

Variabilidade genética em progênies de irmãos completos de *Eucalyptus*

Cristiano Bueno de Moraes¹, Fernanda Maria Abílio², Lucas Vieira Rachid³, Léo Zimback⁴,
Rodolfo Manoel Lemes da Costa⁵, Marcos Deon Vilela de Resende⁶ Edson Seizo Mori⁷

Resumo

O setor florestal brasileiro é constituído principalmente por reflorestamentos de *Eucalyptus*, localizados em várias regiões do país. Desta maneira, o conhecimento da população base de trabalho é muito importante para o avanço dos ganhos genéticos das futuras gerações de melhoramento. Desta forma, o objetivo deste estudo foi verificar a variabilidade genética de progênies de polinização controlada visando obter subsídios para o programa de melhoramento florestal de *Eucalyptus*. Um teste de progênies de irmãos completos foi instalado na área da empresa Eucatex, no delineamento em blocos casualizados com 46 progênies de polinização controlada e cinco testemunhas clonais, parcelas lineares de cinco plantas e quatro repetições. A estimativa da variabilidade genética foi realizada utilizando o programa computacional SELEGEN-REML/BLUP. O experimento implantado em 08 de maio de 2007 e avaliado aos dois, três, quatro e cinco anos para a variável volume de madeira (VOL m³), apresentou valores elevados para o coeficiente herdabilidade ao nível de média de progênies ($h^2_m = 0,77; 0,79; 0,81$ e $0,83$ respectivamente). A acurácia apresentou-se elevada ao longo das idades avaliadas, mostrando-se alta precisão para seleção de indivíduos superiores.

Introdução

A técnica de hibridação artificial em plantas é uma ferramenta fundamental muito importante para os programas de melhoramento, pois permite escolher os melhores progenitores com características importantes para determinar os cruzamentos controlados específicos, maximizando os ganhos e disponibilizando genótipos superiores para os testes de progênies, testes clonais e posteriormente para os plantios comerciais (MORAES e MORI, 2011).

O teste de progênies de polinização controlada obtido pelo processo de hibridação artificial é instalado em um determinado delineamento estatístico com a finalidade de avaliar o desempenho dos progenitores femininos e masculinos, permitindo afirmar com certa confiança, que determinados indivíduos são superiores aos demais. Segundo Allard (1971), o teste de progênies, testa o valor de um genótipo baseado no comportamento de sua descendência, produzida segundo um sistema definido de reprodução.

Os parâmetros genéticos e fenotípicos obtidos dos testes são fundamentais para orientar os futuros trabalhos de melhoramento. Dentre os parâmetros genéticos os que mais interessam ao melhorista e que são objetos de estudos em testes de progênies são as variâncias genéticas, os coeficientes de variação, a herdabilidade no sentido amplo e restrito e o ganho genético (ALLARD, 1971; VENCOVSKY e BARRIGA, 1992).

Segundo Squilace et al. (1967), as estimativas de herdabilidade são ajudas valiosas no planejamento de programas de melhoramento florestal que envolve seleção e auxiliam no julgamento da quantidade de esforço relativo a ser despendido em cada uma das características a ser melhorada. Desta forma, o objetivo desta pesquisa foi verificar a variabilidade genética de progênies de polinização controlada de *Eucalyptus* na região de Itatinga/SP, visando obter subsídios para o programa de melhoramento florestal.

Material e Métodos

O teste de progênies de irmãos completos de *Eucalyptus* foi implantado na fazenda Santa Irene da empresa Eucatex, no município de Itatinga/SP (Tabela 1) em 08/05/2007. O experimento foi instalado em delineamento estatístico em blocos casualizados com 46 progênies de polinização controlada e 5 testemunhas clonais, 5 plantas por parcela, 4 repetições no espaçamento de 3x2m. O clima do local (Itatinga/SP), segundo a classificação de Köppen, é do tipo Cwa (temperado úmido com inverno seco e verão quente). O solo foi classificado como Neossolo Quartzarênico pela classificação da EMBRAPA (1999).

Tabela 1 - Caracterização do local de estudo

Local	Números progênies	Latitude (S)	Longitude (W)	Altitude (m)	TMA (°C)	Tm (°C)	TM (°C)	PP (mm)
Itatinga/SP	46	23°20'	48°36'	845	19,4	16,0	22,7	1500

TMA significa temperatura média anual; Tm = temperatura média mínima anual; TM = temperatura média máxima anual; PP = precipitação pluviométrica.

Com base nos valores dos dados obtidos de altura total de árvore (ALT m) e diâmetro à altura do peito (DAP cm) foi determinado o volume de madeira (VOL m³) nas idades de 2, 3, 4 e 5 anos pela expressão:

$$\text{Volume (m}^3\text{)} = \frac{\pi (\text{DAP})^2 \times ff}{40.000} \times \text{ALT}$$

sendo: VOL = volume da árvore em metro cúbico; DAP = diâmetro à altura do peito (1,30 m do solo) em centímetro; ALT = altura total da árvore em metro; $ff = 0,5$ (fator de forma).

Os dados foram analisados pelo software SELEGEN (RESENDE, 2007a), utilizando o modelo 147: $y = Xb + Za + Wc + e$, em que y , b , a , c e e : vetores de dados, dos efeitos de blocos (fixos), dos efeitos genéticos aditivos (aleatórios), de efeitos de parcela (aleatórios) e dos erros aleatórios, respectivamente. X , Z e W : matrizes de incidência para b , a e c , respectivamente.

Resultados e Discussão

As estimativas dos componentes de variâncias genéticas e os parâmetros genéticos para a variável volume de madeira nas idades de 2, 3, 4 e 5 anos estão apresentados na **Tabela 2**.

Os valores obtidos dos componentes de variâncias são importantes para a realização dos cálculos dos parâmetros genéticos quantitativos: c_{parc}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; \hat{h}_a^2 : herdabilidade individual no sentido restrito; \hat{h}_m^2 : herdabilidade da média de progênies; \hat{h}_d^2 : herdabilidade dentro de parcela e Ac_{prog} : acurácia da seleção de progênies entre outros, que auxiliam no planejamento e continuidade de um programa de melhoramento.

Os resultados da variância genotípica entre progênies de irmãos completos (V_g) para o volume de madeira (VOL m³) apresentam valores crescentes ao longo das idades estudadas. A variância ambiental entre parcelas (V_{parc}) foi variável para o volume ao longo das idades.

As progênies demonstraram crescimento vegetativo adequado ao longo dos quatro anos para a variável silvicultural volume de madeira (VOL m³) que apresentou média de 0,0669 m³ aos 24 meses. A média aos 60 meses foi de 0,2661 m³, para as condições edafoclimáticas da região onde foi instalado o teste de progênies.

O parâmetro genético coeficiente de determinação dos efeitos ambientais entre parcelas (c_{parc}^2) apresentou valores baixos, ou seja, o ambiental atuou pouco entre as parcelas, promovendo baixa variação ambiental entre as parcelas em todas as idades estudadas. Segundo Resende (2002), o c_{parc}^2 quantifica a variabilidade das parcelas dentro dos blocos, sendo que uma estimativa até 10% não chega a interferir na estimativa dos parâmetros genéticos.

Tabela 2. Estimativas de variância genotípica entre progênies de irmãos completos (V_g), variância ambiental entre parcelas (V_{parc}), variância residual dentro de parcela (V_{dentro}), variância fenotípica individual (V_p), herdabilidade ao nível de indivíduos não ajustada (h_a^2), coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (c_{parc}^2), herdabilidade ao nível de média de progênies, (h_m^2), acurácia ao nível de progênies (Ac_{prog}), herdabilidade aditiva dentro de progênies (h_{ad}^2) e média da variável volume de madeira em metros cúbico (VOL m³).

As herdabilidades ao nível de média de progênie apresentaram valores altos para a variável estudada. Os valores de \hat{h}_m^2 para o experimento para o volume nas idades de 2, 3, 4 e 5 anos (VOL: 0,71; 0,77; 0,79; 0,81 e 0,83) revela-se alto controle genético para a seleção, podendo dessa forma, selecionar plantas individuais. Estes valores apresentam-se altos, pois o material genético encontra-se em fase inicial do programa de melhoramento. Com as sucessivas gerações de melhoramento e a seleção artificial realizada para as características (ALT, DAP e VOL entre outros) para o programa de melhoramento a tendência é que ocorra com o tempo diminuição dos valores de herdabilidades. No presente trabalho, as herdabilidades foram classificadas de acordo com a interpretação de Resende et al. (1995), que considera herdabilidades de 0,01 a 0,15 como baixas; de 0,15 a 0,50 são medianas; e acima de 0,50 altas.

A acurácia seletiva representa a relação entre o valor genético verdadeira e o estimado, apresentando adequado para a característica estudada, variando de 87 a 91%. Isso indica boa precisão no acesso à variação genética verdadeira a partir da variação fenotípica observada para volume. O valor da acurácia seletiva superior a de 50% (r_{aa}) está ideal conforme Resende (2007b), mostrando uma boa precisão na seleção dos genótipos. O mesmo autor afirma que para etapas iniciais ou intermediárias do programa de melhoramento florestal o adequado são acurácias seletivas da ordem de 70% ou mais.

Agradecimentos

À empresa Eucatex pela condução do experimento e concessão dos resultados para publicação.

Referências bibliográficas

- Allard RW (1971) **Principios de melhoramento genético de plantas**. Edgar Blucher, 381p.
- Embrapa (1999) **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília: Embrapa, 412p.
- Moraes CB, Mori ES (2011) Polinização Controlada no Melhoramento Genético Florestal. In: **Curso “Avanços Tecnológicos na Silvicultura”**: XXV SEAB - Semana de Estudos Agropecuários e Florestais de Botucatu. Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho - Faculdade de Ciências Agrônomicas de Botucatu/UNESP.
- Resende MDV (2007a) SELEGEN-REML/BLUP: **Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos**. Embrapa Florestas, Colombo-PR.
- Resende MDV (2007b) **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 561p.
- Resende MDV (2002) **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 975p.
- Resende MDV, Araujo AJ, Sampaio PTB, Wiecheteck MSS (1995) Accuracy, confidence ranges and variance of response associated to 22 selection methods in *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Revista Floresta**, v. 24, p. 35-45.
- Squillace AE, Bingham RT, Namkoong G, Robinson HF (1967) Heritability of juvenile growth rate and expected gain from selection in western pine. **Silvae genetica**, Frankfurt, 16, n.1, p. 1-6.
- Vencovsky R, Barriga, P. (1992) **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**: Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 496p.