

ANÁLISE DE GANHOS GENÉTICOS EM TESTE DE PROGÊNIES DE HÍBRIDOS DE *EUCALYPTUS GRANDIS* × *EUCALYPTUS UROPHYLLA*

Marlon dos Santos Pereira Birindiba Garuzzo¹; Andrei Caíque Pires Nunes²; Elizabete Keiko Takahashi³; Carla Aparecida de Oliveira Castro⁴; Thales Augusto Pinto Coelho Nogueira⁵

- (1) Estudante do Curso de Engenharia Florestal, Universidade Federal do Sul da Bahia, Centro de Formação em Ciências Agroflorestais, Ilhéus, BA, Brasil.
- (2) Professor do curso de Engenharia Florestal, Universidade Federal do Sul da Bahia, Centro de Formação em Ciências Agroflorestais, Ilhéus, BA, Brasil.
- (3) Pesquisadora em Melhoramento Genético Florestal, Celulose Nipo-Brasileira S.A. - Cenibra, Belo Oriente, MG, Brasil.
- (4) Estudante de Mestrado em Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Engenharia Florestal, CEP 36570-900, Viçosa, MG, Brasil.
- (5) Estudante do Curso de Engenharia Florestal, Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Engenharia Florestal, CEP 36570-900, Viçosa, MG, Brasil.

marlongaruzzo@gmail.com, andrei.nunes@ufsb.edu.br, elizabete.takahashi@cenibra.com.br, carla.castro0120@gmail.com, thalesapcnogueira@gmail.com

Identificação do evento: Apresentado no IV Congresso Brasileiro de Eucalipto – 07 a 08 de agosto de 2019, Salvador/BA

RESUMO: O objetivo deste estudo foi avaliar um teste de progênies de irmãos completos contendo 77 famílias de híbridos de *Eucalyptus grandis* × *Eucalyptus urophylla* aos 3 anos de idade para selecionar potenciais clones, potenciais genitores e identificar as melhores famílias em um programa de melhoramento florestal no estado de Minas Gerais, Brasil. O delineamento experimental utilizado foi de blocos completos contendo 35 repetições, com parcela de árvore única (*single-tree-plot*). Os caracteres avaliados foram o diâmetro a altura do peito (DAP), a altura total da árvore (ALT), o incremento médio anual (IMA) e a sobrevivência (SOB), as análises foram realizadas no software REML/BLUP. A análise genética apresentou confiabilidade de acordo com altos valores de acurácia (0,89 a 0,99), com estimativas de parâmetros genéticos favoráveis a ganhos genéticos nas famílias híbridas. A melhor família identificada foi a F41, com estimativa de ganho de 15%, se destacando em relação as outras famílias classificadas. As árvores F41 (1055) e F74 (614) comparadas a média de IMA da melhor testemunha clonal apresentaram superioridade na seleção de genitores, com resultados de ganho de 37,95% e 37,25%, respectivamente, são árvores consideradas de alta capacidade de transmitir seu mérito genético aos descendentes. Na seleção de clones os mesmos indivíduos se destacam entre os 10 primeiros classificados, com valores de 47,16% e 51,62%, respectivamente, são possíveis materiais genéticos a serem direcionados a propagação vegetativa e estabelecimento de testes clonais.

Palavra chave: Melhoramento florestal; Parâmetros genéticos; Seleção genética.

INTRODUÇÃO

A indústria brasileira de base florestal é responsável pela geração de 11,4 bilhões de reais anuais para o Brasil, totalizando 0,9% de toda a arrecadação do país. O capital levantado pelas florestas plantadas é proporcionado pelo ótimo desempenho da silvicultura nacional com espécies nativas e exóticas, principalmente do *Eucalyptus* e *Pinus*, que cobrem 98% da área silvicultura em escala industrial. Os plantios florestais podem ser referência de práticas sustentáveis, pois preservam as florestas nativas e fornecem a madeira, matéria prima para produção de celulose e papel, painéis, pisos, madeira serrada, carvão vegetal, entre outros produtos que substituem o uso de derivados de matérias-primas fósseis (IBA, 2017; ROLIM & PIOTTO, 2018).

O melhoramento genético do *Eucalyptus* permitiu o aumento na produtividade de madeira dos plantios, por meio da seleção de espécies e procedências mais adaptadas aos ambientes, métodos de propagação, adequação ao produto final, hibridação e silvicultura clonal (RESENDE et al., 2007). De acordo com PIRES et al., (2017), o uso do teste de progênies usando a metodologia REML/BLUP, possibilita a seleção em diferente estágios e otimiza o processo com a seleção de famílias e indivíduos por seus valores genéticos aditivos, propiciando identificar indivíduos com mérito genético.

A produtividade média do *Eucalyptus* dos principais países produtores do mundo corresponde a 24 m³.ha ao ano de madeira. No Brasil esse valor atinge cerca de 36 m³.ha ao ano, 12 m³.ha acima da média global, com rotação média de 5 anos, liderando o ranking de produtividade florestal. A área com florestas plantadas para fins industriais

no país, atingiu 7,84 milhões de hectares, sendo que 5,67 milhões de hectares (72,3%) são áreas destinadas a produção de *Eucalyptus*, principalmente nos estados de Minas Gerais, Mato Grosso e São Paulo (ABAF, 2016; IBÁ, 2017).

De acordo com Köoen e Geiger (1928), o clima de virginópolis é classificado como Cwa, temperado úmido com inverno seco e verão quente. A temperatura média é de 20,2 °C e a pluviosidade média anual de 1422 mm. Assim, considerando a importância da avaliação de diferentes famílias de irmãos completos em testes de progênies para gerar plantações mais produtivas na silvicultura do híbrido *Eucalyptus grandis* × *Eucalyptus urophylla*, o presente estudo objetivou estimar parâmetros e prever valores genéticos e genotípicos via metodologia de REML/BLUP para caracteres de DAP, altura, IMA e sobrevivência, em um teste de progênies de irmãos completos. Além disso, também foi objetivo selecionar potenciais genitores, clones e famílias superiores.

MATERIAIS E MÉTODOS

Área experimental e análise de dados: O experimento foi conduzido na área da empresa Cenibra, localizada no município de Virginópolis, MG. Aos 3 anos de idade foram mensurados a altura total da árvore (ALT) e o diâmetro a altura do peito (DAP). O DAP foi mensurado com o auxílio de uma fita diamétrica e a altura foi obtida com o uso do relascópio.

Para o cálculo do volume da árvore (VOL) foi utilizada a equação de Schumacher e Hall (1933) conforme descrita abaixo:

$$VOL = \frac{\pi \times DAP^2 \times Altura \times f}{40.000}$$

Onde:

VOL = volume da árvore em m³;

DAP = diâmetro à altura do peito em cm;

Altura = altura total das árvores em m;

f = fator de forma adotado (0,405); e

π = razão entre a circunferência e diâmetro de um círculo (3,14159).

O incremento médio anual (IMA, m³·ha⁻¹·ano⁻¹) foi calculado utilizando o VOL de cada árvore do experimento produzido no espaçamento de 3,0 × 3,0 m e extrapolado para 1 ha e dividido pela idade (3 anos): $IMA = \frac{VOL \times 10.000}{27}$

Onde:

IMA = incremento médio anual (IMA, m³·ha⁻¹·ano⁻¹);

VOL: volume da árvore em m³, aos 3 anos de idade.

Delineamento experimental e modelo estatístico: Um teste de progênies contendo 77 famílias de irmãos completos de híbridos de *Eucalyptus grandis* × *Eucalyptus urophylla* foi implantado no ano de 2014. Foi estabelecido um experimento no delineamento de blocos completos contendo 35 repetições, com parcela de árvore única. Como controle, 3 clones comerciais da empresa Cenibra foram plantados no experimento para comparação do desempenho das progênies com esses materiais.

O modelo estatístico adotado para a análise dos dados e obtenção dos valores genéticos dos indivíduos e das famílias de irmãos completos foi dado por:

$$y = Xr + Zg + Wb + e$$

Em que “y” é o vetor de dados, “r” é o vetor de média geral, “g” é o vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como aleatórios), “b” é o vetor dos efeitos de blocos, e “e” é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras X, Z e W representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. A análise foi realizada utilizando o modelo 147 do software Selegen-Reml/Blup (RESENDE, 2016).

RESULTADOS E DISCUSSÕES

Estimativas dos parâmetros genéticos: Pela estimativa de parâmetros genéticos no processo de melhoramento florestal é possível prever informações correlacionadas à seleção e prever o valor genético dos indivíduos arbóreos (NUNES, 2018). A melhor testemunha clonal apresentou médias de DAP (15,11 cm), altura (19,45 m), IMA (63,53 m³·ha⁻¹·ano⁻¹) e sobrevivência (0,97). A análise genética forneceu estimativas dos parâmetros genéticos para os caracteres DAP, altura, IMA e sobrevivência (tabela 1).

Tabela 1. Estimativas de parâmetros genéticos para teste de progênies de híbridos.

	DAP	ALTURA	IMA	SOBREVIVÊNCIA
h ² a	0,62	0,57	0,55	0,26

c^2_{parc}	0,04	0,02	0,06	0,00
h^2_{mp}	0,87	0,92	0,80	0,98
Acprog	0,93	0,96	0,89	0,99
h^2_{ad}	0,48	0,41	0,43	0,15
Média geral	13,09	17,38	45,15	0,84

h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito; c^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; h^2_{mp} : herdabilidade da média de progênies; Acprog: acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa; h^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro de parcela.

Resende (2002), classifica as magnitudes de herdabilidade individual em: baixa, quando varia de 0,01 a 0,15; moderada, ao variar de 0,15 a 0,50; e alta, quando acima de 0,50. Assim, o experimento apresentou valores altos de herdabilidade para os caracteres DAP (0,62), ALT (0,57), IMA (0,55) e valor moderado para a sobrevivência (0,26). O (c^2_{parc}) até 10% não chega a interferir na estimativa dos parâmetros genéticos, os resultados indicam que todos os caracteres apresentaram valores irrisórios, deste modo, considera-se que o ambiente interferiu pouco entre as parcelas (RESENDE, 2002). O coeficiente de herdabilidade da média de progênies (h^2_{mp}) foi alto para todos os caracteres, apresentando valores entre 0,80 e 0,98, revelando alto controle genético das características e a possibilidade de ganhos genéticos advindos das procedências, resultados similares para h^2_{mp} são encontrados no estudo de Miranda et al., (2015).

Os caracteres DAP, ALT, IMA e SOB foram estimados com alta precisão, com valores de Acprog na seleção de progênies entre 0,89 e 0,99 para todos os caracteres avaliados, indicando que os resultados obtidos pela análise genética são considerados como confiáveis. A h^2_{ad} apresentou resultados entre 0,15 e 0,48, não apresentando resultados altos de herdabilidade para os caracteres entre parcelas.

Seleção de potenciais genitores: Os ganhos referentes ao valor genético aditivo ($u+a$) dos indivíduos para o caráter IMA ($\text{IMA}, \text{m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$) foram computados levando em consideração a média geral da melhor testemunha clonal (tabela 2).

Tabela 2. Ordenamento dos potenciais genitores por seus valores genéticos, e ganhos preditos para o caráter IMA em relação a média da melhor testemunha clonal.

Ordem	Família	Indivíduo	$u+a$	Ganho
1	F41	1055	87,64	37,95%
2	F74	614	87,19	37,25%
3	F41	576	86,54	36,22%
4	F41	44	85,55	34,67%
5	F41	944	85,20	34,11%
6	F41	772	84,38	32,81%
7	F16	721	84,25	32,62%
8	F51	398	83,34	31,19%
9	F74	77	83,33	31,16%
10	F41	2799	81,71	28,61%

O ordenamento dos indivíduos por seus valores genéticos é importante para a seleção de materiais destinados a pomares de hibridação e no uso destinado a propagação seminal de genótipos de elite (PIRES et al., 2017). Os resultados de ganho genético variaram entre 37,95% a 28,61% para os dez principais genitores. Observa-se que a família 41 apresenta relevante desempenho, estando presente em seis colocação no Rank. O ganho do melhor genitor, a árvore 1055 (37,95%), família 41, apresenta valor aditivo considerado de alta capacidade de transmitir seu mérito genético aos descendentes.

Seleção de potenciais clones: Os ganhos referentes aos valores genotípicos ($u + g$) dos indivíduos para o IMA ($\text{m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$) foram computados levando em consideração a média geral da melhor testemunha clonal (tabela 3).

Tabela 3. Ordenamento dos potenciais clones por seus valores genotípicos e ganhos preditos para o caráter IMA ($\text{m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$) em relação à média da melhor testemunha clonal.

Ordem	Família	Indivíduo	$u+g$	Ganho
1	F74	614	96,32	51,62%
2	F41	1055	93,49	47,16%
3	F51	398	92,48	45,57%
4	F41	576	91,95	44,74%
5	F16	721	91,93	44,70%
6	F74	77	90,91	43,10%
7	F41	44	90,57	42,57%
8	F41	944	90,07	41,78%
9	F41	772	88,92	39,97%
10	F13	365	88,68	39,59%

No ordenamento dos 10 melhores potenciais clones, constata-se que os 5 primeiros classificados, encontram-se nas famílias F74, F41, F51 e F16, todos apresentando valores de ganhos preditos superiores a 44%. Esta ordem é importante para direcionar materiais genéticos para clonagem e estabelecimento de testes clonais, uma vez que a propagação vegetativa permite materiais geneticamente idênticos entre si (PIRES et al., 2017). Os valores de ganhos estimados, variaram de 51,62% a 39%, sendo o primeiro indivíduo arboreo classificado, a árvore F74 (614).

Seleção das melhores famílias de híbridos de *Eucalyptus grandis* × *Eucalyptus urophylla*: As 10 melhores famílias foram classificadas conforme o valor genético (u+a) para a variável IMA (m³.ha⁻¹.ano⁻¹). O ganho de seleção por família foi analisado utilizando a média da melhor testemunha clonal.

Tabela 4. Ganhos com seleção de famílias de irmãos completos em relação à média da melhor testemunha clonal.

Ordem	Família	u+a	Ganho
1	F41	73,00	15%
2	F16	65,05	2%
3	F17	64,50	2%
4	F74	64,36	1%
5	F39	64,20	1%
6	F28	62,17	-2%
7	F37	61,32	-3%
8	F51	60,51	-5%
9	F40	59,10	-7%
10	F54	58,54	-8%

Entre as 10 melhores famílias classificadas com base no valor genético aditivo (u+a), a família 41 apresentou o maior valor de ganho (15%). Os valores de ganhos genéticos variaram entre 15% e -8%, sendo que as 5 primeiras colocadas tem resultados positivos, indicando famílias com potencial de ganho.

CONCLUSÕES

A análise do experimento indica a existência de progênies superiores com potencial de ganho com seleção. Os parâmetros genético estimados indicam êxito no teste de progênies e condições favoráveis ao melhoramento, se destacando indivíduos superiores que podem ser clonados para novos testes e recomendados como potenciais genitores.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ASSOCIAÇÃO BAIANA DAS EMPRESAS DE BASE FLORESTAL/ABAF. **As árvores plantadas são o futuro das matérias-primas renováveis.** p.3, 2016.

INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES/IBÁ. **Relatório 2017.** Brasília-DF: 78p. 2017.

MIRANDA, A. C.; MORAES, M. L. C.; SILVA, P. H. M.; SEBEN, A. M. Ganhos genéticos na seleção pelo método do índice multifeitos em progênies em polinização livre de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Scientia Forestalis**, v. 43, n. 105, p. 203-209, 2015.

NUNES, A.C.P. **Análises biométricas na otimização do melhoramento genético de *Eucalyptus* spp.** 2018. 115 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa-MG.

PIRES, N. C. A.; NIETO, V. M.; SANTOS G.A.; BAQUERO L. S. (eds.). **Mejoramiento genético de eucalipto. Corporación Nacional de Investigación y Fomento Forestal-CONIF®.** Bogotá D.C., Colombia. p.280, 2017.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 4, p. 330-339, 2016.

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

RESENDE, M. D. V. Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes. Brasília: **Embrapa informações tecnológicas**, p. 975,2002.

ROLIM, S.G. e PIOTTO, D. Silvicultura e Tecn. de Esp. da Mata Atlântica. Belo Horizonte, **Ed. Rona**. p. 160, 2018.

SCHUMACHER, F. X.; HALL, F. S. Logarithmic expression of timber-tree volume. **Journal of Agricultural Research**, v. 47, n. 9, p. 719-734, 1933.

Köppen, W., & Geiger, R. **Klimate der Erde.** Gotha: Verlag Justus Perthes. Wall-map 150cmx200cm. 1928.