

# Ganhos genéticos preditos por diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus urophylla*

Antônio Marcos Rosado<sup>(1)</sup>, Tatiana Barbosa Rosado<sup>(2)</sup>, Márcio Fernando Ribeiro Resende Júnior<sup>(2)</sup>, Leonardo Lopes Bhering<sup>(3)</sup> e Cosme Damião Cruz<sup>(2)</sup>

<sup>(1)</sup>Celulose Nipo-Brasileira S.A, Rodovia BR 381, Km 172, CEP 35196-000 Belo Oriente, MG. E-mail: antonio.rosado@cenibra.com.br

<sup>(2)</sup>Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Biologia Geral, Avenida P. H. Rolfs, s/nº, CEP 36571-000 Viçosa, MG. E-mail: tatianarosado@yahoo.com.br, marciopac@hotmail.com, cdcruz@ufv.br <sup>(3)</sup>Embrapa Agroenergia, Parque Estação Biológica, s/nº, CEP 70770-901 Brasília, DF. E-mail: leonardo.bhering@embrapa.br

Resumo – O objetivo deste trabalho foi avaliar parâmetros genéticos e comparar os ganhos preditos por meio de diferentes métodos de seleção em famílias de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla*. Foi utilizada seleção entre e dentro, seleção combinada e seleção com base em modelos mistos (REML/BLUP) para os caracteres diâmetro à altura do peito, altura total e volume total com casca. Foi utilizado o teste de progênie constituído de 100 famílias de meios-irmãos com 55 meses de idade, em espaçamento de 3x2 m, em delineamento de blocos ao acaso, com cinco repetições. As progênies apresentaram variabilidade genética significativa e elevada magnitude de herdabilidade para os caracteres estudados, o que evidencia alto controle genético e condições favoráveis para seleção. Todos os métodos avaliados foram eficientes para aplicação no melhoramento de eucalipto. No entanto, a seleção combinada e a seleção por modelos mistos (BLUP) proporcionam estimativas de ganhos significativamente maiores às obtidas com a seleção entre e dentro, e maior eficiência na escolha dos melhores indivíduos dentro da população.

Termos para indexação: eucalipto, ganhos de seleção, melhoramento florestal, modelos mistos.

## Predicted genetic gains by various selection methods in *Eucalyptus urophylla* progenies

Abstract – The objective of this work was to evaluate genetic parameters and to compare predicted gains using different selection methods in half-sib families of *Eucalyptus urophylla*. Within and between selection, combined selection and selection based on mixed model equations (REML/BLUP) were used for the traits diameter at breast height, total height and total volume with bark. The progeny test used consisted of 100 55-month-old half-sib families distributed in a 3x2-m spacing, in randomized complete block design with five replicates. The progenies showed significant genetic variability and high heritability for the studied traits, which indicates high genetic control and favorable conditions for selection. All the methods tested were efficient in eucalyptus breeding. However, the combined selection and the selection based on mixed models (BLUP) provided gains significantly larger than those obtained with within and between selections, and were more efficient in the selection of the best individuals in the population.

Index terms: eucalyptus, genetic gains, forestry breeding, mixed models.

## Introdução

Entre as espécies de eucaliptos existentes no Brasil, o *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake é uma das mais plantadas devido à sua plasticidade e adaptabilidade às mais diversas regiões do país, à resistência ao cancro do eucalipto e ao potencial de utilização da madeira (Scanavaca Junior & Garcia, 2004). No entanto, para obtenção de plantios florestais que satisfaçam às exigências do mercado, é importante considerar, além do desenvolvimento de novas técnicas de manejo, os

aspectos genéticos, uma vez que a floresta é o resultado das ações e interações de seus genótipos com o ambiente (Martins et al., 2005). Nesse contexto, a seleção de genótipos superiores por melhoramento genético é uma ferramenta fundamental para gerar florestas mais produtivas e adaptadas a diferentes regiões.

A identificação de genótipos superiores requer métodos de seleção capazes de explorar eficientemente o material genético disponível, maximizando o ganho genético em relação às características de interesse (Oda et al., 2007). Diversos métodos de seleção têm

sido empregados em eucalipto, com destaque para a seleção entre e dentro de famílias (Paula et al., 2002; Martins et al., 2003, 2005), a seleção combinada (Pires et al., 1996; Martins et al., 2001, 2005) e a seleção por modelos mistos pelo método BLUP (best linear unbiased prediction, melhor predição linear não viciada) (Garcia & Nogueira, 2005; Rocha et al., 2006, 2007).

Na seleção entre e dentro de famílias, em uma primeira etapa identificam-se as melhores famílias com base na média da parcela e, posteriormente, selecionam-se, nas famílias, os indivíduos com melhor desempenho (Sampaio et al., 2000). A seleção combinada é baseada em um índice que leva em consideração, simultaneamente, o comportamento dos indivíduos e de suas famílias (Vencovsky & Barriga, 1992). O BLUP consiste basicamente na predição de valores genéticos dos efeitos aleatórios do modelo estatístico associado às observações fenotípicas, ajustando-se os dados aos efeitos fixos e ao número desigual de informações nas parcelas por meio da metodologia de modelos mistos (Resende, 2002). A escolha do método de seleção adequado depende da magnitude e dos sentidos dos ganhos genéticos preditos e da facilidade de aplicação.

O objetivo deste trabalho foi avaliar a variabilidade genética, estimar os parâmetros genéticos e comparar os ganhos preditos para alguns caracteres de crescimento, por meio de diferentes métodos de seleção em progênies de meios-irmãos de *E. urophylla*.

## Material e Métodos

Foram utilizadas 100 famílias de meios-irmãos de *E. urophylla*, cujas matrizes foram selecionadas fenotipicamente para volume de madeira. As famílias foram avaliadas em Sabinópolis, MG, em áreas da Celulose Nipo-Brasileira S.A. (Cenibra), no teste de progênies implantado em dezembro de 2001, em delineamento de blocos ao acaso com parcelas lineares de oito plantas e cinco repetições (blocos), em espaçamento de 3x2 m.

Aos 55 meses de idade, foram avaliados o diâmetro à altura do peito (DAP, cm); a altura total (ALT, m) e o volume individual total com casca (VOL, m<sup>3</sup>) para as 100 famílias. O volume individual total com casca foi obtido segundo a expressão:  $VOL = 0,004761 + 0,000033 \times DAP^2 \times ALT^2$ .

Para testar a hipótese da existência de variância genética entre médias de famílias de meios-irmãos, foi realizada análise de variância de cada característica pelo programa Genes (Cruz, 2006) utilizando os dados de indivíduos dentro das parcelas. O delineamento usado foi o de blocos ao acaso segundo o modelo estatístico:  $Y_{ijk} = \mu + f_i + b_j + \varepsilon_{ij} + \delta_{ijk}$ , com  $i = 1, 2, \dots, g$  famílias;  $j = 1, 2, \dots, b$  blocos; e  $k = 1, 2, \dots, n_{ij}$  plantas por parcela.  $Y_{ijk}$  é a observação na  $k$ -ésima planta, na  $i$ -ésima família, do  $j$ -ésimo bloco;  $\mu$  é a média geral da população;  $f_i$  é o efeito da  $i$ -ésima família, em que  $f_i \sim \text{NID}(0, \sigma_g^2)$ ;  $b_j$  é o efeito do  $j$ -ésimo bloco, em que  $b_j \sim \text{NID}(0, \sigma_b^2)$ ;  $\varepsilon_{ij}$  é o efeito da variação ambiental entre famílias, em que  $\varepsilon_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma_e^2)$ ; e  $\delta_{ijk}$  é o efeito da variação entre plantas dentro de famílias, em que  $\delta_{ijk} \sim \text{NID}(0, \sigma_{fd}^2)$ .

Os componentes de variância para cada caráter foram estimados conforme Cruz et al. (2004), em que se estimaram as variâncias de bloco, fenotípica entre médias de famílias, dentro de famílias e entre plantas no experimento, ambiental entre parcelas, genotípica entre médias de famílias, dentro de família ou entre plantas dentro de família e genética aditiva.

Os coeficientes de herdabilidade para plantas individuais dentro de famílias, no bloco, no experimento, e para médias de famílias, assim como os coeficientes de variação fenotípico, genético, ambiental e experimental, foram estimados conforme Cruz et al. (2004).

Foram estimados os ganhos de seleção, considerando as 100 famílias de meios-irmãos, em seleção de 25% entre e dentro de famílias para cada caráter, bem como para seleção com base no índice de seleção combinada e em BLUP. Todas as características foram selecionadas para obter acréscimo sobre as médias originais. O método de seleção entre e dentro foi utilizado conforme Cruz et al. (2004), e os ganhos de seleção foram obtidos segundo a expressão  $GS_{j(i)} = \hat{\beta}_{j(i)} GS_i$ , em que  $GS_{j(i)}$  é o ganho de seleção indireto no caráter  $j$  pela seleção praticada no caráter  $i$ ;  $GS_i$  é o ganho de seleção direto no caráter  $i$ ;  $\hat{\beta}_{j(i)} = \text{C}\hat{\text{O}}\hat{\text{V}}_g(X_i, X_j) / \hat{\sigma}_{gi}^2$  é o coeficiente de regressão genético, em que  $\text{C}\hat{\text{O}}\hat{\text{V}}_g(X_i, X_j)$  é a covariância genética (entre ou dentro) entre os caracteres  $i$  e  $j$ ; e  $\hat{\sigma}_{gi}^2$  é a variância genética (entre ou dentro) do caráter principal, sobre o qual se pratica a seleção.









