

PREDIÇÃO DE GANHOS GENOTÍPICOS EM TESTE CLONAL AMPLIADO

Bianca de Sousa Aleluia Santos¹; Andrei Caíque Pires Nunes²; Elizabete Keiko Takahashi³; Carla Aparecida de Oliveira Castro⁴; Thales Augusto Pinto Coelho Nogueira⁵.

- (1) Estudante de Engenharia Florestal, Universidade Federal do Sul da Bahia, Centro de Formação Agroflorestal, Ilhéus, Bahia, Brasil.
- (2) Professor do curso de Engenharia Florestal, Universidade Federal do Sul da Bahia, Centro de Formação Agroflorestal, Ilhéus, Ba, Brasil.
- (3) Pesquisadora em Melhoramento Genético Florestal, Celulose Nipo-Brasileira S.A., 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.

aleluiabianca@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 presente trabalho objetivou a predição dos ganhos genotípicos em um teste clonal ampliado (TCA). O experimento foi conduzido na área da empresa Cenibra, localizada no município de Belo Oriente, MG, sendo implantado no ano de 2009. As árvores foram plantadas em espaçamento 3 x 3 m. Aos 6 anos de idade foi mensurada a altura total da árvore (ALT) e o diâmetro a altura do peito (DAP). Os resultados demonstraram que os materiais genéticos dos clones C7, C8, C3 e C4 apresentaram tendência a ser superiores quando comparados a melhor testemunha, alcançando ganhos individuais e acumulados de até 32% aos 6 anos e 5% anuais, podendo ser recomendados para um plantio operacional que visa bom rendimento em Incremento Médio Anual (IMA).

Palavra chave: Produtividade Florestal, Clones, melhoramento genético.

1. INTRODUÇÃO

O melhoramento genético é uma ferramenta que permitiu grandes avanços no setor florestal, tornando-se de fundamental importância para seu desenvolvimento. O Brasil está entre os dez maiores países em florestas plantadas no mundo (GOLLE *et al.*, 2009) e a tendência é continuar expandindo a produção silvicultural.

Para que a expansão da produção florestal se torne realidade é necessário aliar estratégias que sejam capazes de promover produtividade e sustentabilidade simultaneamente. Desta forma, a possibilidade de predizer ganhos através de uma dada estratégia de melhoramento, constitui uma das mais importantes contribuições da genética quantitativa às domesticações de culturas de uma forma geral (MARTINS *et al.*, 2015).

Os objetivos dos programas de melhoramento dependem da finalidade para a qual a madeira será destinada, produção de celulose, madeira para laminação e serraria, produção de energia, etc. As estratégias são variadas e empregadas de acordo com os objetivos, sendo de fundamental importância para o sucesso na recomendação.

É essencial utilizar testes que reflitam as condições operacionais, tal como o teste clonal ampliado (TCA), o qual permite uma visualização mais concreta da produção real dos clones, pois é executado sob condições próximas às situações de monocultivo (NUNES *et al.*, 2018).

Dentro deste contexto, o presente trabalho objetiva a predição de ganhos genotípicos através da realização de um teste clonal ampliado para a variável Incremento Médio Anual (IMA).

2. MATERIAIS E MÉTODOS

2.1 Área experimental e Coleta de dados

O experimento foi conduzido na área da empresa Cenibra, localizada no município de Belo Oriente, MG, sendo implantado no ano de 2009. As árvores foram plantadas em espaçamento 3x3 m. Aos 6 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, $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano$) foi calculado utilizando o VOL de cada árvore do experimento produzido no espaçamento de $3,0 \times 3,0$ 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, $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano$);

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

2.2 Delineamento experimental e modelo estatístico

Um teste clonal contendo 10 clones híbridos de *Eucalyptus grandis* \times *Eucalyptus urophylla* foi implantado no ano de 2009. Foi estabelecido um experimento no delineamento de blocos completos contendo 5 repetições e 36 plantas na parcela. Como controle, 2 clones comerciais da empresa Cenibra foram plantados no experimento.

O modelo estatístico adotado para a análise dos dados foi dado por:

$$y = Xr + Zg + Wp + e$$

Em que “y” é o vetor de dados, “r” é o vetor de média geral e efeitos fixos de blocos, “g” é o vetor dos efeitos genotípicos de clones (assumidos como aleatórios), “p” é o vetor dos efeitos de parcelas (assumidos como aleatórios) 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 2 do (RESENDE, 2016). A sobrevivência foi contabilizada como 1 para indivíduos arbóreos vivos e 0 para indivíduos arbóreos mortos.

3. RESULTADOS E DISCUSSÕES

Os resultados obtidos estão apresentados nas tabelas abaixo, sendo escolhida a variável de Incremento Médio Anual (IMA), para uma análise comparativa, avaliando os valores genotípicos (u+g) e os ganhos em relação à melhor testemunha (TC5). *A priori*, foram analisados os parâmetros genéticos para os caracteres DAP, altura, IMA e sobrevivência (Tabela 1):

Tabela 1. Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP em cm), altura (em m), Incremento Médio Anual (IMA em $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$) e sobrevivência.

Parâmetros genéticos	DAP	ALT	IMA	SOBREV
h^2g	0,07	0,18	0,11	0,02
h^2aj	0,08	0,21	0,11	0,02
c^2parc	0,03	0,10	0,04	0,03
h^2mc	0,30	0,53	0,38	0,08
acclon	0,54	0,73	0,62	0,28
CV g_i %	5,38	9,32	18,30	5,20
CV e %	18,58	19,29	51,50	38,51
CV r %	0,28	0,48	0,35	0,13
Média geral	15,92	20,52	38,40	0,86

h^2g : Coeficiente de herdabilidade individual em sentido amplo. h^2aj : Herdabilidade individual ajustada. c^2parc : Coeficiente de determinação da parcela. h^2mc : herdabilidade média de clones. acclon: Acurácia. CV g_i (%): Coeficiente de variação genética. CV e (%): Coeficiente de variação residual. CV r (%): Coeficiente de variação relativa.

O coeficiente de herdabilidade individual em sentido amplo (h^2g), é considerado baixo entre 0,01 a 0,15, moderado de 0,15 a 0,50 e alto, quando está acima de 0,50, de acordo com Resende(2002). Neste caso, observamos o coeficiente variando entre 0,017 e 0,18 o que indica herdabilidade de baixa magnitude. Tal fato pode ser explicado por se tratar de um TCA, no qual os clones encontram-se em maior pressão de competição, sob condições semelhantes às encontradas em um plantio operacional, ou seja, bastante próximas de situações reais (ZHANG *et al.*, 2015). Devido a isto, a variabilidade genética não é tão elevada quanto em testes de uma única planta, onde há superestimação de valores genéticos de clones agressivos (NUNES *et al.*, 2018).

A herdabilidade individual ajustada (h^2aj), para efeito de parcela não contém o componente de variação da parcela no denominador e por isso é mais alta em comparação com a h^2g . Já o Coeficiente de determinação da parcela (c^2parc) possui neste caso, um valor relativamente baixo, indicando que a variação ambiental dentro do bloco não é superior a variação entre clones. Dado que c^2parc não foi superior a h^2g , tal fato indica que o estabelecimento de blocos está adequado. A herdabilidade de média de clones (h^2mc) está e sempre será mais alta do que a individual, dado que a unidade de seleção neste caso é a média.

A acurácia é considerada baixa quando está abaixo de 0,70 segundo Resende (2002), sendo um indicativo de baixa qualidade experimental. Neste estudo, a acurácia apresenta-se baixa, variando de 0,28 a 0,73. Tal fato pode ser explicado por ser um teste clonal ampliado, o que implica em áreas de maiores proporções e consequentemente de manejo mais complexo. Porém, segundo Zhang (2015), neste tipo de delineamento os resultados são menos enviesados e mais próximos da realidade por acontecer uma competição mais simétrica entre os indivíduos.

O coeficiente de variação relativa (CVR%) é dado pela razão entre o coeficiente de variação genética (CVgi%) e o coeficiente de variação residual (CVe%). Valores acima de 1 indicam maior magnitude de variação genética em relação a variação residual (RESENDE, 2002). Neste caso, o valor de CVR% foi inferior a 1, indicando maior magnitude de variação residual se comparado a genética. Os clones em ranking de maiores ganhos individual em relação a melhor testemunha (TC5) da empresa Celulose Nipo-brasileira S.A para o delineamento experimental de teste clonal ampliado (TCA) encontram-se apresentados abaixo (Tabela 2).

Tabela 2. Ranking geral por u+g com ganho individual anual e aos 6 anos de idade para a variável Incremento Médio Anual (IMA em m³. ha⁻¹. ano⁻¹) em relação a melhor testemunha (TC5).

Ordem	Clone	u+g (IMA)	Ganho individual em relação à melhor testemunha	Ganho individual anual em relação à melhor testemunha	TC5
1	C7	49,12	32%	5%	37,24
2	C8	45,54	22%	4%	
3	C3	44,37	19%	3%	
4	C4	43,13	16%	3%	
5	TC5	37,24	0%	0%	
6	C10	34,93	-6%	-1%	
7	C6	34,44	-8%	-1%	
8	TC9	33,15	-11%	-2%	
9	C1	32,15	-14%	-2%	
10	C2	29,74	-20%	-3%	

A testemunha TC5 foi usada como referência para predizer os ganhos genotípicos. A partir da TC5, observam-se clones com ganhos individuais variando entre 16% e 32% aos seis anos de idade e com variação individual anual entre 3% e 5%. Os clones com valores negativos indicam ganhos individuais inferiores a melhor testemunha. Podemos também observar os ganhos acumulados obtidos para IMA em relação à testemunha TC5 (Tabela 3).

Tabela 3. Ranking geral por u+g com ganho acumulado anual e aos 6 anos de idade para a variável Incremento Médio Anual (IMA em m³. ha⁻¹. ano⁻¹) em relação a testemunha TC5.

Ordem	Clone	u+g (IMA)	Ganho acumulado em relação à melhor testemunha	Ganho anual acumulado em relação à melhor testemunha	TC5
1	C7	49,12	32%	5%	37,24
2	C8	45,54	27%	5%	
3	C3	44,37	24%	4%	
4	C4	43,13	22%	4%	
5	TC5	37,24	18%	3%	
6	C10	34,93	14%	2%	
7	C6	34,44	11%	2%	
8	TC9	33,15	8%	1%	
9	C1	32,15	6%	1%	
10	C2	29,74	3%	1%	

Destacam-se os clones C7, C8, C3 e C4, nos quais os ganhos genotípicos foram superiores a melhor testemunha, variando entre 4% e 5% anualmente e entre 22% e 32% aos seis anos de idade para ganho acumulado. Tanto para ganhos acumulados quanto para ganhos individuais, os clones anteriormente citados obtiveram ganhos superiores a melhor testemunha, sinalizando elevado rendimento do IMA em teste clonal ampliado.

É fundamental ter conhecimento sobre os ganhos de cada clone após aplicar o TCA, pois esta informação representa o rendimento de cada genótipo quanto ao Incremento Médio Anual frente ao teste, comprovando a eficiência deste tipo de delineamento ou não. A superioridade destes clones indica bom desenvolvimento em relação ao teste clonal ampliado e potencial elevado para desenvolvimento em campo, tendo em vista que o TCA é aplicado em condições semelhantes às de plantio operacional.

4. CONCLUSÕES

Pode-se concluir com a realização deste trabalho que os clones com maior porcentagem de ganhos genotípicos em relação a melhor testemunha foram respectivamente C7, C8, C3 e C4, sendo que os ganhos acumulados apresentam-se mais elevados ou equiparados em relação aos ganhos individuais para todos os clones aos seis anos de idade e anualmente.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Corporación Nacional de Investigación y Fomento Forestal-CONIF®. **Mejoramiento genético de eucalipto**. Pires NCA. Nieto VM. Santos GA. Baquero LS. (eds.). Bogotá D.C.. Colombia. 2017. 280 p.
 GOLLE. D.P. REINIJEER. R.L.S.CURTE. A.R. BEVILACQUA. C.B. **Melhoramento florestal: ênfase na aplicação da biotecnologia**. Ciência Rural. Santa Maria. v.39. n.5. p.1606-1613. ago. 2009.

MARTINS. Ildeu Soares et al. **Comparação entre e dentro de seleções familiares com a seleção combinada em ensaios de progenia de Eucalyptus grandis**. [SI]. v. 11. n. 1. p. 016-024. sep. 2015. ISSN 2317-6342.

NUNES. A.C.P. SANTOS. O.P. SANTOS. G.A. RESENDE. M.D.V. **Statistical strategies design based on competition classes of Eucalyptus clones**. Industrial Crops & Products 124 (2018) 66–73.

RESENDE. M.D.V.. 2002. Genética **Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes**. Editora Embrapa. Brasília.

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.

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

ZHANG. J.. Peter. G.F.. Powell. L.. White. T.L.. Gezan. S.A.. 2015. **Comparison of breeding values estimated between single-tree and multiple-tree plots for a slash pine population**. Tree Genet. Genomes 11. 48.