

AValiação GENÉTICA E SELEÇÃO EM *Eucalyptus grandis* NA REGIÃO DE ARAPOTI - PR¹

Laércio Luiz Duda², Marcos Deon Vilela de Resende¹ e Hélio Carlos Sanches Cândido³

RESUMO - Foram avaliados 17.916 indivíduos, pertencentes a 163 progênies de polinização aberta de 11 populações de *Eucalyptus grandis*, implantadas em duas fazendas na região de Arapoti - PR, visando a seleção de indivíduos com base em seus valores genéticos preditos. Foram obtidas estimativas médias da herdabilidade no sentido restrito, em nível de indivíduos e da acurácia seletiva, da ordem de 40 e 65%, respectivamente. A estimativa (0,75) da correlação genética entre médias de progênies, nas duas fazendas, indicou que a interação genótipo X ambiente não é problemática para o melhorista. Ganhos genéticos da ordem de 87 a 105% poderão ser obtidos com o estabelecimento das populações de melhoramento e de produção de sementes, respectivamente.

Palavras-chave: Métodos de seleção, tamanho efetivo populacional e ganho genético.

GENETIC EVALUATION AND SELECTION IN *Eucalyptus grandis* IN THE REGION OF ARAPOTI - PR

ABSTRACT - 17916 individuals from 163 progenies of eleven *Eucalyptus grandis* populations were evaluated in two tree farms in the region of Arapoti - PR, aiming at the selection of individuals based on their predicted breeding values. Average estimates of the strict sense heritability at individual level and selective accuracy, of 40% and 65% respectively, were obtained. The estimate (0,75) of the genetic correlation between progeny means at the two farms showed that the interaction genotype X environment is negligible for the breeder. Genetic gains between 87% and 105% can be obtained with the establishment of population improvement and seed production, respectively.

Key words : Selection methods, effective population size, genetic gain.

1. INTRODUÇÃO

O *Eucalyptus grandis* tem se destacado como espécie promissora para produção de madeira nas condições ecológicas de Arapoti-PR, em propriedades da INPACEL. Assim sendo, estabeleceu-se uma rede experimental na região, com o objetivo de conduzir o melhoramento genético da espécie.

Em outras regiões do Brasil, o *Eucalyptus grandis* já vem sendo melhorado a algum tempo (KAGEYAMA, 1980 e 1983; MORAES, 1987). Até o final da década de 80, o principal método de seleção empregado era seleção entre e dentro de progênies (KAGEYAMA e VENCOVSKY, 1983). Porém, no início desta década, métodos de seleção mais elaborados começaram a ser incorporados ao

¹ Recebido para publicação em 15.5.1996.

Aceito para publicação em 25.9.1997.

² INPACEL - Indústria de Papel Arapoti S.A., Caixa Postal 11, 86510.000 Arapoti-PR. ³ EMBRAPA - CNPF - Estrada da Ribeira, km 111, Caixa Postal 319, 83411-000 Colombo-PR.

melhoramento do *Eucalyptus* no Brasil, métodos estes com base em índices de seleção, utilização de informações de parentes e melhor predição linear (BUENO FILHO, 1992; RESENDE et al., 1990, 1993, 1994a; RESENDE e HIGA, 1994a). De maneira geral, esses métodos se baseiam na maximização da correlação entre os valores genéticos verdadeiros e os índices utilizados para estimá-los e caracterizam-se pela utilização eficiente de todas as informações disponíveis, particulares a diferentes situações experimentais. Procedimentos de maximização de ganho genético com restrição ao tamanho efetivo e à endogamia, visando tanto ganhos genéticos imediatos quanto a longo prazo, também foram incorporados (RESENDE e BERTOLUCCI, 1995), fato que tem permitido uma avaliação genética mais completa.

O presente trabalho teve como objetivos a avaliação genética e a seleção de indivíduos de *Eucalyptus grandis*, visando o estabelecimento de populações de melhoramento e de produção de sementes na região de Arapoti - PR

2. MATERIAL E MÉTODOS

A rede experimental avaliada constituiu de quatro testes de procedência/progênie de *Eucalyptus grandis*, avaliados em dois sítios: Fazenda Barra Mansa e Fazenda São Nicolau, somando um total de 17.916 indivíduos, conforme os Quadros 1 e 2.

Todos os experimentos foram instalados no delineamento de blocos ao acaso, com seis plantas por parcela. Em cada fazenda foram avaliadas 11 procedências, distribuídas em dois experimentos, conforme o Quadro 3.

Foram avaliadas as variáveis altura, diâmetro à altura do peito e volume aos 31 meses.

As análises de variância/covariância foram conduzidas por experimento e também conjuntamente, por meio dos dois sítios, visando inferir a respeito da interação genótipo X ambiente. Os componentes de variância / covariância (estimados pelo processo de quadrados mínimos, conforme

VENCOVSKY e BARRIGA, 1992), foram utilizados para estimação de parâmetros genéticos (herdabilidades e correlações genéticas) e fenotípicos e predição de valores genéticos para o caráter volume. Todas as análises foram feitas mediante o uso do "software" SELEGEN (RESENDE et al., 1994b).

Foram comparados 22 procedimentos (univariados e multivariados) de predição de valores genéticos dentro de procedências. Em geral, para todas as procedências, os melhores métodos (com maior acurácia) envolveram a utilização dos vários efeitos do modelo estatístico (RESENDE e HIGA, 1994b), sendo em alguns casos com base nas variáveis altura, diâmetro e volume, simultaneamente, e na maioria dos casos com base apenas no caráter volume.

Quadro 1 - Caracterização dos testes de procedência/progênie avaliados na região de Arapoti-PR

Table 1 - Characterization of the provenance/progeny tests evaluated in the Region of Arapoti-PR

| | | Fazenda Barra Mansa | |
|-------------|-----|---------------------|---------------------------------------|
| | | Nº de Blocos | Nº de Progênies de Polinização Aberta |
| Experimento | 309 | 10 | 81 |
| Experimento | 310 | 10 | 82 |
| | | Fazenda São Nicolau | |
| | | Nº de Blocos | Nº de Progênies de Polinização Aberta |
| Experimento | 311 | 7 | 78 |
| Experimento | 312 | 10 | 81 |

Quadro 2 - Caracterização edafoclimática dos locais dos experimentos em Arapoti-PR

Table 2 - Characterization of climate and sites of the trial localization in Arapoti-PR

| Experimento | Fazenda | Latitude | Longitude | Altitude (m) | Classificação dos Solos |
|-------------|-------------|----------|-----------|--------------|-------------------------|
| 309 | Barra Mansa | 24° 04' | 49° 47' | 795 | L.V.E. |
| 310 | Barra Mansa | 24° 04' | 49° 47' | 795 | L.V.E. |
| 311 | São Nicolau | 24° 12' | 50° 01' | 725 | L.V.E. |
| 312 | São Nicolau | 24° 12' | 50° 01' | 725 | L.V.E. |

Quadro 3 - Procedências de *Eucalyptus grandis* avaliadas na região de Arapoti-PR

Table 3 - Provenances Of *Eucalyptus grandis* evaluated in the Region Of Arapoti-PR

| Procedências | Latitude | Longitude | Altitude (m) |
|------------------------|----------|-----------|--------------|
| 1 - S Ravenshoe QLD | 17°42' | 145°28' | 860-940 |
| 2 - S ERavenshoe QLD | 17°50' | 145°33' | 720-880 |
| 3 - S EMareeba - QLD | 17°06' | 145°38' | 900-1.140 |
| 4 - S Atherton QLD | 17°18' | 145°25' | 1.000-1.200 |
| 5 - S Atherton QLD | 17°25' | 145°27' | 900-1.000 |
| 6 - Dorrigo NSW | 30°16' | 151°45' | 600 |
| 7 - Kenilworth SF-QLD | 26°44' | 152°39' | 600-700 |
| 8 - Knorri SF- NSW | 31°50' | 152°01' | 230 |
| 9 - Urbenville NSW | 28°34' | 152°34' | 450- 600 |
| 10 - Bellthorpe SF-QLD | 26°52' | 152°42' | 500 |
| 11 - Dorrigo NSW | 30°13' | 152°46' | 640 |

Os valores genéticos dentro de procedências (g_k) foram utilizados para predição dos valores genéticos por meio das procedências (g_i), pela expressão: $g_{ik} = p_i + g_j$, em que P_i refere-se ao efeito genético da procedência, considerado como fixo. Esse procedimento conduziu a predições na classe BLUP (melhor predição linear não-viciada), conforme HENDERSON (1973).

O seguinte modelo linear foi empregado para predição dos valores genéticos, para o efeito de progênies:

$$y = X\beta + Zg + \epsilon$$

em que

y = vetor de dados (N x 1);

X = matriz de incidência que associa elementos de β a y (N x P);

β = vetor de efeitos fixos, contendo os efeitos de procedência, de bloco e de experimento (P x 1);

Z = matriz de incidência que associa os elementos de g a y (N x q);

g = vetor de valores genéticos a serem preditos (q x 1); e

ε = vetor aleatório associado a efeitos residuais (N x 1).

Os vetores β e g foram estimados e preditos, respectivamente, por:

$$\hat{\beta} = (X' V^{-1} X)^{-1} X' V^{-1} Y \text{ e } \hat{g} = GZ' V^{-1} (Y - X\hat{\beta})$$

em que

G = matriz, não-singular, de covariância entre os valores genéticos;

V = matriz, não-singular, de covariância (fenotípica) entre os dados.

Os estimadores de β e g utilizados fornecem resultados idênticos aos obtidos pelas equações de modelos mistos apresentadas por HENDERSON (1973), pois são procedimentos equivalentes, conforme demonstrado por HENDERSON (1963). Fundamentos teóricos e práticos da metodologia de modelos mistos para predição de valores genéticos são encontrados em HENDERSON (1984), HILL e MACKAY (1989), GIANOLA e HAMMOND (1990), SEARLE et al. (1992), VAN VLECK (1993) e MRODE (1996). A extensão do modelo, para a análise que envolve vários caracteres, baseou-se em MRODE (1996) e GODDARD (1995).

No processo de estimação de β e predição de g, foram obtidas soluções iterativas para β e g, portanto sem a necessidade de inversão de V. A solução iterativa envolveu os seguintes estimadores (RESENDE, 1997):

$$\text{estimação de } r: (V_{22} + PV_{11}P' - PV_{12} - V_{21}P') \hat{r} = Y_2 - PY_1$$

$$\text{estimação de } \beta: X_1 \hat{\beta} = Y_1 - (V_{12} - V_{11}P') \hat{r}$$

$$\text{predição de } g: (Z'VZ) \hat{g} = GZ'(Y - X\hat{\beta})$$

em que

$$P = X_2 X_1^{-1}$$

V_{11} , V_{12} , V_{2i} , V_{22} , Y_1 , Y_2 , X_1 , X_2 - partições de V , Y e X respectivamente, de forma que X_1 seja não-singular.

Dessa forma, necessitou-se apenas da inversão de X_1 , que é de pequena ordem (de mesma ordem que o número de elementos em \sim). Este procedimento foi empregado por RESENDE et al. (1996) para desenvolvimento de um programa computacional. Os processos iterativos empregados foram os de Gauss Seidel e Gradientes Conjugados (que é mais eficiente), desenvolvidos com base em YUAN (1994).

Após a predição dos valores genéticos referentes ao efeito de progênes, procedeu-se à predição dos valores genéticos referentes ao efeito de indivíduo dentro de progênie, empregando a técnica tradicional de índices de seleção. Posteriormente, os dois conjuntos de valores genéticos foram somados, de forma a obter a predição g , em nível de indivíduo. Este procedimento tem sido comum em melhoramento florestal, resultando em predição BLUP, conforme demonstrado por VERRYN e ROUX (1996) e KLEIN (1995). Isto se deve ao fato de os maiores desbalanceamentos de dados ocorrerem em nível de efeito de progênie e de tal desbalanceamento ser considerado quando da aplicação do BLUP para inferir sobre o valor genético associado ao efeito de progênie.

No melhoramento florestal, as populações de melhoramento apresentam estrutura de parentesco relativamente simples (neste trabalho as famílias eram não-aparentadas), quando comparadas àquelas encontradas em aplicações do melhoramento animal. Este fato permite a subdivisão das populações em grupos (famílias) não-aparentados, permitindo a subdivisão das matrizes em submatrizes menores e não-conectadas, reduzindo-se o esforço computacional. Este tipo de estratégia computacional tem sido muito utilizado em melhoramento florestal, conduzindo a excelentes resultados, conforme corroborado por VERRYN (1994) e VERRYN e ROUX (1996).

A acurácia seletiva (r_{ia}) em nível do efeito de famílias foi determinada com base na expressão (WHITE e HODGE, 1989):

$$r_{ia} = (Z' Q Z)^{-1} / G_i$$

em que o índice i refere-se apenas ao i -ésimo elemento das diagonais de $Z' Q Z$ e G_i ; e $Q = V^{-1} - V^{-1} X (X' V^{-1} X)^{-1} X' V^{-1}$.

A acurácia em nível de indivíduo foi estimada de maneira aproximada, com base no trabalho de MEYER (1989), conforme também apresentado por MRODE (1996).

Os resultados foram apresentados em termos de valores médios por população, os quais refletem primariamente (a acurácia é função da herdabilidade) a magnitude das diferenças entre as herdabilidades associadas a cada uma das populações.

O ganho genético foi calculado, fazendo-se a média dos valores genéticos dos indivíduos selecionados, conforme FALCONER (1960).

Os valores genéticos preditos (g_{ik}) foram utilizados para estabelecimento das populações de melhoramento (visando o melhoramento a médio e longo prazos) e de produção de sementes (visando o progresso genético imediato). No estabelecimento da população de melhoramento, considerou-se um tamanho efetivo (N_e) compatível com a obtenção do limite seletivo das populações, ao mesmo tempo em que se procurou maximizar o ganho genético imediato, conforme RESENDE e BERTOLUCCI (1995).

Para estabelecimento da população de produção de sementes, o número adequado de indivíduos a serem selecionados foi determinado com base no intervalo de confiança do ganho genético, corrigido para a endogamia potencial (RESENDE et al., 1996). O coeficiente de endogamia foi calculado por meio da expressão: $F = 1/(2N_e)$, tendo o N_e sido determinado pela expressão (RESENDE e BERTOLUCCI, 1995):

$$N_e = \frac{4Pn}{\sigma_n^2 / \tilde{n} + \tilde{n} + 3\tilde{n}}$$

em que

P = número de progênies selecionadas;

\bar{n} = número médio de indivíduos selecionados por progênie;

σ_n^2 = variância do número de indivíduos selecionados por progênie.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

No Quadro 4, estão apresentados os valores de herdabilidade e da acurácia associada ao melhor método de seleção para cada procedência, avaliada em cada sítio.

Quadro 4 - Estimativas da herdabilidade no sentido restrito, em nível de indivíduo (h^2_J , de indivíduo dentro da parcela (h^2_d), de parcela (h^2_p) e de médias de progênies (h^2_m), bem como da acurácia seletiva (r_{ia}) associada ao método da melhor predição linear não-viciada (BLUP), para o caráter volume em *Eucalyptus grandis*

Table 4 - Estimates of the narrow sense heritability at the individual level O_{ii} , individual within plots (h^2_s), plot (h^2_p) and average progeny (h^2_m) levels as well as accuracy (r_{ia}) associated to the best linear prediction method (RLU?) for the trait volume of *Eucalyptus grandis*

| Procedência | Fazenda Barra Mansa | | | | |
|-------------|---------------------|---------|---------|---------|----------|
| | h^2_i | h^2_d | h^2_p | h^2_m | r_{ia} |
| 1 | 0,43 | 0,41 | 0,27 | 0,87 | 0,70 |
| 2 | 0,27 | 0,28 | 0,16 | 0,77 | 0,59 |
| 3 | 0,16 | 0,16 | 0,07 | 0,55 | 0,48 |
| 4 | 0,43 | 0,39 | 0,29 | 0,88 | 0,70 |
| 5 | 0,40 | 0,35 | 0,27 | 0,87 | 0,68 |
| 6 | 0,32 | 0,35 | 0,13 | 0,73 | 0,63 |
| 7 | 0,35 | 0,31 | 0,24 | 0,82 | 0,65 |
| 8 | 0,28 | 0,23 | 0,23 | 0,83 | 0,61 |
| 9 | 0,37 | 0,30 | 0,35 | 0,90 | 0,67 |
| 10 | 0,63 | 0,58 | 0,54 | 0,94 | 0,81 |
| 11 | 0,41 | 0,37 | 0,28 | 0,87 | 0,68 |
| Média | 0,37 | 0,34 | 0,26 | 0,82 | 0,65 |

Continúa .
Continue .

Quadro 4, Cont.

Table 4, Conto

| Procedência | Fazenda São Nicolau | | | | |
|-------------|---------------------|---------|---------|---------|----------|
| | h^2_i | h^2_d | h^2_p | h^2_m | r_{ia} |
| 1 | 0,22 | 0,18 | 0,15 | 0,66 | 0,55 |
| 2 | 0,67 | 0,65 | 0,57 | 0,93 | 0,80 |
| 3 | 0,26 | 0,21 | 0,19 | 0,68 | 0,56 |
| 4 | 0,39 | 0,33 | 0,30 | 0,84 | 0,67 |
| 5 | 0,50 | 0,43 | 0,44 | 0,90 | 0,73 |
| 7 | 0,80 | 0,79 | 0,68 | 0,97 | 0,89 |
| 8 | 0,18 | 0,15 | 0,12 | 0,70 | 0,53 |
| 9 | 0,19 | 0,16 | 0,12 | 0,72 | 0,54 |
| 10 | 0,35 | 0,30 | 0,25 | 0,84 | 0,65 |
| 11 | 0,46 | 0,41 | 0,38 | 0,91 | 0,71 |
| Média | 0,40 | 0,36 | 0,32 | 0,82 | 0,66 |

* A procedência nº 6 não apresentou variabilidade genética significativa na Fazenda São Nicolau.

Constatou-se que os coeficientes de herdabilidade (em nível de indivíduo) para o caráter volume apresentaram magnitudes de moderadas a altas, revelando a presença de considerável variabilidade genética nas populações, bem como um adequado controle ambiental associado à condução experimental. As magnitudes foram, em geral, superiores àquelas relatadas na literatura (MORAES, 1987).

As magnitudes dos demais coeficientes de herdabilidade (em nível de indivíduo na parcela, de parcela e de progênie) apresentaram também magnitudes consideráveis, conduzindo a acurácias seletivas de excelentes magnitudes (variando de 0,48 a 0,89) para seleção de indivíduos.

No Quadro 5, estão apresentados os resultados referentes ao estudo da interação genótipos X ambientes.

Verificou-se que, embora a interação progênies X locais tenha sido significativa, a correlação genética (r_G) entre o desempenho das progênies nos dois locais foi de alta magnitude (aproximadamente 0,75), revelando que a interação pode ser atribuída principalmente à parte simples (em razão da mudança de variabilidade genética de um

ambiente para outro) e não à complexa (em razão da falta de correlação entre os materiais nos dois ambientes), conforme conceitos de ROBERTSON (1959). Dessa forma, uma única seleção pode ser realizada, visando a geração de materiais melhorados para os dois locais, pois a alta correlação genética revela que os melhores materiais em um ambiente tenderão a ser melhores também no outro ambiente. Portanto, decidiu-se pelo estabelecimento de uma única população de melhoramento e de uma única população de produção de sementes.

No Quadro 6, estão apresentados os dados referentes à população de melhoramento, bem como os valores genéticos e ganhos genéticos associados aos dez melhores indivíduos.

Verificou-se que os melhores indivíduos possuem valores genéticos (estimados como desvios) de magnitudes da ordem de 50% acima da média geral (0,1435 m). Assim, a seleção desses indivíduos conduzirá a progressos genéticos consideráveis.

A seleção desses indivíduos superiores não acarretará grandes conseqüências ao tamanho efetivo populacional, por causa do grande número de famílias avaliadas.

Na composição da população de melhoramento, restringiu-se o tamanho efetivo a 50, valor este adequado à obtenção do limite seletivo da população (PEREIRA e VENCOVSKY, 1988), e procurou-se maximizar o ganho para esta condição de restrição. Dessa forma, a população de melhoramento constou de 136 indivíduos e deverá conduzir a um ganho genético de 87,0% em volume de madeira.

Quadro 5 - Análises de variancias e correlações genéticas (rG) envolvendo a avaliação de progênies de *Eucalyptus grandis* nos dois ambientes, para o caráter volume de madeira

Table 5 - Analysis Of variance and genetic correlation involving the progeny tests of Eucalyptus grandis in the two environments, for the trait wood volume

| FV | Grupo 1 de Progênies (local 1) | | Grupo 2 de Progênies (local 2) | |
|---------------|-----------------------------------|--------|-----------------------------------|---------|
| | QM | F | QM | F |
| Local (L) | - | - | - | - |
| Progênies (P) | 0,01137 | 6,53** | 0,0160 | 10,39** |
| PxL | 0,00313 | 1,80** | 0,0037 | 2,40** |
| Resíduo Médio | 0,00174 | - | 0,00154 | - |
| ro | 0,747 | | 0,740 | |

** significativo em nível de 1% de probabilidade de erro.

Quadro 6 - Valores genéticos (VG), ganhos genéticos (G) e tamanho efetivo (Ne), associados aos dez melhores indivíduos componentes da população de melhoramento de *Eucalyptus grandis*

Table 6 - Breeding values (VG), genetic gains (G) and effective size (Ne) associated to the 10 best individuals of the breeding population of Eucalyptus grandis

| Ordem | Exp | Bloco | Progênie | Árvore | VG(giK) | G | G(%) | Nova Média | Ne |
|-------|-----|-------|----------|--------|---------|---------|-----------|------------|--------|
| 1 | 17 | 9 | 92 | 1 | 0,21999 | 0,21999 | 153,26524 | 0,36353 | 1.0000 |
| 2 | 10 | 10 | 163 | 3 | 0,1772 | 0,21886 | 152,47276 | 0,36239 | 2.0000 |
| 3 | 10 | 9 | 151 | 1 | 0,21198 | 0,21656 | 150,87516 | 0,36010 | 3.0000 |
| 4 | 10 | 8 | 151 | 2 | 0,20704 | 0,21418 | 149,21718 | 0,35772 | 3.4909 |
| 5 | 10 | 3 | 159 | 2 | 0,19482 | 0,21031 | 146,51873 | 0,35385 | 4.4944 |
| 6 | 17 | 7 | 76 | 5 | 0,18842 | 0,20666 | 143,97676 | 0,35020 | 5.4962 |
| 7 | 10 | 3 | 155 | 6 | 0,17977 | 0,20282 | 141,30037 | 0,34636 | 6.4972 |
| 8 | 10 | 10 | 151 | 3 | 0,17421 | 0,19924 | 138,80871 | 0,34278 | 6.6207 |
| 9 | 10 | 7 | 159 | 5 | 0,17188 | 0,19620 | 136,69070 | 0,33974 | 7.2483 |
| 10 | 10 | 9 | 159 | 1 | 0,17150 | 0,19373 | 134,96954 | 0,33727 | 7.5377 |

No Quadro 7 estão apresentados os resultados referentes à população de produção de sementes.

Quadro 7 - Resultados referentes ao estabelecimento da população de produção de sementes (pomar de sementes clonal) de *Eucalyptus grandis*, considerando diferentes números (n) de indivíduos selecionados
Table 7 - Results concerning to the establishment of the seed production population (clonal seed orchard) of Eucalyptus grandis, considering different numbers of selected individuals (n)

| n | Ne | G | G(%) | IC(%) |
|----|-------|---------|--------|-------------------|
| 5 | 4,49 | 0,2103 | 146,55 | (106,37 - 154,10) |
| 10 | 7,54 | 0,1937 | 134,98 | (109,18 - 142,92) |
| 11 | 8,50 | 0,191 I | 133,17 | (109,25 - 141,43) |
| 12 | 8,52 | 0,1888 | 131,57 | (108,41 - 139,22) |
| 15 | 9,99 | 0,1825 | 127,18 | (107,03 - 134,58) |
| 20 | 12,65 | 0,1747 | 121,74 | (105,03 - 128,89) |
| 25 | 14,75 | 0,1687 | 117,56 | (102,90 - 124,25) |
| 30 | 15,61 | 0,1635 | 113,94 | (100,56 - 120,04) |

n - número de indivíduos selecionados; Ne - tamanho efetivo populacional; G - ganho genético e IC - intervalo de confiança, a 95% de probabilidade.

Verificou-se que quanto menor o número de indivíduos selecionados maior é o ganho genético. Entretanto, o limite inferior do intervalo de confiança para o ganho genético é maximizado com a seleção dos 11 melhores indivíduos (Quadro 7).

Na prática, optou-se por manter o coeficiente de endogamia abaixo de 5%. Assim, foram selecionados os 20 melhores indivíduos, fato que deverá propiciar um ganho genético da ordem de 105 a 129% e o coeficiente de endogamia na população descendente deverá ser da ordem de 3,95%. É importante ressaltar que o ganho genético estimado já foi corrigido para o efeito dessa endogamia potencial.

Os altos ganhos genéticos estimados se devem principalmente ao fato de as populações avaliadas serem praticamente selvagens, introduzidas diretamente da Austrália, ou seja, nunca sofreram qualquer processo de seleção artificial.

4. CONCLUSÕES

- Foram obtidas estimativas de herdabilidade no sentido restrito, em nível de indivíduo e de acurácia, da ordem de 40 e 65%, respectivamente, o que indica excelentes possibilidades para seleção.
- Não existe interação genótipo X ambiente problemática para o melhorista, de forma que uma única população de melhoramento pode ser estabelecida, visando gerar material melhorado para as duas fazendas consideradas.
- Poderão ser obtidos ganhos genéticos da ordem de 87 e 105% com o estabelecimento das populações de melhoramento e de produção de sementes, respectivamente.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BUENO FILHO, 1.5.5. Seleção combinada versus seleção seqüencial no melhoramento de populações florestais. Piracicaba. ESALQ, 1992, 96p. Tese (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. Universidade de São Paulo.
- FALCONER, D.S. Introduction to quantitative genetics. New York: The Ronald Press 1960. 385p.
- GIANOLA, D., HAMMOND, K. (Eds.). Advances in statistical methods for genetic improvement of livestock. Berlin: Springer-Verlag, 1990. 277p.
- GODDARD, M.E. A summary of results in linear models, selection indices and BLUP and their proofs. Annindale: Animal Genetics and Breeding Unit, University of New England, Australia, 1995. (BLUP Course). 18p.
- I-HENDERSON, C.R. Selection index and expected genetic advance. In: HANSON, W.D., ROBINSON, A.F. (eds.). Statistical genetics and plant breeding. NAS-NRC. Washington, 1963. p.141-163.
- HENDERSON, c.R. Sire evaluation and genetic trends. In: ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOR OF J.LUSH, 1973, Champaign. Proceedings ... Champaign : American Society of Animal Science, 1973. p.10-41.

- HENDERSON, C.R. Applications of linear models in animal breeding. University of Guelph, Guelph, 1984. 462p.
- MU, W.G., MACKAY, T.F.C. Evolution and Animal Breeding. CAB International, Wallingford, 1989. 313p.
- KAGEYAMA, P.Y. Variação genética em progemes de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden. Piracicaba: ESALQ, 1980, 132p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. Universidade de São Paulo.
- KAGEYAMA, P.Y. Seleção precoce a diferentes idades em progênies de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden. Piracicaba: ESALQ/USP, 1983. 159p. Tese (Livre Docência) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1983.
- KAGEYAMA, P.Y., VENCOVSKY, R. Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden. IPEF, Piracicaba, v.24, p.9-26, 1983.
- KLEIN, I. T. Multiple trait combined selection in jack pine family test plantations using best linear prediction. *Silvae Genetica*, v.44, n.516. p.362-375, 1995.
- MEYER, K. Approximate accuracy of genetic evaluation under an animal model. *Livestock Production Science*, v.21, p.87 - 100, 1989.
- 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. Piracicaba: ESALQ, 1987. p.129. Tese (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1987.
- MRODE, R.A. Linear models for the prediction of animal breeding values. Wallingford: CAB International, 1996. 187p.
- PEREIRA, M.B., VENCOVSKY, R. Limites da seleção recorrente. I. Fatores que afetam o acréscimo das frequências alélicas. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. v. 23, p.769-780, 1988.
- RESENDE, M.D.V., OLIVEIRA, E.B., HIGA, A.R. Utilização de índices de seleção no melhoramento do Eucalipto. *Boletim de Pesquisa Florestal*, Colombo, v.20, p.1-13, 1990.
- RESENDE, M.D.V., HIGA, A.R., LAVORANTI, O.1. Predição de valores genéticos no melhoramento de *Eucalyptus* Melhor Predição Linear. In: CONGRESSO FLORESTAL BRASILEIRO, 7, 1993, Curitiba. Anais ... Curitiba: s.n.,1993. p.144-147.
- 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.28/29, p.11-36, 1994a.
- RESENDE, M.D.V., HIGA, A.R. Maximização da eficiência da seleção em testes de progênies de *Eucalyptus* através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. *Boletim de Pesquisa Florestal*, Colombo, v.28/29, p.37-56, 1994b.
- RESENDE, M.D.V., HIGA, A.R., LAVORANTI, O.1. Regressão geno-fenotípica multivariada e maximização do progresso genético em programas de melhoramento de *Eucalyptus*. *Boletim de Pesquisa Florestal*, Colombo, n.28129, p.57-71, 1994a.
- RESENDE, M.D.V., OLIVEIRA, E.B., MELINSKI, L.C., GOULART, F.S., OAIDA, G.R. SELEGEN - Seleção Genética Computadorizada - Módulo I. Best Prediction. Manual do Usuário. Curitiba: EMBRAPA/ CNPFlorestas, 1994b. 31p.
- 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 ON *Eucalyptus* PLANTATIONS; IMPROVING FIBRE YIELD AND QUALITY, 1995. Proceedings ... Hobart: IUFRO, 1995. p.167-170.
- RESENDE, M.D.V., ARAÚJO, A.I., SAMPAIO, P.T., WIECHETECK, M.S.S. Acurácia seletiva, intervalos de confiança e variâncias de ganhos genéticos associados a 22 métodos de seleção de *Pinus caribaea varohondurensis*. *Floresta*, 1996 (no prelo).

- RESENDE, M.D.V., JESUS, A., YAMADA, C.K. SELEGEN • Seleção Genética Computadorizada. Módulo III - BLUP. PUC-PR, Departamento de Ciência da Computação. Curitiba, 1996. 23p.
- RESENDE, M.D.V. Numerical linear algebra problems arising from computational forest genetics. In : International Workshop on Numerical Linear Algebra and Optimization. Departamento de Matemática, Universidade Federal do Paraná, 1997. p.58-60.
- ROBERTSON, A. Experimental design in the evaluation of genetic parameters. Biometrics, v.15, p.219-226, 1959.
- SEARLE, S.R., CASELLA, G., McCULLOCH, C.S. Variance components. New York: J. Wiley, 1992. 528p.
- VAN VLECK, L.D. Selection index and introduction to mixed model methods. CRC Press, inc. 1993. 418p.
- VENCOVSKY, R., BARRIGA, P. Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.
- VERRYN, S.D. Improving on best linear unbiased prediction for tree breeding. PhD Thesis. University of Pretoria, Pretoria, 1994.
- VERRYN, S.D., ROUX, C.Z. A memory-friendly algorithmic strategy for Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) In: DIETERS, MJ (ed). Tree Improvement for Sustainable Tropical Forestry. Proceedings ... IUFRO. Caloundra, 1996. p.289.
- WHITE, T.L., HODGE, G.R. Predicting breeding values with applications in forest tree improvement. Kluwer: 1989. 367p.
- YUAN, I. Iterative methods for the generalized least square problems. Ph Thesis. Instituto de Matemática Pura e Aplicada. Rio de Janeiro, 1994.