

Avaliação Simultânea de Produtividade, Adaptabilidade e Estabilidade Genotípica de *Eucalyptus grandis* em Distintos Ambientes do Estado de São Paulo¹

José Elidney Pinto Júnior²

José Alfredo Sturion³

Marcos Deon Vilela de Resende⁴

Pedro Ronzelli Júnior⁵

RESUMO

As estatísticas Média Harmônica dos Valores Genéticos (MHVG), Performance Relativa dos Valores Genéticos (PRVG) e Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) preditos foram usadas como medidas para fornecer e facilitar a interpretação de estabilidade genotípica e adaptabilidade de plantas, empregando-as como distintos critérios à simulação de seleção por produtividade, estabilidade e adaptabilidade ou pelos três atributos simultaneamente, tendo sido estimadas pela metodologia dos modelos mistos com efeitos genéticos assumidos como aleatórios. Testes de progênies de *Eucalyptus grandis* W.Hill ex Maiden foram avaliados por meio do programa computacional SELEGEN-REML/BLUP, para a obtenção das referidas estatísticas e também para a identificação dos melhores indivíduos e progênies para compor uma população de melhoramento e sua respectiva utilização em pomares de sementes por mudas ou clonal. Cinquenta e três progênies de três procedências australianas foram, assim, testadas nos municípios paulistas de Mogi Guaçu, Boa Esperança do Sul e Caçapava, sob delineamento de blocos de famílias compactas, com número de

¹ Extraído parcialmente do trabalho de tese de doutorado do primeiro autor

² Eng. Florestal, Doutor, Pesquisador da *Embrapa Florestas*. zeito@cnpf.embrapa.br

³ Eng. Florestal, Doutor, Pesquisador da *Embrapa Florestas*. sturion@cnpf.embrapa.br

⁴ Eng. Agrônomo, Doutor, Pesquisador da *Embrapa Florestas*. deon@cnpf.embrapa.br

⁵ Eng. Agrônomo, Doutor, Professor do Setor de Ciências Agrárias da UFPR. agroprj@agrarias.ufpr.br ou prjmack@mackenzie.com.br

repetições variável por local e parcelas lineares de seis plantas cada, no espaçamento de 3 m x 2 m. Complementarmente, duas formas de padronização ou correção de dados foram empregadas, visando avaliar a sua eficiência na redução da heterogeneidade das variâncias genética, ambiental e fenotípica presentes. As estatísticas de MHVG, PRVG e MHPRVG mostraram-se úteis à simulação da seleção de indivíduos pelos atributos considerados, fornecendo opções para a escolha de estratégias e critérios de seleção mais oportunos, ao considerar os distintos valores de ganhos genéticos preditos. Adicionalmente, os resultados das análises conjuntas de locais confirmaram que ganhos de alta magnitude podem ser obtidos no crescimento em diâmetro, com a seleção de indivíduos baseada nos seus valores genéticos, tanto pelo desbaste dos testes, transformando-os opcionalmente em pomares de sementes por mudas, como por meio da propagação vegetativa dos melhores indivíduos para um pomar clonal de sementes. Considerados os valores obtidos para a correlação genética entre os locais, uma única população selecionada e um único pomar clonal de sementes podem ser estabelecidos para o atendimento de regiões representativas dos três locais testados, implicando em economia de tempo e recursos financeiros. A estimativa da herdabilidade individual, no sentido restrito, foi obtida a partir das estimativas da variabilidade genética, para o crescimento em diâmetro à altura do peito (DAP), nos três locais estudados. A adoção de estratégias e critérios propostos para seleção permitirá compor uma população selecionada com duzentos indivíduos de maiores valores genéticos, com número efetivo de progênies adequado, propiciando ganhos para DAP de 12,89 % a 24,33 %, em relação à média, no estabelecimento de um pomar de sementes por mudas. A seleção dos 20 indivíduos com os maiores valores genéticos aditivos, para o estabelecimento de um pomar clonal de sementes, poderá propiciar ganhos em DAP de 17,18 % a 50,95 %, em relação à média. Por sua vez, a seleção dos 20 indivíduos, com os maiores valores genotípicos, para o estabelecimento de um jardim clonal, poderá propiciar ganhos em DAP de 22,40 % a 82,16 %, em relação à média, em plantações clonais resultantes do material selecionado em questão.

Palavras-chave: Genética quantitativa, modelos mistos, melhoramento de eucalipto, predição de valores genéticos, REML/BLUP.

Methods for Simultaneous Evaluation of Productivity, Adaptability and Genotypic Stability in *Eucalyptus grandis* Progeny Trials in the State of Sao Paulo

ABSTRACT

The estimated Harmonic Mean for Genetic Values (MHVG), Relative Performance of Genetic Values (PRVG) and the Harmonic Mean of Relative Performance of Genetic Values (MHPRVG) were used as measures to provide and facilitate the interpretation of genotypic stability and adaptability of *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden. The different criteria were applied as alternatives to the simulation of selection for productivity, stability, adaptability, as well as for the joint value of these attributes together. The estimates were generated by using the mixed model, assuming genetic effects to be random. The software SELEGEN-REML/BLUP was used to evaluate progeny trials and to estimate statistical parameters. The best trees to be used in seedling and clonal orchards were identified. Fifty three half-sib families from three Australian provenances were tested in the municipalities of Mogi Guaçu, Boa Esperança do Sul and Caçapava, in the State of São Paulo. Compact family blocks designs were used, involving variable numbers of replicates, with six-trees linear plots, in a 3 x 2 m spacing. Two types of data transformation were tried in order to evaluate their efficiency in the reduction of the genetic, environmental and phenotypic variances. MHVG, PRVG and MHPRVG statistics proved to be useful in simulations for the selection of individuals with the attributes considered, providing options for choosing strategies and criteria by considering different values for the estimated genetic gains. The joint analysis of experiments in different locations confirmed that substantial gains can be obtained in DBH through individual selection based on their genetic values. This can be achieved by either thinning the trial, which leads to the formation of a seedling seed orchard or vegetative propagation of the best individuals, in order to establish a clonal seed orchard. The genetic correlation between locations indicated that a single selected population and a single clonal seed orchard will suffice to represent all test locations. This mean a substantial saving at this stage of the tree

improvement program. Genetic variability was achieved with the moderate values obtained from individual heritability, in the narrow sense, for growth in DBH in the three locations studied. The adoption of selection strategies and criteria proposed here will result in a selected population (seedling seed orchard) with two hundred individuals of the highest genetic value, while maintaining an adequate effective family number and producing gains in DBH in the order of 12.89 % to 24.33 % over the overall experimental mean. The selection of twenty individuals of the highest breeding values to establish a clonal seed orchard can produce between 17.18 % and 50.95 % gains in DBH over the experimental mean. The selection of the best twenty individuals for the establishment of a seedling seed orchard can produce between 22.40 % and 82.16 % gains in DBH over the experimental mean.

Keywords: Quantitative genetics, mixed models, eucalypt improvement, prediction of genetic values, REML/BLUP.

1. INTRODUÇÃO

A interação Genótipo x Ambiente (GA) é de extrema utilidade aos programas de melhoramento de plantas, pois torna possível a seleção de genótipos com adaptação ampla ou específica, a escolha de locais de seleção e a determinação do número ideal de ambientes e de genótipos a serem avaliados (zonas de melhoramento) durante a seleção (FOX et al., 1997).

O processo tradicional de investigar as interações GA tem sido pela análise conjunta de variância, em grupos de experimentos. Em termos do melhoramento, dependendo do que se pretende obter, a ocorrência de significativa interação GA nem sempre é desejável, existindo várias opções para atenuar os efeitos dessa interação, tais como: (i) identificar genótipos específicos para cada ambiente; (ii) promover subdivisões de uma área heterogênea em sub-regiões mais uniformes, de modo que os genótipos não interajam significativamente com os ambientes; e (iii) identificar genótipos com maior estabilidade fenotípica (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992).

A opção mais utilizada é a (ii), seguida pela opção (i) dentro da (ii). A opção (iii) requer estudos sobre o desempenho genotípico, com base nos parâmetros

adaptabilidade e estabilidade, pelos quais torna-se possível a identificação de cultivares de comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientais, em condições específicas ou amplas (RAMALHO et al., 1993; CRUZ & REGAZZI, 1994). A primeira opção, embora possível, é limitada pela infinidade de ambientes nos locais com clima tropical, o que onera e dificulta as etapas de produção de sementes e manutenção dos inúmeros genótipos necessários. Além disso, conforme ressaltado por Ramalho et al. (1993), o ambiente pode ser muito restrito e quaisquer variações imprevistas nestas condições podem fazer com que o material genético indicado já não mais o seja.

Apesar da sua grande importância para o melhoramento, a simples análise da interação GA não proporciona informações completas e exatas sobre o comportamento de cada genótipo frente às variações ambientais. Para tal objetivo, devem ser realizadas análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica, pelas quais torna-se possível a identificação de cultivares com comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientais, em condições específicas ou amplas (CRUZ & REGAZZI, 1994).

A avaliação de variedades ou de progênies, com vistas à identificação e recomendação de materiais genéticos superiores, é uma das principais etapas dos programas de melhoramento. Como os testes são conduzidos em diferentes condições climáticas, edáficas e de manejo das culturas, as progênies devem apresentar a maior produtividade, adaptabilidade e estabilidade possível, diante da diversidade ambiental. Com esse propósito, devem-se comparar algumas metodologias de avaliação desses três critérios, escolhendo-se a mais apropriada, para tornar a recomendação a mais adequada possível.

A capacidade de os materiais genéticos se comportarem bem em uma grande amplitude de condições ambientais é um requisito desejado nos programas de melhoramento genético. Isso realça a importância do estudo da estabilidade. De acordo com Resende (2002a), um material é considerado estável quando apresenta pequenas variações no seu comportamento geral, ao ser avaliado em diversas condições de ambiente.

Uma vez que os programas de melhoramento objetivam a seleção de genótipos consistentes e de elevada produtividade, nos mais diversos ambientes, a baixa eficiência na análise da interação GA pode representar um problema para esses

programas, por reduzir a precisão de seleção de um ambiente para outro (LAVORANTI, 2003).

Todavia, apesar do grande empenho na busca de novos modelos e algoritmos que permitam melhor compreender os mecanismos da adaptabilidade e estabilidade fenotípica, constantemente os melhoristas relatam a falta de uma análise criteriosa da estrutura da interação GA, como um dos problemas principais para a recomendação de cultivares (LAVORANTI, 2003).

A metodologia proposta por Lin & Binns (1988) é uma boa alternativa na avaliação da estabilidade, pois não apresenta as limitações do uso da regressão e possibilita a identificação de uma ou mais cultivares com desempenho próximo do valor máximo, nos vários ambientes testados. Ela estima o desvio de uma determinada variedade em relação ao material de desempenho máximo (índice P_i), em cada ambiente. Logo, quanto menor o valor da estimativa desse índice, mais adaptado será o material e menor também será o desvio em torno da produtividade máxima em cada ambiente. Assim, uma maior estabilidade estará associada, obrigatoriamente, a uma maior produtividade (SCAPIM et al., 2000).

Adicionalmente às limitações já apontadas, todos os métodos desenvolvidos até o momento, em geral, pressupõem que os efeitos dos tratamentos genéticos são fixos. Isto é desvantajoso e incoerente com a prática simultânea da estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos. Quando os efeitos dos tratamentos são considerados fixos, a seleção é fenotípica. Para que a seleção seja genética, de acordo com Resende (2004), tais efeitos devem ser considerados aleatórios.

Considerando-se os efeitos genotípicos como aleatórios, o procedimento ideal a ser adotado é o BLUP multivariado ou multi-ambientes, que considera intrinsecamente a heterogeneidade de variâncias genéticas e ambientais. Entretanto, para um grande número de ambientes envolvidos, o modelo multivariado é praticamente impossível de ser ajustado. Dentre os modelos alternativos, encontra-se o modelo misto univariado de efeitos principais (G) e interação (GA), que leva em conta a heterogeneidade de variâncias, via transformação prévia de dados (RESENDE, 2004).

Simulações efetuadas por esse último autor mostraram que a correção ou

transformação de dados, multiplicando-os pela razão h_i/h_{im} , reproduziu os mesmos resultados, via G + GA, do modelo BLUP multivariado, conduzindo a um viés de apenas 2 %. No caso, h_i e h_{im} referem-se à raiz quadrada da herdabilidade no ambiente i e a média das raízes quadradas das herdabilidades em cada ambiente, respectivamente. Esta transformação mostrou-se, em termos de viés, muito superior àquelas baseadas apenas na heterogeneidade da variância fenotípica.

Atualmente, procedimentos de interpretação mais simples têm sido preferidos para a análise da estabilidade e adaptabilidade. Nesse sentido, medidas que incorporam a estabilidade e a adaptabilidade em uma única estatística, tais como os métodos de Annicchiarico (1992) ou de Lin & Binns (1988) têm sido enfatizadas e recomendadas por Cruz & Carneiro (2003).

No contexto dos modelos mistos, segundo Resende (2004), a seleção considerando simultaneamente a produtividade, estabilidade e adaptabilidade pode ser feita por meio da estatística da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) preditos, apresentando as seguintes vantagens, quando comparado com outros métodos: (i) considera os efeitos genotípicos como aleatórios; (ii) permite lidar com heterogeneidade de variâncias; (iii) permite lidar com dados não balanceados; (iv) permite lidar com delineamentos não ortogonais; (v) considera os erros correlacionados dentro de locais; (vi) fornece valores genéticos já descontados da instabilidade; e (vii) gera resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado.

Considerados todos esses antecedentes, o presente estudo objetivou:

a) estudar a interação genótipo x ambiente, simulando diferentes critérios e estratégias de seleção de indivíduos e progênies, buscando alternativas que privilegiem, simultaneamente, produtividade, estabilidade e adaptabilidade para a implantação de pomares de sementes (por mudas e clonais) e da população selecionada para integrar o programa de melhoramento da espécie; e

b) estimar os parâmetros genéticos e prever os ganhos esperados com a seleção de *Eucalyptus grandis* W.Hill ex Maiden, com base no crescimento em diâmetro, englobando 53 progênies de três procedências de sementes, estabelecidas em três locais do Estado de São Paulo, para comporem uma população de melhoramento e pomares de sementes por mudas e clonais.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Locais experimentais e germoplasma

Testes combinados de procedências e progênies de *Eucalyptus grandis* foram estabelecidos nos municípios de Mogi Guaçu, Boa Esperança do Sul e Caçapava, no Estado de São Paulo, compreendidas entre as latitudes 21°57' e 23°03' S; longitudes entre 45°46' e 48°32' W; com altitudes variando de 540 m a 650 m (PINTO JÚNIOR, 2004).

Os solos das áreas experimentais de Mogi Guaçu pertencem à classe LATOSSOLO VERMELHO ESCURO distrófico (textura média e relevo suavemente ondulado); LATOSSOLO AMARELO distrófico psamítico em Boa Esperança do Sul (textura bastante arenosa e relevo suavemente ondulado), e ARGISSOLO VERMELHO AMARELO distrófico típico em Caçapava (textura arenosa e relevo ondulado), de acordo com Sistema... (1999).

O clima da região dos três locais, segundo a Classificação de Köppen, é do tipo Cwa - mesotérmico, com verão quente e úmido, sendo o inverno seco e as geadas raras. A precipitação pluviométrica média anual está compreendida entre 1.260 mm e 1.360 mm, com temperaturas médias anuais entre 20 °C e 21 °C. (PINTO JÚNIOR, 2004).

Os testes foram estabelecidos em março de 1986, em Mogi Guaçu e Boa Esperança do Sul, e em janeiro de 1988 em Caçapava. Dados sobre as áreas experimentais, preparo de solo para plantio e principais aspectos de manejo experimental foram detalhados por Pinto Júnior (2004).

O germoplasma utilizado é parte integrante do material coletado na Austrália, em expedição realizada pela *Embrapa Florestas*, em 1984, envolvendo 1.066 árvores de 56 procedências de sementes de dez espécies de eucaliptos. De *E. grandis*, foram amostradas 200 árvores de dez procedências, em Queensland (QLD) e Nova Gales do Sul (NSW). As procedências testadas neste trabalho foram amostradas em árvores de polinização aberta, supostamente de progênies de meios-irmãos, crescendo em populações naturais.

TABELA 1. Dados geográficos das procedências e progênies de *Eucalyptus grandis* avaliadas em três locais do Estado de São Paulo.

PROCEDÊNCIAS	NÚMERO DE PROGÊNIES	LAT. (°S)	LONG. (°E)	ALT. (m)
Ravenshoe - Mt. Pandanus - QLD	20	17°42´	145°28´	860-940
Mareeba - QLD	11	17°06´	145°38´	900-1140
Mt. George - NSW	22	31°50´	152°01´	230

LAT: Latitude; LONG: Longitude; e ALT: Altitude

2.2. Delineamento experimental e coleta de dados

O delineamento utilizado foi o de blocos compactos de famílias, com seis plantas constituindo as progênies, no espaçamento de 3 m x 2 m, com repetições ou blocos variando de cinco a dez (Tabela 2). Em todos os testes, foram mensurados o diâmetro à altura do peito (DAP), a altura total da árvore (altura) e feita a contagem de sobrevivência das plantas. A partir desses dados, foi estimado o volume cilíndrico total da árvore com casca (volume).

Em razão dos altos valores previamente obtidos para as correlações genética e fenotípica entre altura, DAP e volume, em cada local experimental (PINTO JÚNIOR, 2004) e da grande quantidade de dados que necessitariam ser processados, foi considerado somente o DAP neste trabalho.

TABELA 2. Dados do delineamento experimental dos testes de procedências e progênies de *Eucalyptus grandis*.

LOCAIS	NÚMERO DE REPETIÇÕES			NÚMERO DE PROGÊNIES			TOTAL DE ÁRVORES	IDADE* (MESES)
	RAV	MAR	MTG	RAV	MAR	MTG		
Mogi Guaçu	9	10	10	20	11	22	3.060	72
Boa Esperança do Sul	9	7	10	20	11	22	2.862	61
Caçapava	5	5	5	20	11	22	1.590	60

RAV: Ravenshoe - Mt. Pandanus-QLD; MAR: Mareeba-QLD; MTG: Mt. George-NSW; *: idade de avaliação dos testes.

2.3. Correção de dados e heterogeneidade de variâncias

Na análise de grupos de experimentos, principalmente com diferentes idades, a padronização de dados é recomendável, com vistas a excluir o efeito de escala dos caracteres estudados e reduzir a heterogeneidade de variâncias entre os locais.

Devido ao fato de que a avaliação dos testes foi feita em diferentes idades e face à distinta qualidade do ambiente de cada teste, procedeu-se a uma padronização ou correção dos dados, empregando-se valores do desvio padrão fenotípico e de estimativas de herdabilidades. A correção dos dados pelo desvio padrão fenotípico foi feita, dividindo-se cada observação (y) do caráter avaliado pelo valor da raiz quadrada da variância fenotípica de cada local, conforme metodologia relatada por Resende (2002a). Os dados corrigidos pela herdabilidade foram obtidos, multiplicando os valores observados pelo valor da razão h_i/h_{im} (tabela 3), conforme metodologia sugerida por Resende (2004). Tal procedimento permite inferir sobre as eficiências de cada tipo de correção empregada, após seu processamento pelo programa computacional SELEGEN-REML/BLUP.

TABELA 3. Termos de correção dos valores observados nas procedências e progênies de *Eucalyptus grandis*, em cada local.

PARÂMETROS	LOCAIS			
	MOGI GUAÇU	BOA ESPERANÇA SUL	CAÇAPAVA	EM CONJUNTO
$\hat{\sigma}_f$	4,3710	3,2926	2,7504	3,6565 ⁽¹⁾
h^2	0,2485	0,2069	0,2150	0,2235 ⁽²⁾

($\hat{\sigma}_f$): desvio-padrão fenotípico e h^2 : herdabilidade individual, no sentido restrito, para o caráter DAP: diâmetro à altura do peito; (1): desvio padrão fenotípico da análise conjunta dos três locais; (2): herdabilidade média de locais

Os dados corrigidos foram comparados com os dados não corrigidos, para averiguar a eficiência da padronização efetuada, na redução da heterogeneidade das variâncias genéticas. A eficiência foi avaliada em termos da coincidência do número de indivíduos e de progênies (famílias) comuns aos respectivos ordenamentos gerados pelo SELEGEN-REML/BLUP, na comparação dos dados resultantes de cada tipo de correção com os dados não corrigidos, expressa em porcentagem. Quanto aos indivíduos, a comparação foi feita, considerando-se apenas os primeiros cinquenta de cada ordenamento resultante dessas análises.

2.4. Estimativas dos parâmetros genéticos

Para a avaliação dos 7.512 indivíduos reunidos na análise conjunta de locais, foram utilizados os modelos estatísticos 1, 5 e 14 do programa computacional SELEGEN-REML/BLUP, desenvolvidos por Resende (2002b):

2.4.1. Modelo estatístico 1

O modelo 1 aplica-se aos testes de progênies de meios-irmãos, com delineamento de blocos ao acaso, várias plantas por parcela, um só local e uma única população. As variáveis foram analisadas pela metodologia do modelo linear misto (univariado aditivo) - REML/BLUP, seguindo-se o procedimento apresentado por Resende & Fernandes (1999):

$$y = Xb + Za + Wc + e$$

onde: y , b , a , c , e são vetores de dados, dos efeitos de blocos (fixos), de efeitos genéticos aditivos (aleatório), de efeitos de parcela (aleatório) e de erros aleatórios, respectivamente.

X , Z e W : matrizes de incidência de b , a e c , respectivamente.

2.4.2. Modelo estatístico 5

O modelo 5 aplica-se aos testes de progênies de meios-irmãos, com delineamento de blocos ao acaso, com várias plantas por parcela, um local e com mais de uma procedência. Este modelo, além de classificar os indivíduos pelos seus respectivos valores genéticos preditos, analisa também as procedências pelos seus valores genotípicos.

2.4.3. Modelo estatístico 14

O modelo 14 aplica-se aos testes de progênies de meios-irmãos, com delineamento de blocos ao acaso, com várias plantas por parcela, várias populações e vários locais. Este modelo também classifica os indivíduos pelos seus respectivos valores genéticos preditos, analisando as procedências pelos seus valores genotípicos, considerando vários locais e populações.

A estimação dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos foi feita pelo Método de Verossimilhança Restrita (REML), sob modelo individual, para atender às condições de dados não balanceados dos testes estudados (RESENDE, 2002a). A preferência por este método decorre de suas propriedades estatísticas, que são superiores às propriedades dos estimadores pelo método dos Mínimos Quadrados (SEARLE et al., 1992).

2.4.4. Desvios padrões das estimativas de herdabilidades individuais

Os desvios padrões das estimativas das herdabilidades individuais [$\hat{S}(\hat{h}_a^2)$], foram estimados conforme indicado por Falconer (1987):

$$\hat{S}(\hat{h}_a^2) = \sqrt{32h^2 / nbp}$$

onde: nbp = número total de árvores avaliadas por caráter, no experimento

2.5. Simulação da seleção e predição de valores genéticos

Em função da sua importância e vantagens propiciadas à predição de ganhos genéticos, foram empregadas as simulações da seleção para produtividade, considerando também a estabilidade e adaptabilidade dos indivíduos candidatos à seleção e suas combinações.

2.5.1. Seleção de progênes baseada na produtividade, adaptabilidade e estabilidade genotípicas

Muitos procedimentos de seleção de genitores produzem valores genéticos preditos, que são funções da média aritmética das observações realizadas nos indivíduos de sua progênie. O procedimento baseado na média aritmética é adequado por permitir a seleção por produtividade, mas inadequado por não permitir a seleção por homogeneidade da progênie.

2.5.1.1. Seleção de progênes pela produtividade e estabilidade, baseada na média harmônica do valor genético (MHVG)

A predição baseada na média harmônica permite selecionar progênes, simultaneamente, por produtividade e estabilidade, e pode ser feita pelo emprego dos mesmos preditores BLUP e das equações do modelo misto utilizados na

tradicional seleção baseada na média aritmética (RESENDE, 2002a).

Para tanto, foi composto o vetor de dados, para as análises conjuntas de locais, como a recíproca de cada dado observado ($1/y$), conforme sugeriu Resende (2004).

2.5.1.2. Seleção de progênes pela produtividade e adaptabilidade, baseada na performance relativa do valor genético (PRVG)

Genericamente, a estatística PRVG tem sido utilizada há muito tempo (WRIGHT et al., 1966), em termos de dados fenotípicos, e constitui a base do método de Annichiarico (1992). No cálculo da PRVG (RESENDE, 2004), os valores fenotípicos (ou dados originais) são expressos como proporção da média geral de cada local (MI) e, posteriormente, obtém-se BLUP contendo o valor médio dessa proporção entre os locais.

2.5.1.3. Seleção de progênes pela produtividade, estabilidade e adaptabilidade, baseada na média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG)

A aplicação do método de seleção de progênes pela produtividade, estabilidade e adaptabilidade, baseada na MHPRVG, permite selecionar indivíduos simultaneamente pelos três atributos. Isto se deve às seguintes vantagens:

- 1) considerar os efeitos genotípicos como aleatórios e, assim, fornecer valores da estabilidade e adaptabilidade genotípicas (e não fenotípicas, como fornecem outros métodos);
- 2) lidar com dados não balanceados e heterogeneidade de variâncias;
- 3) fornecer dados já descontada a instabilidade e 4) gerar resultados na mesma escala do caráter avaliado (RESENDE, 2004).

A estatística MHPRVG é aplicada preferencialmente sobre dados originais, expressando-os como MI/y e, posteriormente, obtendo-se BLUP para os valores genotípicos (média geral mais efeitos genotípicos), conforme recomendado por Resende (2004). A recíproca destes, multiplicada pela média geral de todos os testes, fornece a MHPRVG na unidade de avaliação do caráter. Ele apresenta,

ainda, a grande vantagem de considerar genótipos como efeitos aleatórios, fornecendo resultados que podem ser interpretados diretamente como valores genéticos, diferentemente dos demais métodos, como o de Lin & Binns (1988) e de Annicchiarico (1992). Este último requer, adicionalmente, o estabelecimento de suposições para os valores da ordenada da curva normal padronizada (Z_a), associada ao nível de significância α .

2.5.2. Critérios e estratégias de seleção de indivíduos para a predição de ganhos genéticos

Para a predição de ganhos genéticos, a seleção foi simulada conforme os seguintes critérios: (i) produtividade e estabilidade (MHVG); (ii) produtividade e adaptabilidade (PRVG); e (iii) produtividade, estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG) das melhores progênies, conforme metodologia indicada por Resende (2004). Como procedimentos de interpretação mais simples, as medidas que incorporam a estabilidade e a adaptabilidade à produtividade e sua relação numa única estatística têm sido vantajosas e preferíveis. Adicionalmente, o método pode ser aplicado a um pequeno número de ambientes, como é o caso do presente trabalho, diferentemente de outros métodos para o estudo da estabilidade e adaptabilidade que exigem um grande número de ambientes. Para cada critério estabelecido, duas estratégias de seleção foram simuladas para a população selecionada, na análise conjunta de locais: (i) a seleção de, no máximo, cinco indivíduos por família com os maiores valores genéticos, até atingir o total de duzentos indivíduos; e (ii) a seleção dos duzentos indivíduos com os maiores valores genéticos.

Considerando este fato, na simulação da seleção de progênies envolvendo os critérios: (i) produtividade e estabilidade; (ii) produtividade e adaptabilidade; e (iii) produtividade, estabilidade e adaptabilidade, os dados também foram previamente corrigidos pela razão h_i/h_{im} .

A seleção pelo critério empregando a média harmônica dos valores genéticos (MHVG), a performance relativa dos valores genéticos (PRVG) e a média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG) preditos foi avaliada em termos de eficiência, comparando-se o número de progênies comuns ou coincidentes nos ordenamentos gerados pelo REML/BLUP, entre os dados corrigidos e não corrigidos. A comparação foi feita, considerando-se apenas as primeiras 20 progênies de cada ordenamento resultante dessas análises, o que representa 37,74 % do total de progênies estudadas.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Seleção simulada, valores genéticos e ganhos preditos

3.1.1. Estimativas de parâmetros genéticos obtidos das análises conjuntas de locais, com dados não corrigidos e corrigidos

Os coeficientes de herdabilidade individual estimados $\left(r_K = \frac{\text{Cov}_{K(i,j)}}{\sigma_{K(i)}\sigma_{K(j)}}, K = [F, G], i \neq j \right)$ no sentido restrito, tanto para os dados não corrigidos quanto corrigidos (Tabela 4), situaram-se entre as médias comumente encontradas na literatura, para *E. grandis* (KAGEYAMA, 1980; MORAES, 1987; ODA et al., 1989; RESENDE & HIGA, 1994; RESENDE & BERTOLUCCI, 1995). Esses valores também foram de magnitude semelhante às estimativas de herdabilidades relatadas por Resende (2002a), para *E. grandis*, em vários locais do Brasil.

Tabela 4. Componentes de variância para o caráter dap, da análise conjunta de locais, considerando os dados não corrigidos e corrigidos e critérios de seleção.

Parâmetros	DAP – Diâmetro à altura do peito					
	Não corrigido	Corrigido	Corrigido	Critério MHVG	Critério PRVG	Critério MHPRVG
		\hat{S}_f	h_i / h_{im}			
\hat{h}_a^2	0,1637	0,1793	0,1580	0,1004	0,1768	0,1286
$\hat{s}(\hat{h}_a^2)$	0,0264	0,0276	0,0259	0,0207	0,0274	0,0234
Va	0,1694	0,1786	0,1689	0,0002	0,0162	0,0255
Vparc	0,4182	0,0427	0,4015	0,0001	0,0037	0,0066
Vproc	0,0128	0,0005	0,0156	0,0000	0,0000	0,0000
Vint	0,2879	0,0181	0,3192	0,0002	0,0019	0,0020
Ve	0,8099	0,7561	0,8435	0,0017	0,0700	0,1643
Vf	1,0350	0,9960	1,0690	0,0020	0,0918	0,1985
c2parc	0,0313	0,0429	0,0288	0,0418	0,0405	0,0335
c2proc	0,0010	0,0005	0,0011	0,0002	0,0003	0,0001
c2int	0,0215	0,0182	0,0229	0,0119	0,0206	0,0099
rgloc	0,6552	0,7116	0,6330	0,6780	0,6824	0,7646
Média	12,9192	13,1131	13,0355	11,2011	13,6005	13,7936

\hat{h}_a^2 : coeficiente de herdabilidade individual estimado, no sentido restrito, no bloco; $\hat{s}(\hat{h}_a^2)$: desvio padrão das estimativas de herdabilidade; Va: variância genética aditiva, livre da interação GA; Vparc: variância ambiental entre parcelas; Vproc: variância entre procedências; Vint: variância da interação progênie x local; Ve: variância residual dentro de parcelas (ambiental + genética não aditiva); Vf: variância fenotípica individual; c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; c2proc: coeficiente de determinação dos efeitos de procedências; c2int: coeficiente de determinação dos efeitos da interação progênie x local; rgloc: correlação genotípica entre os locais e média; média: média geral do experimento com os locais agrupados; MHVG: média harmônica dos valores genéticos; PRVG: performance relativa dos valores genéticos; MHPRVG: média harmônica da performance dos valores genéticos; \hat{S}_f : desvio padrão fenotípico; h_i / h_{im} : respectivamente, a raiz quadrada da herdabilidade do caráter analisado no ambiente i , e médias das raízes quadradas das herdabilidades em cada ambiente.

As estimativas dos desvios padrões das herdabilidades $\left(r_{K} = \frac{\text{Cov } K(i, j)}{s_{K(i)} s_{K(j)}}, K = [F, G], i \neq j \right)$ do DAP foram baixas tanto com os dados não corrigidos quanto com os corrigidos, indicando a exatidão das estimativas (Tabela 4).

Da mesma forma, os coeficientes de determinação dos efeitos de parcela (c2parc)

sobre o DAP foram baixos (0,0313), indicando uma baixa variabilidade ambiental entre parcelas dentro do bloco (Tabela 4).

Os coeficientes de determinação dos efeitos de procedências ($c2proc$) sobre o DAP, na análise conjunta de locais, também foram baixos (0,0010), indicando que o efeito das procedências na variação do DAP foi pequeno. Isto ficou confirmado pela baixa variação entre procedências ($Vproc$), comparativamente à magnitude da variação genética aditiva (Tabela 4).

A magnitude das estimativas de herdabilidade individual, no sentido restrito, mostrou que existe um controle genético moderado e que pode propiciar ganhos significativos em DAP, mediante seleção individual (Tabela 4).

As correlações genotípicas entre locais ($rgloc$), com valores entre 0,63 e 0,76, indicaram que a interação genótipo x ambiente é baixa (Tabela 4), segundo estimativas feitas tanto com os dados corrigidos quanto não corrigidos.

Os coeficientes de determinação da interação progênie por local ($c2int$) sobre o DAP também foram muito baixos (Tabela 4).

3.1.2. Seleção simulada pelos critérios da média harmônica (MHVG), performance relativa (PRVG) e média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG)

O número de progênies comuns ou coincidentes também foi comparado entre os ordenamentos resultantes da simulação das seleções pelos critérios empregando a MHVG, PRVG e MHPRVG, nas análises conjuntas de locais, e seus resultados encontram-se nas Tabelas 5 e 7.

Tabela 5. Número de progênies comuns, em porcentagem, na comparação de ordenamentos obtidos para a seleção simulada pela MHVG, PRVG e MHPRVG

Crítérios	PRVG	MHPRVG
MHVG	80	85
PRVG	-	80

MHVG: média harmônica dos valores genéticos; PRVG: performance relativa dos valores genéticos; MHPRVG: média harmônica da performance dos valores genéticos.

Na comparação dos ordenamentos resultantes das simulações de seleção, dentre as 20 primeiras progênes comuns listadas nas análises conjuntas de locais, observou-se 80 % de coincidências de progênes entre os critérios da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG) e da performance relativa dos valores genéticos (PRVG), e entre os critérios da média harmônica dos valores genéticos (MHVG) e da performance relativa dos valores genéticos (PRVG). Na comparação dos ordenamentos pela média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG) e da média harmônica dos valores genéticos (MHVG), observou-se 85 % de coincidências entre as 20 primeiras progênes comuns nas análises conjuntas de locais (Tabelas 5 e 7). Isso permitiu inferir que predições seguras sobre valores genéticos podem ser feitas com um único critério de seleção contemplando três atributos (produtividade, estabilidade e adaptabilidade).

3.1.3. Predição de ganhos genéticos

Houve uma maior ou menor participação das procedências na composição da população selecionada, dependendo da estratégia de seleção adotada: (i) seleção de, no máximo, cinco indivíduos por família, até atingir 200 indivíduos, ou (ii) seleção dos 200 indivíduos com os maiores valores genéticos. A participação da procedência Ravenshoe-QLD, por exemplo, foi predominante e variou de 53,5 % a 62,0 %, na estratégia (ii) na produtividade considerando a estabilidade, a adaptabilidade e a estabilidade + adaptabilidade. Na estratégia (i), a participação dessa procedência decresceu para valores entre 35,5 % e 42,0 % (Tabela 6).

Mt. George-NSW foi a segunda procedência, em termos de maior participação na composição da população selecionada, variando de 24 % a 41 %, em ambas as estratégias, exceto para o caso da produtividade considerando a adaptabilidade, em que sua participação chegou a somente 5 % das procedências (Tabela 6).

Tabela 6. Predição de ganhos genéticos em DAP, em função dos diferentes critérios e estratégias de seleção simulada

CRITÉRIO DE SELEÇÃO	ESTRATÉGIA DE SELEÇÃO	% PARTICIPAÇÃO PROC. NAS PROGÊNIES SELEC.				(N _{ef})	Nº INDIV. SELEC	GANHOS (%)		
		RAV	MAR	MGE	TOTAL	FAM.		a	g	
PRODUTIVIDADE E ESTABILIDADE (MHVG)	MÁX. 5 IND/FAM ATÉ ATINGIR OS						200	13,68	33,36	
			42,00	21,50	36,50	200	39,65	50	37,13	55,44
								20	50,95	82,16
	200 IND. COM MAIOR VALOR							200	24,33	29,36
			62,00	14,00	24,00	200	31,00	50	37,13	55,44
								20	50,95	82,16
PRODUTIVIDADE E ADAPTABILIDADE (PRVG)	MÁX. 5 IND/FAM ATÉ ATINGIR OS						200	9,01	15,33	
			35,50	23,50	41,00	200	39,24	50	14,59	20,05
								20	15,62	22,89
	200 IND. COM MAIOR VALOR							200	13,50	17,10
			58,00	37,00	5,00	200	16,00	50	16,45	20,50
								20	17,31	22,40
PRODUTIVIDADE, ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE (MHPRVG)	MÁX. 5 IND/FAM ATÉ ATINGIR OS						200	12,88	30,23	
			42,00	22,00	36,00	200	38,80	50	33,09	51,85
								20	45,36	70,78
	200 IND. COM MAIOR VALOR							200	22,74	30,44
			53,50	13,50	33,00	200	31,00	50	33,82	51,08
								20	45,36	70,78

PROC: procedências; RAV: Ravenshoe-QLD; MAR: Mareeba-QLD; MGE: Mt. George-NSW; N_e: Número efetivo de famílias (progênies) selecionadas; a: efeito genético aditivo predito; g: efeito genotípico predito; MHVG: média harmônica dos valores genéticos; PRVG: performance relativa dos valores genéticos; MHPRVG: média harmônica da performance dos valores genéticos.

A procedência Mareeba-QLD apresentou a menor contribuição, em ambas as estratégias de seleção (13,5 % a 23,5 %), exceto na estratégia (ii) usando o critério produtividade e adaptabilidade (37 %).

No caso da estratégia (ii) para produtividade considerando tanto a estabilidade, a adaptabilidade ou a estabilidade e adaptabilidade, observou-se número efetivo de famílias (progênies) variando de 16 a 31. O menor número efetivo de famílias foi

observado quando se usou o critério produtividade e adaptabilidade. Na estratégia (i), pelo fato de amostrar um maior número de progênies nos três testes, foram observados os maiores números efetivos de família (38,8 a 39,6), comparativamente à estratégia (ii), cujo número efetivo de progênies variou de 16 a 31 (Tabela 6).

A opção de seleção entre 20 ou 50 indivíduos com os maiores valores genéticos é apresentada, para o estabelecimento de um pomar clonal de sementes, com distintos resultados de ganhos genéticos aditivos preditos. Estes valores são sempre maiores, na seguinte seqüência de critérios de seleção apresentados: produtividade e estabilidade (37,13 % a 50,95 %); produtividade, estabilidade e adaptabilidade (33,09 % a 45,36 %); produtividade e adaptabilidade (14,59 % a 17,31 %), para a seleção dos 50 ou 20 indivíduos de maior valor genético, respectivamente (Tabela 6).

A adoção das duas estratégias de seleção individual (i e ii) oferece a possibilidade de se trabalhar com duas composições da população selecionada, com distintos números efetivos de progênies, que proporcionarão ganhos genéticos diferenciados. A estratégia (ii), com qualquer um dos critérios propostos, proporciona maiores ganhos genéticos aditivos (ou no mínimo igual), em DAP, considerando a análise conjunta de locais, quando comparada com a estratégia (i) (Tabela 7). Isto decorre do fato de que, com a estratégia (ii), selecionam-se sempre os indivíduos de maior valor genético das progênies de maior produtividade, considerando a análise conjunta de locais. Conseqüentemente, essa estratégia possibilita a formação de uma população selecionada com um menor número efetivo de progênies (16 a 31). A opção pela estratégia (i), por sua vez, dentro dos mesmos critérios, apesar de proporcionar menores ganhos genéticos aditivos, resultará numa população selecionada com um maior número efetivo de progênies (38,8 a 39,6), comparativamente à estratégia (ii) (Tabela 6).

A metodologia proposta nesse trabalho permite a seleção de indivíduos com os maiores valores de produtividade, considerando simultaneamente os atributos de adaptabilidade e estabilidade genotípicas, propiciando várias vantagens, quando comparada com outros métodos, tais como o de Lin & Binns (1988) e o de Annicchiarico (1992). Os critérios, combinados com as estratégias propostas, oferecem distintas opções de seleção individual, para a composição da população selecionada e dos pomares de sementes idealizados. Dentro de cada critério

proposto, as estratégias de seleção podem ser comparadas entre elas, em termos de ganhos genéticos preditos. Entretanto, os critérios de seleção não devem ser comparados em termos de ganhos genéticos preditos, pois estão baseados em características distintas (estabilidade, adaptabilidade e estabilidade + adaptabilidade). A opção pela seleção individual considerando a estatística MHPRVG, por sua vez, trará a principal vantagem de considerar os três atributos de forma simultânea (Tabela 8), tornando-a mais completa. Isso conduz a uma situação ideal que possibilita a seleção de indivíduos de alta adaptabilidade geral, previsibilidade de desempenho e estabilidade, capazes de responder ao estímulo ambiental e de manterem um bom desempenho.

A seleção simulada pela estatística da MHVG, com os dados das análises conjuntas de locais, resultou nas 20 progênies mais estáveis e produtivas, simultaneamente (Tabela 9). Dessas, 15 (75 %) são comuns àquelas 20 progênies mais produtivas, identificadas pelo critério da produtividade, com os dados corrigidos pela razão h_i/h_{im} . Neste caso, as progênies 36, 34, 39, 26 e 11 (ausentes na seleção pelo critério da produtividade) estão incluídas entre as selecionadas, por contribuírem com a maior estabilidade genotípica (Tabela 7).

A seleção simulada pela estatística da PRVG produziu praticamente os mesmos resultados da seleção considerando apenas o critério de produtividade, com exceção da família 34, que foi incluída devido à maior adaptabilidade, dentre as demais progênies testadas (Tabela 7).

Das 20 progênies selecionadas usando-se a simulação com a estatística MHPRVG, 16 (80 %) foram comuns às progênies selecionadas pelo critério da produtividade com os dados corrigidos pela razão h_i/h_{im} . Neste caso, houve a inclusão das quatro progênies (36, 34, 39 e 13), devido à contribuição para a estabilidade e adaptabilidade genotípicas.

Tabela 7. Ordenamentos de progênies (famílias) em função dos critérios de produtividade, estabilidade e adaptabilidade genotípicas, obtidos das análises conjuntas de locais.

ORDEM	PROGÊNIES					
	PRODUTIVIDADE			PROD	PROD	PROD
	DADOS NÃO CORRIGIDOS	CORRIGIDOS	CORRIGIDOS	+ ESTAB (MHVG)	+ ADAPT (PRVG)	+ EST + ADAP (MHPRVG)
		$\hat{\sigma}_f$	h_i/h_m			
1	29	29	29	29	29	29
2	14	1	14	1	1	1
3	1	14	1	41	14	41
4	2	2	2	2	2	2
5	41	41	41	16	41	42
6	8	8	8	42	8	14
7	28	28	28	38	25	32
8	25	25	25	32	28	38
9	42	42	42	25	10	16
10	10	24	10	14	16	25
11	24	16	24	52	42	36
12	16	10	16	36	24	34
13	17	32	17	34	17	45
14	9	45	9	45	32	52
15	32	17	32	44	45	10
16	45	9	45	10	9	39
17	31	38	31	39	44	8
18	44	44	44	26	52	44
19	38	52	38	11	38	13
20	52	11	52	17	34	28

PROD: produtividade; ADAPT: adaptabilidade; ESTAB: estabilidade; MHVG: média harmônica dos valores genéticos; PRVG: performance relativa dos valores genéticos; MHPRVG: média harmônica da performance dos valores genéticos. Os números em negrito indicam as progênies que se destacaram em cada um dos critérios: estabilidade, adaptabilidade e estabilidade + adaptabilidade e que não estão presentes na relação das vinte primeiras progênies listadas pelo critério apenas da produtividade (dados corrigidos pela h_i/h_m)

A adoção da estratégia (ii), com um número efetivo equivalente a 31, no estabelecimento de um pomar de sementes por mudas ou da população selecionada poderá propiciar ganhos entre 12,89 % e 24,33 %, em DAP, em relação à média experimental (Tabela 8 e Anexo 1).

Tabela 8. Ganhos genéticos preditos em DAP, com um pomar de semente por mudas de *E. grandis*, contendo os duzentos indivíduos de maior valor genético.

Tipos de dados e critérios	Média geral DAP (cm)	Ganho (%)	Nova média para DAP (cm)
Critério pela MHVG	11,2011	24,33	13,9263
Critério pela PRVG	13,6005	13,50	15,4366
Critério pela MHPRVG	13,7936	22,74	16,9303

MHVG: média harmônica dos valores genéticos; PRVG: performance relativa dos valores genéticos; MHPRVG: média harmônica da performance dos valores genéticos.

A seleção pelo critério MHVG foi a que indicou os maiores ganhos genéticos em produtividade e estabilidade em DAP (24,33 %), seguidas pelas estatísticas MHPRVG (22,74 %), PRVG (13,50 %) e a seleção considerando apenas a produtividade (12,89 %), referente aos dados corrigidos pela razão. A seleção de indivíduos pelo critério da MHPRVG apresenta a vantagem adicional de considerar a estabilidade de progênies. Este é um aspecto relevante na formação da população selecionada ou população de melhoramento e, portanto, deve ser preferida (Tabela 8).

Para dados com distribuição normal, as maiores discrepâncias entre as médias aritmética e harmônica ocorrem quanto maiores forem os desvios padrões. De acordo com Resende (2002a), quanto maior for o desvio padrão, menor será a média harmônica. Desta forma, a seleção pela média harmônica implicaria na seleção também pela homogeneidade entre as progênies.

Tabela 9. Ganhos genéticos preditos em DAP, com um pomar clonal de sementes de *E. grandis*, constituído dos vinte indivíduos de maior valor genético.

Tipos de dados e critérios	Média geral DAP (cm)	Ganho (%)	Nova média para DAP (cm)
Pelo critério MHVG	11,2011	50,95	16,9081
Pelo Critério PRVG	13,6005	17,31	15,9547
Pelo Critério MHPRVG	13,7936	45,36	20,0504

MHVG: média harmônica dos valores genéticos; PRVG: performance relativa dos valores genéticos; MHPRVG: média harmônica da performance dos valores genéticos.

A seleção dos vinte indivíduos com os maiores valores genéticos, para comporem um pomar clonal de sementes, com base na análise conjunta de locais, mantendo

um número efetivo de famílias (progênies) equivalente a 31, poderá propiciar ganhos entre 17,18 % e 50,95 %, em DAP, em relação à média experimental (Tabela 9).

A seleção empregando a estatística MHVG foi a que indicou os maiores ganhos genéticos (50,95 %) em DAP, seguidas pelas estatísticas MHPRVG (45,36 %), PRVG (17,31 %) e a seleção considerando apenas a produtividade (17,18 %). A seleção de indivíduos empregando a estatística MHPRVG, embora propicie ganhos intermediários entre os demais critérios propostos, também deve ser preferida, pois considera adicionalmente a estabilidade genotípica das progênies, além dos atributos de adaptabilidade e produtividade, simultaneamente.

Tabela 10. Ganhos genotípicos preditos para DAP, com o uso de propágulos vegetativos de *E. grandis*, constituídos dos vinte indivíduos de maior valor genético.

Tipos de dados e critérios	Média geral DAP (cm)	Ganho (%)	Nova média para DAP (cm)
Critério pela MHVG	11,2011	82,16	20,4039
Critério pela PRVG	13,6005	22,40	16,6470
Critério pela MHPRVG	13,7936	70,78	23,5567

MHVG: média harmônica dos valores genéticos; PRVG: performance relativa dos valores genéticos; MHPRVG: média harmônica da performance dos valores genéticos.

O estabelecimento de plantações comerciais usando-se propágulos vegetativos dos 20 indivíduos com os maiores valores genotípicos poderá propiciar ganhos entre 22,64 % a 82,16 %, em DAP, em relação à média dos testes de progênies. A partir das informações geradas pelos testes clonais, que indicariam os melhores genótipos dentre os 20 com os maiores valores genotípicos, ganhos adicionais poderão ser obtidos com a clonagem deste material (Tabela 10 e Anexo 1).

Também neste caso, a seleção de indivíduos pela estatística MHPRVG, apesar de proporcionar ganhos genéticos intermediários (70,78 %), deve ser preferida, pois leva em conta a estabilidade genotípica das progênies, além dos atributos simultâneos da adaptabilidade e produtividade.

4. CONCLUSÕES

a) as estatísticas Média Harmônica dos Valores Genéticos (MHVG), Performance Relativa dos Valores Genéticos (PRVG) e Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) preditos na seleção de progênies e indivíduos produzem resultados coincidentes com os ordenamentos gerados pelo procedimento REMuzL/BLUP, do programa computacional SELEGEN, podendo ser usadas vantajosamente no contexto dos modelos mistos, com efeitos genéticos aleatórios;

b) a seleção baseada nos critérios simultaneamente, da produtividade, estabilidade e adaptabilidade (estatística MHPRVG) é altamente vantajosa, por ponderar a informação enquanto família e indivíduo, além de propiciar uma seleção otimizada de indivíduos, levando em conta a estabilidade e adaptabilidade das progênies;

c) a significativa variabilidade genética observada no material estudado permitirá a composição de uma população selecionada de um número efetivo de famílias (progênies) adequado à seleção dos 200 indivíduos com os maiores valores genéticos;

d) a seleção dos 20 ou 50 indivíduos com os maiores valores genéticos, para o estabelecimento de pomares clonais de sementes ou jardim clonal, poderá propiciar ganhos significativos em DAP, em relação à média experimental, levando-se em conta as estratégias e critérios propostos neste trabalho.

5. AGRADECIMENTOS

À International Paper do Brasil Ltda; Ripasa S.A. Celulose e Papel; e Votorantim Celulose e Papel - VCP Florestal, pelo fornecimento dos dados experimentais e demais informações.

Ao Dr. Admir Lopes Mora, Dr. Jarbas Yukio Shimizu e Dr. Paulo Eduardo Telles dos Santos, pelas valiosas sugestões apresentadas.

6. REFERÊNCIAS

ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in northern Italy. **Journal of Genetics and Plant Breeding**, v. 46, p. 269-278, 1992.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Ed. da Universidade Federal de Viçosa, 2003. v. 2, 585 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, Imprensa Universitária, 1994. 390 p.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: Imprensa Universitária, 1987. 279 p.

FOX, P. N.; CROSSA, J.; ROMAGOSA, I. Multi-environment testing and genotype-environment interaction. In: KEMPTON, R. A.; FOX, P. N. (Ed.). **Statistical methods for plant variety evaluation**. New York: Chapman & Hall, 1997. p. 117-138.

KAGEYAMA, P. Y. **Variação genética em progênes de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden**. 1980. 125 f. Dissertação (Mestrado em Genética) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba.

LAVORANTI, O. J. **Estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da reamostragem "bootstrap" no modelo AMMI**. 2003. 166 f. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agrônômica) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba.

LIN, C. S.; BINNS, M. R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 68, p. 193-198, 1988.

MORAES, M. L. T. **Variação genética da densidade básica da madeira em progênes de *Eucalyptus grandis* Hill ex. Maiden e suas relações com as características de crescimento**. 1987. 129 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba.

ODA, S.; MENCK, A. L. M.; VENCOSKY, R. Problemas no melhoramento clássico de eucalipto em função da alta intensidade de seleção. **IPEF**, Piracicaba, v. 41/42, p. 8-17, 1989.

PINTO JÚNIOR, J. E. **REML/BLUP para a análise de múltiplos experimentos, no melhoramento genético de *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden**. 2004. 113 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: Universidade Federal de Goiás, 1993. 271 p.

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

RESENDE, M. D. V. de. **Novas abordagens estatísticas na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 60 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 100).

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

RESENDE, M. D. V. de; BERTOLUCCI, F. L. G. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: IUFRO CONFERENCE "EUCALYPT PLANTATIONS: Improving Fiber and Quality", 1995, Hobart. **Proceedings...** Hobart: IUFRO-CRCTHF, 1995. p. 167-170.

RESENDE, M. D. V. de; FERNANDES, J. C. S. Procedimento BLUP (melhor predição linear não viciada) individual para delineamentos experimentais aplicados ao melhoramento florestal. **Revista de Matemática e Estatística**, v. 17, p. 89-107, 1999.

RESENDE, M. D. V. de; HIGA, A. R. Estimação de parâmetros genéticos no melhoramento de *Eucalyptus*: seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e de seus parentes. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 28/29, p. 11-36, 1994.

SCAPIM, C. A.; OLIVEIRA, V. R.; BRACCINI, A. de L.; CRUZ, C. D.; ANDRADE, C. A. de B.; VIDIGAL, M. C. G. Yield stability in maize (*Zea mays* L.) and correlations among the parameters of the Eberhart and Russell, Lin and Binns and Huehn models. **Genetic and Molecular Biology**, v. 23, n. 2, p. 387-393, 2000.

SEARLE, S. R.; CASELLA, G.; MCCULLOCH, C. E. **Variance components**. New York: J. Wiley, 1992. 528 p.

SISTEMA brasileiro de classificação de solos. Brasília, DF: Embrapa Produção de Informação; Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 1999. 412 p.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

RIGHT, J. W.; PAULEY, S. S.; POLK, R. B.; JOKELA, J. J. Performance of scotch pine varieties in north central region. **Silvae Genetica**, v. 15, p. 101-110, 1966.

Anexo 1. Efeitos genéticos aditivos preditos (a), valor genético predito ($\mu + a$), ganho genético predito, nova média, tamanho efetivo populacional (ne), para a população selecionada e pomar clonal de sementes de *Eucalyptus grandis*, em DAP, considerando a análise conjunta de locais.

Ordem para $\mu + a$	$\mu + a$	Bloco	Progênie	Árvore	f	a	Ganho	Nova média	Ne	d	g
1	15,58	8	29	6	26,39	2,55	2,55	15,58	1,00	0,79	3,34
2	15,53	7	14	1	27,97	2,50	2,52	15,56	2,00	0,92	3,42
3	15,47	1	29	1	24,80	2,43	2,49	15,53	2,48	0,72	3,15
4	15,38	7	29	6	25,33	2,34	2,46	15,49	2,67	0,66	3,00
5	15,36	6	28	1	29,02	2,32	2,43	15,46	3,66	1,08	3,40
6	15,32	10	29	4	24,27	2,28	2,40	15,44	3,69	0,62	2,90
7	15,30	6	29	4	24,80	2,27	2,38	15,42	3,67	0,61	2,88
8	15,29	8	14	1	26,39	2,25	2,37	15,40	4,39	0,76	3,01
9	15,28	6	1	1	26,39	2,25	2,35	15,39	5,26	0,79	3,04
10	15,25	5	14	5	25,33	2,21	2,34	15,38	5,74	0,73	2,95
11	15,21	8	28	1	28,50	2,18	2,33	15,36	6,46	0,99	3,17
12	15,21	5	2	1	26,39	2,17	2,31	15,35	7,31	0,79	2,97
13	15,21	9	14	2	26,39	2,17	2,30	15,34	7,57	0,71	2,88
14	15,21	9	14	5	26,39	2,17	2,29	15,33	7,67	0,71	2,88
15	15,17	6	29	2	23,75	2,13	2,28	15,32	7,66	0,52	2,65
16	15,16	16	29	1	19,35	2,12	2,27	15,31	7,57	0,51	2,63
17	15,15	1	29	3	22,69	2,12	2,26	15,30	7,44	0,51	2,62
18	15,15	1	29	6	22,69	2,12	2,25	15,29	7,29	0,51	2,62
19	15,13	4	14	2	24,80	2,10	2,25	15,28	7,49	0,66	2,76
20	15,12	5	1	6	25,33	2,08	2,24	15,27	8,10	0,68	2,76
<i>II II II</i>											
50	14,82	4	8	2	24,27	1,78	2,03	15,06	10,83	0,65	2,43
<i>II II II</i>											
200	14,44	18	41	3	17,43	1,41	1,68	14,71	20,58	0,39	1,79

$\mu + a$: valor genético aditivo predito; f: valor fenotípico individual ou medição de campo; a: efeito genético aditivo predito; Ne: tamanho efetivo populacional; d: efeito genético de dominância predito, supondo dominância completa; g = a + d: efeito genotípico predito; As progênies de 1 a 20 são da procedência Ravenshoe / Mountain Pandanus-QLD; progênies de 21 a 31 são da procedência Mareeba-QLD e as progênies de 32 a 53 são da procedência Mountain George-NSW; \bar{E} : quebra da seqüência de dados tabelados referentes às progênies (1 - 200).

