

JÚPITER ISRAEL MURO ABAD

DIVERSIDADE GENÉTICA POR MARCADORES MOLECULARES E  
PREDIÇÃO DE GANHOS EM *Eucalyptus* spp.

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

VIÇOSA  
MINAS GERAIS – BRASIL  
2003

JÚPITER ISRAEL MURO ABAD

DIVERSIDADE GENÉTICA POR MEIO DE MARCADORES MOLECULARES E  
PREDIÇÃO DE GANHOS EM *Eucalyptus* spp.

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

**APROVADA: 13 de março de 2003.**

---

Prof. Cosme Damião Cruz  
(Conselheiro)

---

Prof. Paulo Sávio Lopes

---

Prof. Aloisio Xavier

---

Prof. Eduardo Bearzoti

---

Prof<sup>a</sup> Elza Fernandes de Araújo  
(Orientadora)

A Deus, meu guia

Aos meus pais Pablo e Robertina (em memória)

A minha esposa Alessandra.

## AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Genética e Melhoramento, pela oportunidade de realizar o curso de Doutorado em Genética e Melhoramento.

À prof<sup>a</sup>. Elza Fernandes de Araújo, pela amizade, pela dedicação e carinho com que me orientou nos trabalhos de pesquisa desde a graduação, Mestrado e no Doutorado, a quem não me esqueço de pedir a bênção pois seremos sempre lembrados como “os meninos da Elza”.

Ao Prof. Cosme D. Cruz, pelo trabalho também de orientador nesta tese, e nos demais trabalhos, na área de Melhoramento e pela amizade.

Ao Prof. Paulo Sávio, pelas discussões sobre os modelos mistos e pelas valiosas sugestões como membro da banca de tese.

Ao prof. Eduardo Berzoti, pelas valiosas sugestões e discussões na defesa, como membro da banca de teste.

Ao Prof. Aloisio Xavier pelas sugestões e participação na banca de tese.

Ao Prof. Ismael E. Pires, pelos conselhos e estímulo na profissão de Melhorista, e principalmente pela amizade.

Ao Rodrigo B. Rocha, pelo trabalho em conjunto nas análises moleculares, piadas no cafezinho, e disposição de trabalhar ligado on-line na correção da tese e amizade.

Ao Dr. Marcos Deon Resende da EMBRAPA, pela disponibilidade do programa SELEGEN e auxílio na análise dos dados pelo BLUP, e discussões via e-mail.

Adriano E. Almeida, pela amizade e companheirismo, e que mesmo por telefone se predispõe a discutir sobre melhoramento e genética quantitativa.

Aos amigos do laboratório de Genética Molecular de Microrganismos: Denise e João, que tiveram paciência com a minha bagunça; Jildete e Francis, pelas conversas nos fins de semana no laboratório; Jorge e Patrícia, que riam das minhas piadas no cafezinho, Andréa, pela disponibilidade em ajudar quando o assunto é genética molecular e aos demais membros do laboratório que vão chegando e nos vendo saindo pelo trabalho em equipe.

À Prof<sup>a</sup>. Tânia, quem me iniciou na pesquisa, ainda na graduação, pela amizade e carinho nestes anos de trabalho e pelo trabalho conjunto no aprendizado dos programas de taxonomia e filogenética, realmente são complicados.

À Prof<sup>a</sup>. Marisa, pelo trabalho em equipe no laboratório.

Aos amigos e colegas do curso de Genética e Melhoramento.

Aos amigos do Laboratório de Micorriza, Maurício, Olinto, Guilherme, professores Catarina e Tótola, e demais colegas e professores dos laboratórios de Fisiologia de Microrganismos e Microbiologia Industrial.

Ao Evandro, Danilo pela amizade e profissionalismo nestes anos de trabalho e pelo bate papo com peixe assado depois do expediente.

A Nilcéa, Laura e Aparecida, pela prestatividade e preocupação e principalmente pelo carinho.

À minha esposa Alessandra, companheira, amiga, confidente e presente em todos os momentos da minha vida; que amo.

## BIOGRAFIA

Júpiter Israel Muro Abad, filho de Robertina Micaela Abad de Muro e Pablo Enrique Muro Arbulú, nasceu em Lima, Peru, em 09 de janeiro de 1974.

Em dezembro de 1990, recebeu o título de Técnico em Agropecuária na Escola Técnica de Agropecuária Regional da CEPLAC – EMARC de Teixeira de Freitas – BA.

Em março de 1994, ingressou na Universidade Federal de Viçosa, Viçosa – MG, no curso de Engenharia Florestal, concluindo-o em março de 1999.

Iniciou o curso de Mestrado em Genética e Melhoramento em março de 1999, na Universidade Federal de Viçosa, defendendo tese no dia 24 de agosto de 2000.

Iniciou o curso de Doutorado em Genética e Melhoramento em agosto de 2000, na Universidade Federal de Viçosa, defendendo tese no dia 14 de março de 2003.

## CONTEÚDO

RESUMO .....	IX
ABSTRACT .....	XI
INTRODUÇÃO .....	1
1. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	14
UTILIZAÇÃO DE MARCADORES MOLECULARES RAPD E MICROSSATÉLITES NA AVALIAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA E “FINGERPRINT” DE GENITORES DE <i>EUCALYPTUS GRANDIS</i> E <i>E. UROPHYLLA</i> RECOMENDADOS PARA HIBRIDAÇÃO.....	20
1 INTRODUÇÃO .....	20
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	22
2.1. Material Genético .....	22
2.2. Extração de DNA total.....	22
2.3. Condições de amplificação microssatélites .....	23
2.4. Análise de dados.....	24
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	25
4. CONCLUSÕES .....	37

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	38
VARIABILIDADE GENÉTICA E SELEÇÃO COMBINADA EM PROGÊNIES DE MEIOS IRMÃOS DE <i>EUCALYPTUS</i> SPP. EM TRÊS AMBIENTES NA REGIÃO DA AMAZÔNIA BRASILEIRA. ....	
1. INTRODUÇÃO .....	41
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	43
2.1. Material Genético .....	43
2.2. Caracteres avaliados.....	43
2.3. Análise de variância e estimadores de parâmetros genéticos e ambientais .....	44
2.4. Seleção Combinada .....	48
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	52
3.1. Interação genótipo x ambiente .....	52
3.2. Análise de variância para os três ambientes .....	55
3.3. Seleção entre e dentro .....	60
3.4. Seleção combinada univariada .....	63
4. CONCLUSÕES .....	68
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	69
OBTENÇÃO DA MELHOR PREDIÇÃO LINEAR NÃO VIESADA (BLUP) E ESTIMAÇÃO DOS COMPONENTES DE VARIÂNCIA VIA MÁXIMA VEROSSIMILHANÇA RESTRITA (REML) EM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>EUCALYPTUS</i> SPP. EM TRÊS AMBIENTES NA REGIÃO DA AMAZÔNIA BRASILEIRA .....	
1. INTRODUÇÃO .....	71
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	72
2.1. Material genético .....	72
2.2. Caracteres avaliados.....	73
2.2. O Modelo estatístico.....	73
2.3. O modelo linear misto.....	74
2.4. As Equações de Modelos Mistos: .....	75
2.5. Estimacão dos Componentes de Variância e outros parâmetros genéticos .....	76
2.6. Tamanho efetivo populacional.....	77
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	78



3.1. Interação genótipo ambiente .....	78
3.2. Análise de dados para os três ambientes.....	81
3.3. Seleção com base nos valores genéticos .....	84
4. CONCLUSÕES .....	88
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	89
APENDICE.....	91

## RESUMO

MURO-ABAD, Júpiter Israel, D.S., Universidade Federal de Viçosa, março de 2003. **Diversidade genética por meio de marcadores moleculares e predição de ganhos em *Eucalyptus* spp.** Orientadora: Elza Fernandes de Araújo. Conselheiros: Ismael Eleotério Pires e Cosme Damião Cruz.

O sucesso de um programa de melhoramento depende da diversidade genética nas populações base, para possibilitar a manipulação, obtenção de genótipos superiores e combinação de características desejáveis nos genótipos melhorados. Neste trabalho foram avaliados o poder de discriminação de genitores de *E. grandis* e *E. urophylla* por marcadores moleculares RAPD e microssatélites (SSR). A análise por marcadores SSR destes genitores permitiu a discriminação das duas espécies em estudo. Os genitores utilizados para cruzamento em dialelo parcial circulante são divergentes para estes marcadores, e marcadores SSR foram mais eficientes na discriminação interespecífica. Apesar de tanto os marcadores RAPD quanto SSR permitirem a discriminação das duas espécies, foi observada baixa correlação entre medidas de dissimilaridade por RAPD e SSR. Utilizando-se uma população de *E. pellita*, foram feitas análises de diversidade e da interação genótipo ambiente e obtenção dos parâmetros genéticos e ambientais, pelos métodos da ANOVA e Máxima Verossimilhança Restrita (REML), bem como obtenção dos valores genéticos pela Seleção Combinada (SC) e Melhor Preditor Linear Não Viesado (BLUP). Para as características circunferência à altura do peito

(CAP), altura total (ALT) e volume por ha (VOL), existe variabilidade genética pela ANOVA, tanto entre famílias como dentro de famílias para todos os 3 ambientes (solo LA1 – latossolo amarelo de textura argilosa, LU1 – latossolo uma de textura média argilosa e LA6 – latossolo amarelo arenoso), sendo possível a seleção entre e dentro de famílias e obtenção de ganho com a seleção. A interação genótipo x ambiente não foi significativa. A SC foi eficiente na seleção dos genótipos, permitindo ganho com a seleção superiores a seleção convencional entre e dentro. Para análise da população de *E. pellita* por REML, as estimativas dos componentes de variância foram semelhantes aos valores obtidos pela ANOVA, assim como os valores de ganhos e tamanho efetivo ( $N_e$ ) com a seleção pelo BLUP comparando-se a SC. As duas metodologias (ANOVA/SC e REML/BLUP) vêm sendo utilizadas para seleção em programas de melhoramento de eucalipto, entretanto, quando ocorre desbalanceamento não previsto dos ensaios de campo, deve-se dar preferência a métodos mais precisos para obtenção de componentes de variância e predição de valores genéticos como REML e o BLUP respectivamente.

## ABSTRACT

MURO-ABAD, Júpter Israel, D.S., Universidade Federal de Viçosa, march, 2003. **Genetic diversity by molecular markers and gain prediction in *Eucalyptus* spp.** *Advisor:* Elza Fernandes de Araújo. *Committee Members:* Ismael Eleotério Pires and Cosme Damião Cruz.

The success of an improvement program depends on the genetic diversity in the populations in order to facilitate the manipulation, the obtaining of superior genotypes and combination of desirable characteristics in the improved genotypes. In this work the molecular markers RAPD and microsatellites (SSR) were used to discriminate *E. grandis* and *E. urophylla* genitors. The SSR analysis allowed the discrimination of the two species. The genitors analyzed in the circulating partial diallel were divergent for these markers. The RAPD as SSR markers allowed the discrimination of the two species. The SSR markers were more efficient in inter-specific discrimination. A low correlation was observed between RAPD and SSR dissimilarity measures. Diversity analyses and genotype x environmental interaction were done with a population of *E. pellita*. These analyses and the obtaining of genetic and environmental parameters were done by the ANOVA and Maximum Restricted Verisimilitude (REML) methods. The genetic values were obtained by the Combined Selection (SC) and Best Linear Unbiased Prediction (BLUP). Considering the chest height (CAP), total height (ALT) and volume (VOL) traits the genetic variability by ANOVA was significant among and inside families for

all the 3 environments studied (soil LA1 - yellow latosoil of loamy texture, LU1 – Una latosoil of loamy medium texture and LA6 - sandy yellow latosoil). Based on these results the selection among and inside of families allows genetics gain. The genotype x environmental interaction was not significant. The SC was efficient and allowed better gain when compared with the conventional selection among and inside families. For REML/BLUP analysis of the *E. pellita* population the estimative variance components were similar to the values obtained by ANOVA, as well as the values of gains and effective size of population ( $N_e$ ) with the selection for BLUP when compared to the SC. The two methodologies (ANOVA/SC and REML/BLUP) are being used for selection in eucalyptus improvement programs. However when unpredictable field tests unbalancing occurs, preference should be given to more precise methods for the obtaining of variance components and genetic values prediction as REML and BLUP.

## INTRODUÇÃO

O objetivo de um programa de melhoramento genético é a obtenção de populações ou indivíduos de uma determinada espécie que concentre o maior número de genes favoráveis às características de interesse, obtendo assim materiais geneticamente superiores. A obtenção destes genótipos tem por base três etapas: teste seleção e recombinação e então a manutenção do material superior. Para o melhoramento do eucalipto para celulose estas etapas têm um grande custo e demanda muito tempo, uma vez que o ciclo da cultura varia de 6 a 7 anos.

Neste sentido, ferramentas que estejam disponíveis para o melhorista de modo a possibilitar a aceleração destes ciclos de melhoramento, são extremamente importantes. Dentre estas possibilidades estão as técnicas biotecnológicas como marcadores moleculares, com grande potencial para maximizar e acelerar os ciclos de seleção para a cultura do eucalipto. Este conjunto de técnicas pode ser utilizado nas diversas etapas do melhoramento e/ou podem ser estabelecidas estratégias específicas para o estudo de determinadas características de interesse. Uma das etapas prioritárias é a combinação de genitores onde as combinações adequadas podem garantir a geração de famílias com desempenho elevado. Dentre estas ferramentas pode-se destacar marcadores moleculares RAPD e microssatélites, que permitem uma análise rápida e ampla do genoma da espécie estudada.

Outra etapa do melhoramento é a seleção de genótipos superiores, e vários métodos são descritos na literatura, os quais permitem a obtenção dos valores genotípicos e aditivos de cada indivíduo. Dentre estes métodos pode-se destacar a seleção combinada e o Melhor Preditor Linear Não Viesado (BLUP) como valiosos para seleção, principalmente em programas de melhoramento de eucalipto, em experimentos com informação dentro de parcela.

Este trabalho está constituído de três capítulos. O primeiro capítulo tem por objetivo comparar o poder de discriminação de genitores de *Eucalyptus grandis* e *E. urophylla* pelos marcadores moleculares RAPD e microssatélites; o segundo capítulo, avaliar a diversidade e utilizar a seleção combinada em uma população de melhoramento de *E. pellita*, plantada em três locais na região do Jarí, na Amazônia Brasileira; no terceiro capítulo aplicar a metodologia de modelos mistos para obter os valores genéticos da mesma população que foi avaliada no segundo capítulo, estabelecendo-se uma comparação entre a seleção combinada e o BLUP.

## 1. REVISÃO DE LITERATURA

### 1.1. A cultura do *Eucalyptus*

O gênero *Eucalyptus* L'Her. pertence à subtribo *Eucalyptinae*, tribo *Leptospermeae*, subfamília *Leptospermoideae*, família *Myrtaceae* (RIZZINI, 1971). Ocorre naturalmente no continente Australiano e ilhas vizinhas como Papua Nova Guiné, Indonésia, Filipinas e Tasmânia. Existem aproximadamente 600 espécies e variedades nomeadas e descritas (BOLAND et al. 1984).

O eucalipto foi introduzido no Brasil há mais de um século, no Jardim Botânico do Rio de Janeiro; os primeiros plantios sistemáticos foram feitos pelo Engenheiro-Silvicultor Dr. Edmundo Navarro de Andrade para atender à necessidade de madeira como fonte de energia para as locomotivas a vapor da Companhia Paulista de Estradas de Ferro (SOUZA, 1992). A grande rusticidade e agressividade do eucalipto, associada a seus vários usos como produção de madeira para celulose, carvão, serraria e produção de óleos essenciais, explicam a sua grande dispersão antrópica (RAMALHO, 1995).

Dentre as espécies deste gênero, o *Eucalyptus urophylla* e *E. grandis* representam as espécies de maior interesse para a eucaliptocultura no Brasil. O *E. urophylla* é utilizado para a fabricação de celulose, chapas duras, produção de carvão e outros fins. Esta espécie possui ampla capacidade de adaptação a diversas condições ambientais tropicais, aliada a tolerância ao patógeno



(*Cyphonectria cubensis*) causador do Cancro do Eucalipto (SANTOS et al., 1990). Já o *E. grandis* ocorre em clima quente e úmido nas regiões sudeste e nordeste da Austrália, tendo a sua madeira utilizada principalmente para produção de celulose (BOLAND et al., 1984, BROOKER e KLEINING, 1990).

Deste modo, estas duas espécies (*E. grandis* e *E. urophylla*) têm merecido especial atenção quando na constituição do híbrido interespecífico (“Urograndis”), que por meio da recombinação de genes, possibilita a reunião das boas características de ambas na geração segregante. A madeira do *E. grandis* ou de híbridos destas duas espécies é atualmente a principal fonte de matéria prima utilizada para produção de pasta celulósica no Brasil, principalmente de fibra curta, ocupando grande destaque no mercado internacional (MURO\_ABAD, 2000).

A hibridação controlada entre estas duas espécies possui inúmeras vantagens em relação à obtenção de sementes híbridas em pomares de sementes, pois, além de proporcionar o conhecimento da capacidade geral e/ou específica da combinação de matrizes, possibilita o cruzamento de parentais que apresentam, por exemplo, defasagem na floração (MURO\_ABAD, et al. 2001).

Outra espécie de interesse para a constituição do híbrido interespecífico é o *E. pellita*. Esta espécie ocorre em altitudes que variam desde o nível do mar até 800 m. A precipitação pluviométrica de sua região de origem varia de 900 a 2400 mm com distribuição uniforme (BOLAND et al., 1984; BROOKER e KLEINING, 1990). Em sua região de origem a madeira é muito utilizada para construções e estruturas. No Brasil, há necessidade de estudos mais detalhados para se determinar a variabilidade de outras utilizações. A grande vantagem desta espécie é a resistência a doenças fúngicas, principalmente manchas foliares causadas por *Cylincladium pteridis* e *Rizoctonia* ssp. na região norte do Brasil (CÂNCIO<sup>1</sup> 2002, ALFENAS 2002). Neste sentido a utilização desta espécie como fonte para introgressão de resistência a estes patógenos é recomendada.

---

<sup>1</sup> Comunicação pessoal – Jarí Celulose S.A.

## 1.2. Variabilidade genética

A variabilidade genética é intrínseca da população de melhoramento. A quantidade detectada depende dos indivíduos amostrados e sua estimativa influenciará os valores da herdabilidade e do ganho com a recombinação e seleção. Quando não há variabilidade na população não é possível promover mudança na frequência gênica nem aumentar a média populacional para a característica avaliada (ALLARD, 1971, FALCONER, 1987, ZOBEL e TALBERT, 1984).

Os genótipos superiores que deverão compor a população para recombinação genética são identificados em testes em que se avaliam famílias de meios irmãos ou irmãos completos, ou ainda famílias endogâmicas. Os parâmetros genéticos, que podem ser estimados em conexão com uma população incluem as medidas de variâncias e covariâncias. A subdivisão natural desta população em famílias permite desdobrar a variância entre famílias, em componentes que formam a base para a mensuração do grau de semelhança entre parentes como as variância genéticas aditivas e de dominância (FALCONER, 1987).

Para se fazer uso destas derivações teóricas e, na prática, previsões, é preciso ter estimativas dos diversos parâmetros que influenciam a seleção. As estimativas necessárias podem ser obtidas de ensaios experimentais, ou de delineamentos genéticos para se testar a hipótese da existência de variabilidade na população amostrada, e ainda obter outros parâmetros que possibilitem prever ganhos com a seleção (FALCONER, 1987; CRUZ e REGAZZI, 1994).

Das diversas estratégias que visam o aumento da média populacional, a exploração da heterose tem sido muito utilizada principalmente para espécies de *Eucalyptus*, cujos genótipos superiores selecionados na população segregante podem ser clonados, aproveitando os componentes aditivos e de dominância do valor genético. Muitos trabalhos têm demonstrado que o ganho com a heterose está relacionado principalmente com a diversidade entre progenitores (LANZA et al., 1996; DUDLEY et al., 1992). O coeficiente de parentesco e outras relações genéticas podem ser usadas como preditores da performance relativa de combinações híbridas para um programa de melhoramento, resultando na

redução de tempo e custo com o teste das progênies híbridas. Neste sentido o estudo da diversidade genética entre progenitores possibilita identificar as combinações híbridas de maior efeito heterótico (CRUZ e REGAZZI, 1994).

### **1.3. Componentes de variância**

Dentre as principais metodologias para estudo da variabilidade genética estão as estatísticas baseadas na análise de variância (ANOVA). A ANOVA foi inicialmente desenvolvida para considerar as diferenças entre as médias e mais tarde adaptada para a estimação dos componentes de variância (SEARLE et al., 1992). A base da análise de variância é a contraposição de duas hipóteses de teste, seja das médias dos tratamentos ou associadas aos componentes de variância, sendo a conclusão baseada no teste F (SEARLE, 1971). Uma das grandes vantagens desse tipo de análise é a facilidade de obtenção dos estimadores (BLUE) para os efeitos fixos analisados no modelo, quando na utilização de dados balanceados. Outra vantagem é a obtenção do teste F por meio do quociente entre os quadrados médios (QM) referentes as causas de variação testadas e o resíduo (modelo fixo) ou outra causa de variação (modelo misto) (HICKS, 1973). Assim os testes e os componentes de variância associados são obtidos por somas de quadrado (SQ) simples, para os casos balanceados.

Um problema quanto ao uso da ANOVA refere-se a estimação dos componentes de variância em modelos mistos, com efeitos fixos e aleatórios juntos e interação entre os dois tipos de efeitos. Neste caso a estimação dos componentes de variância por equação do tipo  $E(QM) = QM$ , em que “E” representa a esperança matemática, apesar de apresentar maior facilidade para obtenção dos componentes de variâncias, estas estimativas não têm critério único para estimação quando na utilização de dados desbalanceados. Nestes delineamentos experimentais as funções estimáveis e hipóteses testadas como possíveis contrastes estabelecidos são mais complexos. Segundo LOPES et. al. (1998), a ANOVA, além de apresentar várias limitações, não permite a estimação de componentes de covariância envolvendo informações incompletas, como nos casos de seleção seqüencial e características não medidas em todos os indivíduos.

Atualmente o método mais indicado para estimação dos componentes de variância e covariância para dados desbalanceados tem sido o da Máxima Verossimilhança Restrita – REML (MEYER, 1989 e MEYER, 1991). A grande vantagem dos estimadores REML em relação aos demais estimadores está nas propriedades estatísticas como a consistência e estimadores normais e assintóticos, aproximações melhores definidas, restrição para não negatividade dos componentes (restrição no espaço paramétrico), erro mínimo de variância em relação àquelas produzidas por outros estimadores não viesados, e, por fim, quando em pequenas populações, elimina o viés decorrente da seleção de indivíduos (MEYER, 1989).

O método da máxima verossimilhança restrita – REML não foi utilizado no passado devido à grande demanda computacional, para a maximização da função densidade de probabilidade. Entretanto, este quadro vem se revertendo, devido aos vários algoritmos iterativos que são utilizados para a obtenção das estimativas de componentes de variância sem a derivação da função densidade de probabilidade e pelos avanços tecnológicos computacionais (MEYER, 1989).

#### **1.4. Melhor Preditor Não-Viesado (BLUP)**

A possibilidade de ganho genético no programa de melhoramento depende da seleção de genitores divergentes e superiores. Neste sentido, o sucesso da seleção depende da capacidade de predição do valor genético da unidade de seleção (família ou genótipo) e utiliza-se de métodos estatísticos para eliminar os efeitos do ambiente e interações genótipo x ambiente, para selecionar com base nos valores genotípicos e ou valores aditivos. Dentre os principais preditores dos valores genéticos destacam-se os preditores BLP - Melhor Preditor Linear (*Best Linear Prediction*) e BLUP Melhor Preditor Linear Não Viesado (*Best Linear Unbiased Prediction*), que são muito apropriados, para grandes conjuntos de dados (WHITE e HODGE, 1989; HENDERSON, 1976).

Uma das principais vantagens do uso de modelos mistos é a possibilidade de avaliação de experimentos desbalanceados das mais diversas formas, a estimação do BLUE e a predição BLUP considerando em separado os efeitos fixos e aleatórios e ainda aproveitar a relação de parentesco entre os

genótipos analisados para predição do valor genético, utilizando a matriz de parentesco “A”.

Uma das principais diferenças entre o modelo adotado no BLUP e a análise de variância está no modelo linear:

ANOVA	Modelo Misto
$y = Xb^* + \varepsilon$	$y = Wb + Za + \varepsilon_2$

Sendo:

$y$  = vetor de dados;

$X$  = matriz de incidência de efeitos fixos e aleatórios de blocos e genótipos;

$b^*$  = é o vetor dos efeitos de blocos e de genótipo;

$b$  = é o vetor dos efeitos de blocos;

$W$  = matriz de incidência dos efeitos fixos de blocos;

$Z$  = é a matriz de incidência para os efeitos aleatórios de genótipo;

$a$  = é o vetor dos efeitos aleatórios de genótipo;

$\varepsilon$   $\varepsilon_2$  = vetores de erros aleatórios associados aos modelos.

Neste caso o modelo misto separa os efeitos fixos e aleatórios em partes diferentes.

Recentemente, a aplicação de marcadores moleculares no melhoramento de plantas, tem permitido grandes avanços, principalmente para seleção de genitores geneticamente divergentes, podendo auxiliar o melhorista no estabelecimento dos melhores cruzamentos (MURO\_ABAD, 2001). Entretanto o uso da seleção assistida por marcadores depende da possibilidade de utilização conjunta de preditores que permitam a incorporação desse tipo de informação. Dentre os métodos que têm se mostrado mais adequados para tal procedimento pode-se citar os índices de seleção e preditores lineares, como BLUP. Este tipo de preditor tem vantagens sobre os demais preditores e índices de seleção, onde é assumido um modelo misto, com efeitos aleatórios e fixos. Os valores genéticos dos indivíduos para seleção são obtidos, considerando a matriz dos índices de parentesco entre os mesmos, sendo considerada então a correlação entre parentes (FERNANDO e GROSMAN, 1989; GODDARD, 1992).

A possibilidade do uso destes preditores que utilizam para sua solução as equações de Modelos Mistos como propostas por HENDERSON (1973, 1976) tem sido destacada como alternativa para experimentos com desbalanceamento geralmente não planejado, decorrente da perda de parcelas (DUARTE e VENCOVSKY, 2001). Isto pode ocorrer principalmente em culturas com longos ciclos entre gerações, que é o caso do eucalipto. Particularmente, para esta cultura, muitas são as fontes de variação durante seu ciclo, com vários efeitos, fixos e aleatórios.

FERNANDO e GROSSMAN (1989) foram os primeiros a descreverem a utilização da informação de marcadores moleculares para obtenção do BLUP. Neste caso os efeitos genéticos são considerados aleatórios, uma vez que existe segregação gênica conjunta entre marcador molecular e QTL considerando uma frequência de recombinação. A proposta de uso de marcadores feita por FERNANDO e GROSSMAN (1989) é atualmente a mais aceita e discutida, por apresentar a utilização da informação de marcadores como efeitos aleatórios e possibilidade de aproveitar a relação existente entre dois indivíduos que possuem mesmos pais ou somente um pai em comum, que receberam mesmo alelo marcador, que, por estar em desequilíbrio de ligação com um QTL, tem a possibilidade de estar carregando os mesmos genes para a característica que o indivíduo aparentado.

### **1.5. Aplicação de marcadores moleculares**

Além das análises de variância, o uso de marcadores moleculares tem possibilitado rápida avaliação da diversidade das populações de melhoramento sem a necessidade de testes de campo. Dentre os marcadores moleculares, pode-se destacar os marcadores RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), que possibilitam uma análise ampla do genoma, uma vez que a base desta metodologia é a amplificação (PCR – Reação da Polimerase em Cadeia) de fragmentos ao acaso no genoma, utilizando oligonucleotídeos de sequência aleatória e uma baixa temperatura de anelamento (WILLIAMS et al., 1990; WELSH et al., 1990 e WILLIAMS et al., 1993). Outro tipo de marcador molecular que vem sendo utilizado para análises de diversidade genética são regiões do

DNA constituída por 2 a 5 pares de bases, repetidas várias vezes, denominadas microssatélites ou SSR (Simple Sequence Repeats) ou ainda STRs (Short Tandem Repeats) (WEISING e KAHL, 1998). Sequências microssatélites são altamente variadas entre os taxons, principalmente devido ao polimorfismo do variável número de tipos de repetição em tandem. Microssatélites ainda ocorrem num amplo número de organismos eucariotos, são moderadamente dispersos em todo genoma e não foi relatada ainda sua eventual funcionalidade, desta maneira seletivamente neutros (WEISING et al., 1998)

Microssatélites são altamente indicados para monitoramento de linhas híbridas melhoradas e cultivares com alto nível de polimorfismo. Esse tipo de marcador tem como grande vantagem a sua capacidade de distinção da herança codominante, sendo possível a discriminação de indivíduos homocigoto e heterocigotos (KAEMMER et al., 1997).

Em estudo de correlação entre distâncias genéticas, obtida com marcadores moleculares e performance híbrida, BARBOSA-NETO et al. (1996) estimaram a relação genética de 112 linhagens de trigo, sendo calculado o coeficiente de parentesco (COP) e um índice de distância genética (DI), com base em marcadores RFLP. A heterose foi estimada para 722 híbridos em múltiplos locais, sendo 189 testados em mais que um ano. A correlação entre estimativas de distâncias genéticas RFLP e COP não foi significativa (-0,33). A correlação entre o coeficiente de parentesco e a heterose foi significativa para todas as características avaliadas no ano de 1991, mas não em todos os anos. Distância genética RFLP, neste estudo, não teve correlação com heterose, em nenhum dos anos testados.

Segundo BARBOSA-NETO et al. (1996), uma das possíveis causas da ausência de correlação entre a distância genética e heterose em seu trabalho com trigo são: o uso de sondas RFLP não relacionadas com os genes responsáveis pela característica e que a exploração da heterose em trigo é relativamente recente quando comparada com milho, onde cultivares têm sido explorados por mais que 70 anos, e as populações de melhoramento têm sido estruturada para formar grupos heteróticos, e em muitos trabalhos têm sido encontrados alta correlação entre distância genética e performance híbrida (LANZA et al., 1997 e MARSAN et al., 1998). Em trigo, poucos cruzamentos têm

sido realizados ou identificados grupos de germoplasma heterótico, e ainda, um menor nível de heterose média em trigo, devido possivelmente ao baixo polimorfismo, combinado com interações intergenômicas.

Entretanto, DUDLEY et al. (1991) usaram um índice baseado na ligação entre característica de interesse e marcadores moleculares para avaliar o valor híbrido. Treze fragmentos de DNA associados com produção de grãos, os quais foram usados para calcular o índice para todos os híbridos testados. Eles detectaram 29 marcadores associados com produção de grãos que produziram grandes valores heteróticos. Alta correlação entre vigor híbrido e produção de grãos foi reportada e recomendaram este índice para predição das combinações híbridas superiores. Os autores não testaram o valor preditivo do híbrido em outra população independente.

CHARCOSSET et al. (1991), em estudo teórico, mostraram que a correlação entre uma única característica e uma distância baseada em marcador molecular é diminuída com o aumento da presença de marcas não ligadas a características no estimador da distância. Como uma consequência, eles concluíram que para prever a performance de uma característica baseada em marcas parentais, seria necessário selecionar marcas relacionadas com a característica de interesse.

TSAFTARIS (1991) sugere que alguns QTLs ("Quantitative Trait Loci") podem codificar para proteínas regulatórias, de modo que estas proteínas são capazes de controlar a expressão de uma vasta ordem de outros genes estruturais, os produtos que são necessários para expressão de caracteres complexos, como produção e heterose para produção. Entretanto, na maioria dos trabalhos, as poucas proteínas identificadas são todas proteínas multiméricas, onde o heteropolímero exibe diferença de atividade significativa em comparação com o homopolímero, que está de acordo com a clara manifestação de sobredominância dos poucos QTLs analisados.

Considerando estes aspectos regulatórios da expressão gênica pode existir maior dificuldade na construção de mapas genéticos para espécies florestais quanto à identificação de marcadores ligados a grupos gênicos (possíveis QTLs) responsáveis pelas características de interesse, principalmente pela possibilidade de este marcador não estar completamente ligado e ainda variar com a fase de crescimento, pois a expressão de grupos de genes podem ser diferenciados em



diferentes fases do desenvolvimento. Isto foi bem demonstrado no trabalho de VERHAEGEN et al. (1997) com *Eucalyptus*, onde algumas regiões do genoma exercem efeito em mais de uma característica. Neste trabalho foi reportada a atuação de QTL para diferentes características e diferentes QTL's para mesma característica em diferentes idades, mostrando um efeito significativo da interação QTL versus idade.

Para espécies florestais alguns trabalhos têm sido utilizados com objetivo de identificar marcadores ligados às características de produção, utilizando marcadores RAPD para construção de mapa de ligação para clones de *Eucalyptus grandis* e *E. urophylla* em um “pseudo testcross”, devido a configuração de cruzamento não ser planejada a priori como em um retrocruzamento clássico e sim inferida a posteriori, após a análise da segregação dos marcadores na progênie (GRATTAPAGLIA e SEDEROFF, 1994). VERHAEGEN et al. (1997) utilizaram marcadores RAPD para avaliar a estabilidade de expressão de QTLs em diferentes idades em progênies híbridas de *Eucalyptus*, e BARIL et al. (1997) utilizaram para analisar a estrutura específica da habilidade de combinação em duas espécies de *Eucalyptus*, dentro de um contexto de seleção recorrente recíproca (SRR).

Outro tipo de marcador que vem sendo amplamente utilizado corresponde aos chamados marcadores microssatélites, que são regiões do DNA constituída 2 a 5 pares de bases, repetidas várias vezes, denominadas microssatélites ou SSR (*Simple Sequence Repeats*) ou ainda STRs (*Short Tandem Repeats*) (WEISING e KAHL, 1998). Marcadores SSR foram utilizados para análise do polimorfismo do DNA e coeficiente de parentesco, entre setenta linhagens de *Hordeum vulgare* ssp. e vinte e nove *H. vulgare* ssp. spontaneum, utilizando-se amplificação ao acaso do polimorfismo de microssatélites (RAMP) (DÁVILA et al., 1998), genotipagem de videiras pelo padrão polimórfico (SEFC et al., 1998). Também foram utilizados para estimar a correlação entre performance híbrida e distância genética em milho, sendo comparadas as distâncias genéticas encontradas com estes marcadores e RAPD (CHOWDARI et al., 1998).

BRONDANI et al. (1998) e BRONDANI et al. (2002), descreveram um grande número de marcadores microssatélites para eucalipto. Estes marcadores têm sido utilizados principalmente para análise de fingerprint em clones comerciais de *Eucalyptus* (ROCHA et al., 2002), mapeamento genético

(BRONDANI et al., 1998) e comparação entre mapas genéticos com diferentes espécies de *Eucalyptus* (MARQUES et al., 2002).

## 2. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALFENAS, A. C. **Diagnose e sugestões de controle de enfermidades de *Eucalyptus* em campo e viveiro da Jari Celulose.** Relatório Técnico Científico JARI S.A., Monte Dourado, 2002. 64 p.
- ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**, São Paulo: Edgar Blücher, 1971. 381 p.
- BARBOSA-NETO, J.F., SORRELLS, M.E., CISAR, G. Prediction of heterosis in wheat using coefficient of parentage and RFLP-based estimates of genetics relationship. **Genome**, v. 39, p. 1142-1149, 1996.
- BARRIL, C.P., VERHAEGEN, D., VIGNERON, Ph., BOUVET, J.M., KREMER, A. Structure of the specific combining ability between two species of *Eucalyptus*. I. RAPD data. **Theor Appl Genet**, v. 94, p. 796-803, 1997.
- BOLAND, D.J., BROOKER, M.I.H., CHIPPENDALE, G.M., HALL, N., KLEINIG, D.A., TURNER, H.D. **Forest Tree of Australia**, 4 ed., Australia, CSIRO, 1984. 687 p.
- BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**, 2 ed. Viçosa, MG, UFV, 1998. 453 p.
- BRONDANI, R.P.V.; BRONDANI, C., TARCHINI, R. e GRATTAPAGLIA, D. Development, characterization and mapping of microsatellite markers in *Eucalyptus grandis* and *E. urophylla*. **Theor Appl Genet**, v.97, p. 816-827, 1998.
- BRONDANI, R.P.V., BRONDANI, C., GRATTAPAGLIA, D. Towards a genus-wide reference linkage map for *Eucalyptus* based exclusively on highly informative microsatellite markers. **Mol Genet Genomics**, v. 267, p. 338-347, 2002.

- BROOKER, M.I.H., KLEINING, D.A. **Field guide to eucalypts Melbourne and Sydney**. Melbourne: Inkata Press, 1990. 428 p.
- CAETANO-ANOLLÉS, G. Amplifying DNA with arbitrary oligonucleotide primers. **Review**, v. 3, p. 85-94, 1993.
- CHOWDARI, K.V., VENKATACHALAM, S.R., DAVIERWALA, A.P., GUPTA, V.S., RANJEKAR, P.K., GOVILA, O.P. Hybrid performance and genetic distance as revealed by the (GATA)<sub>4</sub> microsatellite and RAPD markers in pearl millet. **Theor Appl Genet**, v. 97, p. 163-169, 1998.
- CÂNCIO, O.N.; ESBRISSÉ, E.J.; GOMES, E.A.; MOREIRA, M.A., ARAÚJO, E.F. Análise da diversidade genética de nove procedências de *E. grandis* utilizando marcadores moleculares RAPD. In: SIMPÓSIO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFV, 4, 1994, Viçosa. **Anais ...**, Viçosa, MG, UFV, 1994, p 38.
- CÂNCIO, O.N.; **Diversidade genética de progênies de meios irmãos de *E. urophylla* por meio de metodologia quantitativa e marcadores moleculares RAPD**. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1998. 52 p.
- CHARCOSSET, A; LEFORT-BUSON, M., GALLAIS, A. Relationship between heterosis and heterosigosity at marker loci: A theoretical computation. **Theor Appl Genet**, v. 81, p. 571-575, 1991.
- CRUZ, C.D., REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG, UFV, 1994. 394p.
- DÁVILA, J.A., SÁNCHEZ de la HOZ, M. P., LOARCE, Y. e FERRER, E. The use of random amplified microsatellite polymorphic DNA and coefficients of parentage to determine genetic relationships in barley, **Genome**, v. 41, 1998.
- DUARTE, J.B., VENKOVSKY, R. Estimación e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. **Scientia Agrícola**, v.58, n.1, p. 109-117, 2001.
- DUDLEY, J.W. **Comparison of genetic distance estimators using molecular marker data**. In: Analysis of Molecular Marker Data. Joint Plant Breeding Symposia Series. Corvallis, Oregon. p. 57-63, 1994.
- DUDLEY, J.W., SAGHAI MAROOF, M.A., RUFENER, G.K. Molecular markers and grouping of parents in maize breeding programs. **Crop Sci**, v.31, p.718-722, 1991.
- DUDLEY, J.W., SAGHAI MAROOF, M.A., RUFENER, G.K. Molecular marker information and selection of parents in corn breeding programs. **Crop Sci**, v.32, p.301-304, 1992.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Trad. M.A. SILVA e J.C. SILVA. 2 ed. Viçosa, MG, UFV. 1987. 279 p.

- FERREIRA, M. Melhoramento e a silvicultura intensiva clonal. **Boletim Técnico do IPEF**, v.45. p.22-30, 1992.
- FERNANDO, R.L., GROSSMAN, M. Marker Assisted selection using best linear unbiased prediction. **Genet. Sel. Evol.** V.21, 1989.
- GODDARD, M.E. A mixed model for analyses of data on multiple genetic markers. **Theor. Appl. Genet.**, v.83, p.878-886, 1992.
- GRATTAPAGLIA, D., BERTOLUCCI, F.L., SEDEROFF, R. Genetic mapping of quantitative trait loci controlling vegetative propagation in *Eucalyptus grandis* and *E. urophylla* using a pseudo-testcross strategy and RAPD markers. **Theor. Appl. Genet.**, v.90, p.933-947, 1995.
- GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal Biological Science**, v.9, p.463-493, 1956.
- HICKS, C.R. **Fundamental concepts in the design of experiments**. USA, Holt, Rinehart Winston Inc. 1973. 349p.
- HENDERSON. C.R. A simple method for computing the inverse of numerator relationship matrix using in prediction of breeding values. **Biometrics**, v. 32, p. 69-83, 1976
- HENDERSON. C.R. Sire evaluation and genetic trend. In: **Proc. Animal Breeding and genetics Symposium in Honor of Dr. Jay L. Lush**, Champaign, I11. p. 10-41, 1973. Proceedings ... Anim. Sci Assoc. Am., Champaign, I11. p. 10-41, 1973.
- KAEMMER, D., FISHER, D., JARRET, R.L., BAURENS, F. -C., GRAPIN, A., DAMBIER, D., NOYER, J.-L., LANAUD, C., KAHAL, G. e LAGODA, P.J.L. Molecular breeding in the *Musa*: a strong case for STMS marker technology, **Euphytica**, v. 96, p. 49-63, 1997.
- LANZA, L.L.B., de SOUZA Jr., C.L., OTTOBONI, L.M.M., VIEIRA, M.L.C. e de SOUZA, A.P. Genetic Distances of Inbred Lines and Prediction of Maize Single-Cross Performance Using RAPD Markers. **Theor Appl Genet**, 94, p. 1023-1030, 1997.
- LOPES, P.S. MARTINS, E.N., SILVA, M.A., REGAZZI, A.J. **Estimação de componentes de variância**. Viçosa, MG, Cadernos Didáticos, n. 39, UFV. 1998. 61p.
- MARQUES, C.M., BRONDANI, R.P.V., GRATTAPAGLIA, D., SEDEROFF, R. Conservation and synteny of SSR loci and QTLs for vegetative propagation in four *Eucalytus* species. **Theor Appl Genet**, v.105, p. 474-478, 2002
- MARSAN, P.A., CASTIGLIONI, P., FUSARI, F., KUIPER, M., MOTTO, M. Genetic diversity and its relationship to hybrid performance in maize as revealed by RFLP and AFLP markers. **Theor. Appl. genet.**, v.96, p.219-227, 1998.

- MEYER, K. Estimating variances and covariances for multivariate animal models by restricted maximum likelihood. **Genetique, selection, evolution**. Paris, v. 23, p. 67-83, 1991.
- MEYER, K. Restricted maximum likelihood to estimate variance components for animal models with several random effects using a derivative-free algorithm. **Genetics, Selection, Evolution**, v.21, p. 317-340, 1989.
- MURO\_ABAD, J.I. **Método de melhoramento, assistido por marcadores moleculares, visando a obtenção de híbridos de *Eucalyptus* spp.** Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) Viçosa, MG, Universidade Federal de Viçosa. 2000. 74p.
- MURO\_ABAD, J.I., CANCIO, O.N., GOMES, E.A., ARAÚJO, E.F. Genetic analysis of *Eucalyptus urophylla* and *E. grandis* clones selected in commercial crops from the Brazilian Amazon by RAPD markers. **Silvae Genetica** v. 50, p. 5-6, 2001
- RAMALHO, R.S. **Dendrologia Tropical (terminologia)**. 2. ed., Viçosa, MG, UFV 1995, 52 p.
- RIZZINI, C.T. **Árvores e madeiras úteis do Brasil - Manual de Dendrologia Brasileira**, São Paulo, SP: Edusp, 1971. 294 p.
- ROCHA, R.B., MURO\_ABAD, J.I., PIRES, I.E., ARAUJO, E.F. Fingerprint and Genetic Diversity Analysis of *Eucalyptus* spp. Genotypes Using RAPD and SSR Markers. **Scientia Forestalis**. n. 62, p. 13-24, 2002.
- SANTOS, P. E. T. GARCIA, C.H., MORI, E.S., MORAES, M.L.T. Potencial para programas de melhoramento, estimativa de parâmetros genéticos, interação progênie x locais em populações de *Eucalyptus urophylla* ST. Blake. **Boletim Técnico do IPEF**, v. 43, n. 44, p 11 - 19, 1990.
- SEFC, K. M., REGNER, F., GLOSSL, J. e STEINKELLNER, H. Genotyping of grapevine and rootstock cultivars using microsatellite markers, **Vitis**, v. 37, n.1, p. 15-20, 1998.
- SEARLE, S.R., CASELLA, G., McCULLOCH, C.E. **Variance Components**. John Wiley & Sons Inc. New York. 1992. 501 p.
- SEARLE, S.R. **Linear models**. New York: John Wiley and Sons, Inc. 1971. 512p.
- SOUZA, S. M. et alii ; Variabilidade genética e interação genótipo x ambiente envolvendo procedências de *Eucalyptus cloeziana* F. Muell, em diferentes regiões do Brasil. **Revista Árvore** , 16 (1); p. 1 - 17 ; Viçosa - MG ; 1992.
- TSAFTARIS, S. A. Molecular aspects of heterosis en plants. **Physiologia Plantarum**, v. 94, p. 362-370, 1995.
- VERHAEGEN, D., PLOMION, C., GION, J.-M.;POITEL, M., COSTA, P., KREME, A. Quantitative trait dissection analysis in *Eucalyptus* using RAPD markers: I.

- Detection of QTL in Interespecific hybrid progeny, stability of QTL, expression across different ages. . **Theor Appl Genet**, v. 95, p. 597-608, 1997.
- WEISING, K. e KAHL, G. Hybridization-based microsatellite fingerprinting of plants. In: DNA Markers – Protocols, Applications, and Overviews, Caetano-Anollés, G. e Gresshoff, P. M. WILEY-VCH, New York, 1998.
- WEISING, K., WINTER, P., HUTTEL, B. e KAHL, G. Microsatellite markers for molecular breeding, **Journal of crop Production**, v. 1, n. 1, p. 118-116, 1998.
- WELSH, J., McCLELLAND, M. Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. **Nucleic Acids Research**, v.18, p.7213-7218, 1990.
- WILLIAMS, J. G. K., HANAFEY, M. K., RAFALSKI, J. A., TINGEY, S. V. Genetics analysis using Random Amplified Polymorphic DNA Markers. ; **Methods in Enzymology**. v. 218, p.704-742, 1993.
- WILLIAMS, J.G.K., KUBELIK, A.R., LIVAK, K.J., RAFALSKI, J.A. & SCOTT, V.T. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic Acids Research**, v.18, p.6531-6535, 1990.
- WHITE, T.L., HODGE, G.R. **Predicting breeding values whit application in forest tree improvement**. London: Kluwer Academic publishers, 1989. 367p.
- ZOBEL, B. TALBERT, J. **Applied forest tree improvement**. New York: John Wiley & Sons, 1984. 505p.

## CAPÍTULO 1

### UTILIZAÇÃO DE MARCADORES MOLECULARES RAPD E MICROSSATÉLITES NA AVALIAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA E “FINGERPRINT” DE GENITORES DE *Eucalyptus grandis* E *E. urophylla* RECOMENDADOS PARA HIBRIDAÇÃO.

#### 1 INTRODUÇÃO

As espécies do gênero *Eucalyptus* são as mais utilizadas no Brasil para produção de celulose fibra curta, sendo obtidas principalmente a partir de plantios clonais (GOMES e COUTO, 1986). Dentre as principais vantagens dos povoamentos clonais sobre os plantios por semente está a homogeneidade das plantações e facilidade de manejo silviculturais pré e pós-colheita. Clones elites podem ser obtidos em plantios comerciais ou em populações de melhoramento em teste (FERREIRA, 1992).

Grande parte de clones testados é de material supostamente híbrido (não confirmado), obtido pelo cruzamento natural de plantas entre duas espécie. O desempenho deste material híbrido é de grande interesse para o melhoramento devido à possibilidade de propagação vegetativa deste genótipos, em que todo o valor genotípico é aproveitado. Assim, métodos de melhoramento que permitem a utilização de combinações híbridas intra e interespecíficas, maximizando a heterose na população segregante, devem ser adotados (MURO\_ABAD et al., 2001).

Dentre estes métodos pode-se destacar a seleção recorrente recíproca, que utiliza a combinação entre duas populações. No melhoramento do eucalipto destaca-se a combinação entre as espécies *E. grandis* e *E. urophylla*, de grande interesse para o setor de celulose devido às características complementares como a qualidade tecnológica da madeira (*E. grandis*) e a resistência ao cancro (*E. urophylla*).

Além do método de melhoramento, a eficiência do uso da heterose depende da população de melhoramento, no sentido da escolha dos genitores e de sua capacidade de combinação, ou seja, a avaliação dos genitores é decisiva



para o sucesso de um programa de melhoramento (GRIFFING, 1956; CRUZ e REGAZZI, 1994).

Dentre as diversas maneiras de avaliar a diversidade genética entre genitores, inclui-se os métodos que utilizam informações dos marcadores moleculares, os quais se destacam para este tipo de estudo principalmente pela rapidez das análises e por dispensar os testes de campo, que são demorados e requerem uma área experimental grande. Este tipo de ferramenta molecular vem sendo incorporado em diversas etapas de programas de melhoramento (PIGATO e LOPES, 2001).

Dentre os vários marcadores moleculares (RFLP, RAPD, AFLP e microssatélites), o mais utilizado em espécies florestais é o RAPD (WILLIAMS et al., 1990; WELSH et al., 1990) pela sua rapidez e facilidade de implementação, que permite uma amostragem ampla do genoma sem a necessidade de conhecimento prévio do genoma da cultura de interesse (ROCHA et al., 2002). Este tipo de marcador vem sendo muito utilizado na cultura do eucalipto no Brasil e dentre as diversas utilidades pode-se citar o seu emprego para caracterização de genitores de *E. grandis* e *E. urophylla* em sistema de cruzamento dialélico (MURO\_ABAD, 2000), identificação da variação somaclonal de clones de *Eucalyptus* spp. micropropagados (LAIA et al., 2000), análise de diversidade genética de clones comerciais de *Eucalyptus* spp. (MURO\_ABAD et al., 2001), construção de mapas genéticos e detecção de QTL's (GRATTAPAGLIA et al., 1994; VERHAEGEN et al., 1995, MARQUES et al., 1999).

Apesar da alta aplicabilidade de marcadores RAPD, a sua natureza dominante não permite discriminação precisa entre os genótipos avaliados. Em trabalhos como o de mapeamento genético proporciona baixa precisão nas estimativas dos valores de distância entre o marcador e o QTL e há a necessidade de elevado número de genótipos na população de mapeamento para se ter maior confiabilidade no QTL detectado (BRONDANI et al., 2002).

Marcadores microssatélites ou SSR (Simple Sequence Repeat) constituem uma nova classe de marcadores, que permitem a distinção da natureza codominante do loco analisado e as diversas formas alélicas existentes na população de melhoramento (WEISING et al., 1998). Este marcador corresponde a uma região de pequenas sequências (2 a 5) repetidas no genoma, que são geralmente flanqueadas por sequências conservadas (WEISING e KAHL,

1998). Essas sequências podem ser detectadas e amplificadas por PCR (Reação da Polimerase em Cadeia). A detecção de sequências microssatélites depende da construção de bibliotecas genômicas, o seu sequenciamento e desenho de oligonucleotídeos para cada loco. Para *Eucalyptus* vários locos SSR têm sido descritos, assim como seus oligonucleotídeos, e se mostraram eficientes para mapeamento genético nessa cultura (BRONDANI et al., 1998; BRONDANI et al., 2002).

O objetivo deste trabalho foi caracterizar genitores de *E. grandis* e *E. urophylla* utilizados para cruzamento em dialelo parcial circulante por marcadores moleculares RAPD e microssatélites e comparar os valores de dissimilaridade obtidas pelos dois marcadores.

## **2. MATERIAL E MÉTODOS**

### **2.1. Material Genético**

MURO\_ABAD (2000) utilizou marcadores RAPD para análise de agrupamento e recomendar os cruzamentos entre genitores de *E. grandis* e *E. urophylla* coletadas de várias procedências em vários testes de progênies no Maranhão, Minas Gerais e Bahia. Os cruzamentos foram estabelecidos seguindo o modelo em Dialelo Parcial Circulante com 10 genitores de cada espécie e três cruzamentos por genitor, assim foram estabelecidos 5 dialelos com 30 cruzamentos cada, num total de 150 cruzamentos os dialelos são: Dialelo I, grupo *grandis* 1 (gG1) x grupo *urophylla* 7 (gU7); Dialelo II (gG2 x gU6), Dialelo III (gG3 x gU5), Dialelo IV (gG6 e gU3) e Dialelo V (gG5 x gU1).

Dos cinco dialelos, neste trabalho foram analisados dois dialelos com marcadores microssatélites: (gG2 x gU6 e gG6 e gU3), assim um total de 40 genitores. Os códigos estão de acordo com (MURO\_ABAD, 2000).

### **2.2. Extração de DNA total**

Foram coletadas folhas saudáveis, acondicionadas em isopor com gelo ou desidratadas em estufa ventilada; à temperatura de 42°C por 24 horas,

embaladas em saco de papel e posteriormente enviadas ao Laboratório de Genética Molecular de Microrganismos/BIOAGRO - UFV, para estocagem a  $-10^{\circ}\text{C}$  e posterior extração de DNA total.

O DNA foi extraído de acordo com o método descrito por DOYLE e DOYLE (1990), com modificações: Cerca de 150 mg de folhas desidratadas foram maceradas com nitrogênio líquido, até o tecido virar um pó bem fino, sendo este material transferido para um tubo Eppendorf, adicionando-se 650  $\mu\text{L}$  de tampão de extração (CTAB 2%; NaCl 1,4M; EDTA 20mM pH 8,0; Tris-HCl 100mM pH 8,0; PVP 1% e  $\beta$ -mercaptoetanol 1%) previamente aquecido a  $65^{\circ}\text{C}$ ; a seguir foi feita a incubação a  $65^{\circ}\text{C}$  por 30 minutos, adicionando-se um volume de clorofórmio-alcool isoamílico (24:1), agitando levemente por 10 minutos e centrifugando a 6.000g por 10 minutos. Após, recolheu-se a fase aquosa fazendo nova extração com clorofórmio-alcool isoamílico e seguido de nova centrifugação. À fase aquosa adicionou-se um volume de isopropanol, incubando a  $-20^{\circ}\text{C}$  por duas horas. O material foi centrifugado a 6.000g por 30 minutos e o sedimento lavado com etanol 70%, secado a vácuo e ressuspendido em 50 $\mu\text{L}$  de TE (Tris-HCl 10 mM pH 8,0 e EDTA 1 mM pH 8,0), contendo 10  $\mu\text{g}$  de RNase, sendo em seguida os tubos incubados a  $37^{\circ}\text{C}$  por 30 minutos.

A quantidade de DNA foi determinada comparando-se com preparações de DNA de quantidade conhecida, por eletroforese em gel de agarose 0,8% e evidenciado com brometo de etídio na concentração de 0,2  $\mu\text{g}/\text{mL}$ . O gel foi analisado sob luz ultravioleta e sua imagem digitalizada utilizando sistema de vídeo Eagleye<sup>TM</sup> (Stratagene®).

### **2.3. Condições de amplificação microssatélites**

As reações de amplificação foram feitas em um volume total de 15  $\mu\text{L}$ , contendo Tris-HCl 10mM pH 8,0; KCl 50 mM;  $\text{MgCl}_2$  2,5 mM; 0,1 mM de cada um dos deoxinucleotídeos ( dATP, dCTP, dGTP e dTTP ); 0,5  $\mu\text{M}$  do oligonucleotídeo; 25 ng de DNA e 1 unidade de Taq polimerase (BRONDANI et al., 1998).

As amplificações ocorreram em um termociclador PTC-100 MJ Research, Inc. Um programa anterior à amplificação foi executado, consistindo de uma etapa

inicial de 94°C a 30 segundos para desnaturação, 65°C a 1 minuto para anelamento e 72°C a 1 minuto para extensão. Até a temperatura de 55°C a temperatura inicial de 65°C foi decrescendo 1°C a cada ciclo. Após este programa a amplificação dos locos microsatélites foi feita em 40 ciclos, com a desnaturação de 30 segundos a 94°C, o anelamento de 1 minuto a 55°C, e extensão de 1 minuto a 72°C. Após 40 ciclos e 7 minutos a 72°C, a temperatura foi reduzida para 4°C, mantendo-se nesta até que as amostras fossem retiradas.

O DNA amplificado foi analisado em gel de agarose 2,5%, em uma cuba horizontal com uma corrente de 35 miliamperes. Após a eletroforese os géis foram analisados em um transiluminador de luz ultravioleta e sua imagem digitalizada utilizando sistema de vídeo Eagleye™ (Stratagene®).

#### 2.4. Análise de dados

As fotografias foram analisadas codificando-se 1 para presença e 0 para ausência de uma determinada banda (fragmento de DNA), para as diferentes amostras. A presença ou ausência de uma determinada banda (mesmo tamanho) em genótipos comparados caracteriza similaridade e a presença em um e a ausência em outro, dissimilaridade. Para os marcadores RAPD, a matriz de dissimilaridade foi obtida pelo complemento aritmético do índice de Jaccard (JACCARD, 1908), segundo a expressão:

$$d_{ii'} = 1 - S_{ii'} \times 100$$

em que,

$d_{ii'}$ , é a Distância Genética entre os genótipos  $i$  e  $i'$

$S_{ii'}$ , é o Índice de Similaridade de Jaccard, onde:

$$S_{ii'} = \frac{a}{a + b + c} \quad \text{sendo,}$$

$a$  : número de bandas presentes nos dois genótipos analisados;

$b$  : número de bandas polimórficas presentes apenas no genótipo  $i$ ;

$c$  : número de bandas polimórficas presentes apenas no genótipo  $i'$ .

Para os marcadores microssatélites, quando havia genótipos em homozigose para um determinado fragmento, considerou-se uma nova linha na matriz de dados binários; deste modo dois genótipos homozigotos para o mesmo loco possuem duas semelhanças e dois genótipos, um homozigoto e o outro heterozigoto, possuem uma semelhança e duas dissemelhanças. Deste modo foi utilizado o índice de Jaccard.

A heterozigose percentual por oligonucleotídeo (Hp) e a heterozigose média (Hm) foram calculadas conforme descrito:

$$Hp(\%) = \frac{\text{n}^\circ \text{ de genótipos em heterozigose}}{\text{Total de genótipos amplificados}}$$

$$Hm(\%) = \frac{\sum Hp}{\text{Total de locos analisados}}$$

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram analisados 17 locos microssatélites (Quadro 1) para os 2 dialelos, constituídos de 20 genitores de cada espécie (*E. grandis* e *E. urophylla*). Um total de setenta e cinco (75) alelos foram revelados por estes locos. O número de alelos variou entre 3 e 7 por loco, com uma média de 4,41 formas alélicas. O valor percentual mínimo de heterozigose foi de 8,82% para o loco EMBRA 10, e o valor máximo de 42,86% para o loco EMBRA 18. O valor de heterozigose média para a população dos 40 genitores foi de 26,14%.

As análises revelaram que em alguns locos microssatélites como o EMBRA 8 prevalecem formas alélicas específicas para cada espécie de eucalipto e outros locos como EMBRA 19 compartilham alelos em ambas as espécies (Figura 1A e 1B).

ROCHA et al. (2002), ao analisarem 15 clones híbridos de *Eucalyptus grandis* e *E. urophylla*, com 16 locos SSR, sendo 14 destes os mesmos utilizados neste trabalho, estimaram o valor de heterozigose média em 46% e o número de formas alélicas de 3 a 7. Considerando os 17 locos SSR analisados todos apresentaram genótipos em heterozigose. Entretanto os valores de heterozigose máxima por loco (42,86%) e média (26,14%) são baixos, mas o número de alelos por loco está de acordo com aquele trabalho. Entretanto, BRONDANI et al (1998) observaram valores de heterozigose média de 57% para 15 dos 20 locos

microsatélites desenhados, e um número de alelos de 9 a 26, com média de 16,3 alelos por loco, para um conjunto de 32 árvores de *E. urophylla* e *E. grandis* de um banco de germoplasma.

O número de formas alélicas varia em função da população analisada. Apesar de haver duas espécies diferentes neste trabalho, a possibilidade de hibridação natural entre elas permite o fluxo de genes entre elas e de outras populações próximas. Diferentemente de acessos de um banco de germoplasma ou populações naturais, materiais clonais representam em geral as etapas finais de um ciclo ou programa de melhoramento. Deste modo, o baixo grau de heterozigose em clones elites pode indicar a concentração de genes de poucas famílias utilizadas nos programas de melhoramento.

Apesar da menor heterozigose, percebe-se grande diferença entre os locos para acessar a variabilidade de genitores clonais em programas de melhoramento, como mostra a Figura 2. Locos como EMBRA5 e EMBRA18 são altamente informativos considerando o número de formas alélicas e o percentual de heterozigose observado.

Com base nas análises por eletroforese da amplificação microssatélite uma matriz de distâncias genéticas foi gerada utilizando o complemento aritmético de Jaccard. Os valores de distância genética variaram de 10% entre os genótipos G234 e G204 a 100% entre G204 e G198, considerando os 40 genitores. A média geral de dissimilaridade foi de 64,62%.

A análise de agrupamento hierárquico UPGMA foi feita considerando os 40 genitores, e cada dialelo em separado. A análise de agrupamento geral (Figura 3) mostra dois grandes grupos, considerando como nível de corte a distância genética de 67,5%. Cada grupo é formado predominantemente por uma espécie. O primeiro grupo é constituído por genótipos de *E. urophylla*, ocorrendo apenas a inserção de quatro genótipos de *E. grandis* (G224, G204, G234 e G198). O segundo grupo é composto predominantemente por genótipos da espécie *E. grandis*, com a inserção do genótipo U425.

Quadro 1. Relação dos locos microssatélites amplificados, número de alelos por locos, genótipos em heterozigose, total de genótipos analisados por loco, heterozigose percentual por loco e média geral.

<b>Oligonucleotídeo</b>	<b>No de Alelos</b>	<b>Genótipos em heterozigose</b>	<b>Heterozigose Percentual</b>
EMBRA 1	5	8	21,05
EMBRA 2	5	15	37,50
EMBRA 3	4	5	13,51
EMBRA 4	5	12	31,58
EMBRA 5	7	17	42,50
EMBRA 6	4	12	35,29
EMBRA 7	4	5	25,00
EMBRA 8	4	7	17,50
EMBRA 9	3	3	10,00
EMBRA 10	4	3	8,82
EMBRA 11	3	10	26,32
EMBRA 13	4	11	28,95
EMBRA 14	5	8	22,86
EMBRA 15	3	3	21,43
EMBRA 17	6	11	35,48
EMBRA 18	5	12	42,86
EMBRA 19	4	7	20,00
<b>Total</b>	<b>75</b>	<b>149</b>	
<b>Média</b>	<b>5</b>	<b>9,93</b>	
<b>Heterozigose percentual dos clones</b>			<b>26,14</b>

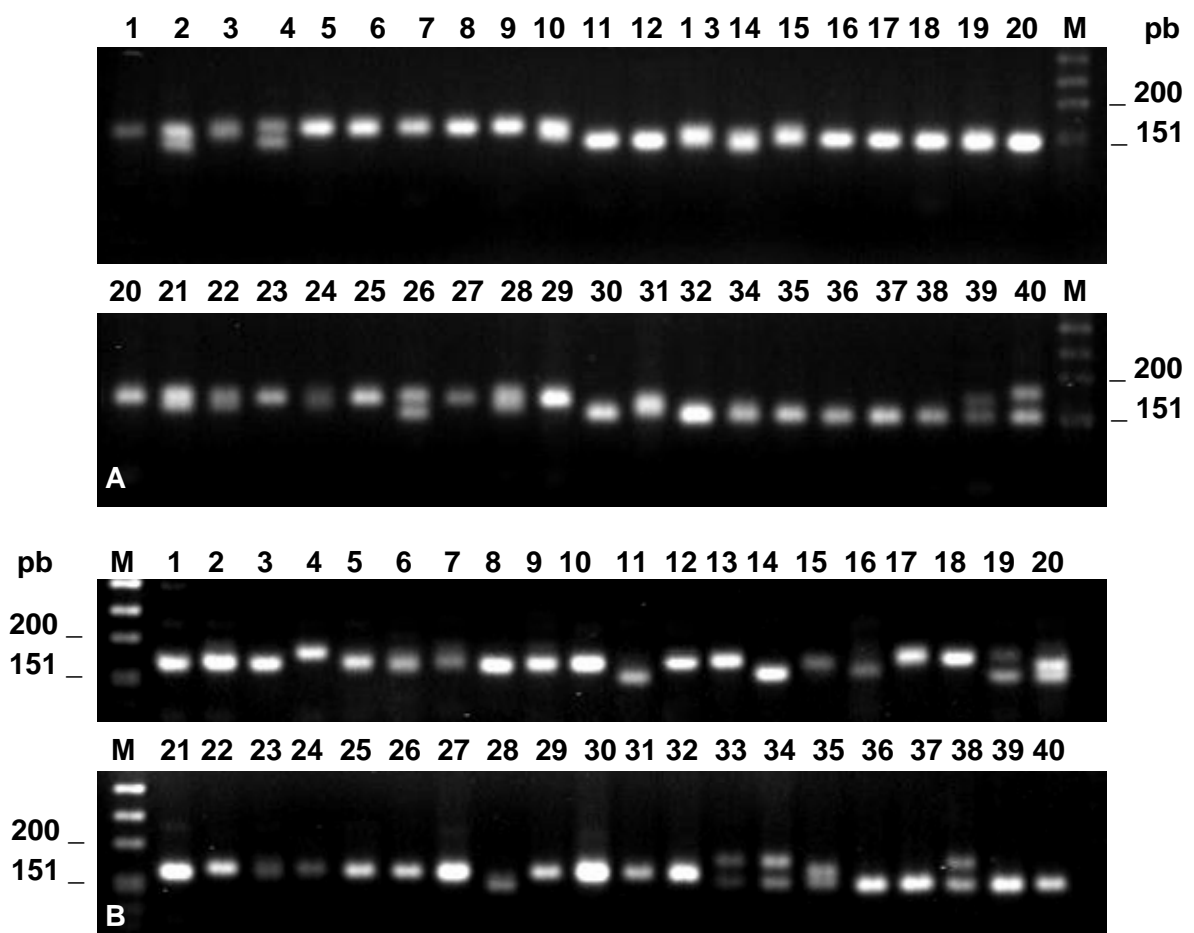


Figura 1. Eletroforese em gel de agarose 2,7% da amplificação dos locos microssatélites EMBRA8 (A) e EMBRA19 (B) para 40 genitores de *E. grandis* (1 – 10 e 11 – 20) e *E. urophylla* (11 – 20 e 31 a 40).



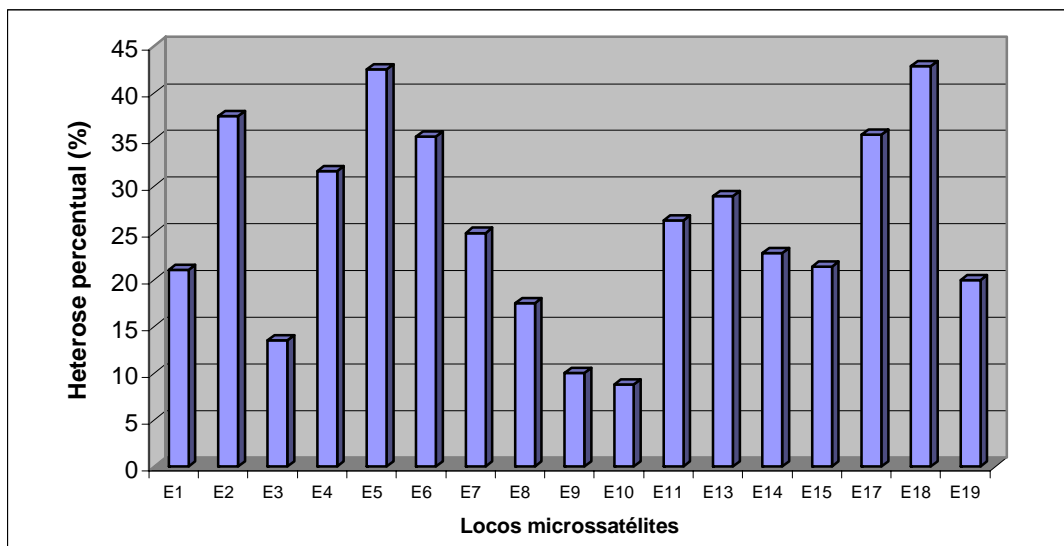


Figura 2. Distribuição do percentual de heterozigose apresentado para os 17 locos microssatélites EMBRA, para 40 genitores de *E. grandis* e *E. urophylla*.

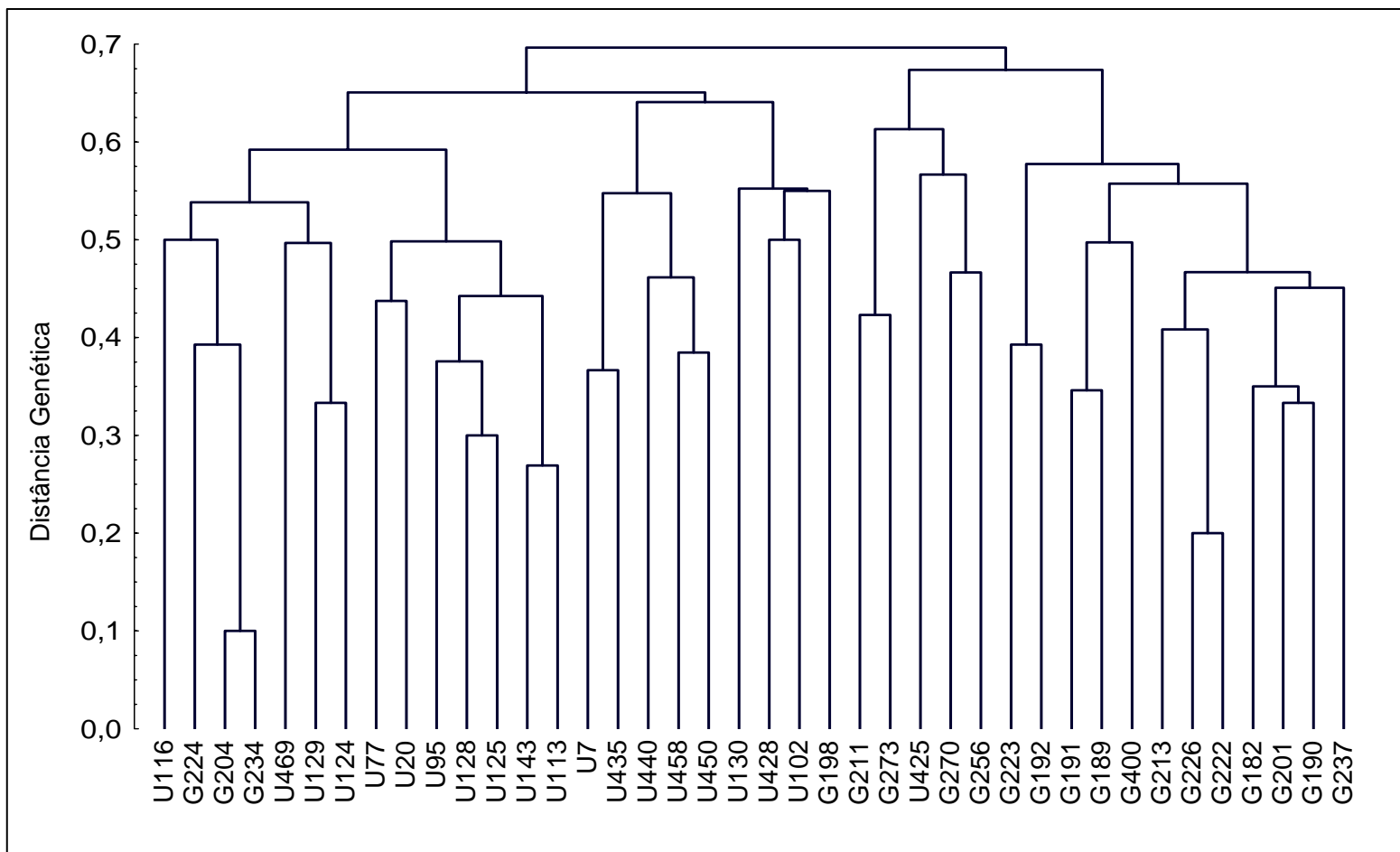


Figura 3. Dendrograma da análise de agrupamento hierárquica pelo método UPGMA, com base no complemento aritmético do índice de Jaccard para marcadores microssatélites; de 40 genitores de *E. grandis* e *E. urophylla*.

A análise de agrupamento considerando os 40 genótipos indicou uma variabilidade entre os genótipos utilizados para os cruzamentos. A separação em dois grupos de acordo com a espécie foi eficiente, somente com alguns erros de alocação de 5 genótipos. BRONDANI et al. (1998) e BRONDANI et al. (2002) reportaram que os locos analisados e os oligonucleotídeos desenhados são transferíveis entre espécies de *Eucalyptus* pertencentes a várias secções do subgênero *Symphyomyrtus*. A possibilidade de compartilhamento de formas alélicas entre as duas espécies e hibridação ocorrida em pomares de semente e populações de melhoramento podem ser a causa da semelhança entre os genótipos de *E. grandis* e *E. urophylla* alocados em grupos diferentes.

Esses genótipos pertencem a um programa de melhoramento em que se realizou o cruzamento em dialelo parcial circulante dos genitores analisado por MURO\_ABAD (2000), que utilizou marcadores RAPD para estabelecimento dos cruzamentos interespecíficos. Utilizando marcadores RAPD observou-se grande variabilidade e mistura entre os genótipos na análise de agrupamento. Entretanto marcadores SRR foram mais eficientes para discriminação entre as espécies do que marcadores RAPD (dados não apresentados).

A análise de agrupamento em separado de cada dialelo foi feita utilizando o método UPGMA. O primeiro dialelo, entre os grupos gG2 x gU6 (Figura 4B), mostra dois grupos considerando a distância de corte de 68%. O primeiro grupo é formado essencialmente por genótipos de *E. grandis* com a inserção do genótipo de *E. urophylla* U425. O segundo grupo é formado somente por genótipos de *E. urophylla*.

A análise do segundo dialelo, entre os grupos gG6 x gU3 (Figura 5B), também mostra claramente dois grupos, considerando como nível de corte a distância genética de 60%. O primeiro grupo é constituído por genótipos de *E. grandis*. O segundo grupo constituído essencialmente por genótipos de *E. urophylla*, com a inserção do genótipo G198. Considerando a distância de 58% três grupos são formados, um de cada espécie e um terceiro composto somente pelos genótipos G198 e U102.

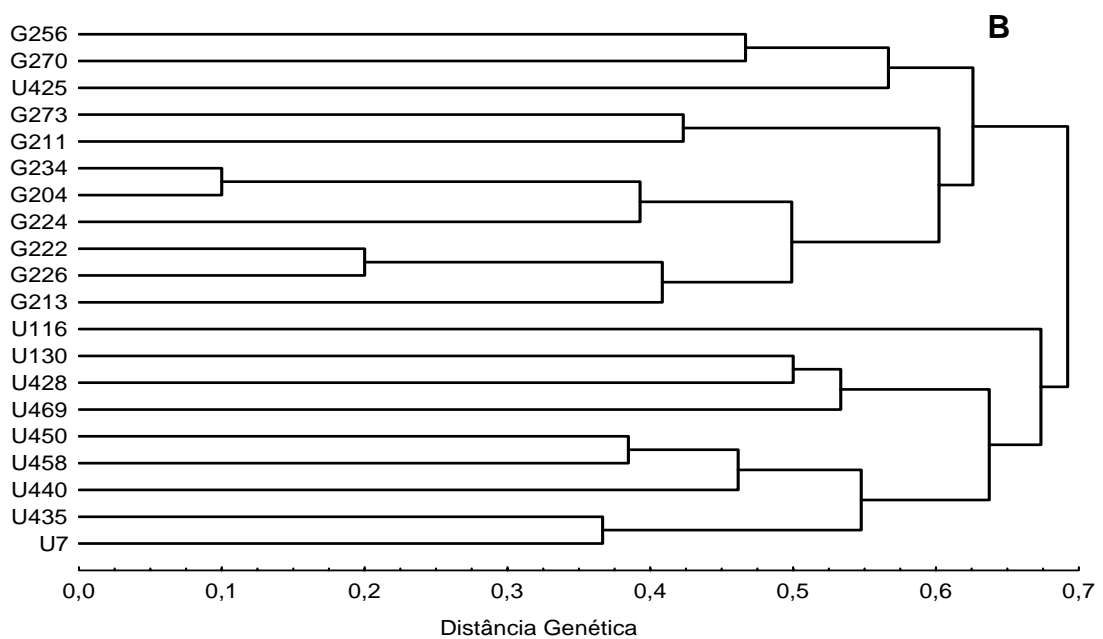
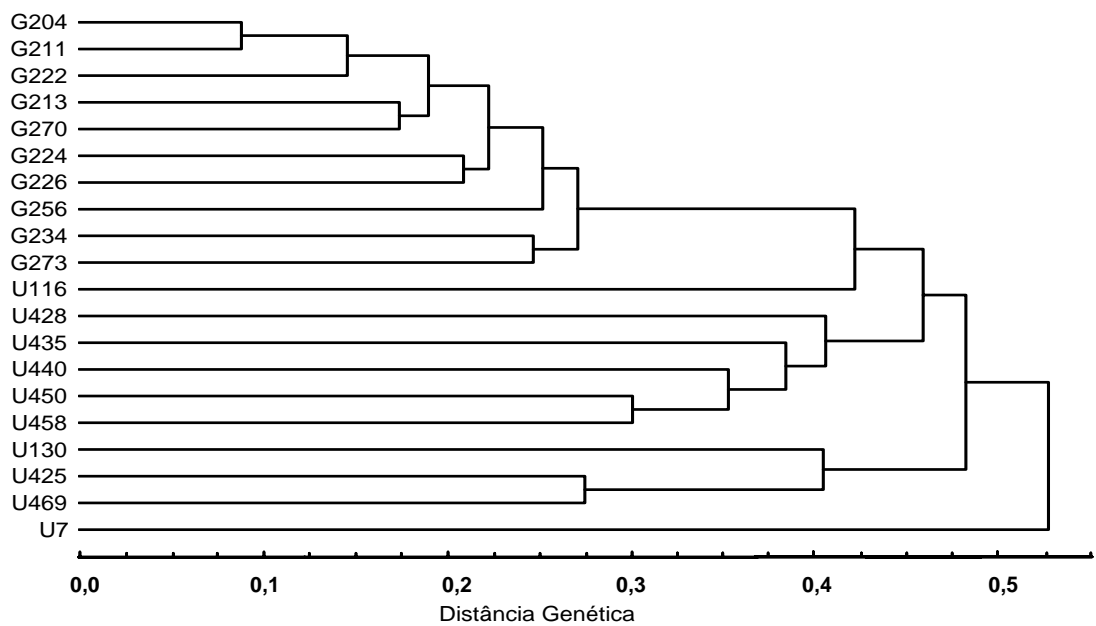


Figura 4. Análise de agrupamento hierárquico pelo método UPGMA de genótipos pertencentes ao dialelo parcial circulante gG2 x gU6, com base em dados obtidos por marcadores RAPD (A) e SSR (B).

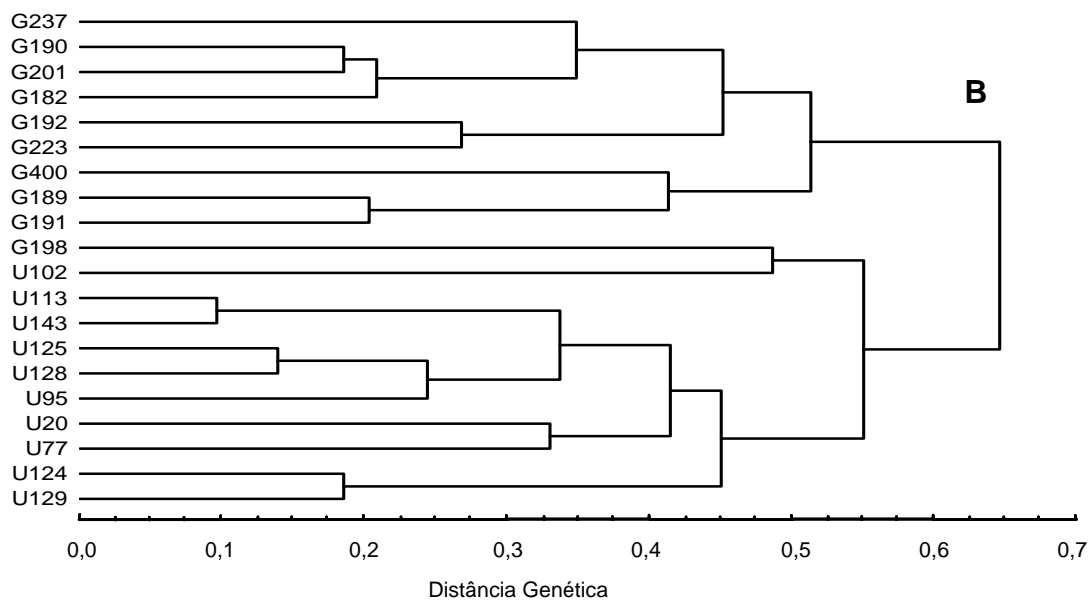
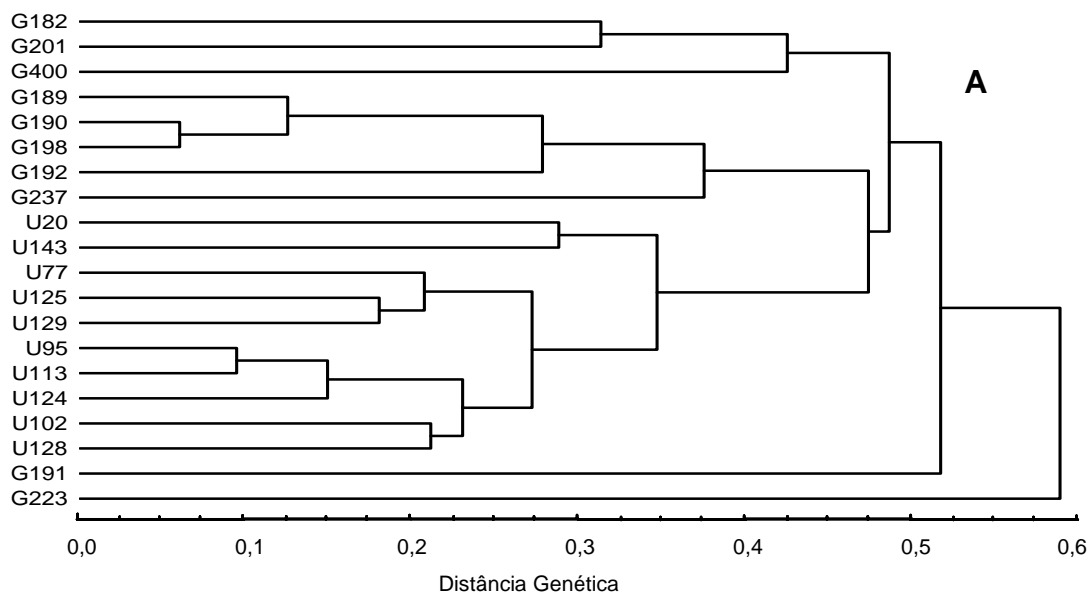


Figura 5. Análise de agrupamento hierárquico pelo método UPGMA de genótipos pertencentes ao dialelo parcial circulante gG6 x gU3, com base em dados obtidos por marcadores RAPD (A) e SSR (B).

Quando analisados em separado, marcadores SRR mostram-se muito semelhantes aos marcadores RAPD. Houve uma separação em cada dialelo de dois grandes grupos. Para o dialelo 1 (gG2 x gU6) o primeiro grupo está representado predominantemente por genótipos de *E. grandis*, com a inserção do genótipo U425. A separação em dois grupos está de acordo com a separação utilizando marcadores RAPD por MURO\_ABAD (2000). Entretanto a disposição dos genótipos não é a mesma e não há um grupo mais homogêneo que outro como mostrado com os dados RAPD. O mesmo acontece com o dialelo 2 (gG6 x gU2); ocorre a separação por espécie mas não há uma concordância entre os dendrogramas de agrupamento.

Diferenças entre agrupamentos feitos com marcadores diferentes são comuns e foram reportados por DÁVILA et al. (1998), que utilizaram marcadores RAMP (Random Amplified Microsatellite Polymorphic) e coeficiente de parentesco (COP), para estudo de diversidade genética em *Hordeum vulgare* spp., sendo que o agrupamento utilizando RAMP e COP não foram concordantes. ROCHA et al. (2002), utilizando este mesmo conjunto de marcadores SSR e marcadores RAPD, em clones de eucaliptos, encontraram poucas concordâncias entre os agrupamentos com os dois tipos de marcadores.

A análise de agrupamento de Tocher dividiu os 40 genótipos em 13 grupos, considerando a maior distância entre os menores valores de 50% (valor de  $\theta$  para a formação de grupos por Tocher). Os grupos formados não necessariamente são compostos por uma única espécie, como mostra o Quadro 2. O segundo grupo é o maior com 9 genótipos, e os grupos 12 e 13 com somente 1 genótipo.

Quadro 2. Análise de agrupamento por Tocher, de 40 genitores de *e. grandis* e *E. urophylla*.

GRUPO	INDIVÍDUOS						
< 1 >	G234	G204	G226	G222	G224	G201	
< 2 >	U113	U143	U458	U128	U125	U95	U20
	U129	U124					
< 3 >	G190	G182	G237	G192	G223		
< 4 >	G189	G191	G400				
< 5 >	U435	U7	U440				
< 6 >	G273	G211					
< 7 >	G198	U77					
< 8 >	G256	U450					
< 9 >	U102	U428					
< 10 >	G213	U130					
< 11 >	G270	U425					
< 12 >	U469						
< 13 >	U116						

Para se estabelecer uma comparação entre os valores de distância obtidas com marcadores RAPD e SSR, foram estimados os coeficientes da correlação de Pearson e de coincidência, entre os valores de dissimilaridade obtidas com os dois tipos de marcadores. Para estas análises foram consideradas as distâncias dos 40 genótipos e as distâncias de cada dialelo separadamente como mostram os Quadros 3 e 4.

Para os valores de distância entre os 40 genótipos a correlação entre os valores de dissimilaridade obtidos por marcadores RAPD e SSR foi de -0,188, com valores de coincidência para os valores superiores igual a 7,9% e de valores inferiores igual a 30,7%. Maiores valores de correlação foram obtidos considerando os dialelos separadamente. Para o dialelo 1 (gG2 x gU6) a correlação entre RAPD e SSR foi de 0,4 com valores de coincidência superior de 38,59% e inferior de 54,38%. Para o dialelo 2 (gG6 x gU3) a correlação entre RAPD e SSR foi de 0,267, com coincidência de valores superiores de 33,3% e valores inferiores de 52,6%.

Neste trabalho os valores de correlação (considerando os 40 genótipos e cada dialelo) apesar de significativos foram muito baixos (Quadro 3). Os valores de coincidência para medidas inferiores de dissimilaridade (Quadro 4) também não foram muito elevados. Somente para o coeficiente de coincidência de valores inferiores entre as medidas de dissimilaridade para os dois dialelos,

foram observados percentuais significativos (54,4 para o dialelo 1 e 52,6% para o dialelo 2). Resultados semelhantes também foram observados por ROCHA et al. (2002). A maior semelhança entre os valores inferiores de dissimilaridade indica que os genótipos menos divergentes por RAPD também são os menos divergentes por SSR.

Quadro 3. Correlação entre os valores de dissimilaridade obtidos por marcadores RAPD e SSR, considerando todos os genótipos ou apenas aqueles que fazem parte dos dialelos 1 e 2.

Variáveis	Var(X)	Var(Y)	Cov(X,Y)	N.dados	Correlação	Probabilidade
RAPD x SSR	0,0231	0,0235	-0,0044	380	-0,188*	0,0319
G2xU6 RAPD x G2xU6 SSR	0,0096	0,0197	0,0055	190	0,397*	0,0
G6xU3 RAPD x G6xU3 SSR	0,0155	0,0122	0,0037	190	0,2674*	0,027

\* Significativo a 5% de probabilidade, pelo teste t.

Quadro 4. Análise de coincidência inferior e superior entre os valores de dissimilaridade obtidos por marcadores RAPD e SSR, considerando todos os genótipos ou apenas aqueles que fazem parte dos dialelos 1 e 2.

40 Genótipos			
Tamanho da amostra: 114 (SUPERIORES)			
RELAÇÃO	N.dados	COINCIDÊNCIA(No)	COINCIDÊNCIA(%)
RAPD x SSR	380	9	7,894%
Tamanho da amostra: 114 (INFERIORES)			
RAPD x SSR	380	35	30,701%
Dialelo 1 e 2			
Tamanho da amostra: 57 (SUPERIORES)			
RELAÇÃO	N.dados	COINCIDÊNCIA(No)	COINCIDÊNCIA(%)
G2xU6 RAPD x G2xU6 SSR	190	22	38,60%
G6xU3 RAPD x G6xU3 SSR	190	19	33,33%
Tamanho da amostra: 57 (INFERIORES)			
G2xU6 RAPD x G2xU6 SSR	190	31	54,38%
G6xU3 RAPD x G6xU3 SSR	190	30	52,63%



#### 4. CONCLUSÕES

A análise por marcadores SSR de genitores de *E. grandis* e *E. urophylla*, foi satisfatória, permitindo a discriminação das duas espécies.

Os grupo de genitores utilizados para cruzamento em dialelo parcial circulante são divergentes considerando marcadores microssatélites.

Apesar da baixa correlação entre medidas de dissimilaridade por RAPD e SSR, os dendrogramas de agrupamento para os dois tipos de marcadores separam com eficiência os dois grupos de genitores.

## 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BRONDANI, R.P.V.; BRONDANI, C., TARCHINI, R. e GRATTAPAGLIA, D. Development, characterization and mapping of microsatellite markers in *Eucalyptus grandis* and *E. urophylla*. **Theor Appl Genet**, v. 97, p. 816-827, 1998.
- BRONDANI, R.P.V., BRONDANI, C., GRATTAPAGLIA, D. Towards a genus-wide reference linkage map for *Eucalyptus* based exclusively on highly informative microsatellite markers. **Mol Genet Genomics**, v. 267, p. 338-347, 2002.
- CRUZ, C.D. **Programa GENES - aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa, MG, UFV, 1997. 442 p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG. UFV. 1994. 390p.
- DÁVILA, J.A., SÁNCHEZ de la HOZ, M. P., LOARCE, Y. e FERRER, E. The use of random amplified microsatellite polymorphic DNA and coefficients of parentage to determine genetic relationships in barley, **Genome**, v. 41, p. 228 – 232, 1998.
- DOYLE, J.J., DOYLE, J.L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, v.12, n.27:p.13-15, 1990.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Trad. M.A. SILVA e J.C. SILVA. 2 ed. Viçosa, MG, UFV. 1987. 279 p.
- FERREIRA, M. Melhoramento e a silvicultura intensiva clonal. **Boletim Técnico do IPEF**, v.45. p.22-30, 1992.
- GOMES, J. M. e COUTO, L. ; Produção de mudas de Eucaliptos; **Informe Agropecuário**, v. 12, n. 141, p.8-14, 1986.
- GRATTAPAGLIA, D., SEDEROFF, R. Genetic linkage maps of *Eucalyptus grandis* and *E. urophylla* using a pseudo-testcross mapping strategy and RAPD markers. **Genetics**, v.137, p.1121-1137, 1994.
- GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Austr. J. Biol. Sci.** v9, p. 463-493, 1956.
- JACCARD, P. (1908). Nouvelles recherches sur la distribution florale. **Bul. Soc. Vaud. Sci. Nat.**, v.44, p. 223-270, 1908.
- KAEMMER, D., FISHER, D., JARRET, R.L., BAURENS, F. –C., GRAPIN, A., DAMBIER, D., NOYER, J.-L., LANAUD, C., KAHAL, G. e LAGODA, P.J.L. Molecular breeding in the *Musa*: a strong case for STMS marker technology, **Euphytica**, v. 96, p. 49-63, 1997.

- LAIA, M.L., GOMES, E.A.; ESBRISSSE, E.J.; ARAÚJO, E.F. Random amplified polymorphic DNA (RAPD) analysis of genotypic identities in *Eucalyptus* clones. **Silvae genética**, v.49, n. 6, p.239-243, 2000.
- MARQUES, C.M., VASQUEZ\_KOOL, J., CAROCHA, V.J., FERREIRA, J.G., O'MALLEY, D.M., LIU, B-H., SEDEROFF, R. genetic dissection of vegetative propagation traits in *Eucalyptus tereticornis* and *E. globules*. **Theor Appl Genet**, v. 99, p. 936-946, 1999.
- MURO ABAD, J.I. **Método de melhoramento, assistido por marcadores moleculares, visando a obtenção de híbridos de *Eucalyptus ssp.*** Viçosa, MG, Dissertação. (Mestrado em Genética e Melhoramento), Universidade Federal de Viçosa, 2000. 74p.
- MURO\_ABAD, J.I., CANCIO, O.N., GOMES, E.A., ARAÚJO, E.F. Genetic analysis of *Eucalyptus urophylla* and *E. grandis* clones selected in commercial crops from the Brazilian Amazon by RAPD markers. **Silvae Genetica** v. 50, p. 5-6, 2001
- PIGATO, S.M.P.C., LOPES, C.R. Caracterização silvicultural, botânica e avaliação da variabilidade genética por meio de marcador molecular RAPD em um teste de progênies de *Eucalyptus urophylla* S. T. Blake. **Scientia Forestalis**, v. 60, p. 135-148, 2001.
- ROCHA, R.B., MURO\_ABAD, J.I., PIRES, I.E., ARAUJO, E.F. Fingerprint and Genetic Diversity Analysis of *Eucalyptus* spp. Genotypes Using RAPD and SSR Markers. **Scientia Forestalis**. n. 62, p. 13-24,. 2002.
- SANTOS, P. E. T. et alii ; Potencial para programas de melhoramento, estimativa de parâmetros genéticos, interação progênies x locais em populações de *Eucalyptus urophylla* ST. Blake. **Boletim Técnico do IPEF**, v. 43, n.44, p. 239-245, 1990.
- VERHAEGEN, D.; PLOMION, C.; GION, J.-M.;POITEL, M.; COSTA, P. e KREME, A. Quantitative trait dissection analysis in *Eucalyptus* using RAPD markers: I. Detection of QTL in Interspecific hybrid progeny, stability of QTL, expression across different ages. . **Theor Appl Genet**, v. 95, p. 597-608, 1997.
- WEISING, K. e KAHL, G. Hybridization-based microsatellite fingerprinting of plants. In: **DNA Markers – Protocols, Applications, and Overviews**. p. 238-243. Caetano-Anollés, G. e Gresshoff, P. M. WILEY-VCH, New York, 1998.
- WEISING, K., WINTER, P., HUTTEL, B. e KAHL, G. Microsatellite markers for molecular breeding. **Journal of crop Production**, v. 1, n 1, p. 116-123. 1998.
- WELSH, J.; McCLELLAND, D. Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. **Nucleic Acids Research**, v. 19, p. 303-306. 1990.

WILLIAMS, J.G.K.; KUBELIK, A.R.; LIVAK, K.J.; RAFALSKI, J.A.; SCOTT, V.T.  
DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful genetic  
markers. **Nucleic Acids Research**, v. 18, p. 6531-6535. 1990.

## CAPÍTULO 2

### VARIABILIDADE GENÉTICA E SELEÇÃO COMBINADA EM PROGÊNIES DE MEIOS IRMÃOS DE *Eucalyptus* spp. EM TRÊS AMBIENTES NA REGIÃO DA AMAZÔNIA BRASILEIRA.

#### 1. INTRODUÇÃO

Uma das principais etapas de um programa de melhoramento genético é a seleção de famílias e genótipos a serem recombinados para obtenção da próxima geração, pois dessa seleção depende o ganho genético. Os testes de progênies são amplamente utilizados no Brasil devido ao seu baixo custo e às informações possíveis de serem obtidas, como variâncias fenotípica e genotípica, herdabilidades, correlações entre caracteres e estimativas de ganho por seleção (WRIGHT, 1984; ALLARD, 1971; PIRES, 1996).

O ganho por seleção está diretamente relacionado à existência e à magnitude de variabilidade na população de melhoramento (FALCONER, 1987; CRUZ e REGAZZI, 1994). A variabilidade genética é inerente a população de melhoramento e é quantificada pela estimativa de variância genética aditiva (FALCONER, 1987; FINS et al., 1992). O conhecimento deste e outros parâmetros genéticos são necessários para o estabelecimento dos métodos de seleção que sejam eficientes para obtenção de ganhos e, principalmente, manutenção de uma base genética adequada.

Dentre as principais metodologias para estimação dos parâmetros genéticos em testes de progênies destaca-se a análise de variância (ANOVA). Com base na ANOVA é possível a obtenção da estimativa dos componentes de variância genética aditiva e não aditiva, que podem ser aproveitadas em programas de reprodução sexuada e assexuada, respectivamente. Estes componentes de variância são convencionalmente obtidos pela decomposição dos quadrados médios da ANOVA, com base nas suas esperanças matemáticas (SEARLE et al., 1992; CRUZ e REAGAZZI, 1994).

Neste sentido, a existência de variabilidade é avaliada pelo teste de nulidade do componente de variância relativo ao valor genético da população ( $\sigma_g^2$ ) pelo teste F na análise de variância. A variabilidade permite ao melhorista efetuar a seleção na população possibilitando alteração no valor de média para a nova população, ou seja ganho genético (NAMKOONG, 1979; ZOBEL e TALBERT, 1984; CRUZ e REGAZZI, 1994). Estes ganhos dependem das características avaliadas e dos componentes genéticos a elas associadas e ainda do método de seleção adotado (FALCONER, 1987; VENKOVSKY e BARRIGA, 1992).

Em geral, no melhoramento florestal as populações de melhoramento são normalmente estruturadas em famílias, avaliadas em testes de progênie com informação dentro da parcela e de procedência, podendo ser de polinização aberta ou controlada. Dentre os vários tipos de seleção para este tipo de população destaca-se a seleção combinada que tem permitido ganhos superiores aos obtidos pela seleção convencional entre e dentro de famílias (PIRES, 1996). A seleção combinada baseia-se no estabelecimento de um índice para cada indivíduo, com base na comparação entre o seu desempenho considerando os vários fatores experimentais como parcela, bloco, população. Assim os coeficientes para este índice são estimados a partir dos valores dos próprios indivíduos e seus parentes (MORAES, 1987; PIRES, 1996; CRUZ, 2001).

Os objetivos deste trabalho foram estimar os parâmetros genéticos e ambientais de uma população de melhoramento de *E. pellita*, em um teste de progênie de meios irmãos em três ambientes e identificar os melhores indivíduos pela seleção combinada univariada para as características altura, circunferência à altura do peito e volume por hectare.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1. Material Genético

Foram analisadas famílias de meios irmãos de *Eucalyptus pellita* em testes de progênies, implantado na região do Jarí em Monte Dourado – Pará, aos 37 meses de idade. O experimento foi instalado em três ambientes: LA1 – latossolo amarelo álico, textura muito argilosa, relevo plano considerando 27 progênies; LU1 – Latossolo Una álico epidistrófico, A moderado, textura muito argilosa, relevo plano considerando 30 progênies; e LA6 – Latossolo amarelo álico, A moderado, textura média arenosa + areia quartzosa álica, ambos relevo suave e ondulado considerando 29 progênies. O espaçamento utilizado foi o de 3 x 3 m.

Para a avaliação conjunta dos experimentos, foram consideradas apenas 26 famílias testadas que eram comuns aos três ambientes.

### 2.2. Caracteres avaliados

As características mensuradas em campo foram: altura total (ALT), circunferência à altura do peito (CAP) e volume por hectare (VOL). A característica VOL foi obtida segundo a expressão:

- Para o solo LU1:

$$VOL(m^3) = \exp(-10,822849 + 1,95191\text{Ln}(DAP) + 1,212693\text{Ln}(ALT))$$

- Para o solo LA1:

$$VOL(m^3) = \exp(-11,346261 + 1,893271\text{Ln}(DAP) + 1,43383\text{Ln}(ALT))$$

- Para o solo LA6:

$$VOL(m^3) = \exp(-10,866373 + 1,910444\text{Ln}(DAP) + 1,298395\text{Ln}(ALT))$$

Estas expressões foram obtidas a partir de informações de cubagens rigorosas em plantios de sementes e foram utilizadas para estimação do

volume individual, de modo que o volume por hectare foi obtido pelo produto do volume individual pelo número de plantas em um hectare:

$$\text{VOL}(\text{m}^3/\text{ha}) = \text{VOL}(\text{m}^3) \times 1111(\text{plantas})$$

Os testes de progênies foram dispostos no delineamento em blocos ao acaso com 6 blocos e 5 plantas por parcela. Com base nos dados, foi feita a análise de variância utilizando o programa GENES (CRUZ 2001), conforme descrito por CRUZ e REGAZZI (1994).

### 2.3. Análise de variância e estimadores de parâmetros genéticos e ambientais

O modelo estatístico utilizado foi:

$$y_{ijl} = \mu + g_i + a_l + ga_{il} + b/a_{jl} + \varepsilon_{ijl}$$

em que,

$y_{ijl}$  = observação da parcela ou repetição  $j$ , da progênie  $i$  no ambiente  $l$ ;

$\mu$  = média geral;

$g_i$  = efeito da progênie  $i$  ( $i = 1, 2, \dots, g$ ),  $g_i \sim \text{NID}(0, \sigma_g^2)$ ;

$a_l$  = efeito do ambiente  $l$  ( $l = 1, 2, \dots, a$ );  $a_l \sim \text{NID}(0, \sigma_a^2)$ ;

$ga_{il}$  = efeito da interação genótipo ambiente;  $ga_{il} \sim \text{NID}(0, \sigma_{ga}^2)$ ;

$b/a_{jl}$  = efeito do bloco  $j$  do ambiente  $l$  ( $j = 1, 2, \dots, b$ ),  $b/a_{jl} \sim \text{NID}(0, \sigma_b^2)$  e;

$\varepsilon_{ijl}$  = efeito do erro experimental, em que  $\varepsilon_{ijl} \sim \text{NID}(0, \sigma_e^2)$ .

O esquema de análise da variância e as esperanças matemáticas dos quadrados médios, são apresentados no Quadro 1.

Com base no modelo estatístico descrito acima foram testadas as seguintes hipóteses:

$H_{01} : \sigma_g^2 = 0$ , Testa a existência de variabilidade entre as famílias;

$H_{02} : \sigma_a^2 = 0$ , Testa a existência de diferenças entre os ambientes;



$H_{03} : \sigma_{ga}^2 = 0$ , Testa a existência de interação genótipo x ambiente.

Quadro 1 – Esquema da análise de variância para análise conjunta de ensaios em blocos ao acaso, considerando os vários ambientes.

F. V.	G. L.	Q. M.	E (Q. M.)
Blocos/ambientes	$a(b - 1)$	QMB	$\sigma_e^2 + g\sigma_b^2$
Progênes	$g - 1$	QMP	$\sigma_e^2 + b\sigma_{ga}^2 + ba\sigma_g^2$
Ambiente	$a - 1$	QMA	$\sigma_e^2 + g\sigma_b^2 + b\sigma_{ga}^2 + bg\sigma_a^2$
Progenie x Ambiente	$(g - 1)(a - 1)$	QMPA	$\sigma_e^2 + b\sigma_{ga}^2$
Entre parcelas	$a(b-1)(g-1)$	QME	$\sigma_e^2$

QMB = Quadrado médio de bloco;

QMP = Quadrado médio de progênes;

QMA = Quadrado médio de ambiente

QMPA = Quadrado médio da interação genótipo x ambiente

QME = Quadrado médio do resíduo;

Também foi feita a análise de variância em cada ambiente e, neste caso, considerou-se as informações em nível de planta, de forma que o modelo estatístico utilizado foi:

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + b_j + \varepsilon_{ij} + d_{ijk}$$

em que:

$Y_{ijk}$  = observação na planta k, da progênie i no bloco j;

$\mu$  = média geral;

$g_i$  = efeito da progênie i ( $i = 1, 2, \dots, g$ ),  $g_i \sim \text{NID}(0, \sigma_g^2)$ ;

$b_j$  = efeito do bloco j ( $j = 1, 2, \dots, b$ ),  $b_i \sim \text{NID}(0, \sigma_b^2)$ ; e

$\varepsilon_{ij}$  = efeito da variação entre parcelas, em que  $\varepsilon_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma_e^2)$ .

$d_{ijk}$  = efeito da variação entre plantas dentro de parcelas ( $k = 1, 2, \dots, n$ ),

$d_{ijk} \sim \text{NID}(0, \sigma_d^2)$ .

O esquema de análise da variância e as esperanças matemáticas dos quadrados médios são apresentados no Quadro 2.

Quadro 2 – Esquema da análise de variância para o delineamento em blocos casualizados com informação dentro da parcela.

F. V.	G. L.	Q. M.	E (Q. M.)
Blocos	b - 1	QMB	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2 + gn\sigma_b^2$
Progênies	g - 1	QMP	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2 + bn\sigma_g^2$
Entre parcelas	(b-1)(g-1)	QME	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2$
Dentro de parcelas	bg (n - 1)	QMD	$\sigma_d^2$

QMB = Quadrado médio de bloco;

QMP = Quadrado médio de progênies;

QME = Quadrado médio do efeito ambiental entre parcelas;

QMD = Quadrado médio entre plantas dentro de parcelas;

Os estimadores dos parâmetros genéticos e ambientais foram:

a) Variância fenotípica entre médias de famílias:

$$\hat{\sigma}_f^2 = \frac{QMP}{bn}$$

b) Variância genotípica entre as médias das progênies:

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{QMP - QME}{bn} = \frac{1}{4} \hat{\sigma}_A^2$$

em que:

$\hat{\sigma}_A^2$  = é o estimador da variância genética devida aos efeitos aditivos.

c) Variância genotípica dentro de progênies:

$$\hat{\sigma}_{gd}^2 = \frac{\theta_d}{\theta_e} \hat{\sigma}_g^2$$

Em que:

Para Famílias de meios irmãos  $\theta_d = \frac{3}{4}$  e  $\theta_e = \frac{1}{4}$ .

d) Variância ambiental média:

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{QME - QMD}{n}$$

d) Variância fenotípica entre plantas dentro de parcelas:

$$\hat{\sigma}_d^2 = QMD$$

e) Variância fenotípica entre plantas dentro do bloco:

$$\hat{\sigma}_{Fb}^2 = \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2$$

f) Variância fenotípica entre plantas no experimento:

$$\hat{\sigma}_{Fe}^2 = \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_b^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2$$

g) Herdabilidade em nível de média de famílias para seleção entre médias de famílias de meios irmãos:

$$h_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2} = \frac{1/4 \hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

h) Herdabilidade em nível de plantas individuais para seleção entre plantas dentro de famílias:

$$h_d^2 = \frac{3\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_d^2}$$

i) Herdabilidade em nível de plantas individuais para seleção entre plantas dentro do bloco:

$$h_r^2 = \frac{4\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_{Fb}^2}$$

j) Herdabilidade em nível de plantas individuais para seleção entre plantas no experimento (Seleção Massal):

$$h_p = \frac{4\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_{Fe}^2}$$

k) Coeficiente de variação genotípica:

$$CV_g = \frac{100\hat{\sigma}_g}{\bar{Y}_0}$$

$\bar{Y}_0$  = estimativa da média geral da característica.

l) Coeficiente de variação genotípico dentro

$$CV_{g(d)} = \frac{100\hat{\sigma}_{gd}}{\bar{Y}_0}$$

m) Coeficiente de variação ambiental:

$$CV_e = \frac{100\hat{\sigma}_e}{\bar{Y}_0}$$

- n) Coeficiente de variação experimental comparável ao obtido em experimentos em blocos ao acaso em nível de média de parcelas:

$$CV_{\text{exp}} = \frac{100 \sqrt{\text{QMR}/b}}{\bar{Y}_0}$$

- o) Correlação intraclassa para a análise conjunta:

$$\rho = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_{ga}^2 + \hat{\sigma}^2}$$

- p) Correlação intraclassa para a análise de cada ambiente:

$$\rho = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \text{QMR}}$$

## 2.4. Seleção Combinada

O índice para seleção combinada foi estimado utilizando o programa GENES (CRUZ 2001). Foram consideradas as características CAP, ALT e VOL.

A seleção combinada baseia-se no estabelecimento de um índice a partir do qual é obtido score para cada indivíduo, para a característica considerada, cujos pesos que compõem o índice são obtidos pela combinação linear da informação do indivíduo e de seus aparentados. Neste caso a seleção entre e dentro de famílias foi feita com base no seguinte índice:

$$G_{ijk} = b_1(Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}) + b_2(\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...})$$

sendo:

$G_{ijk}$  = é o preditor do valor genético da k-ésima planta da i-ésima família no j-ésimo bloco;

$Y_{ijk}$  = valor fenotípico da planta ijk;

$\bar{Y}_{ij.}$  = média da parcela a qual pertence a planta ijk;

$\bar{Y}_{i..}$  = média da família i;

$\bar{Y}_{...}$  = média geral da população;

$b_1, b_2$  = pesos obtidos de modo a maximizar a correlação entre o índice (G) e o verdadeiro valor genético (H) dos indivíduos.

Neste caso, para obtenção dos pesos do indivíduo e da família no índice, adota-se o modelo generalizado:

$$G_{ijk} = b_1 z_1 + b_2 z_2$$

O vetor  $b$  é então estimado por:

$$b = P^{-1}G \text{ de modo que:}$$

$$b = \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix}, \quad P = \begin{bmatrix} \hat{V}(z_1) & \hat{Cov}(z_1, z_2) \\ & \hat{V}(z_2) \end{bmatrix}, \quad G = \begin{bmatrix} \hat{Cov}_g(z_1, g) \\ \hat{Cov}_g(z_2, g) \end{bmatrix}.$$

Em que:

$z_1$  e  $z_2$  são os vetores dos desvios dos valores fenotípicos da planta em relação à média da parcela e dos desvios da média da família com a média geral da população.

$\hat{b}$  é o vetor dos estimadores dos coeficientes do índice ( $\hat{b}_1$  e  $\hat{b}_2$ )

$P$  é a matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas para os termos da expressão do índice;

$G$  é a matriz de covariâncias entre os desvios e os valores genéticos dos indivíduos que pode ser dada por:

$$\hat{Cov}_g(z_1, g) = \hat{Cov}_g(z_1, G_{ijk}) \text{ e } \hat{Cov}_g(z_2, g) = \hat{Cov}_g(z_2, G_{ijk})$$

Neste caso tem-se;

a) Variância de  $z_1$  :

$$\hat{V}(z_1) = \frac{n-1}{n} \hat{\sigma}_d^2$$

b) Variância de  $z_2$  :

$$\hat{V}(z_1) = \frac{g-1}{g} \left( \hat{\sigma}_f^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{b} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{bn} \right)$$

c) Covariância entre  $z_1$  e  $g$ :

$$\text{Côv}(z_1, g) = \frac{n-1}{n}(1-\hat{\theta})\hat{\sigma}_A^2$$

Em que  $\hat{\theta}$  é o estimador da correlação genética entre plantas de uma mesma parcela (para famílias de meios irmãos  $\hat{\theta} = 0,25$ ).

d) Covariância entre  $z_2$  e  $g$ :

$$\text{Côv}(z_2, g) = \frac{g-1}{gbn}[1+(bn-1)\hat{\theta}]\hat{\sigma}_A^2$$

e) Coeficiente  $b_1$ :

$$\hat{b}_1 = \frac{\text{Côv}(z_1, g)}{\hat{V}(z_1)} = \frac{(1-\hat{\theta})}{\hat{\sigma}_d^2}\hat{\sigma}_A^2 = h_d^2$$

f) Coeficiente  $b_2$ :

$$\hat{b}_2 = \frac{\text{Côv}(z_2, g)}{\hat{V}(z_2)} = \left[1 + \frac{(1+\hat{\theta})}{nb\hat{\theta}}\right]h_m^2$$

Para experimentos em que o valor de “nb” é elevado,  $\left[1 + \frac{(1+\hat{\theta})}{nb\hat{\theta}}\right] \cong 1$

então o índice torna-se:

$$G_{ijk} = h_d^2(Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}) + h_m^2(\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...})$$

g) Variância do índice de seleção:

$$\hat{V}(I) = \hat{\sigma}_I^2 = \hat{b}'P\hat{b}$$

h) Variância do valor genético verdadeiro ou agregado genotípico:

$$\hat{\sigma}_H^2 = \hat{\sigma}_A^2$$

i) Covariância entre o índice de seleção e o agregado genotípico:

$$\text{Côv}(H, I) = \hat{\sigma}_{HI} = \hat{b}'G\hat{a}$$

j) Coeficiente de correlação entre o índice e o agregado genotípico:

$$\hat{\rho}_{HI} = \frac{\hat{\sigma}_{HI}}{\sqrt{\hat{\sigma}_H^2 \hat{\sigma}_I^2}} = \sqrt{\frac{\hat{\sigma}_I^2}{\hat{\sigma}_H^2}} = \frac{\hat{\sigma}_I}{\hat{\sigma}_H}$$

h) Variância do erro de predição:

$$\hat{\sigma}_{EP}^2 = \hat{\sigma}_H^2 - \hat{\rho}_{HI} \hat{\sigma}_H^2 = (1 - \hat{\rho}_{HI}) \hat{\sigma}_H^2$$

Este estimador corresponde à variação em H não explicada por I.

## 2.6. Resposta com a seleção

Os ganhos com a seleção foram preditos considerando os percentuais de 30% e 20% das plantas entre e dentro de famílias, respectivamente, para cada característica para seleção convencional e com base no índice.

O ganho com a seleção direta entre e dentro de famílias é obtido conforme CRUZ (2001):

$$RS = (h_m^2 DS) + (h_d^2 DS_M) \text{ em que:}$$

$RS$  é o ganho proporcionado com a seleção entre e dentro de famílias;

$DS$  é o diferencial de seleção com base nas médias das famílias e;

$DS_M$  é o diferencial de seleção médio dentro das várias parcelas das famílias selecionadas.

Assim, a resposta com a seleção em porcentagem é:

$$RS\% = \frac{RS}{\bar{Y}_0} 100$$

Em que:

$\bar{Y}_0$  é a média geral da população para a característica em estudo.

A resposta predita com base na seleção pelo índice combinado é:

$$RS_I = DS_I$$

E que:

$DS_I$  = diferencial de seleção para os valores genéticos preditos entre as plantas selecionadas pelo índice combinado.

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.1. Interação genótipo x ambiente

Foi feita a análise de variância considerando o modelo fatorial em blocos ao acaso de 26 famílias de meios irmãos de *E. pellita* avaliadas para os três ambientes. Os resultados referentes à análise de variância, coeficientes de variação e os valores de média geral para as características circunferência à altura do peito (CAP), altura total (ALT) e volume/ha (VOL) analisados em três ambientes são apresentados no Quadro 3.

A análise de variância revelou variância genética significativa ( $\sigma_g^2 \neq 0$ ) para as famílias analisadas considerando as três características, pelo teste F em nível de 1% de probabilidade (Quadro 3). Considerando a hipótese testada de nulidade sobre  $\sigma_g^2$ , pode-se inferir que a existência de variabilidade genética na população de melhoramento permite a obtenção de ganho genético para todas as características pela aplicação de seleção nesta população.

A análise de variância indica diferença significativa para os três ambientes, pelo teste F, em nível de 1% de probabilidade, ou seja,  $\sigma_a^2 \neq 0$ , entretanto para interação genótipo ambiente o teste F não foi significativo para as três características.

Considerando a ANOVA conjunta para os três ambientes, os coeficientes de variação podem ser considerados baixos (CAP e ALT) e médio para VOL (Quadro 3), comparados com a literatura para as mesmas características (PIRES, 1996) para *Eucalyptus* ssp. De modo geral no melhoramento de plantas, os valores de coeficientes de variação menores que 10 indicam boa precisão na obtenção dos dados. Observa-se que o valor de  $CV_{exp}$  para VOL é considerado elevado e pode ser explicado pelo fato dessa variável ser uma combinação das características CAP e ALT.



Quadro 3 – Análise de variância de experimento fatorial em três ambientes para as características circunferência à altura do peito (CAP), altura total (ALT) e volume total (VOL) em famílias de meios irmãos de *E. pellita* avaliados aos 3 anos de idade na região da Amazônia Brasileira.

Fonte de Variação	G.L.	CAP	ALT	VOL
<b>Blocos/Ambiente</b>	15	21,40	4,40	781,13
<b>Progênie</b>	25	65,19**	7,84**	1825,77**
<b>Ambiente</b>	2	2181,14**	363,01**	84327,09**
<b>Progênie x Ambiente</b>	50	16,42 <sup>ns</sup>	2,26 <sup>ns</sup>	451,98 <sup>ns</sup>
<b>Resíduo</b>	375	13,94	1,74	406,68
<b>Média</b>		33,51	14,63	84,87
<b>CV<sub>exp</sub></b>		11,14	9,01	23,76

Considerando as características CAP, ALT e VOL, os menores valores encontrados foram de 16,05 cm, 7,20 m e 9,58 m<sup>3</sup>/ha, e os maiores valores foram de 44,85 cm, 20,00 m e 176,65 m<sup>3</sup>/ha, respectivamente. Diferenças dessa magnitude são esperadas para testes de progênies com elevada segregação. Para uma população de 3 anos de idade os valores superiores não são tão baixos quando comparados aos valores de espécies como *E. urophylla*, em testes de progênies na região do Jarí. Neste caso apesar de menores valores para ALT e CAP, o valor de VOL é maior, podendo estar relacionado ao fator de forma da árvore (CÂNCIO<sup>2</sup>, 2003).

Comparando-se ainda com populações híbridas de *E. grandis* e *E. urophylla* adaptadas à região, os valores dessa população de *E. pellita* são baixos (dados não mostrados). Apesar destes aspectos comparativos, esta espécie é importante fonte de resistência a doenças na região amazônica, principalmente para o patógeno *Cylindrocladium pteridis*, que afeta os plantios comerciais causando desfolha em grandes proporções conforme relatado por ALFENAS (2002).

O teste de significância para a interação genótipo ambiente é feito pelo quociente entre os valores de quadrados médios da interação genótipo ambiente (QMGA) e de resíduo (QMR), independente de o modelo ser fixo, aleatório ou misto. Neste caso, a não significância pode indicar ausência (ou

<sup>2</sup> Comunicação pessoal – Jarí Celulose S.A.

baixa) de variação no desempenho dos genótipos considerando os três ambientes para as três características, uma vez que o teste para os ambientes foi significativo. Outra causa da ausência de interação genótipo ambiente é a presença de um elevado efeito de correlação intra classe uma vez que os valores para planta, assim como para a parcela (média do bloco para a família), variaram muito.

Os solos LA1, LU1 e LA6, são considerados 3 unidades de solos distintas na região do Jari, cuja fertilidade também está associada às características físicas destes solos, sendo o argiloso o mais fértil, o de textura média argilosa com boa fertilidade e o de textura arenosa pobre em nutrientes. Neste sentido, esperava-se variação quanto a adaptação das famílias nos diferentes tipos de solo, assim como vem ocorrendo para as populações de melhoramento das espécies *E. grandis* e *E. urophylla* nesta região. Entretanto, a ausência de interação indica que as famílias superiores concentram de maneira geral um pool gênico que permite bom desempenho nos três ambientes.

As estimativas das variâncias genética ( $\hat{\sigma}_g^2$ ), da interação genótipo ambiente ( $\hat{\sigma}_{ga}^2$ ), variância ambiental ( $\hat{\sigma}_a^2$ ) e variância residual ( $\hat{\sigma}_e^2$ ) são apresentadas no Quadro 4. Percebe-se que o efeito da interação genótipo ambiente é muito pequena comparando-se aos valores da variância genética. Entretanto o efeito da variação residual é relativamente alto quando comparado aos valores da variação genética.

A capitalização da interação genótipo ambiente é interessante num programa de melhoramento, com o objetivo de ter genótipos melhores e mais adaptados a cada ambiente, entretanto, programas de melhoramento considerando vários ambientes; demandam grande custo, no sentido de testar e selecionar materiais para cada unidade ambiental, ainda, considerando que cada material tem exigências nutricionais e de manejo específicas. O comportamento generalista de algumas famílias de *E. Pellita* pode ser importante quando da hibridação interespecífica, permitir maior capacidade de adaptação desses híbridos a diferentes condições edáficas.

Os valores de herdabilidade podem ser considerados elevados para as três características (Quadro 4), e de acordo com a literatura para ensaios de

famílias de *Eucalyptus* ssp. de um modo geral (PIRES, 1996, MURO\_ABAD, 2000, ALMEIDA et al., 2000). Esses valores indicam a possibilidade de ganho com a seleção para os três ambientes. Um aspecto negativo para a população é que apesar de uma elevada herdabilidade a relação entre o coeficiente de variação genético e o experimental ( $CV_g/CV_e$ ) é bem menor que 1 para as três características, indicando que parte considerável da variação existente entre as progênes, observadas nas análises experimentais, não é de origem genética.

Quadro 4 – Estimativas dos parâmetros genéticos e ambientais de experimento fatorial em três ambientes: variância genética entre famílias ( $\hat{\sigma}_g^2$ ), variância da interação genótipo ambiente ( $\hat{\sigma}_{ga}^2$ ), variância ambiental ( $\hat{\sigma}_a^2$ ) e variância residual ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), herdabilidade média entre famílias ( $h^2_m$ ), Correlação Intraclasse ( $\rho$ ), Coeficiente de variação genética ( $CV_g$ ), razão entre o coeficiente de variação genética e coeficiente de variação experimental ( $CV_g/CV_e$ ) para as características circunferência à altura do peito (CAP), altura total (ALT) e volume/ha (VOL), para *E. pellita* avaliadas aos 3 anos de idade na região da Amazônia Brasileira.

Estimativas de Parâmetros	CAP	ALT	VOL
$\hat{\sigma}_g^2$	2,709	0,310	76,321
$\hat{\sigma}_{ga}^2$	0,415	0,088	7,549
$\hat{\sigma}_a^2$	0,121	0,0248	4,717
$\hat{\sigma}_e^2$	13,942	1,7412	406,685
$h^2$ (média)	0,786	0,778	0,752
$\rho$	15,874	14,494	15,558
$CV_g$	4,911	3,803	10,293
$CV_g/CV_e$	0,441	0,422	0,433

### 3.2. Análise de variância para os três ambientes

As análises de variâncias em cada ambiente foram feitas com base no delineamento em blocos casualizados com informação dentro da parcela. Com exceção da característica altura (ALT) no ambiente LU1, para as demais características nos três ambientes, o efeito de progênie foi significativo a 1% de

probabilidade, pelo teste F. A existência de variação estatisticamente significativa entre progênies para uma determinada característica em estudo, indica a existência de variabilidade na população amostrada, o que possibilita ganho com a seleção na geração seguinte (Quadro 5).

A média geral para a característica CAP nos três ambientes variou entre 28,94 a 35,95 cm, a ALT variou de 12,79 a 15,64m e o VOL entre 56,99 a 101,22 m<sup>3</sup>/ha. Isto reflete a diferença de fertilidade entre os ambientes avaliados (Quadro 5).

Os valores de herdabilidade média ( $h^2_m$ ) para os três ambientes variaram entre 0,23 no solo LU1 a 0,71 no solo LA6 para ALT, para CAP a herdabilidade média variou entre 0,48 a 0,71 para os solos LU1 e LA6, respectivamente. Para a característica VOL a variação foi menor, sendo de 0,47 (LU1) a 0,68 (LA6). Percebe-se que os maiores valores foram para o solo arenoso de baixa fertilidade.

Quando se compara as três características o valor mais baixo de herdabilidade para ALT, de um modo geral, está de acordo com a literatura (PIRES, 1996, ALMEIDA, 2000, MURO\_ABAD, 2000), uma vez que existe uma forte competição por luz a partir dos dois anos de idade, quando a floresta de eucalipto inicia o processo de ciclagem de nutrientes, com perda das folhas basais. Esperava-se maiores valores de herdabilidades para o solo de maior fertilidade (LA1), entretanto, essa população mostra maior variabilidade e potencial de seleção, assim como possibilidades de ganho, para o solo menos fértil (LA6), porém, com menores valores de médias para as características analisadas.

Os valores de herdabilidade dentro de famílias são baixos, entre 0,05 a 0,33, mas para testes de progênies de eucalipto tem se observado valores semelhantes, uma vez que as plantas sofrem forte influência do ambiente de forma competitiva. Para populações em estágios mais avançados de melhoramento ou outras culturas florestais isso pode não ocorrer, por exemplo, MAÊDA et al. (2001) observaram valores de herdabilidade dentro de família para *Virola surinamensis*, variando de 0,77 a 0,90.

Os valores dos coeficientes de variação experimental ( $CV_e$ ) para as variáveis CAP e VOL no ambiente LA1 não foram calculados, uma vez que os valores da variância ambiental, entre progênies, foi negativo (Quadro 6). A

fórmula de cálculo do  $CV_e$  considera a raiz quadrada da variância ambiental entre parcelas. Assim, não foi possível estimar os valores da relação  $CV_g/CV_e$ . Entretanto os valores de  $CV_{exp}$ , com base nos valores de média de parcela, não são negativos, uma vez que a raiz quadrada é do QME.

Quadro 5 – Resultado da análise de variância para os dados de circunferência à altura do peito (CAP), altura total (ALT) e volume total (VOL) em famílias de meios irmãos de *E. pellita* avaliadas aos 3 anos de idade em três ambientes na região da Amazônia Brasileira.

<b>Solo LA1</b>				
<b>Fonte de Variação</b>	<b>G.L.</b>	<b>CAP</b>	<b>ALT</b>	<b>VOL</b>
<b>Blocos</b>	5	135,06	21,06	4597,93
<b>Progênes</b>	26	126,08**	24,66**	5304,58**
<b>Entre parcelas</b>	130	62,91	8,28	2043,53
<b>Dentro de parcelas</b>	648	74,97	7,59	2498,88
<b>Média</b>		35,95	15,64	101,22
<b><math>CV_{exp}</math></b>		9,87	8,22	19,97
<b>Solo LU1</b>				
<b>Fonte de Variação</b>	<b>G.L.</b>	<b>CAP</b>	<b>ALT</b>	<b>VOL</b>
<b>Blocos</b>	5	140,30	34,78	6248,33
<b>Progênes</b>	29	154,90**	12,84 <sup>ns</sup>	5392,40**
<b>Entre parcelas</b>	145	79,93	9,85	2854,52
<b>Dentro de parcelas</b>	720	59,97	5,38	2020,45
<b>Média</b>		35,30	15,33	95,21
<b><math>CV_{exp}</math></b>		11,32	9,15	25,09
<b>Solo LA6</b>				
<b>Fonte de Variação</b>	<b>G.L.</b>	<b>CAP</b>	<b>ALT</b>	<b>VOL</b>
<b>Blocos</b>	5	106,38	10,78	1628,99
<b>Progênes</b>	28	238,74**	28,44**	4076,51**
<b>Entre parcelas</b>	140	67,54	8,19	1273,88
<b>Dentro de parcelas</b>	696	63,44	6,08	1129,81
<b>Média</b>		28,94	12,79	56,99
<b><math>CV_{exp}</math></b>		12,69	10,00	28,01

Para os três ambientes e para as características CAP e ALT, os valores de  $CV_e$  foram reduzidos, indicando boa condução dos experimentos em campo. Entretanto, considerando o VOL, os valores de  $CV_e$  podem ser considerados

elevados, uma vez que nos três ambientes ficaram acima de 20% (Quadro 5). Os coeficientes de variação genético entre e dentro ( $CV_g$  e  $CV_{g(d)}$ ) ficaram entre 2,58 a 16,96% e 3,56 a 29,37%, indicando maior variação dentro de famílias de ordem genética, e estando de acordo com resultados da literatura (PIRES, 1996; ALMEIDA, 2000; MURO\_ABAD; 2000).

Para o solo LA1 as razões entre os coeficientes de variação genética e experimental ( $CV_g/CV_e$  e  $CV_{g(d)}/CV_e$ ) só foram possíveis de serem obtidas para a ALT, sendo superiores a 1. Como já relatado em outros trabalhos (MURO\_ABAD, 2000; XAVIER et al., 1996) o componente de variância residual negativo pode indicar a existência de competição dentro de progênies. Neste caso o solo com alta fertilidade como LA1 provoca um crescimento mais pronunciado de plantas oriundas de mudas mais vigorosas ou que foram beneficiadas, de certa forma, pelo ambiente nos estádios iniciais de desenvolvimento, com uma expressão mais pronunciada desta característica, como já foi relatado por SAKAI e MUKAIDE (1966), citados por XAVIER et al. (1993). Outra causa deste tipo de variação é a falha de plantas dentro da parcela, que pode ocasionar elevado crescimento da planta favorecida pela ausência da planta vizinha. Uma maneira de contornar o efeito competitivo dentro de família, é a utilização de um fator de correção para as estimativas das esperanças dos quadrados médios, considerando o coeficiente de correlação intraclasse “ $\rho$ ”, que neste caso afeta as estimativas da variância ambiental entre família ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), mas não as estimativas da variância genética entre família  $\hat{\sigma}_g^2$  (XAVIER et al. 1993).

Quadro 6 – Estimativas dos parâmetros genéticos para os três experimentos analisados: herdabilidade média entre famílias ( $h^2_m$ ), herdabilidade dentro de família ( $h^2_d$ ), coeficiente de variação genético entre parcelas ( $CV_{gen(e)}$ ), coeficiente de variação genético dentro ( $CV_{gen(d)}$ ), razão entre os coeficientes de variação genético entre parcelas e o coeficiente de variação experimental ( $CV_{gen(e)}/CV_{exp}$ ), razão entre os coeficientes de variação genético entre parcelas e o coeficiente de variação experimental ( $CV_{gen(d)}/CV_{exp}$ ), variância genética entre famílias ( $\hat{\sigma}_g^2$ ), variância genética dentro de famílias ( $\hat{\sigma}_{gd}^2$ ), variância fenotípica dentro de famílias ( $\hat{\sigma}_d^2$ ) e variância residual ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), para as características circunferência à altura do peito (CAP), altura total (ALT) e volume total (VOL), em progênies de meios irmãos de *E. pellita* aos 3 anos de idade.

Parâmetros genéticos	Solo LA1			Solo LU1			Solo LA6		
	CAP	ALT	VOL	CAP	ALT	VOL	CAP	ALT	VOL
$h^2_m$ (média Família)	0,501	0,6642	0,6148	0,484	0,2325	0,4706	0,7171	0,7118	0,6875
$h^2_d$ (dentro Família)	0,084	0,2158	0,1305	0,125	0,0555	0,1256	0,2698	0,3328	0,2481
$CV_{gen(e)}$	4,0365	4,7244	10,3002	4,4783	2,0581	9,6599	8,2516	6,4207	16,9601
$CV_{gen(d)}$	6,991	8,1829	17,8405	7,7567	3,5647	16,7314	14,2922	11,121	29,3757
$CV_{gen(e)}/CV_{exp}$	-	1,9922	-	0,7912	0,3335	0,7121	2,6367	1,2639	1,8006
$CV_{gen(d)}/CV_{exp}$	-	3,4506	-	1,3705	,5777	1,2334	4,5669	2,1891	3,1188
$\hat{\sigma}_g^2$	2,1056	0,54617	108,7014	2,498,895	0,099539	84,5961	5,70644	,674801	93,4209
$\hat{\sigma}_{gd}^2$	6,3169	1,63851	326,1044	7,496,686	,298617	253,7885	17,1193	2,0244	280,2629
$\hat{\sigma}_d^2$	74,9694	7,5941	2498,8826	59,979	5,3845	2020,4488	63,4432	6,0838	1129,8105
$\hat{\sigma}_e^2$	-	-	-	3,9915	0,89478	166,8144	0,820819	0,42245	28,8133

Para a população em estudo, os valores de correlação fenotípica ( $r_F$ ) e genotípica ( $r_G$ ) entre as características nos três ambientes foram elevados, sendo  $r_G$  igual a 1,0 para CAP e VOL nos ambiente LA1 e LU1 (Quadro 7). A elevada correlação entre estas características é esperada para espécies florestais de modo geral, como relatado por PIRES (1996), ALMEIDA (2000) entre outros. Elevados valores de correlações são esperados, considerando-se CAP e ALT as características primárias de crescimento com relação direta no volume.

Quadro 7 – Estimativas de correlações fenotípicas ( $r_F$ ) e genotípicas ( $r_G$ ) entre as características CAP, ALT e VOL para famílias de meios irmãos de *E. pellita* aos 3 anos de idade em 3 ambientes na Amazônia Brasileira.

			Solo LA1	
Características			$r_F$	$r_G$
CAP	x	ALT	0,79	0,88
CAP	x	VOL	0,96	1,00
ALT	x	VOL	0,76	0,76
			Solo LU1	
CAP	x	ALT	0,85	0,93
CAP	x	VOL	0,98	1,00
ALT	x	VOL	0,87	0,98
			Solo LA6	
CAP	x	ALT	0,96	0,97
CAP	x	VOL	0,96	0,97
ALT	x	VOL	0,93	0,96

### 3.3. Seleção entre e dentro

Foi predito o ganho por seleção entre famílias com base na média de famílias e entre plantas dentro de cada família selecionada, considerando um percentual de 30% e 20% entre e dentro de famílias. Assim 8 famílias e uma planta de cada família foi selecionada em cada repetição. Nesse caso, como são 6 blocos, 48 plantas são selecionadas no total.

A predição do ganho por seleção entre e dentro foi feita para efeito de comparação com o resultado da seleção combinada e avaliação da eficiência da seleção combinada.



Os ganhos com a seleção entre e dentro de família são apresentados no Quadro 8, para as três características (CAP, ALT e VOL) nos três ambientes. Como constatado anteriormente, os valores de herdabilidade entre e dentro variaram para as três características e para os três ambientes, possibilitando diferentes ganhos percentuais para cada ambiente (Quadro 8). A variação entre ambientes considerando cada característica pode ser considerada elevada. O ambiente arenoso e mais pobre (LA6) foi o que proporcionou maiores ganhos percentuais para as três características. Isso pode ser explicado pela elevada variação entre e dentro das famílias, representada pelos elevados valores de herdabilidades.

O maior ganho percentual foi observado para a característica VOL, que foi de 34,80%. Valores semelhantes são encontrados na literatura como de PIRES (1996) que encontrou valor de ganho para volume de 35,11% e para diâmetro à altura do peito (DAP) e altura comercial de 12,25 e 5,55%, respectivamente.

No Quadro 9 observa-se os valores de ganhos preditos com a seleção convencional e a resposta correlacionada para as outras características. Percebe-se que a seleção com base no VOL proporcionou valores de ganhos preditos maiores que a seleção com base na própria característica. Isto é explicado devido o volume ser uma combinação de CAP e ALT, de modo que as famílias selecionadas pelo volume devem ter valores elevados para ambas as características. A elevada variabilidade da característica VOL e sua alta correlação genética com as demais características indicam que a seleção com base nessa variável será mais eficiente e facilita o trabalho de seleção para o melhorista.

Quadro 8 – Resposta predita com a seleção convencional entre e dentro para as famílias de meios irmãos de *E. pellita*, para as características CAP, ALT, VOL, aos 3 anos de idade em três ambientes na Amazônia Brasileira.

Parâmetros	LA1		
	DAP	ALT	VOL
<b>1) Entre Famílias</b>			
Média Geral	35,949	15,643	101,221
Média das Fam. Sel.	37,943	16,627	114,143
Diferencial de seleção	1,994	0,984	12,922
herdabilidade ( $h^2_m$ )	0,501	0,664	0,615
Resposta a Sel	0,999	0,654	7,944
Resposta a Sel (%)	2,779	4,178	7,848
<b>2) Dentro Família</b>			
Diferencial de seleção	7,675	2,024	60,831
herdabilidade ( $h^2_d$ )	0,084	0,216	0,131
Resposta a Sel.	0,647	0,437	7,939
Resposta a Sel. (%)	1,799	2,792	7,843
<b>Resposta Total à Sel</b>	<b>1,646</b>	<b>1,090</b>	<b>15,883</b>
<b>Resposta Total à Sel (%)</b>	<b>4,578</b>	<b>6,970</b>	<b>15,692</b>
<b>1) Entre Famílias</b>			
<b>LU1</b>			
Média Geral	35,299	15,330	95,214
Média das Fam. Sel.	37,934	16,090	109,956
Diferencial de seleção	2,635	0,760	14,742
herdabilidade ( $h^2_m$ )	0,484	0,232	0,471
Resposta a Sel	1,275	0,177	6,939
Resposta a Sel (%)	3,613	1,153	7,288
<b>2) Dentro Família</b>			
Diferencial de seleção	7,764	1,714	56,190
herdabilidade ( $h^2_d$ )	0,125	0,055	0,126
Resposta a Sel.	0,970	0,095	7,058
Resposta a Sel. (%)	2,749	0,620	7,413
<b>Resposta Total à Sel</b>	<b>2,246</b>	<b>0,272</b>	<b>13,997</b>
<b>Resposta Total à Sel (%)</b>	<b>6,362</b>	<b>1,773</b>	<b>14,700</b>
<b>1) Entre Famílias</b>			
<b>LA6</b>			
Média Geral	28,950	12,794	56,989
Média das Fam. Sel.	32,066	13,800	70,216
Diferencial de seleção	3,116	1,006	13,227
herdabilidade ( $h^2_m$ )	0,717	0,712	0,688
Resposta a Sel	2,234	0,716	9,094
Resposta a Sel (%)	7,719	5,600	15,957
<b>2) Dentro Família</b>			
Diferencial de seleção	7,186	1,9308	43,310
herdabilidade ( $h^2_d$ )	0,270	0,3328	0,248
Resposta a Sel.	1,939	0,6425	10,744
Resposta a Sel. (%)	6,698	5,0218	18,852
<b>Resposta Total à Sel</b>	<b>4,174</b>	<b>1,3589</b>	<b>19,838</b>
<b>Resposta Total à Sel (%)</b>	<b>14,417</b>	<b>10,6217</b>	<b>34,810</b>

Quadro 9 – Resposta correlacionada em ganho percentual (GS%) para as características selecionadas CAP, ALT e VOL, para as famílias de meios irmãos de *E. pellita* aos 3 anos de idade em três ambientes na Amazônia Brasileira.

		Solo LA1		
Seleção	CAP	ALT	VOL	
CAP	<b>4,578*</b>	4,551	11,779	
ALT	5,058	<b>6,970*</b>	11,607	
VOL	6,200	5,497	<b>15,692*</b>	
		Solo LU1		
Seleção	CAP	ALT	VOL	
CAP	<b>6,362*</b>	2,732	13,917	
ALT	3,605	<b>1,773*</b>	8,151	
VOL	7,127	3,163	<b>14,700</b>	
		Solo LA6		
Seleção	CAP	ALT	VOL	
CAP	<b>14,416*</b>	10,926	28,843	
ALT	13,296	<b>10,621*</b>	27,000	
VOL	16,484	12,681	<b>34,810*</b>	

\* Valor predito para seleção com base na própria característica.

### 3.4. Seleção combinada univariada

Os valores genéticos preditos pelo Índice combinado são apresentados no Quadro 1 – ANEXO.

As estimativas das variâncias e covariâncias dos parâmetros associados ao índice ( $G_{ijk}$ ), são apresentadas no Quadro 10, para as três características, nos três diferentes ambientes. Os maiores valores de variância foram encontrados no ambiente A, para as três características para  $Z_1$ . A variância de  $Z_1$  e  $Z_2$  expressam a variação dos valores dos desvios da média da planta em relação à média da parcela e da média da família em relação a média geral, respectivamente. Neste caso, é de se esperar maiores valores de variância atribuídos à primeira parte da expressão do índice.

A variância de  $Z_1$  depende exclusivamente de  $\hat{\sigma}_g^2$  que foi maior para o solo argiloso (LA1). Para  $Z_2$  os maiores valores encontrados foram no ambiente LA6. Pela análise de variância, os maiores valores de estimativas de variâncias genéticas entre e dentro ( $\hat{\sigma}_g^2$  e  $\hat{\sigma}_{gd}^2$ ) foram encontrados para o solo LA6.

De maneira geral, maiores variações foram observadas dentro de família de ordem não genética para o ambiente argiloso (LA1) e maiores de ordem genética para o solo arenoso (LA6)

Quadro 10 – Estimativas dos parâmetros associados às expressões dos coeficientes de ponderação do índice de seleção combinada: variância dos desvios do valor fenotípico da planta com a média da parcela ( $V(Z_1)$ ) e média de família com a média geral da população ( $V(Z_2)$ ), covariância entre o valor genético  $g$  e os desvios  $Z_1$  e  $Z_2$  ( $Cov(Z_1,g)$  e  $Cov(Z_2,g)$ ), para famílias de meios irmãos de *E. pellita* aos 3 anos de idade em três ambientes na Amazônia Brasileira.

Parâmetros	Solo LA1		
	CAP	ALT	VOL
Variância - $V(Z_1)$	59,975	6,075	1999,106
Variância - $V(Z_2)$	4,047	0,792	170,270
Covariância - $Cov(Z_1,g)$	5,053	1,311	260,883
Covariância - $Cov(Z_2,g)$	2,230	0,578	115,143
Solo LU1			
Variância - $V(Z_1)$	47,983	4,308	1616,359
Variância - $V(Z_2)$	4,991	0,4139	173,755
Covariância - $Cov(Z_1,g)$	5,997	0,239	203,031
Covariância - $Cov(Z_2,g)$	2,657	0,106	89,9539
Solo LA6			
Variância - $V(Z_1) =$	50,755	4,867	903,848
Variância - $V(Z_2) =$	7,684	0,915	131,198
Covariância - $Cov(Z_1,g) =$	13,695	1,619	224,210
Covariância - $Cov(Z_2,g) =$	6,061	0,717	99,220

Assim como para os valores de variância e covariância entre os desvios e o valor genotípico, os valores de variância do índice ( $\hat{\sigma}_I^2$ ) foram maiores para o solo arenoso LA6. Este tipo de comportamento, quando comparando-se valores de variância entre os diferentes ambientes e considerando os valores de herdabilidade em nível de média de família e dentro de família, expressa claramente a possibilidade de maiores ganhos com uma pressão de seleção maior dentro de família, como já observado pela seleção convencional.

Quadro 11 – Estimativas das variâncias do índice ( $\hat{\sigma}_1^2$ ), genética total ( $\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_{gd}^2$ ), coeficientes  $\hat{b}_1$  e  $\hat{b}_2$  e razão ( $\hat{b}_1/\hat{b}_2$ ), para as característica CAP, ALT e VOL, para famílias de meios irmãos de *E. pellita* aos 3 anos de idade em três ambientes na Amazônia Brasileira.

Parâmetros	Solo LA1		
	CAP	ALT	VOL
Variância do Índice - b'Pb =	1,65	0,70	111,91
Variância Genética Total =	8,42	2,18	434,81
Correlação entre Agregado e o Índice =	0,44	0,57	0,51
COEFICIENTE $b_1$	0,08	0,22	0,13
COEFICIENTE $b_2$	0,55	0,73	0,68
$\hat{b}_1/\hat{b}_2$	<b>6,54</b>	<b>3,39</b>	<b>5,18</b>
Solo LU1			
Variância do Índice - b'Pb =	2,16	0,04	72,07
Variância Genética Total =	9,99	0,40	338,38
Correlação entre Agregado e o Índice =	0,46	0,32	0,46
COEFICIENTE $b_1$	0,12	0,06	0,12
COEFICIENTE $b_2$	0,53	0,26	0,52
$\hat{b}_1/\hat{b}_2$	<b>4,26</b>	<b>4,61</b>	<b>4,12</b>
Solo LA6			
Variância do Índice - b'Pb =	8,48	1,10	130,65
Variância Genética Total =	22,83	2,70	373,68
Correlação entre Agregado e o Índice =	0,61	0,64	0,59
COEFICIENTE $b_1$	0,27	0,33	0,25
COEFICIENTE $b_2$	0,79	0,78	0,76
$\hat{b}_1/\hat{b}_2$	<b>2,92</b>	<b>2,35</b>	<b>3,05</b>

PIRES (1996) e BUENO FILHO (1992) comparam a pressão efetuada dentro de família pela razão entre os coeficientes de regressão obtido por  $\hat{q}_i = \hat{b}_1/\hat{b}_2$ , onde a medida que aumenta a herdabilidade dentro ( $h_d^2$ ) aumenta o peso a ser dado ao indivíduo em relação ao da família a que pertence. Para estes casos, um índice alternativo proposto por PIRES (1996), tem melhores resultados que o original uma vez que na primeira parte da equação, considera-se os desvios dos valores fenotípicos em relação a média de bloco

( $Z_1 = Y_{ijk} - \bar{Y}_{.j}$ ), assim menores pesos são dados à parcela, e assume-se que os valores de média de bloco são mais confiáveis uma vez que variam menos, e que os valores da parcela são fortemente influenciados pelo ambiente como ressaltado por WHITE e HODGE (1989).

Para os ambientes argilosos (LA1 e LU1) maiores pesos são dados à família, uma vez que os valores para os regressores do segundo termo da equação forma de 3,38 a 6,54 vezes maiores que os valores para os regressores do primeiro termo da equação (peso dado ao indivíduo), para CAP, ALT e VOL nesses dois ambientes. Para o solo arenoso os pesos dados à família são menores que os dados para os outros dois tipos de solo, apesar de serem ainda maiores que os dados para o indivíduo, variando de 2,35 a 3,05.

Os resultados para a resposta à seleção combinada para as três características e três ambientes são apresentados no Quadro 12, podendo ser verificados ganhos positivos para todas as características. Considerando que as intensidades de seleção foram as mesmas aplicadas para a seleção convencional entre e dentro, foi então calculada a eficiência da seleção combinada considerando esta seleção como referência (Quadro 12). Como era de se esperar, de acordo com os valores de variância e herdabilidades, os maiores ganhos percentuais foram para o solo arenoso LA6, para as três características.

Os valores da eficiência da seleção combinada para as três características e nos três ambientes ficaram sempre acima de um (1), evidenciando a superioridade do método sobre a seleção convencional. Outro parâmetro de confiabilidade é a correlação entre o índice e o agregado genotípico, que neste caso ficou muito próximo de 0,50, variando entre 0,31 e 0,63. Novamente os maiores valores de correlação entre o índice e agregado genotípico foram para o solo arenoso LA6 (Quadro 11).

Apesar da alta variabilidade e maior possibilidade de ganho no solo arenoso LA6, a coincidência entre os selecionados para os três ambientes é de 50% entre o ambiente LA1 e LU1 e de 25% entre os ambientes LA1 e LA6, e LU1 e LA6; além disso, quanto ao ranqueamento das famílias, a coincidência para os ranqueados é de 12,5% entre os ambientes LA1 e LU1 e 0% entre os a

ambientes LA1 e LA6, e LU1 e LA6; assim, optou-se pela seleção em cada ambiente, para maximizar o ganho por ambiente.

Outro aspecto é que apesar do ganho percentual maior no solo LA6, o valor de média dos selecionados é maior para os ambientes LA1 e LU1 (melhores ambientes).

Quadro 12 – Estimativas das respostas esperadas à seleção combinada e eficiência do índice em relação à seleção entre e dentro para as características CAP, ALT e VOL para famílias de meios irmãos aos 3 anos de idade em três ambientes na Amazônia Brasileira.

	<b>Solo La1</b>		
	<b>CAP</b>	<b>ALT</b>	<b>VOL</b>
GANHO DE SELEÇÃO	2,290	1,335	21,662
GANHO DE SELEÇÃO (%)	6,369	8,532	21,400
EFICIÊNCIA SEL. COMBINADA/ SEL. ENTRE e DENTRO	1,391	1,224	1,364
	<b>Solo LU1</b>		
GANHO DE SELEÇÃO	2,811	0,348	17,7279
GANHO DE SELEÇÃO (%)	7,964	2,271	18,6189
EFICIÊNCIA SEL. COMBINADA/ SEL. ENTRE e DENTRO	1,291	1,310	1,2666
	<b>Solo LA6</b>		
GANHO DE SELEÇÃO	5,541	1,846	25,745
GANHO DE SELEÇÃO (%)	19,141	14,430	45,176
EFICIÊNCIA SEL. COMBINADA/ SEL. ENTRE e DENTRO	1,297	1,310	1,298

#### 4. CONCLUSÕES

Com base nas análises realizadas evidenciaram-se os seguintes resultados:

- Para todas as características analisadas, nos três ambientes conhecidos, existe variabilidade genética tanto entre famílias como dentro de famílias, sendo possível a seleção entre e dentro de famílias e obtenção de ganho com a seleção.

- Apesar da diferença entre os três ambientes ser significativa, a interação genótipo ambiente não foi significativa, para as três características.

- Foi feita a seleção em cada ambiente, uma vez que se objetiva a maximização do ganho em cada unidade de manejo para o programa de melhoramento. O *E. pellita* é uma espécie a ser usada para introgressão de resistência a manchas foliares; assim o interesse é em genótipos com melhor desempenho para cada ambiente e melhores combinações entre os genótipos de cada ambiente e das outras espécies (*E. grandis* e *E. urophylla*) de cada ambiente.

- A seleção com base no Índice Combinado foi superior à seleção convencional entre e dentro, para as três características e nos três ambientes, onde maiores ganhos percentuais foram obtidos no solo arenoso LA6, sendo uma estratégia eficiente para a seleção de genótipos em programas de melhoramento de *Eucalyptus* ssp. possibilitando ganhos elevados pela ponderação do valor genético de cada indivíduo e de seus aparentados.



## 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALLARD, R.W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**, São Paulo: Edgar Blücher, 1971. 381 p.
- ALMEIDA, A.E.A., PIRES, I.E., MURO\_ABAD, J.I. Diversidade Genética em população de *Eucalyptus*. In.: Anais do Simpósio Internacional sobre Florestas – FOREST 2000. Porto Seguro – Ba. **Anais...**, Porto Seguro, Ba, p. 11, 2000.
- BUENO\_FILHO, J.S. de S. **Seleção combinada versus seleção seqüencial no melhoramento de populações florestais**. Dissertação (Mestrado em Ciência Florestal). Piracicaba: ESALQ - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1992. 96p.
- CRUZ, C.D. **Programa GENES - aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa, MG: UFV, 2001. 542 p.
- CRUZ, C.D., REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 1994. 390p.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Trad. M.A. SILVA e J.C. SILVA. 2 ed. Viçosa, MG, UFV. 1987. 279 p.
- FINS, L., FRIEDMAN, S.T., BROTSCHOL, J.V. **Quantitative Forest Genetics**. London: Kluwel Academic Publishers, 1992. 403p.
- MAÊDA, J.M., PIRES, I.E., BORGES, R.C.G., CRUZ, C.D. Critérios de seleção uni e multivariados no melhoramento genético da *Virola surinamensis* Warb. **Floresta e ambiente**, v.8, n.1, p.61-69, 2001.
- MORAIS, M.L.T. **Varição genética da densidade básica da madeira em progênies de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden e suas interações em as características de crescimento**. Dissertação (Mestrado em Ciência Florestal). Piracicaba: ESALQ - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1987. 115p.
- MURO\_ABAD, J.I. **Método de melhoramento, assistido por marcadores moleculares, visando a obtenção de híbridos de *Eucalyptus* spp.** Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) Viçosa, MG, Universidade Federal de Viçosa. 2000. 74p.
- NAMKOONG, G. **Introduction to quantitative genetics in forestry**. In: WashS,B.T. **Tropical trees: variation, breeding and conservation**. London: Academic Press, 1979. 243p.
- PIRES, I.E. **Eficiência da seleção combinada no melhoramento genético do *Eucalyptus* spp.** Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento), Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa. 1996. 116p.

- SEARLE, S.R., CASELLA, G., McCULLOCH, C.E. **Variance Components**. John Willey & Sons Inc. New York. 1992. 501 p.
- VENCOVSKY, R., BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 406p.
- WHITE, T.L., HODGE, G.R. **Predicting breeding values with application in forest tree improvement**. London: Kluwer Academic publishers, 1989. 367p.
- WRIGHT, J. **Mejoramiento genético de los árboles florestales**. Roma: FAO, 1984. 436p.
- XAVIER, A. **Aplicação da análise multivariada da divergência genética no melhoramento de *Eucalyptus* spp.** Dissertação (Doutorado em Ciência Florestal) Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1996. 126p.
- XAVIER, A., CRUZ, C.D., BOERGES, R.C.G., PIRES, I.E. Influência da correlação intraclasse nas estimativas da variância fenotípica dentro de famílias e da variância ambiental. **Revista Árvore**, v.17, n.1, p.91-99, 1993.
- ZOBEL, B. TALBERT, J. **Applied forest tree improvement**. New York: John Wiley & Sons, 1984. 505p.

## CAPÍTULO III

# OBTENÇÃO DA MELHOR PREDIÇÃO LINEAR NÃO VIESADA (BLUP) E ESTIMAÇÃO DOS COMPONENTES DE VARIÂNCIA VIA MÁXIMA VEROSSIMILHANÇA RESTRITA (REML) EM TESTE DE PROGÊNIES DE *Eucalyptus* spp. EM TRÊS AMBIENTES NA REGIÃO DA AMAZÔNIA BRASILEIRA

## 1. INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento florestal para espécies de *Eucalyptus* têm sido conduzidos de maneira a dar prioridade ao genótipo e seu desempenho isolado, uma vez que a facilidade de propagação vegetativa de materiais dessas espécies facilita o aproveitamento de todo o valor genotípico, incluindo então os desvios devido à dominância. A obtenção de materiais genéticos superiores dependem de combinações paternas que possibilitem o aumento da frequência de alelos favoráveis ou por heterose manifestada a partir da combinação de alelos diferentes (CRUZ e REGAZZI 1994).

Considerando o clone como produto comercial do programa de melhoramento, os métodos que permitem estimar com maior precisão o valor genético de materiais híbridos e dos pais envolvidos na obtenção desse material desempenham papel fundamental (RESENDE e FERNANDES, 1999). A utilização de modelos mistos para espécies perenes como café (RESENDE et al. 2001) e principalmente eucalipto (RESENDE e BERTOLUCCI, 1995, RESENDE e FERNANDES 1999) para se obter os estimadores (BLUE) e preditores (BLUP) dos valores genéticos, em substituição aos modelos de análise de variância, tem se destacado principalmente devido à possibilidade de avaliação de experimentos desbalanceados das mais diversas formas. A estimação do BLUE e a predição do BLUP considerando em separado os efeitos fixos e aleatórios aproveita ainda a relação de parentesco entre os genótipos analisados para predição do valor genético, utilizando uma matriz de parentesco “A” (DUARTE e VENKOVSKY, 2001).

A predição do BLUP presume o conhecimento dos verdadeiros valores dos componentes de variância; entretanto, como isso não é possível, na solução via Equações de Modelos Mistos têm sido utilizadas as estimativas destes componentes. Neste caso, dentre os principais procedimentos para estimação dos componentes de variância, destaca-se o de Máxima Verossimilhança Restrita (REML), proposto por PATTERSON e THOMPSON (1971), descrito em LOPES et al. (1998).

Um aspecto importante nos programas de melhoramento é a implantação dos testes experimentais de campo em vários ambientes, uma vez que o valor fenotípico pode ser fortemente afetado pelo ambiente e ainda pela interação genótipo x ambiente. Neste sentido, os métodos de seleção necessitam de preditores dos valores genéticos para cada genótipo nos vários ambientes analisados. RESENDE et al. (1999) utilizaram o modelo multivariado para predição dos valores genéticos via BLUP, em presença da interação genótipo x ambiente. Neste modelo foram preditos os valores genéticos em cada ambiente, sendo feita a seleção por ambiente analisado.

Este trabalho teve por objetivo analisar um teste de progênie de meios irmãos de *E. pellita* instalado em três unidades de solos na região da Amazônia Brasileira, utilizando modelos mistos para obtenção do BLUP e procedimento REML para obtenção dos componentes de variância, sendo os resultados da seleção comparado com a seleção combinada.

## **2. MATERIAL E MÉTODOS**

### **2.1. Material genético**

Foram analisadas famílias de meios irmãos de *Eucalyptus pellita* em testes de progênie, implantado na região do Jarí em Monte Dourado – Pará, aos 37 meses de idade. O experimento foi instalado em três ambientes: LA1 – latossolo amarelo álico, textura muito argilosa, relevo plano considerando 27 progênie; LU1 – Latossolo Una álico epidistrófico, A moderado, textura muito argilosa, relevo plano considerando 30 progênie; e LA6 – Latossolo amarelo

álico, A moderado, textura média arenosa + areia quartzosa álica, ambos relevo suave e ondulado, considerando 29 progênies. O espaçamento utilizado foi o de 3 x 3 m.

Para a avaliação conjunta dos experimentos, foram consideradas apenas 26 famílias testadas que eram comuns aos três ambientes.

## 2.2. Caracteres avaliados

As características mensuradas em campo foram: altura total (ALT), circunferência à altura do peito (CAP) e volume por hectare (VOL). A característica VOL foi obtida segundo a expressão:

- Para o solo LU1:

$$VOL(m^3) = \exp(-10,822849 + 1,95191\text{Ln}(DAP) + 1,212693\text{Ln}(ALT))$$

- Para o solo LA1:

$$VOL(m^3) = \exp(-11,346261 + 1,893271\text{Ln}(DAP) + 1,43383\text{Ln}(ALT))$$

- Para o solo LA6:

$$VOL(m^3) = \exp(-10,866373 + 1,910444\text{Ln}(DAP) + 1,298395\text{Ln}(ALT))$$

Estas expressões foram obtidas a partir de informações de cubagens rigorosas em plantios de sementes e foram utilizadas para estimação do volume individual, de modo que o volume por hectare foi obtido pelo produto do volume individual pelo número de plantas em um hectare:

$$VOL(m^3/ha) = VOL(m^3) \times 1111(\text{plantas})$$

Os testes de progênies foram dispostos no delineamento em blocos ao acaso com 6 blocos e 5 plantas por parcela.

## 2.2. O Modelo estatístico

Foi considerado o seguinte modelo estatístico associado à avaliação de p progênies em l ambientes em b blocos com n plantas por parcela, no delineamento em blocos ao acaso para a avaliação conjunta dos experimentos em três tipos de solo:

$$y_{ijkl} = \mu + g_i + a_l + ga_{il} + b_{jl} + \varepsilon_{ijl} + d_{ijkl}$$

em que:

$y_{ijkl}$  = observação na planta k da progênie i, no ambiente j, no k-ésimo bloco.

$\mu$  = média geral, de efeito fixo,  $E(\mu) = \mu$  e  $E(\mu^2) = \mu^2$ ;

$g_i$  = efeito aleatório da progênie "i",  $E(g_i) = 0$  e  $E(g_i^2) = \sigma_g^2$ ;

$a_l$  = efeito fixo do local l,  $E(a_l) = a_l$  e  $E(a_l^2) = \phi_l^2$

$ga_{il}$  = efeito aleatório da interação da progênie i com o local l.  $E(ga_{il}) = 0$  e  $E(ga_{il}^2) = \sigma_{ga}^2$ ;

$b_{jl}$  é o efeito fixo do bloco ou repetição j dentro do local l,  $E(b_{jl}) = b_{jl}$  e  $E(b_{jl}^2) = r_b^2$ ;

$\varepsilon_{ijl}$  é o efeito aleatório da parcela ij dentro do local l,  $E(\varepsilon_{ijl}) = 0$  e  $E(\varepsilon_{ijl}^2) = \sigma_e^2$ ;

$d_{ijkl}$  é o efeito aleatório do indivíduo k da progênie i, no bloco j do local l,  $E(d_{ijkl}) = 0$  e  $E(d_{ijkl}^2) = \sigma_d^2$ .

Os componentes de variância tem os seguintes significados:

$\sigma_g^2$  variância genética entre progênies;

$\sigma_{ga}^2$  variância da interação progênies x locais;

$\sigma_e^2$  variância entre parcelas;

$\sigma_d^2$  variância residual dentro de parcelas.

### 2.3. O modelo linear misto

O modelo estatístico matricial para análise de dados de experimentos em vários ambientes segundo Resende et al. (1999) é:

$$y = Xb + Za + Wc + Sf + \varepsilon$$

em que:

$\mathbf{y}$  = vetor de dados;

$\mathbf{X}$  = matriz de incidência de efeitos fixos (blocos através dos locais);

$\mathbf{b}$  = vetor dos estimadores para os efeitos fixos de blocos;

$\mathbf{Z}$  = matriz de incidência para os efeitos aleatórios de valores genéticos aditivos;

$\mathbf{a}$  = vetor dos valores genéticos considerados efeitos aleatórios;

$\mathbf{W}$  = matriz de incidência para os efeitos de parcelas;

$\mathbf{C}$  = vetor dos efeitos de parcela.

$\mathbf{S}$  = matriz de incidência para os efeitos de interação genótipo x ambiente;

$\mathbf{f}$  = vetor dos efeitos de interação genótipo x ambiente.

$\varepsilon$  = vetor de erros aleatórios.

Para as análises em cada ambiente separado foram utilizados os modelos:

$$\mathbf{y}_1 = \mathbf{X}_1\mathbf{b}_1 + \mathbf{Z}_1\mathbf{a}_1 + \mathbf{W}_1\mathbf{c}_1 + \varepsilon_1$$

$$\mathbf{y}_2 = \mathbf{X}_2\mathbf{b}_2 + \mathbf{Z}_2\mathbf{a}_2 + \mathbf{W}_2\mathbf{c}_2 + \varepsilon_2$$

...

$$\mathbf{y}_l = \mathbf{X}_l\mathbf{b}_l + \mathbf{Z}_l\mathbf{a}_l + \mathbf{W}_l\mathbf{c}_l + \varepsilon_l$$

#### 2.4. As Equações de Modelos Mistos:

A partir do modelo matricial linear misto tem-se as Equações de Modelos Mistos como base para obtenção das estimativas e das predições dos efeitos fixos e aleatórios, respectivamente (RESENDE, 2000).

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{Z} & \mathbf{X}'\mathbf{W} & \mathbf{X}'\mathbf{S} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{Z} + \mathbf{A}^{-1}\lambda_1 & \mathbf{Z}'\mathbf{W} & \mathbf{Z}'\mathbf{S} \\ \mathbf{W}'\mathbf{X} & \mathbf{W}'\mathbf{Z} & \mathbf{W}'\mathbf{W} + \mathbf{I}\lambda_2 & \mathbf{W}'\mathbf{S} \\ \mathbf{S}'\mathbf{X} & \mathbf{S}'\mathbf{Z} & \mathbf{S}'\mathbf{W} & \mathbf{S}'\mathbf{S} + \mathbf{I}\lambda_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\mathbf{b}} \\ \hat{\mathbf{a}} \\ \hat{\mathbf{c}} \\ \hat{\mathbf{f}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{y} \\ \mathbf{W}'\mathbf{y} \\ \mathbf{S}'\mathbf{y} \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{1-h^2-c^2-f^2}{h^2} = \frac{\sigma_d^2}{\sigma_A^2}; \quad \lambda_2 = \frac{1-h^2-c^2-f^2}{c^2} = \frac{\sigma_d^2}{\sigma_e^2};$$

$$\lambda_3 = \frac{1-h^2-c^2-f^2}{f^2} = \frac{\sigma_d^2}{\sigma_{ga}^2}$$

$h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_A^2 + \sigma_e^2 + \sigma_{ga}^2 + \sigma_d^2}$  : herdabilidade individual no sentido restrito no bloco em um dado local.

$f^2 = \frac{\sigma_{ga}^2}{\sigma_A^2 + \sigma_e^2 + \sigma_{ga}^2 + \sigma_d^2}$  : coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente.

$c^2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_A^2 + \sigma_e^2 + \sigma_{ga}^2 + \sigma_d^2}$  : correlação devida ao ambiente comum da parcela.

## 2.5. Estimação dos Componentes de Variância e outros parâmetros genéticos

No Melhor Preditor Linear Não-viesado pressupõe-se serem conhecidas as variâncias e covariâncias dos efeitos aleatórios, entretanto, quando estas não são conhecidas, os componentes a elas associados podem ser estimadas empregando-se a metodologia de Máxima Verossimilhança Restrita (REML) (PATTERSON e THOMPSON, 1971) e utilizados para obtenção de preditores dos efeitos aleatórios e estimadores dos efeitos fixos.

Os estimadores iterativos dos componentes de variância por REML via algoritmo EM pelo software SELEGEN-REML/BLUP (REZENDE<sup>3</sup>, 2002) são:

$$\hat{\sigma}_d^2 = [y'y - \hat{b}' X'y - \hat{a}' Z'y - \hat{c}' W'y - \hat{f}' S'y] / [N - r(x)]$$

$$\hat{\sigma}_A^2 = [\hat{a}' A^{-1} \hat{a} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr} (A^{-1} C^{22})] / q$$

$$\hat{\sigma}_e^2 = [\hat{c}' \hat{c} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr} C^{33}] / n$$

$$\hat{\sigma}_{ga}^2 = [\hat{f}' \hat{f} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr} C^{44}] / g, \text{ em que:}$$

tr : operador traço matricial.

<sup>3</sup> SELEGEN – Software para obtenção do Melhor Preditor Linear Não Viesado -EMBRAPA



$r(x)$  : posto da matriz X.

N, q, n e g : número total de dados, número de indivíduos, número de parcelas e número de níveis no efeito da interação genótipo x ambiente, respectivamente.

$$\sigma_g^2 = \frac{1}{4} \sigma_A^2$$

$C^{22}$ ,  $C^{33}$  e  $C^{44}$  advêm de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} & C_{14} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} & C_{24} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} & C_{34} \\ C_{41} & C_{42} & C_{43} & C_{44} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} & C^{14} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} & C^{24} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} & C^{34} \\ C^{41} & C^{42} & C^{43} & C^{44} \end{bmatrix}$$

A correlação genética através dos locais é dada por:

$$\rho = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_A^2 + 4 * \hat{\sigma}_{ga}} = \text{Correlação genética aditiva entre o desempenho}$$

dos indivíduos de um local para outro.

## 2.6. Tamanho efetivo populacional

Foi utilizada a fórmula conforme descrito por RESENDE e BERTOLUCCI (1995), em que:

$$N_e = \frac{4N_f \bar{k}_f}{\bar{k}_f + 3 + (\sigma_{k_f}^2 / \bar{k}_f)}$$

$\bar{k}_f$  = número médio de indivíduos selecionados por família.

$\sigma_{k_f}^2$  = variância do número de indivíduos selecionados por família.

$N_f$  = número de famílias selecionadas

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.1. Interação genótipo ambiente

Considerando a análise dos três ambientes no modelo completo obteve-se as estimativas da variância genética ( $\hat{\sigma}_g^2$ ), variância da interação genótipo ambiente ( $\hat{\sigma}_{ga}^2$ ), variância ambiental ( $\hat{\sigma}_a^2$ ), variância residual ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), herdabilidade ( $h^2_{(média)}$ ), correlação intraclasses ( $\rho$ ), coeficiente de variação genotípico ( $CV_g$ ) e a razão entre o coeficiente de variação genotípico e o experimental, conforme o Quadro 1.

Os valores para a  $\hat{\sigma}_g^2$  tiveram pouca variação, para os três ambientes (LA1, LU1 e LA6), sendo os valores sempre maiores para as estimativas baseada na máxima verossimilhança restrita (REML). Os valores da interação  $\hat{\sigma}_{ga}^2$  também tiveram baixa variação considerando os dois modelos. As variações estão associadas ao uso da informação dentro de parcela, aliado ao desbalanceamento para as estimativas obtidas pelo método REML, neste caso específico, as estimativas pela E(QM) foram superiores, e ainda em maior magnitude para a variável CAP.

O componente de variância associado ao resíduo ( $\hat{\sigma}_e^2$ ) variou muito para as duas metodologias, sendo os valores para o método REML muito maiores que as estimativas obtidas pela E(QM). Entretanto  $\hat{\sigma}_e^2$  e  $\rho$  foram semelhantes quando feitas as devidas correções para o número de plantas (Quadro 1 - \*\* Valores corrigidos). Esse tipo de comportamento pode ser explicado pelo desbalanceamento e no uso da informação dentro da parcela o que afeta também os valores de herdabilidades ao nível de médias ( $h^2_m$ ), onde os valores baseados nas estimativas de componentes de variância pelo método REML foram em geral superiores aos obtidos pela E(QM). Um modelo de ANOVA fatorial considerando a informação dentro de parcelas pode ser testado, gerando estimativas de componentes de variância mais precisos e semelhantes aos observados para o método REML.

Quadro 1 - Estimativas dos parâmetros genéticos e ambientais de experimento estabelecido em três ambientes: variância genética entre progênes ( $\hat{\sigma}_g^2$ ), variância da interação genótipo ambiente ( $\hat{\sigma}_{ga}^2$ ), variância ambiental ( $\hat{\sigma}_a^2$ ), variância residual ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), herdabilidade ( $h^2_{(média)}$ ), correlação intraclasse ( $\rho$ ), coeficiente de variação genotípico ( $CV_{gen}$ ) e a razão entre o coeficiente de variação genotípico e o experimental, para as características CAP, ALT e VOL, avaliadas em progênes de meios irmãos de *E. pellita* aos 3 anos de idade.

Estimativas de parâmetros genéticos e ambientais	ALT		CAP		VOL	
	REML	E(QM)	REML	E(QM)	REML	E(QM)
$\hat{\sigma}_g^2$	0,441	0,310*	3,292	2,709*	89,311	76,321*
$\hat{\sigma}_{ga}^2$	0,063	0,087*	0,153	0,414*	5,464	7,550*
$\hat{\sigma}_a^2$	0,146	0,024*	0,324	0,121*	9,848	4,717*
$\hat{\sigma}_e^2$		1,741*		13,942*		406,685*
	7,267	8,705**	73,420	69,71**	2086,694	2033,425**
$h^2$ (média)	0,891	77,811	0,903	78,615	0,896	75,244
		16,305*		16,959*		15,558*
$\rho$	0,057	0,0372**	0,043	0,039**	0,041	0,036**
$CV_{gen}^{(1)}$	4,558	3,9786	5,450	5,0346	11,241	10,293
$CV_{gen}/CV_{exp}^{(1)}$	0,246	0,441	0,212	0,452	0,207	0,433

\* Valores como obtidos pela ANOVA. \*\* Valores corrigidos para o número de plantas ( $n = 5$ ). <sup>(1)</sup> os valores são obtidos conforme descrito por CRUZ 2001.

A tendência de as estimativas para componentes associados a efeitos genéticos serem menores e efeitos de ambientes serem maiores por E(QM) que pelo método REML também foram observados por FARIAS\_NETO e RESENDE (2001) analisando uma população de pupunheira (*Bactris gasipaes*) quanto aos componentes de variância e predição de valores genéticos por REML/BLUP e comparando com as estimativas por E(QM). Entretanto, estes autores encontraram valores mais divergentes entre as duas metodologias para pupunheira que neste trabalho para *E. pellita*.

A interação genótipo ambiente pode ser testada pelo teste da Razão de Verossimilhança (LRT), do modelo completo e o modelo reduzido. Entretanto, uma maneira simples e não paramétrica de avaliação da interação genótipo

ambiente é a análise de coincidência para os valores genotípicos das variáveis considerando os três ambientes. Esta análise parece ser simplista, mas se baseia no mesmo princípio para detecção da interação, considerando o desempenho dos genótipos nos ambientes dois a dois. Quanto maior a diferença no desempenho entre os genótipos para os diferentes ambientes menores os valores de coincidência. Neste caso, a análise de coincidência indica uma baixa interação quando os valores de coincidência são elevados e uma alta interação quando os valores de coincidências diminuem.

A análise foi feita utilizando-se o programa GENES e pode ser observada no Quadro 2.

Para as três características, considerando os três tipos de solos, os valores de coincidência superiores e inferiores ficaram sempre acima de 60%, indicando, de um modo geral, um baixo efeito de interação genótipo ambiente para as famílias amostradas. A análise de variância para os três ambientes, considerando os valores de média para bloco, também não revelou interação significativa para as três variáveis pelo teste F em nível de 5% de probabilidade.

O maior valor de coincidência foi obtido entre os ambientes A e B e para a variável VOL, de 84,62% (superiores) e os menores entre os ambientes LA1 e LA6; e LU1 e LA6 (superiores e inferiores) também para VOL.

MATHESON e RAYMOND (1986), citados por PALUDZYSZYN\_FILHO et al. (2001), não consideram a significância estatística da interação genótipo ambiente como um fator de importância prática. Para esta população de *E. pellita*, a não significância da interação genótipo ambiente indica tendência das famílias, mas o progresso genético potencial de cada ambiente deve ser considerado, uma vez que a seleção de genótipos com desempenho mediano para os valores genéticos aditivos para os três tipos de solo implicam em baixo progresso genético. Uma maneira de se contornar esse tipo de problema é adotar estratégias que maximizem a recombinação de genótipos para cada ambiente e possibilite o intercâmbio do pool gênico entre as três populações.

Quadro 2 - Análise de coincidência inferior e superior entre os valores genotípicos para as variáveis CAP, ALT e VOL, para os solos LA1, LU1 e LA6, avaliadas em progênies de meios irmãos de *E. pellita* aos 3 anos de idade em três ambientes na Amazônia Brasileira.

ALT			
Tamanho da Amostra	13	Coincidências (%)	
Ambientes	N.dados	Superiores	Inferiores
LA1 x LU1	27	69.23	76.92
LA1 x LA6	27	69.23	69.23
LU1 x LA6	27	76.92	76.92
CAP			
Tamanho da Amostra	13	Coincidências (%)	
Ambientes	N.dados	Superiores	Inferiores
LA1 x LU1	27	76.92	76.92
LA1 x LA6	27	69.23	69.23
LU1 x LA6	27	69.23	61.54
VOL			
Tamanho da Amostra	13	Coincidências (%)	
Ambientes	N.dados	Superiores	Inferiores
LA1 x LU1	27	84.62	76.92
LA1 x LA6	27	61.54	61.54
LU1 x LA6	27	61.54	61.54

Recomenda-se neste caso a seleção ambiente específica, e constituição de um único pomar de recombinação com mudas enxertadas. Isto não implica perda na resposta para a geração segregante, uma vez que cruzamentos dentro de cada população serão contemplados.

### 3.2. Análise de dados para os três ambientes

Foi feita a análise por modelos mistos, considerando cada ambiente separado, uma vez que o objetivo é a seleção de genótipos em cada ambiente, considerando a interação entre o desempenho dos genótipos e o ambiente um fator importante para maximização de ganhos e aumento da produção. As estimativas dos componentes de variância  $\hat{\sigma}_d^2$ ,  $\hat{\sigma}_e^2$  e  $\hat{\sigma}_A^2$  foram obtidas utilizando o procedimento EM-REML e então estimados os demais parâmetros

genéticos como herdabilidades e correlações intraclasse, conforme mostrado no Quadro 3.

Os valores de variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ) foram os que mais variaram de acordo com o ambiente, seguido da variância ambiental entre parcelas ( $\hat{\sigma}_e^2$ ). Para a característica ALT, os valores de  $\hat{\sigma}_A^2$  foram 2,190, 0,595 e 3,054 para os solos LA1 (argiloso), LU1 (argilo-arenoso) e LA6 (arenoso), respectivamente. Para a característica CAP, os valores de  $\hat{\sigma}_A^2$  foram 5,879, 10,514 e 22,057 para os solos LA1, LU1 e LA6, respectivamente.

Os valores das estimativas dos componentes de variância diferem, considerando os dois modelos em questão E(QM) e REML (dados não mostrados), como era de se esperar e está de acordo com o que tem sido demonstrado por vários trabalhos (RESENDE et al. 1999, RESENDE et al. 2001, FARIAS\_NETO e RESENDE 2001).

Algumas estimativas de componentes de variância são obtidas pela soma de outros componentes no modelo da ANOVA, como por exemplo a variância fenotípica ( $\hat{\sigma}_F^2$ ), em que são considerados os efeitos de bloco, para obtenção de sua estimativa. Considerando  $\hat{\sigma}_F^2$ , os valores para a característica ALT são 8,37, 6,54 e 7,19 para os solos LA1, LU1 e LA6, respectivamente. Para a característica CAP os valores de  $\hat{\sigma}_F^2$  são 77,60, 66,87 e 70,23 para os solos LA1, LU1 e LA6 respectivamente. E, finalmente, para VOL os valores das estimativas obtidas pelo modelo da ANOVA são 2626,50, 2294,48 e 1254,49 para os solos LA1, LU1 e LA6, respectivamente.

As diferenças entre as estimativas obtidas pela ANOVA e REML são pequenas. Uma das causas desta diferenças poderia ser a consideração do componente de bloco associado aos valores de  $\hat{\sigma}_F^2$  da estimativa obtida pelo modelo ANOVA; entretanto, as estimativas da variância de bloco ( $\hat{\sigma}_b^2$ ) foram muito baixas para esse modelo e todas as estimativas de  $\sigma_F^2$  pelo método REML foram superiores.

A utilização de procedimento REML para estimação de componentes de variância é feita para dados desbalanceados, uma vez que para dados balanceados as estimativas dos componentes de variância obtidas por mínimos

quadrados (ANOVA) e REML são iguais (SEARLE et al. 1992, RESENDE et al. 1996). Para experimentos de eucalipto, principalmente testes de progênie e/ou procedências, a perda de informações de plantas e bloco são esperadas. Quando ocorre perda somente em nível de planta, existem modelos para estimações de componentes de variância compatíveis com os de REML; entretanto, a perda de informações de bloco causa um viés muito grande nestas estimativas e as hipóteses testadas pela ANOVA tornam-se mais complexas utilizando-se modelos de blocos incompletos. Neste caso consideram-se as estimativas dos componentes de variância associados a população base instalada nos três ambientes com base no método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) mais precisas, uma vez que este método é o mais recomendado pela literatura para modelos desbalanceados.

Considerando os valores para herdabilidade em nível de média, os valores para o solo LA6 foram os maiores. Para o solo LA1 o maior valor observado foi para a variável ALT, ocorrendo o inverso para o solo LU1, onde esta foi menor. Este tipo de comportamento também foi observado para os valores de herdabilidade a partir das estimativas dos componentes de variância pela ANOVA. Considerando esta característica o valor de 0,34 para  $h^2_m$  no solo LU1 pode ser considerado baixo, uma vez que para os demais ambientes valores acima de 0,5 foram obtidos. Diferentemente para a variável CAP, o menor valor de  $h^2_m$  obtido foi de 0,36 no solo LA1.

Os baixos valores de  $c^2$  indicam elevada variação entre os blocos ou parcelas, o que pode ser contornado pelo aumento do número de repetições e/ou diminuindo-se o número de plantas por parcela, de maneira a homogeneizar a variação entre blocos. Segundo RESENDE et al. (2001), as estimativas de  $h^2$  e  $c^2$  são importantes para serem usadas para predição de valores genotípicos e na avaliação sobre o uso correto de delineamento quanto ao número de repetições e de plantas por parcela.

O valor obtido para  $c^2$  indica o mesmo problema detectado pela ANOVA, quando do aparecimento de valores negativos de estimativas de componentes de variância. Problemas de acurácia, oriundos de competição intraclasse em testes de progênie são comuns, sendo nesse caso fonte de viés principalmente para seleção massal, uma vez que os valores fenotípicos individuais sofrem forte influência ambiental. O que tem sido feito em

experimentos como os de testes de progênies é a diminuição de espaçamento e o aumento do número de blocos, diminuindo as diferenças entre as repetições e os valores de  $c^2$ . Com estes cuidados evita-se a obtenção de componentes de variância negativos para o modelo da ANOVA. Deste modo uma das vantagens do procedimento REML para estimação dos componentes de variância é a de não se obterem componentes negativos, uma vez que existe restrição no espaço paramétrico das soluções (propriedade de não negatividade).

### **3.3. Seleção com base nos valores genéticos**

Os valores da Melhor Predição Linear Não Viesada foram obtidos utilizando o programa SELEGEN e apresentados no Quadro 2 – APENDICE. Considerando a característica ALT o maior valor genético aditivo foi observado para o solo LA6, sendo de 2,77m, seguido do solo LA1 (1,7m) e posteriormente o solo LU1 (0,64m). Isso ocorre porque a característica ALT foi a de menor herdabilidade no solo de textura argilosa a média (LU1). Para a característica CAP o maior valor genético aditivo foi observado também para o solo LA6 (7,39 cm), seguido do solo LU1 (4,45 cm) e posteriormente do solo LA1 (2,04 cm). Neste caso também os valores de herdabilidade ou variância seguem a mesma ordem. Da mesma maneira para a característica VOL observou-se a mesma tendência da variável CAP, nos solos LA6 (43,1 m<sup>3</sup>/ha), LU1 (33,7 m<sup>3</sup>/ha) e LA1 (23,8 m<sup>3</sup>/ha).

Para efeito de comparação com a seleção combinada executada no capítulo anterior foi utilizado o mesmo percentual de seleção para cada ambiente. O Quadro 4 mostra uma comparação entre os valores de ganho genético e tamanho efetivo de população com base na seleção combinada. De um modo geral, a seleção combinada provê maiores valores para  $N_e$ , entretanto considerando o ganho genético menores valores são obtidos pela seleção com base nas plantas selecionadas pelo procedimento BLUP (GS<sup>1</sup>).



Quadro 3 - Estimativas dos parâmetros genéticos para três experimentos analisados: variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ), variância ambiental entre parcelas ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), variância ambiental dentro de parcela ( $\hat{\sigma}_{rd}^2$ ) variância fenotípica total ( $\hat{\sigma}_F^2$ ), herdabilidade dentro de famílias ( $h^2_d$ ), herdabilidade média entre famílias ( $h^2_m$ ) e média geral para as características CAP, ALT e VOL, em teste de progênies de meios irmãos de *E. pellita* aos 3 anos de idade, avaliados em três ambientes na Amazônia Brasileira.

Parâmetros genéticos	Solo LA1			Solo LU1			Solo LA6		
	ALT	CAP	VOL	ALT	CAP	VOL	ALT	CAP	VOL
$\hat{\sigma}_g^2$	0,548	1,470	79,646	0,149	2,629	94,001	0,764	5,514	95,163
$\hat{\sigma}_A^2$	2,190	5,879	318,584	0,595	10,514	376,004	3,054	22,057	380,6508
$\hat{\sigma}_e^2$	0,070	0,280	9,717	0,505	0,736	22,438	0,046	0,271	5,292817
$\hat{\sigma}_d^2$	6,718	75,111	2411,699	6,107	64,099	2145,903	4,514	52,646	943,5229
$\hat{\sigma}_F^2$	8,978	81,270	2739,999	7,208	75,349	2544,346	7,614	74,973	1329,467
$h^2_d$	0,244	0,072	0,116	0,083	0,140	0,148	0,401	0,294	0,286318
$c^2$	0,008	0,003	0,004	0,070	0,010	0,009	0,006	0,004	0,003981
$h^2_m$	0,699	0,366	0,493	0,341	0,538	0,555	0,828	0,754	0,7464
<b>Média geral</b>	15,666	35,954	101,534	15,273	35,150	94,243	12,783	28,868	56,69785

Considerando o ganho predito como o diferencial de seleção dos valores genéticos dos genótipos selecionados ( $GS^2$ ) ou mesmo o ganho predito por  $GS^2$  não houve superioridade predominante por um método ou por outro (S.C. ou BLUP). Apesar das pequenas diferenças entre os ganhos preditos com base na SC e BLUP, quando na utilização de dados desbalanceados, deve se dar preferência para o uso de preditores mais precisos como BLUP, como recomendado pela literatura de modo geral. Além da vantagem de obtenção de valores mais precisos, a predição do BLUP utiliza a informação da matriz de parentesco “A”.

Quando faz-se a comparação da seleção combinada com a seleção baseada em BLUP, o número de famílias é muito semelhante (Figura 1), sendo para a maioria das variáveis nos três tipos de solos, o número de famílias foi superior na SC. Quando se compara o tamanho efetivo populacional, os valores são geralmente superiores para BLUP (Quadro 4). Isso é explicado porque na SC, apesar do maior número de famílias selecionadas, ocorreu maior concentração de genótipos em algumas delas.

Vale ressaltar que a seleção cabe ao melhorista; assim, pode-se optar pela seleção de um número maior de famílias com desempenho tão bom quanto as progênies indicadas pelos métodos de seleção, a fim de se optar pela manutenção da variabilidade nas populações de melhoramento.

Quadro 4 – Estimativas dos ganhos genéticos preditos para os genótipos selecionados utilizando metodologia BLUP e seleção combinada, considerando duas fórmulas:  $GS^1$  (%) =  $DS \cdot h_m^2$  (DS para os valores fenotípicos) e  $GS^2 = DS$  (DS para os valores genéticos); e tamanho efetivo da população ( $N_e$ ), para as características CAP, ALT e VOL em teste de progênies de meios irmãos de *E. pellita* aos 3 anos de idade em três ambientes na Amazônia Brasileira.

	Solo LA1					
	Ganho				Ne	
	GS <sup>1</sup>		GS <sup>2</sup>			
	SC (%)	BLUP(%)	SC	BLUP	SC	BLUP
<b>CAP</b>	14,22	11,63	2,29	1,44	10,48	13,14
<b>ALT</b>	12,59	14,04	1,33	1,19	16,50	14,35
<b>VOL</b>	46,58	39,85	21,66	14,9	10,17	12,91
Solo LU1						
<b>CAP</b>	12,56	16,13	2,88	2,82	9,81	13,05
<b>ALT</b>	3,67	5,89	0,35	0,5	10,70	12,8
<b>VOL</b>	33,3	46,67	18,23	18,94	11,26	14,52
Solo LA6						
<b>CAP</b>	27,3	24,41	5,38	5,04	11,67	12,99
<b>ALT</b>	18,2	30,13	1,79	1,97	13,22	13,95
<b>VOL</b>	80,2	90,46	25,74	25,7	12,25	14,79

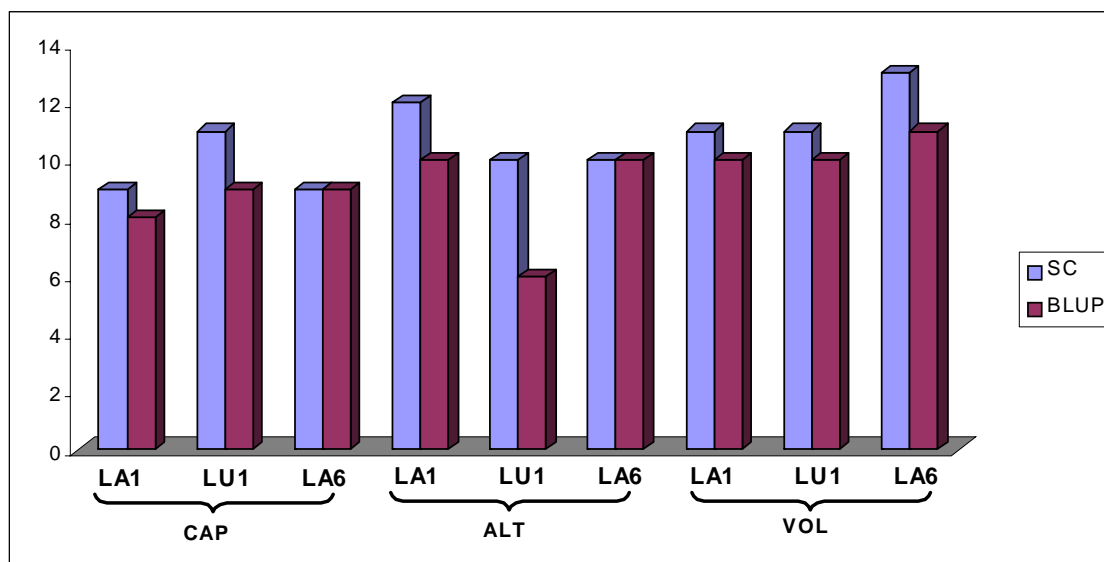


Figura 1 – Número de famílias selecionadas pela Seleção combinada e BLUP, para as características CAP, ALT e VOL, nos solos LA1, LU1 e LA6 em testes de progênies de meios irmãos de *E. pellita* aos 3 anos de idade em 3 ambientes na Amazônia Brasileira.

#### 4. CONCLUSÕES

Com base nos resultados apresentados podemos concluir que:

- As análises dos experimentos em três tipos de solos pelas equações de modelos mistos (BLUP/REML) mostraram-se diferentes da análise conjunta pelo método da ANOVA, devido ao uso da informação dentro da parcela e o desbalanceamento dentro de famílias.

- Com base nos valores genéticos para as famílias testadas nos três experimentos, os elevados valores de coincidências superiores e inferiores indicam um baixo grau de interação genótipo x ambiente assim como na análise conjunta dos experimentos nos três tipos de solo.

- Considerando os parâmetros genéticos obtidos para cada ambiente separadamente, os resultados indicam possibilidades de ganho, considerando os valores de herdabilidades apresentados para as três características, entretanto, as diferenças nesses valores e a magnitude dos valores de médias das características para cada ambiente indicam ganhos diferenciados entre eles. Deste modo a seleção em cada ambiente é recomendada com a finalidade de capitalizar essas diferenças.

- Não houve clara diferença entre os valores de ganhos preditos pela seleção combinada e a seleção pelo BLUP.

- Ambas, seleção combinada e BLUP conduziram a uma restrição no número de famílias selecionadas, havendo diminuição do tamanho efetivo da população ( $N_e$ ) à medida que se aumenta o ganho predito.

## 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG, UFV, 1994. p.
- DEMPSTER, A. P., LAIRD, N. M., RUBIN, D. B. Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. **Journal of the Royal Statistic Society**, London, v.39, p. 1-38, 1977.
- DUARTE, J.B., VENKOVSKY, R. Estimação e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. **Scientia Agrícola**, v.58, n.1, p. 109-117, 2000.
- FARIAS\_NETO, J.T., RESENDE, M.D.V. Aplicação de metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes*). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 23, n. 2, p. 320-324. 2001.
- HICKS, C.R. **Fundamental concepts in the design of experiments**. USA, Holt, Rinehart Winston Inc. 1973. 349p.
- LOPES, P.S. MARTINS, E.N., SILVA, M.A., REGAZZI, A.J. **Estimação de componentes de variância**. Viçosa, MG, Cadernos Didáticos, n. 39, UFV. 1998. 61p.
- MEYER, K. Estimating variances and covariances for multivariate animal models by restricted maximum likelihood. **Genetique, selection, evolution**. Paris, v. 23, p. 67-83, 1991.
- PALUDZYSZYN\_FILHO, E., MORA, A.L., MAESTRI, R. Interação de genótipos de *Pinus taeda* L. Com locais no sul-sudeste do Brasil. **Cerne**, v. 7, n. 1, p. 90-100, 2001.
- PATTERSON, H.D., THOMPSON, R. Recovery of inter-block when block size are unequal. **Biometrika**, v. 58, p. 545-554, 1971.
- RESENDE, M.D.V.; BERTOLUCCI, F.L.G. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: IUFRO CONFERENCE ON *Eucalyptus* PLANTATIONS: IMPROVING FIBRE YIELD AND QUALITY, 1995. **Proc...** Hobart:IUFRO, p.167-170. 1995.
- RESENDE, M.D.V. **Análise estatística de modelos mistos via BLUP/REML na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo, EMBRAPA – Florestal, Doc. 47, 2000. 101p.

- RESENDE, M.D., FURLANI\_JÚNIOR, E., MORAES, M.L.T., FAZOULI, L.C. Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, **Campinas**, v.60, n. 3, 185-193, 2001.
- RESENDE, M.D.V., FERNANDES, J.S.C. Procedimento BLUP individual para delineamentos experimentais aplicados ao melhoramento florestal. **Revista de Matemática e Estatística**. São Paulo, v.17 p. 89-107, 1999.
- RESENDE, M.D.V., FERNANDES, J.S.C. SIMEÃO, R.M. BLUP individual multivariado em presença de interação genótipo x ambiente para delineamentos experimentais repetidos em vários ambientes. **Revista de Matemática e Estatística**. São Paulo, v.17 p. 209-228, 1999.
- RESENDE, M.D.V., PRATES, D.F., JESUS, A., YAMADA, C.K. Estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor predição linear não viciada (BLUP) em *Pinus*. **Boletim de pesquisa florestal**, Colombo, v.32 n. 33, p. 18-45, 1996.
- SEARLE, S.R., CASELLA, G. McCULLOCH, C.E. **Variance components**. New York, J. Wiley, 1992. 528p.
- WHITE, T.L., HODGE, G.R. **Predicting breeding values – With applications in forest tree improvement**. Forestry Science, v.33, Kluwer Academic Publishers, USA, 1989. 325p.

## APENDICE

QUADRO 1 – Relação dos 48 melhores indivíduos selecionados pela seleção combinada em cada ambiente com seus respectivos valores fenotípicos ( $\hat{f}$ ), genéticos ( $\hat{a}$ ) e o ganho com a seleção para as características altura (ALT), circunferência a altura do peito (CAP) e volume por hectare (VOL).

LA1 – latossolo amarelo álico, textura muito argilosa, relevo plano											
CAP				ALT				VOL			
Familia	f	g	GS	Familia	f	g	GS	Familia	f	g	GS
23	48.4	3.479	3.479	23	19.6	1.928	1.928	23	223.633	33.030	33.030
23	49.5	3.287	3.383	3	20.7	1.673	1.800	23	185.359	32.024	32.527
23	46	3.277	3.347	9	20.1	1.589	1.730	23	204.713	31.945	32.333
23	51.6	3.268	3.328	23	18.9	1.574	1.691	23	183.337	31.761	32.190
23	49.1	3.253	3.313	23	17.9	1.561	1.665	23	217.889	31.603	32.073
23	50.8	3.218	3.297	3	19	1.552	1.646	23	193.958	30.541	31.817
23	46.2	3.009	3.256	9	18.8	1.533	1.630	10	329.378	30.012	31.559
23	49	2.929	3.215	9	17.7	1.520	1.616	27	204.457	29.863	31.347
27	49.6	2.834	3.172	19	19.8	1.520	1.606	23	196.358	28.747	31.058
23	40	2.771	3.132	23	17.7	1.518	1.597	23	187.926	27.693	30.722
23	45.1	2.737	3.096	1	19.2	1.492	1.587	23	168.894	27.270	30.408
23	46.5	2.719	3.065	23	20.1	1.441	1.575	23	172.016	25.204	29.974
23	45	2.712	3.038	23	20.9	1.440	1.565	23	169.183	25.201	29.607
23	45.5	2.590	3.006	9	18.1	1.438	1.556	23	125.188	24.172	29.219
23	42.8	2.527	2.974	23	18.2	1.423	1.547	23	157.407	23.297	28.824
23	44	2.464	2.942	18	19	1.409	1.538	23	145.763	22.868	28.452
23	41.4	2.409	2.911	8	19	1.367	1.528	23	145.019	22.771	28.118
23	43.025	2.382	2.881	23	19	1.367	1.519	23	145.386	21.728	27.763
10	61.5	2.347	2.853	23	17.9	1.358	1.511	23	134.109	21.347	27.425
23	42	2.340	2.827	12	19.2	1.339	1.502	23	137.697	20.725	27.090
20	45	2.277	2.801	9	18.8	1.332	1.494	23	131.787	20.320	26.768
23	39.5	2.265	2.777	9	19.1	1.326	1.486	27	213.345	20.074	26.463
23	41.6	2.262	2.754	3	19.6	1.319	1.479	27	169.405	19.694	26.169
23	41	2.211	2.732	3	17.9	1.315	1.472	19	223.211	19.522	25.892
20	43.3	2.134	2.708	13	17	1.310	1.466	27	204.657	18.877	25.612
23	39.5	2.129	2.686	9	16.6	1.283	1.459	23	118.633	18.604	25.342
23	37.5	2.097	2.664	3	19.4	1.276	1.452	27	202.047	18.599	25.092
9	47.3	1.989	2.640	7	19.3	1.274	1.446	23	117.255	18.471	24.856
20	46.9	1.983	2.617	9	17.3	1.266	1.439	27	165.261	18.443	24.635
9	41.5	1.971	2.596	8	17.7	1.252	1.433	27	163.450	18.207	24.420
27	51.4	1.931	2.574	9	17.2	1.244	1.427	9	179.004	17.869	24.209
20	46.5	1.883	2.553	8	20	1.242	1.421	18	209.979	17.745	24.007
27	50.4	1.846	2.531	13	16.6	1.224	1.415	10	161.473	17.741	23.817
26	44.5	1.830	2.510	5	18	1.221	1.410	3	201.291	17.725	23.638
27	46.5	1.827	2.491	1	17.9	1.212	1.404	27	195.292	17.718	23.469

10	55	1.804	2.472	3	17.4	1.207	1.398	23	111.278	17.691	23.308
23	35.5	1.792	2.454	5	17.9	1.200	1.393	23	114.433	17.689	23.156
27	46.4	1.789	2.436	1	20.8	1.186	1.388	10	228.666	17.598	23.010
9	45.4	1.773	2.419	9	18.1	1.180	1.382	27	147.719	17.497	22.869
27	45.7	1.760	2.403	23	18	1.151	1.377	27	154.051	16.980	22.722
26	50.8	1.760	2.387	18	17.8	1.150	1.371	9	183.137	16.980	22.582
1	45.8	1.750	2.372	18	21.1	1.133	1.365	8	205.802	16.610	22.439
10	45.3	1.730	2.357	9	18.2	1.132	1.360	27	185.093	16.323	22.297
27	49	1.728	2.342	23	18.5	1.125	1.355	10	224.289	16.297	22.161
10	54	1.715	2.329	9	16.9	1.123	1.349	3	172.361	16.258	22.030
10	49	1.709	2.315	5	19.4	1.122	1.344	13	222.767	16.205	21.903
13	44.6	1.708	2.302	9	18.1	1.110	1.339	3	170.083	16.118	21.780
8	49.5	1.696	2.290	9	17.775	1.110	1.335	27	137.042	16.104	21.662

LU1 – Latossolo Una álico epidistrófico, A moderado, textura muito argilosa, relevo plano

CAP				ALT				VOL			
Familia	f	g	GS	Familia	f	g	GS	Familia	f	g	GS
26	53.5	4.38	4.38	26	19.5	0.52	0.52	26	246.73	31.24	31.24
26	51.7	4.16	4.27	1	19.1	0.49	0.5	26	209.14	26.52	28.88
26	50	3.94	4.16	1	18.9	0.47	0.49	26	209.98	26.04	27.93
26	48.5	3.94	4.11	1	18	0.42	0.47	26	216.06	25.56	27.34
26	51.4	3.75	4.03	26	17.7	0.42	0.46	1	225.05	25.38	26.95
21	53.9	3.56	3.96	1	16.2	0.41	0.45	21	251.71	24.84	26.59
1	51.9	3.56	3.9	15	19	0.41	0.45	26	178.85	24.72	26.33
26	46.9	3.55	3.86	1	17.8	0.4	0.44	26	179.88	22.26	25.82
26	45.5	3.49	3.82	12	18.3	0.4	0.44	26	156.49	21.86	25.38
26	47	3.2	3.75	1	15.6	0.38	0.43	15	229.18	20.48	24.89
26	42.5	3.12	3.7	15	19.1	0.38	0.43	26	169.91	19.76	24.42
26	41.6	3.07	3.65	15	17.9	0.38	0.42	26	134.64	19.17	23.98
26	42.6	3.02	3.6	23	17.9	0.38	0.42	15	193.88	18.99	23.6
23	46	2.9	3.55	15	18.6	0.38	0.42	23	166.5	18.93	23.27
26	36.1	2.88	3.5	1	17.2	0.38	0.41	26	150.02	18.51	22.95
26	36.1	2.88	3.46	1	15.5	0.37	0.41	26	127.75	18.25	22.66
26	36.1	2.88	3.43	12	17.7	0.37	0.41	15	189.5	17.93	22.38
26	36.1	2.88	3.4	1	16.9	0.36	0.41	26	98.94	17.53	22.11
26	36.1	2.88	3.37	21	19.6	0.36	0.4	26	98.94	17.53	21.87
26	41.5	2.88	3.35	1	16.9	0.36	0.4	26	98.94	17.53	21.65
26	40.6	2.88	3.33	3	20.2	0.35	0.4	26	98.94	17.53	21.45
26	40.6	2.88	3.31	1	20.4	0.35	0.4	26	98.94	17.53	21.28
10	46.8	2.87	3.29	26	19	0.34	0.39	26	122.01	17.53	21.11
15	49.5	2.84	3.27	26	18.5	0.34	0.39	26	122.01	17.53	20.96
26	39.3	2.79	3.25	1	16.6	0.34	0.39	26	137.55	17.53	20.83
21	46	2.73	3.23	23	17.2	0.34	0.39	26	118.8	17.18	20.69
26	40	2.69	3.21	23	17.8	0.33	0.39	1	161.58	16.94	20.55
15	52.1	2.68	3.19	23	17.4	0.33	0.38	3	200.62	16.77	20.41
23	42.5	2.67	3.17	10	16	0.33	0.38	10	154.91	16.68	20.28
9	50.5	2.65	3.15	9	18.4	0.33	0.38	21	175.85	16.64	20.16
1	47.5	2.62	3.14	1	16.2	0.33	0.38	23	146.31	16.51	20.04



29	46	2.61	3.12	26	18.7	0.32	0.38	15	177.78	16.44	19.93
26	42.2	2.6	3.11	1	16.2	0.32	0.37	29	159.02	16.2	19.82
9	47.5	2.58	3.09	1	20	0.32	0.37	1	148.94	16.11	19.71
21	49	2.57	3.08	1	20	0.32	0.37	23	138.93	16.11	19.61
23	43	2.57	3.06	1	20	0.32	0.37	9	207.43	15.98	19.51
26	41.5	2.51	3.05	1	16.2	0.32	0.37	23	137.34	15.38	19.39
23	42.5	2.5	3.03	15	16.1	0.32	0.37	10	205.74	15.09	19.28
15	47.5	2.47	3.02	15	16.8	0.32	0.37	26	129.89	14.73	19.16
3	47.4	2.41	3	26	18.5	0.31	0.37	1	155.82	14.72	19.05
21	42.5	2.41	2.99	1	16.1	0.31	0.36	23	206.29	14.67	18.95
29	46	2.38	2.97	26	17.6	0.31	0.36	26	118.82	14.59	18.84
26	36	2.37	2.96	1	16	0.31	0.36	1	143.72	14.57	18.74
26	40.2	2.35	2.95	1	14.3	0.31	0.36	29	167.43	14.5	18.65
25	48.4	2.29	2.93	15	17.8	0.31	0.36	10	195.49	14.06	18.54
23	44.5	2.27	2.92	1	15.8	0.3	0.36	3	177.4	14.02	18.45
26	35	2.25	2.9	1	19.6	0.3	0.36	26	123.34	13.91	18.35
2	44.5	2.25	2.89	26	17.1	0.3	0.36	23	141.81	13.71	18.25

LA6 – Latossolo amarelo álico, A moderado, textura média arenosa + areia quartzosa álica, ambos relevo suave e ondulado

CAP				ALT				VOL			
Familia	f	g	GS	Familia	f	g	GS	Familia	f	g	GS
28	47.2	8.83	8.83	28	17.8	2.56	2.56	28	181.29	44.41	44.41
28	48	8.28	8.56	13	17.7	2.51	2.54	28	152.65	43.72	44.07
28	42.5	7.89	8.33	13	18	2.42	2.5	28	133.34	40.64	42.92
28	41.6	6.9	7.97	13	17.7	2.38	2.47	28	125.45	35.33	41.03
28	41.1	6.76	7.73	28	16.7	2.29	2.43	28	122.4	34.58	39.74
28	39.4	6.61	7.55	5	17.5	2.21	2.39	28	107.74	32.58	38.54
28	41.2	6.45	7.39	8	16.3	2.14	2.36	28	90.776	30.08	37.33
28	37	6.4	7.27	28	16.8	2.12	2.33	28	120.06	29.22	36.32
28	37.2	6.13	7.14	13	16.9	2.1	2.3	13	147.81	28.52	35.45
8	41.2	6.1	7.04	28	16.4	2.09	2.28	28	91.148	28.46	34.75
28	36.3	5.89	6.93	28	15.5	2.01	2.26	28	138.02	28.16	34.15
28	36.5	5.83	6.84	13	17.2	1.99	2.23	7	170.36	28.13	33.65
28	43.5	5.61	6.74	28	16	1.96	2.21	28	86.791	27.38	33.17
6	42.2	5.61	6.66	19	17.5	1.88	2.19	28	86.572	27.33	32.75
28	38	5.59	6.59	13	16.3	1.86	2.17	28	86.35	27.28	32.39
28	35.5	5.56	6.53	28	16	1.85	2.15	28	90.106	26.57	32.02
28	36.5	5.52	6.47	28	14.9	1.81	2.13	28	131.38	26.51	31.7
24	42.5	5.41	6.41	28	14.9	1.81	2.11	28	80.502	25.83	31.37
28	42.7	5.4	6.36	8	15.3	1.81	2.09	28	104.69	25.41	31.06
28	33.1	5.35	6.31	13	14.2	1.79	2.08	28	103.91	25.22	30.77
6	43.2	5.34	6.26	13	15.9	1.78	2.06	28	126.14	25.22	30.5
6	36.9	5.31	6.22	7	17.4	1.75	2.05	28	126.14	25.22	30.26
13	43.1	5.3	6.18	28	15.7	1.73	2.04	19	117.81	24.92	30.03
28	34.5	5.29	6.14	28	15	1.72	2.02	28	69.742	24.86	29.82
19	41.2	5.24	6.1	13	14	1.72	2.01	19	153.28	24.74	29.61
28	41.7	5.13	6.07	13	15.3	1.72	2	5	135.81	24.3	29.41
28	41.7	5.13	6.03	13	16.3	1.69	1.99	13	115.37	24.1	29.21

28	36.3	5.13	6	28	15.5	1.66	1.98	8	122.31	23.83	29.02
5	41.9	5.02	5.97	13	15.6	1.66	1.97	13	118.34	23.56	28.83
13	42	5	5.93	13	16.1	1.62	1.95	7	138.93	23.49	28.65
13	39.8	4.77	5.9	13	13.7	1.62	1.94	13	127.1	23.38	28.48
24	40	4.73	5.86	28	15.3	1.62	1.93	13	129.06	23.36	28.32
6	39	4.72	5.82	7	17.9	1.6	1.92	20	160.15	22.8	28.16
13	41.2	4.67	5.79	28	15.3	1.6	1.91	13	125.19	22.78	28
6	38.5	4.61	5.76	22	16.9	1.59	1.9	25	147.68	22.65	27.84
13	38.4	4.58	5.72	4	17.8	1.59	1.9	4	152.34	21.76	27.68
9	43.5	4.55	5.69	25	15	1.59	1.89	6	125.17	21.62	27.51
7	42.5	4.51	5.66	8	17	1.58	1.88	6	136.12	21.62	27.36
6	37.7	4.47	5.63	13	15.3	1.56	1.87	28	109.03	20.97	27.19
7	46.4	4.39	5.6	2	14.7	1.53	1.86	19	133.23	20.86	27.03
28	38.9	4.37	5.57	28	14.4	1.52	1.85	24	119.77	20.72	26.88
6	33.4	4.37	5.54	19	15.7	1.5	1.85	19	126.05	19.82	26.71
13	34.1	4.37	5.51	22	16.5	1.49	1.84	19	124.1	19.37	26.54
27	39.4	4.35	5.49	7	14.5	1.48	1.83	9	143.87	19.13	26.37
7	40	4.32	5.46	7	16.2	1.46	1.82	12	143.7	19.05	26.21
6	33.8	4.26	5.44	13	15.6	1.46	1.81	7	112.3	18.97	26.05
25	44.2	4.24	5.41	20	16.5	1.45	1.81	7	126.06	18.69	25.9
25	42.5	4.23	5.39	5	16.2	1.44	1.8	7	111.04	18.66	25.75

QUADRO 2 – Relação dos 48 indivíduos selecionados pelo BLUP em cada ambiente com seus respectivos valores fenotípicos ( $\hat{f}$ ), genéticos ( $\hat{a}$ ), o ganho com a seleção e o tamanho efetivo da população ( $N_e$ ) para as características altura (ALT), circunferência a altura do peito (CAP) e volume por hectare (VOL).

LA1 – latossolo amarelo álico, textura muito argilosa, relevo plano											
CAP				ALT				VOL			
Família	a	Ganho	Ne	Família	a	Ganho	Ne	Família	a	Ganho	Ne
2686	2.04	2.04	1	1900	1.7	1.7	1	1911	23.8	23.8	1
2686	1.96	2	1.6	1900	1.39	1.55	1.6	2686	22.5	23.2	2
2686	1.93	1.98	2	1870	1.36	1.49	2.48	2686	21.2	22.5	2.48
2686	1.93	1.97	2.29	1874	1.36	1.45	3.49	2686	20.3	22	2.67
2686	1.79	1.93	2.5	2202	1.35	1.43	4.49	2686	20.2	21.6	2.74
2686	1.77	1.9	2.67	1900	1.33	1.42	4.65	2686	18.1	21	2.77
2686	1.75	1.88	2.8	1900	1.33	1.4	4.64	2686	18	20.6	2.78
1911	1.7	1.86	2.78	1900	1.3	1.39	4.57	2686	17.9	20.2	2.78
2686	1.68	1.84	2.78	1874	1.29	1.38	5.26	2686	17.8	20	2.78
2686	1.68	1.82	2.78	2686	1.29	1.37	6.15	2686	17.5	19.7	2.78
2686	1.62	1.81	2.77	1898	1.26	1.36	7.06	2694	16.9	19.5	3.52
2686	1.6	1.79	2.77	1882	1.26	1.35	7.97	2686	16.2	19.2	3.49
2686	1.56	1.77	2.76	1874	1.26	1.35	8.4	2694	16.2	19	4.02
2686	1.54	1.75	2.76	1900	1.25	1.34	8.2	2694	15.9	18.7	4.5
1882	1.52	1.74	3.41	1900	1.23	1.33	7.95	2686	15.5	18.5	4.41
2686	1.48	1.72	3.39	1870	1.23	1.32	8.61	2694	15.4	18.3	4.82
2686	1.46	1.71	3.37	1900	1.21	1.32	8.34	2686	15.4	18.2	4.73
1911	1.45	1.69	3.76	2686	1.21	1.31	8.98	1911	15.4	18	5.27
2694	1.44	1.68	4.31	1882	1.2	1.31	9.63	2694	15.3	17.9	5.63
2686	1.43	1.67	4.26	2686	1.2	1.3	10.1	2686	14.5	17.7	5.51
1882	1.4	1.65	4.65	1882	1.2	1.3	10.7	1882	14.4	17.5	6.05
2686	1.4	1.64	4.58	1900	1.19	1.29	10.3	2686	14.4	17.4	5.92
1882	1.4	1.63	4.93	1900	1.19	1.29	10	2686	14.4	17.3	5.8
1900	1.39	1.62	5.44	2686	1.18	1.28	10.4	1911	14.4	17.1	6.22
2694	1.38	1.61	5.85	1900	1.17	1.28	10.1	2193	13.7	17	6.76
1882	1.38	1.6	6.19	1878	1.17	1.27	10.8	1911	13.7	16.9	7.13
2694	1.37	1.59	6.58	1900	1.15	1.27	10.4	2694	13.7	16.8	7.41
2692	1.36	1.59	7.1	2202	1.15	1.27	11	1900	13.6	16.6	7.96
1882	1.32	1.58	7.41	1900	1.15	1.26	10.7	2694	13.3	16.5	8.19
2694	1.32	1.57	7.77	1900	1.15	1.26	10.3	2206	13.3	16.4	8.75
1900	1.31	1.56	8.22	2202	1.13	1.25	10.8	2686	13.3	16.3	8.56
2694	1.31	1.55	8.54	1900	1.11	1.25	10.5	1911	13.3	16.2	8.88
2686	1.29	1.54	8.34	1898	1.11	1.24	11	2694	13.2	16.1	9.07
1911	1.28	1.54	8.74	1874	1.1	1.24	11.4	2694	13	16	9.22
2193	1.27	1.53	9.25	2206	1.1	1.24	12	1900	12.9	16	9.68
2692	1.25	1.52	9.7	1900	1.1	1.23	11.6	1874	12.9	15.9	10.2
1900	1.25	1.51	10.1	1898	1.09	1.23	12.1	1874	12.8	15.8	10.7

2694	1.23	1.51	10.4	2193	1.09	1.23	12.7	2686	12.6	15.7	10.5
1882	1.22	1.5	10.7	2686	1.09	1.22	13	1882	12.4	15.6	10.9
2692	1.21	1.49	11.1	1874	1.08	1.22	13.3	1882	12.4	15.5	11.3
2694	1.19	1.48	11.3	1900	1.08	1.21	13	2686	12.3	15.5	11.1
2684	1.18	1.48	11.9	1900	1.07	1.21	12.6	2694	12.2	15.4	11.2
2694	1.18	1.47	12.1	1878	1.07	1.21	13.1	2684	12	15.3	11.7
1911	1.18	1.46	12.4	1878	1.07	1.2	13.5	2692	11.9	15.2	12.2
2694	1.18	1.46	12.6	1872	1.06	1.2	14.1	2694	11.8	15.1	12.3
2686	1.18	1.45	12.3	1882	1.04	1.2	14.5	2686	11.3	15.1	12.1
1911	1.18	1.45	12.6	2686	1.04	1.19	14.7	1900	11.3	15	12.5
2676	1.18	1.44	13.1	1900	1.03	1.19	14.4	2193	11.2	14.9	12.9

LU1 – Latossolo Una álico epidistrófico, A moderado, textura muito argilosa, relevo plano

CAP				ALT				VOL			
Família	a	Ganho	Ne	Família	a	Ganho	Ne	Família	a	Ganho	Ne
2686	4.45	4.45	1	2686	0.64	0.64	1	2686	33.7	33.7	1
2686	4.28	4.37	1.6	1870	0.64	0.64	2	2686	30.6	32.2	1.6
2686	4.25	4.33	2	1870	0.64	0.64	2.48	2686	30.3	31.5	2
2686	4.24	4.31	2.29	1870	0.64	0.64	2.67	2686	29.4	31	2.29
2686	3.95	4.24	2.5	2194	0.59	0.63	3.66	2686	26.8	30.1	2.5
2686	3.9	4.18	2.67	1870	0.58	0.62	3.69	2686	25.5	29.4	2.67
2686	3.89	4.14	2.8	1870	0.58	0.61	3.67	2686	25.3	28.8	2.8
2686	3.8	4.1	2.91	2686	0.57	0.61	4.39	2686	25.1	28.3	2.91
2686	3.56	4.04	3	2194	0.56	0.6	5.14	2686	23.3	27.8	3
2686	3.43	3.98	3.08	1870	0.55	0.6	5.04	2676	22.7	27.3	2.78
2686	3.27	3.91	3.14	2686	0.54	0.59	5.61	2194	22.6	26.8	3.52
2686	3.2	3.85	3.2	2194	0.54	0.59	6.19	1870	22.4	26.5	4.24
2686	3.2	3.8	3.25	2686	0.53	0.58	6.61	2686	21.8	26.1	4.17
2686	3.15	3.76	3.29	2686	0.53	0.58	6.86	2686	20.6	25.7	4.1
2676	3.08	3.71	2.76	1900	0.53	0.58	7.44	2686	20.4	25.4	4.05
2686	3.06	3.67	2.75	2194	0.52	0.57	7.84	2686	19.8	25	4
1870	2.95	3.63	3.37	1870	0.52	0.57	7.8	2194	19.8	24.7	4.44
2686	2.95	3.59	3.35	2686	0.52	0.57	7.95	2686	19.7	24.4	4.37
1900	2.93	3.55	3.88	1870	0.5	0.56	7.89	2686	19.6	24.2	4.31
2194	2.84	3.52	4.38	2194	0.5	0.56	8.22	1900	19.4	23.9	4.85
2194	2.72	3.48	4.77	1870	0.49	0.56	8.13	2194	19.3	23.7	5.23
2676	2.66	3.44	5.17	1870	0.49	0.55	8.01	2680	18.8	23.5	5.77
2194	2.62	3.41	5.55	1870	0.49	0.55	7.87	2686	18.5	23.3	5.66
2686	2.62	3.38	5.44	1874	0.48	0.55	8.43	2194	18.2	23.1	6
2680	2.59	3.34	5.95	2194	0.48	0.55	8.7	1870	16.5	22.8	6.43
2686	2.59	3.31	5.83	2194	0.48	0.54	8.89	2686	16.5	22.6	6.29
1900	2.51	3.28	6.23	2194	0.47	0.54	9.02	2676	16.2	22.3	6.71
2676	2.48	3.26	6.6	1870	0.47	0.54	8.9	2692	16	22.1	7.23
2686	2.48	3.23	6.46	1870	0.47	0.54	8.77	1874	15.7	21.9	7.75
1900	2.43	3.2	6.82	2686	0.47	0.53	9	2193	15.6	21.7	8.27
2684	2.36	3.18	7.3	2686	0.46	0.53	9.18	2676	15.6	21.5	8.68
2680	2.35	3.15	7.71	1874	0.46	0.53	9.7	2194	15.4	21.3	9
2194	2.28	3.12	8.05	1922	0.46	0.53	10.2	2686	15.3	21.1	8.77
2676	2.24	3.1	8.4	1870	0.46	0.52	10.1	2194	15.2	20.9	9.05

2680	2.22	3.07	8.79	1900	0.45	0.52	10.6	1911	14.9	20.8	9.56
2692	2.2	3.05	9.29	1870	0.45	0.52	10.4	2680	14.9	20.6	10
1870	2.2	3.03	9.72	2194	0.45	0.52	10.5	2686	14.5	20.4	9.76
2194	2.18	3	10	1900	0.44	0.52	11	2680	14.5	20.3	10.2
2676	2.18	2.98	10.4	1870	0.44	0.51	10.8	2680	14.3	20.1	10.5
2686	2.16	2.96	10.1	2194	0.44	0.51	10.9	1872	14.3	20	11
2680	2.12	2.94	10.5	1900	0.44	0.51	11.3	1900	14.1	19.8	11.5
2684	2.12	2.92	10.9	1870	0.44	0.51	11.1	1870	14	19.7	11.9
2676	2.09	2.9	11.2	1900	0.44	0.51	11.4	1911	14	19.6	12.3
1870	2.08	2.88	11.6	2194	0.43	0.51	11.5	1870	13.8	19.4	12.7
1900	2.08	2.87	11.9	2194	0.43	0.5	11.6	2680	13.7	19.3	13
1872	2.07	2.85	12.5	2686	0.43	0.5	11.8	1874	13.6	19.2	13.5
2680	2.07	2.83	12.8	1900	0.43	0.5	12.1	2692	13.6	19.1	14
2680	2.07	2.82	13.1	2194	0.43	0.5	12.1	2684	13.6	18.9	14.5

LA6 – Latossolo amarelo álico, A moderado, textura média arenosa + areia quartzosa álica, ambos relevo suave e ondulado

CAP				ALT				VOL			
Família	a	Ganho	Ne	Família	a	Ganho	Ne	Família	a	Ganho	Ne
2193	2.77	2.77	1	2692	7.39	7.39	1	2692	43.1	43.1	1
2193	2.73	2.75	1.6	2692	7.34	7.36	1.6	2692	37.7	40.4	1.6
2193	2.66	2.72	2	2692	6.91	7.21	2	2692	35.6	38.8	2
2193	2.61	2.69	2.29	2692	6.72	7.09	2.29	2692	34.1	37.6	2.29
2193	2.52	2.66	2.5	2692	6.31	6.93	2.5	2692	33.2	36.7	2.5
2193	2.47	2.62	2.67	2692	6.22	6.81	2.67	2193	32	35.9	2.77
2692	2.42	2.6	2.78	2692	6.1	6.71	2.8	2692	31.9	35.4	2.78
1878	2.23	2.55	3.64	2692	5.82	6.6	2.91	2692	31.2	34.9	2.78
1882	2.16	2.44	4.31	2692	5.81	6.51	3	1882	31	34.4	3.6
2193	2.16	2.47	3.56	2692	5.71	6.43	3.08	2200	29.6	33.9	4.4
2193	2.16	2.4	4.8	2193	5.67	6.36	2.77	2193	29	33.5	5.03
2193	2.16	2.51	3.6	2193	5.41	6.28	3.35	2692	28.9	33.1	4.91
2692	2.16	2.42	4.91	2193	5.35	6.21	3.92	2692	28.9	32.8	4.8
2692	2.11	2.38	5.29	2193	5.17	6.14	4.45	2692	28	32.4	4.69
2193	2.1	2.36	5.16	2684	5.15	6.07	4.92	2193	27.8	32.1	5.16
2692	2.09	2.34	5.57	2193	5.14	6.01	5.27	2193	27.2	31.8	5.57
2692	2.09	2.33	5.89	2692	5.13	5.96	5.18	2193	26.2	31.5	5.89
2193	2.08	2.31	5.78	2692	5	5.91	5.08	2193	26.1	31.2	6.14
2692	2.01	2.3	6.04	2692	5	5.86	4.99	2686	26	30.9	6.79
1878	1.98	2.28	6.59	2692	5	5.82	4.9	2206	25.9	30.7	7.45
2193	1.98	2.27	6.46	2692	4.94	5.77	4.82	1878	25.8	30.4	8.13
2692	1.95	2.25	6.68	2692	4.89	5.73	4.74	2692	25.3	30.2	7.95
2193	1.93	2.24	6.57	1882	4.88	5.7	5.26	1898	25	30	8.61
1878	1.88	2.22	7.02	2686	4.88	5.66	5.79	1878	24.3	29.7	9.16
2202	1.85	2.21	7.58	1878	4.8	5.63	6.31	2692	23.7	29.5	8.93
2692	1.84	2.2	7.74	2692	4.78	5.6	6.19	1876	23.6	29.3	9.58
1882	1.83	2.18	8.25	1880	4.76	5.57	6.69	2692	23.4	29.1	9.32
2692	1.82	2.17	8.37	2193	4.75	5.54	6.96	2692	23.3	28.9	9.08
2692	1.82	2.16	8.44	1878	4.69	5.51	7.39	2692	23.1	28.7	8.85
1882	1.81	2.15	8.89	2692	4.65	5.48	7.23	2692	23	28.5	8.63
2193	1.8	2.13	8.76	1898	4.63	5.45	7.73	2193	22.9	28.3	8.86

2684	1.79	2.12	9.29	2193	4.58	5.42	7.96	1882	22.7	28.1	9.32
1876	1.78	2.11	9.84	2684	4.55	5.4	8.38	2676	22.6	27.9	9.87
1898	1.77	2.1	10.4	1880	4.51	5.37	8.81	2692	22.4	27.8	9.63
1898	1.75	2.09	10.9	1900	4.5	5.35	9.32	2193	22	27.6	9.82
2692	1.75	2.08	10.9	2193	4.44	5.32	9.52	1898	21.9	27.5	10.3
1872	1.71	2.07	11.5	1898	4.37	5.3	9.96	1880	21.7	27.3	10.8
2686	1.7	2.06	12	2686	4.37	5.27	10.4	2692	21.7	27.2	10.6
2684	1.68	2.04	12.5	1898	4.27	5.25	10.8	1882	21.5	27	11
2692	1.68	2.05	12	2684	4.21	5.22	11.2	2684	21.4	26.9	11.5
2193	1.65	2.03	12.3	2684	4.18	5.19	11.6	2686	21.2	26.7	11.9
1878	1.64	2.03	12.7	2686	4.17	5.17	12	1898	20.9	26.6	12.4
1878	1.63	2.01	13.5	2193	4.15	5.15	12.2	2193	20.3	26.4	12.5
1880	1.63	2.02	13.2	2206	4.13	5.12	12.7	1878	19.8	26.3	12.9
2692	1.62	2	13.5	2193	4.11	5.1	12.8	2684	19.7	26.1	13.4
2692	1.62	1.99	13.4	1880	4.1	5.08	13.2	2136	19.3	26	13.9
2692	1.62	1.98	13.2	2692	4.06	5.06	12.9	1880	18.8	25.8	14.4
1898	1.6	1.97	13.7	2193	4.03	5.04	13	1878	18.8	25.7	14.8