

Estimação de Parâmetros Genéticos em Teste de Procedência e Progenie de Cedro Australiano¹

Alisson Moura Santos², Sebastião Carlos da Silva Rosado³, Lucas Rodrigues Rosado⁴
Eduardo de Castro Stehling⁵

Resumo

Com o objetivo de estimar os parâmetros genéticos e identificar potenciais progênies e procedências foi implantado um teste de procedência/progenie de cedro australiano (*Toona ciliata*) em Campo Belo/MG. Avaliou-se 78 progênies de polinização aberta, provenientes de 16 procedências distintas da Austrália. O experimento foi instalado em janeiro de 2008 no delineamento de blocos ao acaso, com 3 repetições e parcelas quadradas de 16 plantas em espaçamento de 3 x 2 m. Foram obtidos os dados de diâmetro e altura aos 6, 16 e 31 meses de idade. Estimaram-se os parâmetros genéticos e realizou a predição dos valores genotípicos. Observou-se grande variabilidade genética entre e dentro de procedências e houve efeitos significativos de progênies e procedências para os caracteres avaliados. Constataram-se herdabilidades de alta magnitude nas diferentes idades e verificou-se ainda alta correlação genética entre as características avaliadas e entre as idades, sugerindo a eficiência na seleção indireta.

Introdução

É crescente a participação do segmento florestal na economia mundial. O ritmo de crescimento das florestas brasileiras tem sido imbatível em qualidade e em custos. Mesmo com a primazia alcançada, a cada dia surgem novos desafios para suprimento de matéria-prima aos novos mercados consumidores.

Nesse cenário promissor, surgem oportunidades de negócio com o cultivo de espécies potenciais para suprimento dessa demanda de consumo. Com destaque para a família das Meliaceas que é constituída por espécies de grande valor econômico para a produção de madeira. A espécie *Toona ciliata* vem sendo amplamente difundida pela excelente qualidade de madeira e boa adaptação as condições edafoclimáticas brasileiras.

Posto isso, hipóteses foram levantadas no sentido de que a importação de propágulos proveniente de diferentes procedências para condução de monocultivos dessa espécie pode produzir árvores com excelente qualidade de madeira e alta produtividade. Assim, com a presente pesquisa objetivou-se estimar os parâmetros genéticos e avaliar o desempenho de diferentes progênies e procedências em condições edafoclimáticas do Sul de Minas Gerais.

Material e Métodos

O experimento foi instalado nas dependências da empresa Bela Vista Florestal no município de Campo Belo, Minas Gerais, latitude 20°53'58.89"S, 45°17'33.04"W e altitude média de 945 metros. A precipitação pluviométrica média anual é de 1.250 mm com chuvas bem distribuídas e temperatura média de 23,5°C.

Os genótipos utilizados no experimento constituíram-se de 78 progênies de meio-irmãos formados a partir de sementes coletadas em árvores matrizes de polinização livre em 16 procedências nos estados australianos de Queensland (QLD) e New South Wales (NSW). As progênies estão distribuídas ao longo de gradiente altitudinal que varia de 40 a 1000m e de precipitação, variando de 790 a 2091 mm.

O teste de procedência/progenie foi implantado no delineamento de blocos ao acaso (DBC), três repetições e parcelas quadradas de 16 plantas e bordadura dupla em torno do experimento. O espaçamento utilizado foi de 3 x 2 metros, totalizando uma área de 4,55 ha. Realizaram-se as avaliações de diâmetro a altura do colo (cm) e altura nas idades de seis meses, 16 meses e 31 meses.

¹ Parte da tese de doutorado do primeiro autor

² Pesquisador da Embrapa Florestas – CNPF – Embrapa/Colombo. e-mail: alisson.santos@embrapa.br

³ Professor Adjunto do Departamento de Ciências Florestais – UFLA/Lavras. e-mail: scrosado@dcf.ufla.br

⁴ Mestrando em Ciências Florestais – UFLA/Lavras. e-mail: lucasrosado@yahoo.com.br

⁵ Mestre em Ciências Florestais, Bela Vista Florestal, Campo Belo. e-mail: pesquisa@belavistaflorestal.com.br

A avaliação genética do teste de procedência/progênie foi realizada em nível de indivíduos por meio de procedimentos de modelos mistos pelo método REML/BLUP via programa estatístico Selegen (Resende 2007b). Para análise genético-estatística do experimento em blocos ao acaso, adotou-se o modelo estatístico que se aplica aos testes de progênies com várias plantas por parcela, um local e várias procedências. Essa análise classifica os melhores indivíduos pelos seus valores genéticos preditos, além de fornecer os parâmetros genéticos que serão utilizados para a seleção.

A partir dessas análises foram obtidas as significâncias dos efeitos aleatórios dos modelos pelo teste da razão da verossimilhança (LRT) e as análises de deviances. A precisão experimental foi obtida pela estimação da acurácia. As correlações genéticas e fenotípicas foram obtidas conforme sugerido por Resende (2007b).

Resultados e Discussão

A sobrevivência observada em todo o experimento foi alta, alcançando 92%, fato que contribuiu para manter o teste balanceado quanto ao número de progênies nos blocos. Não se observou, portanto, padrão na distribuição da mortalidade, esta ocorrência se deu de forma aleatória e natural.

Os resultados das análises de deviances para o caráter diâmetro são apresentados na Tabela 1. Pode-se observar a existência de efeitos significativos ($P < 0,01$) de progênies e procedências nas três avaliações, exceto para procedência na 1ª avaliação conduzida aos 6 meses de idade. Por meio desses resultados observa-se a presença de grande variabilidade entre as procedências e entre as progênies, confirmando a possibilidade de obtenção de ganhos com a seleção dos genótipos superiores.

Tabela 1 Análise de deviance (ANADEV) para o caráter diâmetro obtido na avaliação de progênies de meio-irmãos de *Toona ciliata* em Campo Belo, MG

Efeito	6 meses		16 meses		31 meses	
	Deviance	LRT Qui-quadrado	Deviance	LRT Qui-quadrado	Deviance	LRT Qui-quadrado
Progênies	-192,77 ⁺	9,9**	1615,64 ⁺	9,94**	8437,12 ⁺	54,95**
Procedência	-199,27 ⁺	3,4 ^{ns}	1633,22 ⁺	27,52**	8423,40 ⁺	41,23**
Modelo completo	-202,67	-	1605,7	-	8382,17	-

Qui-quadrado tabelado: 3,84 e 6,63, para níveis de significância de 5%^(*) e 1%^(**), respectivamente. ⁺Deviance do modelo ajustado sem os referidos efeitos. ns: Não significativo

As estimativas dos parâmetros genéticos obtidos na avaliação de progênies de meio-irmãos de cedro australiano nas idades de 6, 16 e 31 meses para os caracteres diâmetro e altura são apresentadas na Tabela 2.

Observam-se pelas estimativas de variância genética aditiva (σ^2_{A}) valores mais altos nas idades mais avançadas, aumentando seu valor com o tempo de avaliação. Constata-se essa tendência para os parâmetros variância fenotípica (σ^2_{P}) e variância genética entre procedências (σ^2_{C}). O aumento dessas variâncias ao longo do tempo é normal, visto que há um aumento no valor do crescimento em função do tempo. No entanto, quando são analisados os coeficientes de variação (CV_{gi} , CV_{gp}) nota-se que os valores desses coeficientes também aumentaram em função da idade. Assim, pode-se inferir sobre a ocorrência de liberação da variabilidade genética com o crescimento das árvores e consequentes variações nas propriedades da árvore.

Observa-se que a variância genética aditiva (σ^2_{A}) foi superior a variância residual (σ^2_{R}), exceto na primeira avaliação, evidenciando uma boa precisão experimental.

Pode-se verificar, por meio dos coeficientes de variação, que existe grande variabilidade entre os genótipos. Isso pode ser confirmado pelo parâmetro CV_r (razão entre CV_{gi}/CV_e) que apresentaram valores superiores a 1,0 em todas as avaliações, indicando a viabilidade de seleção para obtenção de ganhos genéticos expressivos.

Outro parâmetro que evidencia as perspectivas favoráveis de melhoramento genético são as estimativas de herdabilidade individual no sentido restrito (h^2), as quais apresentaram de grande magnitude e expressivos valores para herdabilidade em nível de médias de famílias (h^2_{fam}). Vencovsky e Barriga (1992) destacam que a estimativa da herdabilidade, baseada em média de progênie, assume maior grau de precisão e, por

consequência, em uma maior acurácia. Segundo esses autores isso é devido a uma diminuição da influência dos erros experimentais quando se utiliza médias.

Os valores dos coeficientes de determinação dos efeitos de parcela ($C2_{\text{parc}}$) para os caracteres diâmetro e altura são baixos, principalmente na última avaliação (31 meses). Essa informação é importante para determinar o quanto que a variação nas parcelas contribuiu para a variação total. Depreende-se assim que houve baixa variação ambiental dentro das parcelas e que o delineamento experimental pode ser considerado eficiente.

No que concerne aos valores dos coeficientes de determinação dos efeitos de procedências ($C2_{\text{proc}}$) observou-se comportamento crescente, atribuindo também valores mais altos na última avaliação. Isso indica que a contribuição do efeito procedências está sendo mais evidente com o passar do tempo, o que, provavelmente é devido a liberação de variabilidade genética, como anteriormente mencionado.

Esse comportamento é favorável para a seleção de procedências promissoras, uma vez que pelos resultados constatou-se grande variabilidade genética entre as procedências avaliadas. Tal constatação evidencia a eficiência na amostragem realizada na coleta das sementes, tendo em vista que se obteve genótipos de diferentes regiões e condições edafoclimáticas.

Mediante esses resultados, perspectivas promissoras surgem com a possibilidade de se obter uma população com grande variabilidade genética e média alta. Apesar do programa de melhoramento ainda está em fase inicial, observa-se perspectivas de sucesso na instalação de novos campos experimentais com uso de procedências e progênies aqui avaliadas no intuito de selecionar genótipos para as diversas condições ecológicas do Brasil, tal como já é realizado para outras espécies florestais, como as do gênero *Pinus* e *Eucalyptus*.

Tabela 2 Estimativas dos parâmetros genéticos para as características diâmetro e altura em progênies obtidas na avaliação de meio-irmãos de *Toona ciliata* aos 6, 16 e 31 meses de idade

Parâmetros	Meses					
	Diâmetro (cm)			Altura (m)		
	6	16	31	6	16	31
	0,128	1,072	3,499	0,023	0,376	1,257
	0,013	0,574	1,757	0,00007	0,079	0,568
	0,147	0,803	1,896	0,032	0,041	0,495
	0,317	2,889	7,51	0,065	0,611	2,494
	0,40	0,371	0,465	0,353	0,615	0,504
	0,714	0,688	0,917	0,671	0,856	0,928
	0,845	0,829	0,957	0,819	0,925	0,963
	0,088	0,152	0,047	0,142	0,186	0,069
	0,043	0,198	0,233	0,001	0,13	0,227
CV _{gi} (%)	17,232	16,936	29,686	18,885	17,74	23,97
CVe (%)	10,797	12,01	12,695	14,623	10,597	10,978
CVr	1,595	1,41	2,338	1,291	1,674	2,18
PEV	0,0092	0,0838	0,0736	0,0019	0,0136	0,0228
SEP	0,0957	0,2895	0,2713	0,0435	0,1165	0,1511
Média geral	2,07	6,11	6,301	0,804	3,457	4,67

= variância genética aditiva; = variância genética entre procedências; = variância residual dentro de parcelas; = variância fenotípica; = herdabilidade individual no sentido restrito; = herdabilidade em nível de médias de progênies; = acurácia para seleção de progênies; $C2_{\text{parc}}$ = coeficiente de determinação dos efeitos de progênies; $C2_{\text{proc}}$ = coeficiente de determinação dos efeitos de procedências; CV_{gi} = coeficiente de variação genética aditiva individual; CVe = coeficiente de variação residual; CVr = razão entre CV_{gi}/CVe ; PEV = variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênie; SEP = desvio padrão do valor genotípico predito de progênie.

Observam-se baixos valores para variância do erro de predição (PEV) e de seus respectivos desvios padrões (SEP). Esses resultados estão diretamente relacionados à precisão e maximização da acurácia e, por conseguinte, na eficiência da seleção, tal como mencionado por Resende e Duarte (2007).

As acurácias apresentaram valores medianos nas duas avaliações iniciais, com valores inferiores a 0,70, sendo classificada, de acordo com Resende e Duarte (2007), como moderada. Contudo, na última avaliação, por meio dos valores da acurácia encontram-se, na maioria, acima de 0,80, sendo assim classificada como alta.

Na Tabela 3 são apresentados os valores de correlação idade-idade e entre as características analisadas. As correlações genótípicas variaram de 0,5325 a 0,9296, sendo que a menor estimativa foi obtida aos 16 meses e a maior aos 31 meses. Observa-se correlação alta e positiva nas diferentes idades para altura e diâmetro.

Nesse caso, o fato de não existirem correlações genótípicas desfavoráveis torna o processo seletivo mais simples, visto que modificações em uma característica tendem a ser acompanhadas de modificações, no mesmo sentido. Isso sugere que a seleção em uma das características promoverá ganhos indiretos em outra e que os mesmos genes que estão influenciando os caracteres nas diferentes idades. Esse comportamento evidencia a presença de genes pleiotrópicos ou a ocorrência de genes ligados, atuando no controle dessas duas características avaliadas.

Salienta-se que houve tendência de os coeficientes de correlação genotípica superarem os de correlação fenotípica, o que evidencia que os fatores genéticos são mais importantes que os de ambiente na expressão fenotípica desses caracteres. O conhecimento da magnitude da correlação genotípica é de fundamental importância para orientar os programas de melhoramento, pois indica a porção genética da correlação fenotípica (Falconer and Mackay 1996).

Tabela 3 Correlação entre as características DAP e altura. Acima e abaixo da diagonal encontram-se, respectivamente, os valores de correlação genotípica e fenotípica

<i>Variáveis</i>	<i>6 meses</i>		<i>16 meses</i>		<i>31 meses</i>	
	Diâmetro	Altura	Diâmetro	Altura	Diâmetro	Altura
Diâmetro 6	1.0	0,81	0,72	0,63	0,61	0,56
Altura 6	0.98	1.0	0,53	0,59	0,45	0,47
Diâmetro 16	0.77	0.76	1.0	0,84	0,84	0,80
Altura 16	0.77	0.75	0.98	1.0	0,74	0,80
Diâmetro 31	0.18	0.18	0.24	0.22	1.0	0,93
Altura 31	0.18	0.18	0.23	0.23	0.93	1.0

Diante dos altos valores de herdabilidade no sentido restrito e das magnitudes das correlações genótípicas nas diferentes idades, depreende-se que possivelmente haverá uma eficiência na seleção precoce dos indivíduos em teste. Essa informação é de grande utilidade prática, especialmente, em plantas perenes, uma vez que no melhoramento florestal o principal entrave é o tempo demandado para selecionar os genótipos mais promissores. Esse processo de seleção é demorado, em função do número de avaliações e do tempo demandado para aferir os melhores genótipos. O fato da presença de correlação genotípica nas diferentes idades, bem como altas estimativas de herdabilidade, favorecem vantagens adicionais tais como experimentos menos duradouros e maior facilidade para tomada de dados (Rezende et al. 1994).

Agradecimentos

Os autores agradecem a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES pela concessão da bolsa de doutorado ao primeiro autor, ao IEF-MG e SEBRAE por financiamento de parte deste trabalho. A APFLOR e Bela Vista Florestal por toda a estrutura e suporte fornecidos na condução deste trabalho.

Referências

- Falconer DS and Mackay TFC (1996) **Introduction to quantitative genetics**. Longman, Malaysia/London, 463p.
- Resende MDV (2002) **Genética biométrica e estatística: no melhoramento de plantas perenes**. Embrapa, Brasília, 975p.
- Resende MDV (2007a) **Software SELEGEN – REML/BLUP: Sistema estatístico e seleção computadorizada via modelos lineares mistos**. Embrapa Florestas, Colombo, 359p.
- Resende MDV (2007b) **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Embrapa Florestas, Colombo, 561p.
- Resende MDV de and Duarte JB (2007) Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical 3**: 182-194.
- Rezende GDSP, Bertolucci FLG, Ramalho MAP (1994) Eficiência da seleção precoce na recomendação de clones de eucalipto avaliados no norte do Espírito Santo e sul da Bahia. **Revista Cerne 1**: 45-50.