

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERES QUANTITATIVOS EM PROGÊNIES DE POLINIZAÇÃO ABERTA DE *Eucalyptus urophylla*

Cidinei Santos de Souza¹, Miguel Luiz Menezes Freitas², Mário Luiz Teixeira de Moraes³, Alexandre Magno Sebbenn⁴

¹Eng. Agrônomo, M.Sc., Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, UNESP, São Paulo, SP, Brasil - cidineiss@bol.com.br

²Eng. Agrônomo, Dr., Instituto Florestal, Divisão de Dasonomia, São Paulo, SP, Brasil - miguelmfreitas@yahoo.com.br

³Eng. Agrônomo, Dr., Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, UNESP São Paulo, SP, Brasil - teixeira@agr.feis.unesp.br

⁴Eng. Florestal, Dr., Instituto Florestal, Estação Experimental de Tupi, São Paulo, SP, Brasil - alexandresebbenn@yahoo.com.br

Recebido para publicação: 11/12/2010 – Aceito para publicação: 07/06/2011

Resumo

Eucalyptus urophylla S. T. Blake destaca-se pelo potencial de utilização de sua madeira, plasticidade de adaptação a diferentes condições ambientais e por ser tolerante ao cancro. Entretanto, o melhoramento genético da espécie no Brasil depende da existência de variabilidade genética nas populações introduzidas. O objetivo deste estudo foi investigar a variação genética e estimar ganhos na seleção para caracteres quantitativos de uma população base de *E. urophylla* instalada em 1992 em Selvíria (MS). O teste de progênies foi instalado no delineamento experimental em Látice 8 x 8, quintuplo, parcialmente balanceado, com 64 progênies provenientes da Estação Experimental de Anhembi (IPEF/ESALQ/USP). As parcelas continham oito árvores, no espaçamento de 3 x 3 m. Foram detectadas variações genéticas entre progênies para diâmetro à altura do peito (DAP), tipo de casca, forma e sobrevivência. As estimativas de herdabilidade, em nível de média, foram altas para DAP, tipo de casca e forma, variando de 0,50 a 0,85. A seleção pelo índice multiefeitos demonstrou que o número variável de plantas por progênie foi mais indicada para a maximização de ganhos genéticos (7,24%) e tamanho efetivo populacional (69,3). Esses resultados subsidiarão a transformação do teste em pomar de sementes por mudas e fornecimento de material para formação de pomar de sementes clonal.

Palavras-chave: Ganhos na seleção; herdabilidade; melhoramento genético; variância genética.

Abstract

Estimates of genetic parameters for quantitative traits in open-pollinated families of Eucalyptus urophylla. *Eucalyptus urophylla* S. T. Blake is outstanding for valuable wood production potential, adaptation plasticity for different environmental conditions, and for tolerance to canker. However, genetic improvement of this specie in Brazil depends on the existence of genetic variability in the introduced populations. The objective of this study was to investigate the genetic variation and gains in quantitative traits in a population established in 1992 in Selvíria - MS. The progeny trial was established in a partially balanced, 8 x 8 lattice design, with 64 families, collected at Anhembi Experimental Station (IPEF/ESALQ/USP). Each plot was made up of eight trees planted in a 3 x 3 m spacing. Significant among families genetic variations were observed in diameter at breast height (DBH), bark type, stem form, and survival. Estimates of average family heritability were high for all traits, ranging from 0.50 to 0.85. The simulated selection by using multi-effect index showed that under a varying number of plants per family. This method is the most indicated to maximize genetic gains (7.24%) and the effective population size (69.3). These results are a useful support for the transformation of this test into a seedling seed orchard and to become a source of vegetative material to build a clonal seed orchard.

Keywords: Heritability; gains in selection; genetic variance; progeny test; tree breeding.

INTRODUÇÃO

O Brasil possui uma das maiores coberturas florestais exóticas do mundo, sendo as atividades florestais de grande importância econômica, com destaque para a geração de empregos, que chega ao redor de 6,5 milhões de pessoas, e de renda, representando 3,4% do PIB brasileiro, correspondendo a

cerca de 9% da população economicamente ativa do país. As florestas são fontes produtoras de matéria-prima para carvão vegetal, madeira sólida, móveis, papel, celulose e artesanato, entre outras atividades, movimentando um montante em torno de US\$ 20 bilhões ao ano (SOCIEDADE BRASILEIRA DE SILVICULTURA/SBS, 2008).

O Brasil, com sua extensa área territorial, possui clima e solos favoráveis à silvicultura. Dentre os gêneros de espécies florestais que apresentam bom crescimento, desenvolvimento e qualidade da madeira para a implantação de florestas plantadas, destacam-se *Eucalyptus*, com 68,2% de área cultivada no país, *Pinus*, com 25,2% e, em menores proporções (6,6%), as espécies *Acacia mearnsii*, *Acacia mangium*, *Hevea brasiliensis*, *Schizolobium amazonicum*, *Tectona grandis*, *Araucaria angustifolia* e *Populus* spp. (ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE PRODUTORES DE FLORESTAS PLANTADAS/ABRAF, 2011). Devido à sua importância econômica, o gênero *Eucalyptus* é, também, um dos mais extensamente cultivados em regiões tropicais e subtropicais do mundo. Essas plantações têm sido ampliadas em muitos países, pela excelência das propriedades de sua madeira na fabricação de papel, particularmente papel para impressão (ROCHA *et al.*, 2004), e pelo rápido crescimento das árvores. Esse sucesso é reflexo, em grande parte, da adaptabilidade do gênero a uma variedade de condições edafoclimáticas, crescimento rápido e versatilidade da utilidade de sua madeira para aplicações industriais (SANTOS *et al.*, 2004).

Contudo, no Brasil, alguns questionamentos têm surgido a respeito das populações introduzidas, quanto à sua origem e ao conhecimento em termos de divergência genética entre populações, pois esses materiais foram introduzidos a partir de populações naturais da Austrália, podendo ou não ter ocorrido um processo de redução dessa diversidade em razão de cruzamento entre indivíduos aparentados, autofecundações e principalmente devido ao pequeno tamanho efetivo introduzido no país (CAIXETA *et al.*, 2003). Isso é um grande problema para a silvicultura intensiva, visto que a ausência de variação genética nos caracteres de interesse econômico limita o melhoramento genético, pois a variação genética é a matéria-prima do melhoramento.

Eucalyptus urophylla tem destaque devido à sua rusticidade, boa adaptação em diversas regiões edafoclimáticas, características da madeira, resistência ao déficit hídrico e, principalmente, tolerância ao cancro transmitido por *Cryphonectria cubensis* (Brumer) Hodges. Programas de melhoramento de espécies com tais características são importantes, pois possibilitariam a previsão de ganhos em gerações futuras, através de seleção de árvores com maior potencial genético para produção e características silviculturais desejáveis (CRUZ; CARNEIRO, 2003). Calcula-se que existam em torno de 600.000 ha de *E. urophylla* plantados no Brasil, incluindo os híbridos com *E. grandis* (PIGATO; LOPES, 2001).

Devido à grande importância do *E. urophylla* para o setor florestal brasileiro, o objetivo geral do presente trabalho é de quantificar a variação genética em crescimento, em uma população-base estabelecida na forma de teste de progênies, visando a conservação e melhoramento genético da espécie. Os objetivos específicos foram: a) estimar a variação genética em crescimento (diâmetro à altura do peito e altura), tipo de casca, forma, bifurcação e sobrevivência; b) estimar o tamanho efetivo populacional e a diversidade genética após o desbaste do povoamento, para subsidiar programas de melhoramento genético; c) estimar os ganhos esperados mediante seleção com base no índice multiefeitos, visando à transformação do teste em um pomar de sementes por mudas e ao fornecimento de material vegetativo para a formação de um pomar de sementes clonal.

MATERIAL E MÉTODOS

Material testado

O presente trabalho foi desenvolvido utilizando-se sementes de 64 progênies de polinização aberta de *E. urophylla* provenientes de Anhembi (SP), oriundas de uma população de florescimento precoce de área de coleta e área de produção de sementes, envolvendo as procedências de Salesópolis/SP (origem Flores), Anhembi/SP (origem Flores e Timor) e Avaré/SP (origem Timor).

Instalação do ensaio

O teste de progênies foi instalado em 17 de março de 1992, no município de Selvíria (MS). A localização geográfica aproximada da área do experimento está na latitude de 20°20' S, longitude de 51°23' W e altitude de 370 m. O relevo é caracterizado como moderadamente plano e ondulado. O clima do local é do tipo Aw, pela classificação de Köppen, com temperatura média anual de 24,5 °C, umidade relativa do ar média anual de 64,8%, precipitação média anual de 1.232,2 mm e insolação média de 7,3 horas/dia

(HERNANDEZ *et al.*, 1995). O solo local foi classificado, segundo o sistema brasileiro de classificação de solos (EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA/EMBRAPA, 1999), como Latossolo Vermelho Distrófico típico argiloso, A moderado, hipidistrófico, álico, caulínico, férrico, compactado, muito profundo, moderadamente ácido (LVd). O teste foi instalado obedecendo a um delineamento experimental em Látice 8x8 quádruplo, parcialmente balanceado. As parcelas foram dispostas linearmente, com oito árvores, no espaçamento de 3 x 3 m, com bordadura dupla circundando todo o ensaio.

Coleta de dados

Os dados foram coletados em março de 2009, aos 17 anos de idade. Os caracteres analisados foram: a) diâmetro à altura do peito (DAP, em centímetros); b) altura total de plantas (H, em metros); c) tipo de casca (CASCA), sendo atribuídas notas variando de um, para casca totalmente lisa, até cinco, para casca totalmente rugosa; d) forma do fuste (FOR), com base em uma escala de notas variando de um (tortuosidade em toda a extensão) a sete (perfeitamente reto); e) bifurcação (BIFURCA), com base em uma escala de notas variando de um (mais de uma bifurcação, inclusive no terço inferior da árvore) a sete (sem bifurcação); e f) sobrevivência (SOBR) das progênes. O DAP foi medido com suta e a altura utilizando-se “*digital hypsometer-forester vertex*”. A sobrevivência foi avaliada em termos percentuais a partir da contagem do número de plantas vivas em cada parcela, em relação ao número total de plantas iniciais.

Estimativa de parâmetros genéticos e estatísticos

As estimativas de componentes de variância e de parâmetros genéticos foram obtidas pelo método da máxima verossimilhança restrita e melhor predição linear não viciada (REML/BLUP), a partir de dados desbalanceados, empregando-se o software genético-estatístico SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2002b). Para utilizar os modelos propostos pelo programa, foi preciso presumir que as progênes de polinização aberta de *E. urophylla* são de meio-irmãos. Para a avaliação, foi utilizado o modelo estatístico 93 desse programa. As variáveis quantitativas foram analisadas pela metodologia do modelo linear misto (aditivo univariado) REML/BLUP, aplicado aos testes de progênes de meio-irmãos, delineamento de blocos ao acaso, várias plantas por parcela, um só local e uma única população, seguindo o procedimento proposto por Resende (2007). O modelo estatístico correto é: $y = Xr + Za + Wp + e$; em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos (RESENDE, 2007).

Os componentes de variância estimados foram: a) variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$); b) variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_c^2$); c) variância residual (ambiental + não aditiva) ($\hat{\sigma}_e^2$); d) variância fenotípica individual ($\hat{\sigma}_f^2$), sendo $\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2$. Os parâmetros genéticos que nortearam o processo de seleção da população em estudo estimados foram:

a) Herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}_a^2): $\hat{h}_a^2 = \hat{\sigma}_a^2 / \sigma_f^2$

b) Herdabilidade da média de progênes, assumindo sobrevivência completa para sobrevivência (\hat{h}_m^2):

$$\hat{h}_m^2 = \frac{(1/4) \cdot \hat{\sigma}_a^2}{(1/4) \cdot \hat{\sigma}_a^2 + \frac{\hat{\sigma}_c^2}{r} + \frac{(0,75 \cdot \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2)}{n \cdot r}}$$

c) Herdabilidade aditiva dentro de parcela (\hat{h}_{ad}^2):

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

d) Coeficiente de variação genética aditiva individual (CV_{gi}):

$$CV_{gi} (\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_a^2}}{\hat{m}} \cdot 100$$

e) Coeficiente de variação genotípica entre progênies (CV_{gp}):

$$CV_{gp} (\%) = \frac{\sqrt{0,25 \cdot \hat{\sigma}_a^2}}{\hat{m}} \cdot 100$$

f) Coeficiente de variação experimental (CV_e):

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

em que: n é o número de plantas por parcela.

g) Coeficiente de variação relativa (CV_r):

$$CV_r = \frac{CV_{gp}}{CV_e}$$

h) Acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa ($r_{\hat{a}a}$): $r_{\hat{a}a} = \sqrt{\hat{h}_m^2}$

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

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

Ganhos na seleção pelo método do índice multiefeitos

A estimativa de ganhos na seleção foi realizada objetivando a seleção de indivíduos superiores com base no DAP e empregando o índice multiefeitos, segundo metodologia proposta por Resende (2002a). Uma das vantagens da seleção por esse método é a redução do peso dado à média geral das matrizes, permitindo, assim, uma melhor distribuição dos indivíduos selecionados. O índice multiefeitos (IME) possui a expressão:

$$\hat{I} = \hat{b}_1 Y_{ijk} + (\hat{b}_2 - \hat{b}_3) \bar{Y}_{i..} + (\hat{b}_3 - \hat{b}_1) \bar{Y}_{ij.} - \hat{b}_3 \bar{Y}_{.j.} + (\hat{b}_3 - \hat{b}_2) \bar{Y}_{...}$$

em que: $\bar{Y}_{...}$ = média geral do ensaio; Y_{ijk} = valor individual; $\bar{Y}_{i..}$ = média da matriz no ensaio; $\bar{Y}_{ij.}$ = média da matriz em determinado bloco (média da parcela); $\bar{Y}_{.j.}$ = média do bloco;

$\hat{b}_1 = \hat{h}_d^2$ = herdabilidade, no sentido restrito, dentro de parcelas: $\hat{h}_d^2 = \frac{(3/4)\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_d^2}$; $\hat{b}_2 = \hat{h}_m^2$ = herdabilidade,

no sentido restrito, do caráter em estudo: $\hat{h}_m^2 = \frac{[(3+n.b)/(4.n.b)]\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_p^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{b} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{n.b}}$; $\hat{b}_3 = \hat{h}_p^2$ = herdabilidade, no sentido

restrito, do caráter em estudo: $\hat{h}_p^2 = \frac{[3/(4.n)]\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_e^2 + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{n}}$.

O tamanho efetivo populacional (N_e) foi estimado com base em Resende (2002a):

$$N_e = (4.N_f \cdot \bar{k}_f) / [\bar{k}_f + 3 + (\sigma_{kf}^2 / \bar{k}_f)]$$

em que: \bar{k}_f = número médio de indivíduos selecionados por matriz; σ_{kf}^2 = variância do número de indivíduos selecionados por matriz; N_f = número de matrizes selecionadas; D = diversidade genética após a seleção, quantificada conforme Wei e Lindgren (1996), citados por Resende (2002a): $D = N_{ef} / N_{fo}$, em que $0 < D \leq 1$; N_{fo} = número original de matrizes que, no presente trabalho, corresponde a 64; N_{ef} = número efetivo de matrizes selecionadas, sendo dado por: $N_{ef} = (\sum k_f)^2 / \sum k_f^2$.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Médias e incremento médio anual

O experimento apresentou sobrevivência de 55%. Uma parte das mortes ocorreu devido ao efeito de dominância e a outra foi devida a causas naturais, como raios e ventos, levando à quebra de galhos e ponteiros. As médias de DAP e altura foram, respectivamente, 23,73 cm e 31,58 m (Tabela 1), e o incremento médio anual (IMA) foi de 1,40 cm em DAP e 1,86 m em altura, aos dezessete anos de idade. Silva (2003), trabalhando com *E. urophylla*, obteve IMA, aos dez anos de idade, de 1,95 cm em DAP e 2,72 m em altura. Em *E. camaldulensis*, Moraes *et al.* (2007) obtiveram IMA de 0,94 m em altura e 0,96 cm em altura aos 19 anos, em Luiz Antônio/SP. Sacco e Mori (2002) obtiveram IMA de 1,34 cm em DAP e 1,98 m em altura em *E. urophylla* com oito anos de idade. Essa comparação demonstra que os valores obtidos no presente trabalho evidenciam o alto potencial para utilização desse material para reflorestamento na região de Selvíria (MS).

A média da nota para a forma de fuste foi 3,97, aproximando-se de uma árvore reta na parte inferior, com tortuosidade acentuada no topo (nota 4). Nessa mesma espécie, Silva (2003) observou valores médios de 2,6 para forma, em uma escala de um a cinco.

Tabela 1. Estimativas de componentes de variação e parâmetros genéticos em progênies de polinização aberta de *Eucalyptus urophylla*, aos 17 anos de idade, em Selvíria (MS).

Table 1. Estimates of variance components and genetic parameters in open-pollinated progenies of *Eucalyptus urophylla*, at 17 years of age, in Selvíria (MS).

Parâmetros	DAP (cm)	ALT (m)	CASCA	FOR	BIF
$\hat{\sigma}_a^2$	7,0927	2,8492	0,5743	0,4234	0,0034
$\hat{\sigma}_c^2$	0,6041	6,0904	0,0119	0,1196	0,0248
$\hat{\sigma}_e^2$	61,6825	73,7152	0,5003	2,8587	0,8675
$\hat{\sigma}_f^2$	69,3794	82,6548	1,0865	3,4018	0,8957
\hat{h}_a^2	0,10±0,05	0,03±0,03	0,53±0,11	0,13±0,53	0,004±0,01
\hat{C}_p^2	0,0087	0,0737	0,0109	0,0352	0,0277
\hat{h}_m^2	0,50	0,19	0,85	0,51	0,03
$r_{\hat{a}a}$	0,7049	0,4314	0,9211	0,7114	0,1755
\hat{h}_{ad}^2	0,08	0,03	0,46	0,10	0,003
CV_{gi} (%)	11,22	5,35	19,64	16,39	0,86
CV_{gp}	5,61	2,67	9,82	8,20	0,43
CV_e (%)	12,63	12,50	9,28	18,10	5,41
CV_r	0,44	0,21	1,06	0,45	0,08
\hat{m}	23,73	31,58	3,86	3,97	6,75
Teste-F	2,00**	1,23 ^{n.s.}	6,60**	2,02**	1,03 ^{n.s.}

$\hat{\sigma}_a^2$: variância genética aditiva; $\hat{\sigma}_c^2$: variância ambiental entre parcelas; $\hat{\sigma}_e^2$: variância residual (ambiental + não aditiva); $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual; \hat{h}_a^2 : herdabilidade individual dos efeitos aditivos; \hat{C}_p^2 : coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas; \hat{h}_m^2 : herdabilidade da média de progênies; $r_{\hat{a}a}$: acurácia; \hat{h}_{ad}^2 : herdabilidade aditiva dentro de parcela; CV_{gi} : coeficiente de variação genética aditiva individual; CV_{gp} : coeficiente de variação genotípica entre progênies; CV_e : coeficiente de variação experimental; CV_r : coeficiente de variação relativa; \hat{m} : média geral; ** significativo, nível de 1%.

Variância genética

Os coeficientes de variação experimental (CV_e) variaram de baixos a médios, sendo os menores em bifurcação e tipo de casca (5,41 e 9,28, respectivamente), seguidas por altura e DAP (12,50 e 12,63, respectivamente), evidenciando a baixa interferência do ambiente e a boa precisão do método utilizado nas avaliações dos caracteres.

As progênies apresentaram variações significativas, em nível de 1%, pelo teste F em DAP, tipo de casca, forma de fuste e sobrevivência. Não foi constatada variação significativa entre progênies em altura e bifurcação. Assim, a variação genética existente sugere a possibilidade da continuidade do programa de melhoramento da espécie para os caracteres que apresentaram significância.

Resende *et al.* (1995) definiram a acurácia de seleção de progênies como a correlação do valor genético verdadeiro do indivíduo e o índice fenotípico utilizado para a sua estimação. No intervalo de 0,1 a 0,4, a acurácia é considerada baixa; de 0,4 a 0,7 mediana; e maior que 0,7, alta. Assim, quanto maior a acurácia, maior a precisão da seleção e, conseqüentemente, maior o ganho genético. No presente trabalho, o tipo de casca, a forma de fuste e o DAP apresentaram acurácias altas.

O tipo de casca, a forma de fuste e o DAP apresentaram as maiores estimativas dos coeficientes de variação genética individual (CV_{gi}) e entre progênies (CV_{gp}). Todos os coeficientes individuais foram maiores que os coeficientes entre progênies, evidenciando a existência de variação genética e possível aproveitamento para melhoramento genético da população. Em estudo realizado por Moraes (1987) com *E. grandis*, foram obtidas estimativas do coeficiente de variância genética na ordem de 10,23 a 20,46% em DAP e de 8,98 a 17,97% em altura. Segundo Silva (2005), na escolha do caráter objeto de seleção, é comum utilizar-se aquele que tenha maior importância, mas deve-se levar em consideração aqueles cuja avaliação esteja menos sujeita a erros, como o DAP. No presente trabalho, esse caráter foi utilizado como base para aplicar a seleção. Em DAP, o coeficiente de variação relativa (CV_r) foi de 0,44 e o coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (\hat{C}_p^2) de 0,0087. Eles são considerados baixos, não permanecendo heterogeneidade ambiental dentro de blocos. Isso reforça o bom desempenho do delineamento experimental empregado no ensaio.

Herdabilidades

Para estimar as herdabilidades, considerou-se a interpretação proposta por Resende *et al.* (1995). As estimativas de herdabilidade foram realizadas considerando-se a existência de uma relação de meios-irmãos para as progênies estudadas. Portanto, admite-se que os valores estimados estejam superestimados. As estimativas de herdabilidade individual (\hat{h}_a^2) e dentro de parcela (\hat{h}_{ad}^2) do DAP, da altura, da forma de fuste e da bifurcação foram baixas, variando de 0,003 a 0,13. O tipo de casca apresentou herdabilidades maiores ($\hat{h}_a^2 = 0,53$ e $\hat{h}_{ad}^2 = 0,46$). Os coeficientes de herdabilidade, em nível de média (\hat{h}_m^2), foram altos para DAP, tipo de casca e forma de fuste, variando de 0,50 a 0,85; a altura apresentou herdabilidades medianas (0,19) e a bifurcação mostrou herdabilidade praticamente nula (0,03). Considerando-se os dados obtidos, indica-se a seleção com base na média de progênies, em vez da seleção massal dentro de progênies.

Ganho na seleção

O ganho na seleção, em porcentagem sobre a média do caráter selecionado (GS%), apresenta como variáveis o diferencial de seleção e a herdabilidade ($G_s = h^2.D_s$). O diferencial de seleção é o produto da intensidade de seleção estandardizada, em unidades de desvio padrão fenotípico, da variável que está sendo selecionada pelo desvio padrão fenotípico. Portanto, a escolha da intensidade de seleção é de grande importância na estimativa desses ganhos, pois, com a possível transformação desse teste de progênies em pomar de sementes por mudas, a escolha da intensidade de seleção deve fornecer ganhos satisfatórios que não prejudiquem a polinização do pomar, para não haver problemas de endogamia (MORAES, 1987) ou cruzamentos correlacionados. No presente trabalho, optou-se por uma seleção de 30% entre e de 12,5% dentro de progênies. Essa intensidade de seleção corresponde a um pomar de sementes por mudas com uma população de 100 indivíduos por hectare. Sendo a área do experimento de 2,3 hectares, foram selecionadas 230 árvores.

A utilização do IME, segundo Resende e Higa (1994), permite explorar frações da variância genética aditiva que não são consideradas na seleção entre e dentro de progênies, levando à maximização da precisão na seleção, muito embora, em muitos casos, a inclusão dos efeitos de parcela e de blocos possa alterar a seleção de forma não significativa. Na análise, foram consideradas 230 árvores e as seguintes situações: a) considerando os 230 melhores indivíduos, independentemente do número de indivíduos por progênies (kf variável); e b) aplicando-se o IME aos indivíduos que seriam selecionados pela seleção entre e dentro de progênies (kf igual para todas as progênies). Na condição de kf variável, foram selecionadas 37 progênies (Tabela 2), um número menor de indivíduos por progênies (6,22), com ganho genético de 1,72 cm, sobre a média de 23,73 cm (ganho de 7,24%).

Os 230 indivíduos selecionados representam um tamanho efetivo populacional (N_e) de 69,30, e a variação genética original do teste de progênies seria mantida em 35,35%. Na condição de seleção entre e dentro de progênies, foram selecionadas 23 progênies e um número maior de indivíduos por progênies (10) e o ganho genético foi estimado em 1,47 cm (6,18%). Os indivíduos selecionados representam uma população efetiva (N_e) de 70,77 e a variabilidade original do teste ficaria mantida em 35,94%. A eficiência no ganho da seleção foi de 17,15%. A utilização do IME com kf variável foi melhor que com seleção combinada (E + D).

Tabela 2. Comparação entre indivíduos selecionados mediante diferentes métodos, em progênies de polinização aberta de *Eucalyptus urophylla* em DAP aos 17 anos de idade, em Selvíria (MS).

Table 2. Comparison among the selected individuals by studied selection method in open-pollinated progenies of *Eucalyptus urophylla*, to the dbh trait, at 17 years of age, in Selvíria (MS).

IME - Kf: variável		Seleção E + D	
Família	Kf	Família	Kf
1	8	1	10
2	1	9	10
5	1	10	10
9	7	11	10
10	8	14	10
11	6	15	10
13	3	18	10
14	17	20	10
15	11	21	10
17	1	23	10
18	8	28	10
19	3	29	10
20	8	39	10
21	4	40	10
22	2	41	10
23	7	42	10
27	5	44	10
28	12	48	10
29	5	49	10
31	2	51	10
37	4	55	10
39	12	56	10
40	2	62	10
41	14		
42	15		
44	16		
45	1		
46	2		
48	16		
49	5		
51	3		
55	12		
56	3		
58	1		

62	2		
63	1		
64	2		
N	230	N	230
N _f	37	N _f	23
\overline{K}_f	6,22	\overline{K}_f	10
$\hat{\sigma}_{kf}^2$	25,2297	$\hat{\sigma}_{kf}^2$	0
N _{ef}	22,63	N _{ef}	23
\hat{m}	23,73	\hat{m}	23,73
N _e	69,30	N _e	70,77
Gs (cm)	1,72	Gs (cm)	1,47
Gs (%)	7,24	Gs (%)	6,18
Ef(%)	17,15	Ef(%)	-
D	0,3535	D	0,3594

N: número de indivíduos selecionados; N_f: número de matrizes selecionadas; \overline{K}_f : número médio de indivíduos selecionados por matriz; $\hat{\sigma}_{kf}^2$: variância do número de indivíduos selecionados por matriz; N_{ef}: número efetivo de matrizes selecionadas; \hat{m} : média do experimento; N_e: tamanho efetivo populacional; Gs: ganho na seleção; Ef: eficiência do ganho; D: divergência genética.

CONCLUSÕES

- O desenvolvimento das progênies é, na média, ótimo para a região.
- Existe substancial variação genética para os caracteres DAP, tipo de casca e forma do fuste.
- A seleção dos 230 melhores indivíduos, para o DAP, com base no seu valor genético prediz altos ganhos na seleção.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem ao Técnico José Cambuim e Alexandre Marques da Silva, pelo auxílio na coleta de dados, e ao CNPq, pelas bolsas de mestrado e produtividade em pesquisa.

REFERÊNCIAS

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE PRODUTORES DE FLORESTAS PLANTADAS (ABRAF). **Anuário Estatístico da ABRAF 2011**. Disponível em: <<http://www.abraflor.org.br/estatisticas/ABRAF08-BR.pdf>>. Acesso em: 07/06/2011.

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, v. 27, n. 3, p. 357 - 363, 2003.

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

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA (EMBRAPA). **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Rio de Janeiro: EMBRAPA/CNPQ, 1999. 412 p.

HERNANDEZ, F. B. T.; LEMOS FILHO, M. A. F.; BUZETTI, S. **Software HIDRISA e o balanço hídrico de Ilha Solteira**. Ilha Solteira: Faculdade de Engenharia; Universidade Estadual Paulista, 1995. 45 p. (Série Irrigação, 1).

MORAES, M. L. T. **Variação genética da densidade básica da madeira em progênies de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden e suas relações com as características de crescimento**. 115 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1987.

- MORAES, M. L. T.; ZANATTO, A. C. S.; MORAIS, E.; SEBBENN, A. M.; FREITAS, M. L. M. Variação genética para caracteres silviculturais em progênies de polinização aberta de *Eucalyptus camaldulensis* em Luiz Antonio/SP. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 19, n. 2, p. 113 - 118, 2007.
- PIGATO, S. M. P. C.; LOPES, C. R. Caracterização silvicultural, botânica e avaliação da variabilidade genética por meio de marcador molecular RAPD em um teste de progênies de *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 2, n. 60, p. 135 - 148, 2001.
- RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002a. 975 p.
- _____. **Software SELEGEN - REML/BLUP**. Colombo: Embrapa/ CNPF, 2002b. 67 p. (Série documentos, 77).
- _____. **Software SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 359 p.
- RESENDE, M. D. V.; ARAÚJO, A. J.; SAMPAIO, P. T. B.; WIECHETECH, M. S. S. Acurácia seletiva, intervalos de confiança e variâncias de ganhos genéticos associados a 22 métodos de seleção em *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Floresta**, Curitiba, v. 24, n. 1/2, p. 35 - 45, 1995.
- RESENDE, M. D. V.; HIGA, A. R. Estimção de valores genéticos no melhoramento de *Eucalyptus*: seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e seus parentes. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, v. 1, n. 28 - 29, p. 11 - 36, 1994.
- ROCHA, F. T.; FLORSHEIM, S. M. B.; COUTO, H. T. Z. Variação das dimensões dos elementos anatômicos da madeira de árvores de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden aos sete anos. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 16, n. 1, p. 43 - 55, 2004.
- SACCO, M. P. R.; MORI, E. S. Estimção de parâmetros genéticos para o melhoramento de *Eucalyptus urophylla*. In: CONGRESSO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UNESP, 14., 2002, Presidente Prudente. **Resumos...** Presidente Prudente: UNESP/FCT, 2002. CD-ROM.
- SANTOS, P. E. T.; GERALDI, I. O.; GARCIA, J. N. Estimates of genetic parameters of wood traits for sawn timber production in *Eucalyptus grandis*. **Genetics and Molecular Biology**, São Paulo, v. 27, n. 4, p. 567 - 573, 2004.
- SOCIEDADE BRASILEIRA DE SILVICULTURA (SBS). **Fatos e números do Brasil florestal**, São Paulo, fev./2008. 109 p. Disponível em: <<http://www.sbs.org.br/FatoseNumerosdoBrasilFlorestal.pdf>>. Acesso em: 07/06/2011.
- SILVA, L. D. C. **Variação genética e métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake**. 72 f. Dissertação (Mestrado) – Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2003.
- SILVA, J. M. **Análises genéticas em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var. *caribaea* por caracteres quantitativos e marcadores moleculares**. 129 f. Dissertação (Mestrado) – Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2005.
- WEI, R. P.; LINDGREN, D. Effective family number following selection with restrictions. **Biometrics**, Arlington, v. 52, p. 198 - 208, 1996.

