 42 53 54 55 60 63 65 66 67 68 73 77 87 88 94 97 98 102 108 112 121 125 131 132	29
III	25 28 76 82 109 128	6
IV	15 18 19 35 57 64 81 86 89 92 100 119 120 126	14
V	5 69 118	3
VI	44 58	2
VII	104	1
VIII	20	1

Na Tabela 4 observa-se o agrupamento das 132 progênes utilizando a distância de Euclidiana média que resultou na formação de oito grupos distintos, sendo que as mais similares se encontram no grupo I (76 progênes) e as mais divergentes se encontram no grupo VIII (1 progênie).

O grupo I é formado por 76 famílias, ou seja, a maioria das famílias, no grupo II (29 famílias), grupo IV (14 famílias), grupo III (6



famílias), grupo V (3 famílias). Os demais se distribuem nos grupos VI, VII e VIII com 2, 1 e 1 famílias, respectivamente, evidenciando uma ampla diversidade das famílias. Por outro lado, as famílias alocadas dentro do grupo são menos divergentes e entre os grupos mais divergentes.

Tais agrupamentos são coerentes aquela encontrada por Scapim et al. (1999), para uma população de *Eucalyptus camaldulensis* em que obteve a formação de sete grupos pelo método de Tocher, através da distância Euclidiana média com 30 progênies para avaliação de cinco caracteres. Santos, (2012) em outra população de *Eucalyptus* ssp obteve a formação de nove grupos pelo mesmo método com 49 progênies levando em consideração os três caracteres.

Com base nos resultados da Tabela 4, é possível propor os cruzamentos entres os grupos I e VI, II e IV, III e VII, V e VIII, e várias outras combinações possíveis. Os grupos de progenitores que estão localizados muito próximos não são convenientes para hibridação por apresentarem pequena divergência genética entre si, como no caso dos grupos I e II, III e IV, V e VI, VII e VIII, entre outros.

Portanto, os dados demonstraram a existência de variabilidade entre as progênies. Condição imprescindível em termos de perspectivas de ganhos genéticos na condução de futuras gerações de melhoramento (XAVIER, 1996). As separações em grupos divergentes podem orientar o melhorista no direcionamento de cruzamento entre as progênies que apresentarem as maiores divergências, pois são importantes para preservar a variabilidade genética (FERRAZ FILHO et al., 2008).

Os métodos multivariados utilizados foram eficientes, pois agruparam as progênies de acordo com suas divergências. Entretanto, os grupos formados não foram coincidentes na quantidade de grupos pelos diferentes métodos. A distância de Mahalanobis mostrou-se mais eficiente em alocar as progênies em um número maior de grupos.

Na análise de um número reduzido de cruzamentos, a constituição de apenas poucos genitores faz com que os estimadores das funções estimáveis dos efeitos da capacidade combinatória fiquem sujeitos a uma grande variação residual (CRUZ e PIRES, 1996).

Com base nos resultados, podem-se propor estratégias de cruzamentos na seleção do material genético de acordo com o objetivo do programa de melhoramento e da demanda comercial, visando maximizar a heterose nas progênies e aumentar a probabilidade de ocorrência de segregantes superiores em gerações futuras.

#### 4. CONCLUSÕES

- A análise multivariada mostrou-se eficaz para a alocação das progênes em grupos divergentes, bem como a recomendação para o cruzamento, no futuro pomar de sementes do programa de melhoramento do *Eucalyptus camaldulensis* em Mato grosso.
- O método de agrupamento de Tocher, através da distância de Mahalanobis, destacou-se no arranjo dos agrupamentos, ao alocar um maior número de grupos divergentes.
- A distância de Mahalanobis aumenta a possibilidade de direcionar os cruzamentos através da polinização controlada entre progênes mais divergentes, mantendo-se um maior efeito heterótico e uma maior variabilidade genética ao longo dos ciclos de seleção.

## 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, B. F.; RESENDE, M. D. V.; ANSELMO, J. L.; SATURNINO, H. M.; BRENHA, J. A. M.; FREITAS, F. B. Variabilidade Genética entre subamostras de pinhão-manso na fase juvenil. **Revista Magistra**, Cruz das Almas, v. 21, p. 36-40, 2009.

CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N. D.; REIS, R. C. P.; SOUZA, J. R.; JOST, E. Comparação de métodos de agrupamentos para estudo da divergência genética em cultivares de feijão. **Revista Ciência Rural**, Santa Maria, v. 38, p. 2138-2145, 2008.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: diversidade genética**. Viçosa, MG, UFV, 2008. 278 p.

CRUZ, C. D.; PIRES, I. E. **Curso sobre capacidade combinatória de genótipos de eucalipto**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa/Sociedade de Investigação Florestal, 1996. 30 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, O. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Imprensa Universitária, 2004. 480p.

CRUZ, C. D.; VESCOVSKY, R.; CARVALHO, S. P. Estudos sobre a divergência genética. III comparação de técnicas multivariadas. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 41, n. 234, p. 191-201, 1994.

FERRAZ FILHO, P. B.; SILVA, L. O. C.; SOUZA, J. C.; MALHADO, C. H. M. Divergência genética de touros nelores com sêmen disponível em centrais de inseminação no Brasil. Archivos Latinoamericanos de Produccion Animal. **Revista Mayaguez**, v. 16, n. 01, p. 25 – 31, 2008.

FERREIRA, C. A.; SILVA, H. D.; **Comunicado Técnico 116**. Colombo, PR. Dezembro, 2004.

FLAMINI, G.; TEBANO, M.; CIONI, P. L.; BAGCI, Y.; DURAL, H.; ERTUGRUL, K.; UYSAL, T.; SAVRAN, A. A multivariate statistical approach to *Centaurea* classification using essential oil composition data of some species from Turkey. **Plant Systematics and Evolution**. v. 261, p. 217–228. DOI 10.1007/s00606-006-0448-3, 2006.

HAIR, J. F.; ANDERSON, R. E.; TATHUAM, R. L.; BLACK, W. C. **Análise multivariada de dados**. Porto Alegre, Artmed Editora S. A. 2005. 593 p.

KAGEYAMA, P. Y.; KRUGNER, T. L.; MORA, A. L.; BERTOLOTI, G.; GAIAD, S. Avaliação de progênies de árvores superiores de *Eucalyptus grandis* (nota prévia). **Revista Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais**, Piracicaba, 1979. (Circular Técnica n. 80).

MANFIO, C. E.; MOTOIKE, S. Y.; RESENDE, M. D. V.; SANTOS, C. E. M.; SATO, A. Y. Avaliação de progênies de macaúba na fase juvenil e estimativas de parâmetros genéticos e diversidade genética. **Revista Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 32, n. 69, p. 63-68, jan/mar. 2012.

MARTINS, I. S.; PIRES, I. E.; OLIVEIRA, M. C. Divergência genética em progênies de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. **Revista Floresta e ambiente**, v. 9, n.1, p.81-89, jan./dez. 2002.

MIRANDA, L.; AMORIM, L. Mato Grosso: atlas geográficos. Cuiabá: Entrelinhas, 2000. 50p.

MISSIO, R. F.; MORAES, M. L. T.; DIAS, L. A. S. Efeito do desbaste seletivo sobre a divergência genética em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var. bahamensis. **Revista Scientia Forestalis**, n. 73, p. 27-36, mar. 2007.

NIETO, V. M.; RODRIGUEZ, J. *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. In: VOZZO, J.A. (Ed.). **Tropical tree seed manual**. Washington, D.C.: United States Department of Agriculture/Forest Service, 2003. 466-467 p.

OLIVEIRA, D. A.; MELO JUNIOR, A. F.; BRANDÃO, M. M.; RODRIGUES, L. A.; FONSECA, F. S. A.; FERREIRA, M. F. A.; SILVA, G. M. Diversidade genética de população de *Acrocomia aculeata* (Jacq), Lood (Arecaceae) no norte de Estado de Minas. In: SIMPOSIO NACIONAL DO CERRADO, 9.: SIMPOSIO INTERNACIONAL SAVANAS TROPICAIS, 2., 2008. Brasília, DF. **Anais ...Planaltina, DF.:** Embrapa Cerrados, 2008.

OLIVEIRA, M. S. P.; FERREIRA, D. F.; SANTOS, J. B. Divergência genética entre acessos de açazeiro fundamentada em descritores morfoagronômicos. **Revista Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n.4, p.501-506, abr. 2007.

POLTRI, S. N. M; ZELENER, N.; TRAVERSO, J. R.; GELID, P.; HOPP, H. E. Selection of a seed orchard of *Eucalyptus dunnii* based on diversity criteria calculated using molecular markers. **Tree Physiol**, v. 23, p. 625–632. 2003.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 975p.

RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEN - REML/BLUP**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 67 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 77).

SANTOS, L. F. **Avaliação da diversidade genética em *Eucalyptus* ssp, por meio de marcadores moleculares e métodos quantitativos**. 2012. 68 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual de Santa Cruz, Ilhéus – Bahia.

SCAPIM, C. A.; PIRES, I. E.; CRUZ, C. D.; JUNIOR, A. T. A.; BRACCINNI, A. L.; OLIVEIRA, W. R.; Avaliação da diversidade genética em *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh, por meio de análise multivariada. **Revista Ceres**, Viçosa, n. 266, jul./agost.1999.

SILVA, J. M.; AGUIAR, A. V.; MORI, E. S.; MORAES, M. L. T. Divergência genética entre progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea* com base em caracteres quantitativos. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 32, n. 69, p. 69-77, jan./mar. 2012.

SUDRÉ, C. P.; RODRIGUES, R.; RIVA, E. M.; KARASAWA, M.; AMARA-JUNIOR, A. T. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Revista Horticultura Brasileira**, v. 23, n. 1, p. 22-27, 2005.

STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V. Avaliação genética e análise de deviance em um teste desbalanceado de procedência e progênies de *Ilex paraguariensis*. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 30, n. 62, p. 157-160, mai./mar. 2012.

XAVIER, A. **Aplicação da análise multivariada da divergência genética no melhoramento de *Eucalyptus* ssp.** 1996. Tese (Doutorado em Ciências Florestais), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG.