



THIAGO TAVARES BOTELHO

**ESTRATÉGIAS PARA A SELEÇÃO EM UM PROGRAMA DE
MELHORAMENTO DE EUCALIPTO**

**LAVRAS – MG
2024**

THIAGO TAVARES BOTELHO

**ESTRATÉGIAS PARA A SELEÇÃO EM UM PROGRAMA DE MELHORAMENTO
DE EUCALIPTO**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de Doutor.

Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves

Orientadora

Dr. Tiago de Souza Marçal

Coorientador

**LAVRAS – MG
2024**

**Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).**

Botelho, Thiago Tavares.

Estratégias para a seleção em um programa de melhoramento
de eucalipto / Thiago Tavares Botelho. - 2023.

46 p.

Orientador(a): Flavia Maria Avelar Gonçalves.

Coorientador(a): Thiago de Souza Marçal.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Lavras, 2023.

Bibliografia.

1. Eucalyptus grandis. 2. Genética Quantitativa. 3.
Melhoramento de Plantas. I. Gonçalves, Flavia Maria Avelar. II.
Marçal, Thiago de Souza. III. Título.

THIAGO TAVARES BOTELHO

**ESTRATÉGIAS PARA A SELEÇÃO EM UM PROGRAMA DE MELHORAMENTO
DE EUCALIPTO**

STRATEGIES FOR SELECTION IN A EUCALYPTUS BREEDING PROGRAM

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de Doutor.

APROVADO em 27 de novembro de 2023.

Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves	UFLA
Dr. Tiago de Souza Marçal	UFLA
Dr. Magno Antônio Patto Ramalho	UFLA
Dra. Fabiana Rezende Muniz	SUZANO
Dr. José Luis Lima	SUZANO



Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves
Orientadora

Dr. Tiago de Souza Marçal
Coorientador

**LAVRAS – MG
2024**

AGRADECIMENTOS

Agradeço à Deus e Nossa Senhora, por sempre se fazerem presentes em minha vida, cuidando de mim, me dando forças para seguir minha caminhada e acalmando meu coração nos momentos difíceis.

Agradeço a sociedade brasileira, pagadora de impostos, graças a sua contribuição hoje posso receber o título de doutor. Graças a sua contribuição que a ciência avança nesse país.

Agradeço à professora Flávia Avelar por essa caminhada de quatro anos juntos. Muito obrigado por cada conversa e conselho. Além de orientadora, você é uma mãe para seus orientandos.

Agradeço a todos os professores do PPGGM por toda atenção e conhecimentos transmitidos em sala de aula, seminários, palestras, etc. Em especial ao professor Tiago Marçal que muito me ajudou nessa caminhada do doutorado.

Agradeço a Universidade Federal de Lavras e ao programa de pós graduação em Genética e Melhoramento de Plantas pelas oportunidades oferecidas ao longo da minha carreira acadêmica.

Agradeço à minha esposa Rafaela, por todo amor, carinho e paciência, e pela ajuda e apoio que sempre me deu. Aos meus pais, Maria de Lourdes e José Fábio, que são os maiores exemplos de vida que eu pude ter. Sempre me incentivando a estudar e fazer o que é certo. Ao meu irmão Pedro, por todo o companheirismo e amizade.

Agradeço todos os colaboradores do Departamento de Biologia e da UFLA. Funcionários da limpeza, campo e secretárias. Seus esforços diários são fundamentais para o funcionamento da universidade.

Agradeço a empresa Suzano S.A. por gentilmente ter cedido o conjunto de dados utilizado para produção da minha qualificação e tese de doutorado.

Agradeço as fontes financiadoras que apoiam a pesquisa no Brasil (CNPq, CAPES e FAPEMIG). O presente trabalho foi realizado com apoio do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq)

MUITO OBRIGADO!

RESUMO GERAL

Uma limitação dos testes de progênies é a baixa correlação entre o desempenho dos indivíduos no teste de progênies com seu desempenho no teste clonal. Deste modo, os melhoristas devem buscar estratégias que forneçam cenários favoráveis a seleção dos melhores indivíduos. Foi realizado o presente trabalho com os seguintes objetivos: otimizar a seleção clonal e de genitores em eucalipto por meio da modelagem dos efeitos aditivos e não aditivos utilizando-se de diferentes estruturas de parentesco; avaliar o número mínimo de indivíduos que represente uma progênie de meios-irmãos em eucalipto. Para isso, foram realizados dois trabalhos de pesquisa com um conjunto de dados cedido pela empresa Suzano SA. Foram utilizados dados referentes a dois testes de progênies de meios irmãos, ambos instalados no delineamento de blocos casualizados com quatro repetições, parcelas de quatro linhas com cinco plantas, 80 indivíduos por progênie. O primeiro trabalho foi focado em otimizar a seleção clonal e de genitores por meio da modelagem dos efeitos genéticos, baseando-se em diferentes estruturas de pedigree. Para tanto, foram utilizados dados referentes a um teste de progênie em que foram estimados o incremento médio anual de madeira, rendimento depurado de celulose e densidade básica da madeira, todos aos seis anos. Foi realizada a genotipagem de 1.740 plantas das 2.160, e de posse dos dados, as análises foram realizadas utilizando duas estruturas de modelo, com e sem o efeito não aditivo, aliadas a três estruturas de pedigree: original, corrigido e híbrido. Foi estimado o índice de coincidência na seleção dos 30 melhores indivíduos para genitores e 200 melhores para clones. No segundo trabalho, o foco foi estimar o número mínimo de indivíduos por progênie a serem utilizados em um teste de progênies de meios-irmãos, de maneira a manter um cenário com boa precisão experimental. Foram utilizados dados de dois testes de progênies de meios-irmãos, em que se estimou o incremento médio anual de madeira aos três anos de idade. O número de indivíduos testados por progênie variou de 8 a 76, sendo realizadas 1.000 reamostragens sem reposição para cada cenário. Em cada reamostragem foram obtidas as estimativas da variância genética aditiva entre as progênies, variância dentro de parcelas, variância residual, média populacional, acurácia seletiva, coeficiente de variação genético e coeficiente de variação residual. Para o primeiro trabalho, os resultados demonstraram que o efeito genético não aditivo foi significativo apenas para IMA. A utilização do pedigree híbrido se mostrou mais eficiente que os demais, promovendo altas estimativas de acurácia. Os modelos não influenciaram na seleção dos indivíduos selecionados para genitores, entretanto houve mudanças quando se promoveu a seleção de indivíduos para serem clonados. No segundo trabalho, verificou-se que o número de indivíduos por progênie teve pouca ou nenhuma influência na maioria dos parâmetros. Seu maior impacto foi nas estimativas de acurácia, sendo que a partir de 60 indivíduos o incremento passou a ser mínimo e além disso, nesse cenário já foram obtidas estimativas de acurácia que indicam que a seleção pode ser realizada com boa precisão.

Palavras-chaves: *Eucalyptus grandis*. Biometria. Genética Quantitativa. Breeding Value. Acurácia. Melhoramento de Plantas.

ABSTRACT

One of the limitations of progeny testing is the low correlation between individual performances in progeny testing and their performance in the clonal testing. Thus, breeders must seek strategies that provide favorable scenarios for selecting the best individuals. The present study was conducted with the following objectives: to optimize clonal and parent selection in eucalyptus by modeling additive and non-additive effects using different kinship structures; and to evaluate the minimum number of individuals needed to represent a half-sibling progeny in eucalyptus. For this purpose, two research studies were conducted using a dataset provided by the company Suzano S. A. Data referring to two half-sib progeny tests (TP1 and TP2) was used, both implemented in a randomized complete block design with four replications, plots of four rows with five plants, and 80 individuals per progeny. The first study focused on optimizing clonal and parent selection by modeling genetic effects based on different pedigree structures. Data from a progeny test were used to estimate the average annual wood increment, pulp yield, and wood basic density, all at six years. Genotyping was performed on 1,740 out of 2,160 plants, and analyses were conducted using two model structures, with and without non-additive effects, combined with three pedigree structures: original, corrected, and hybrid. The coincidence index was estimated for selecting the 30 best individuals for parents and the 200 best for clones. In the second study, the focus was on estimating the minimum number of individuals per progeny to be used in a half-sibling progeny test while maintaining a scenario with good experimental precision. Data from two half-sibling progeny tests were used, estimating the average annual wood increment at three years of age. The number of individuals tested per progeny ranged from 8 to 76, with 1,000 non-replacement resamplings for each scenario. Each resampling provided estimates of additive genetic variance between progenies, within-plot variance, residual variance, population mean, selective accuracy, genetic coefficient of variation, and residual coefficient of variation. For the first study, the results showed that non-additive genetic effects were significant only for IMA. The use of the hybrid pedigree was more efficient than others, yielding high accuracy estimates. The models did not influence the selection of individuals for parentage, but there were changes when selecting individuals for cloning. In the second study, the number of individuals per progeny had little or no influence on most parameters. Its greatest impact was on accuracy estimates, with minimal increments beyond 60 individuals, indicating that accurate selection could be achieved in this scenario.

Keywords: *Eucalyptus grandis*. Biometry. Quantitative Genetics. Breeding Value. Accuracy. Plants Breeding

SUMÁRIO

1. PRIMEIRA PARTE.....	9
INTRODUÇÃO GERAL	9
2. SEGUNDA PARTE.....	13
2. Artigo 1 - Modelagem dos efeitos genéticos aditivos e não aditivos visando à seleção de indivíduos em um teste de progênes na cultura do eucalipto.....	13
Resumo:	14
2.1 INTRODUÇÃO	14
2.2 MATERIAL E MÉTODOS	16
2.3 RESULTADOS	19
2.4 DISCUSSÃO	23
2.6 CONCLUSÃO.....	27
REFERÊNCIAS	27
3. Artigo 2 - Efeitos do número de indivíduos nas estimativas dos parâmetros genéticos em progênes de meios irmãos na cultura do eucalipto.....	30
Resumo:	31
3.1 INTRODUÇÃO	31
3.2 MATERIAL E MÉTODOS	33
3.4 RESULTADOS	34
3.4 DISCUSSÃO	39
3.5 CONCLUSÃO.....	42
REFERÊNCIAS	42

1. PRIMEIRA PARTE

INTRODUÇÃO GERAL

As florestas são recursos de importância global e atualmente ocupam 31% da superfície terrestre com cerca de 4,06 bilhões de hectares (ha). Deste montante, 294 milhões de ha (7%) são florestas plantadas (FAO, 2022). Dentro desse setor, a cultura do eucalipto ocupa 22,7 milhões de ha com dispersão em mais de 95 países, sendo o Brasil o país com maior área plantada (ZHANG; WANG, 2021; HUA et al., 2022; MASIERO et al., 2022). No Brasil, o potencial produtivo dos plantios de eucalipto é superior ao de outras regiões do mundo, visto que a produtividade média tem evoluído bastante ao longo dos anos, em 1970 era $10 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$ e atualmente é de $38,9 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$ (IBÁ, 2022).

Em 2021, os plantios de eucalipto no Brasil ocuparam 7,53 milhões de hectares, concentrados principalmente nos estados de Minas Gerais, São Paulo e Mato Grosso do Sul (IBÁ, 2022). A cultura tem grande importância comercial na economia brasileira, sendo a base que abastece de matéria-prima grandes setores industriais, como celulose e papel, siderurgia e carvão vegetal (OLIVEIRA; PINTO JÚNIOR, 2021). Além disso, tem sido usado para outras finalidades, tais quais madeira serrada, postes, bioenergia, dentre várias outras (IBÁ, 2022).

A demanda pelos produtos derivados da madeira é crescente. Existe a perspectiva para um aumento de 37% no consumo de produto primário da madeira até o ano de 2050 (FAO, 2022). Sabendo disso, torna-se necessário a busca por materiais genéticos cada vez mais produtivos e tolerantes aos diversos desafios bióticos e abióticos (CASTRO et al., 2018; MOLION, 2008). Um grande desafio para os programas de melhoramento genético do eucalipto é continuar obtendo ganho para os diversos caracteres trabalhados, desta forma, os melhoristas devem buscar por estratégias de fenotipagem capazes de detectar diferenças que são mínimas entre os indivíduos avaliados (SANTOS et al., 2021).

Atualmente, os melhoristas têm utilizado o teste de progênies para proceder a seleção de indivíduos que posteriormente são avaliados em testes clonais (MASIERO, 2022; RESENDE, 2002; ARANTES et al., 2010). Um grande entrave nessa metodologia é a baixa correlação encontrada entre os genótipos selecionados no teste de progênies com seus respectivos clones nos testes clonais (REIS et al., 2011).

O primeiro ponto para garantir o sucesso nessa etapa de seleção seria a correta discriminação entre a variação genética e ambiental (FALCONER AND MACKAY, 1996).

Uma vez estimada, a variação genética ainda pode ser particionada em efeitos genéticos aditivos e não aditivos (desvios de dominância e efeitos epistáticos). Proceder a seleção de indivíduos baseando somente nos efeitos aditivos (valor genético do indivíduo), como é comumente realizada, pode ser um entrave, pois em algumas situações os fatores genéticos aditivos e não aditivos são confundidos no modelo e dessa forma uma grande proporção de variância devido a interações de alelos (dominância e epistasia) podem se manifestar como variância aditiva (MUÑOZ et al., 2014; MASIERO et al., 2022).

Cada dia mais, o melhorista deve utilizar de estratégias de análise que permitam a estimação dos parâmetros mencionados de maneira acurada, a fim de garantir o sucesso na seleção dos genótipos. Uma possível alternativa seria adotar um modelo semelhante ao utilizado em programas de melhoramento animal, em que o vetor de efeitos genotípicos é particionado em efeitos genéticos aditivos e não aditivos (OAKEY et al. 2006; HUNT et al. 2013; COWLING et al. 2015). No modelo é incluído um vetor de efeitos aleatórios não correlacionados capaz de capturar os efeitos genéticos residuais (efeitos não aditivos).

Outro ponto a ser discutido é que o teste de progênie, além de ser uma etapa demorada que exige grande atenção do melhorista, também representa um custo considerável no processo de avaliação (COSTA, 2008). Além disso, por se tratar de uma espécie perene, sua avaliação deve ser a mais eficiente possível, isto porque inferências errôneas diminuirão a eficiência de um processo que é demorado. Nessa etapa, o planejamento experimental desempenha um papel importante no avanço do programa de melhoramento. Nele, estão envolvidos inúmeros aspectos, tais como, delineamento experimental, escolha da área, número de progênie, número de repetições e até mesmo número de indivíduos que devem ser avaliados por progênie (RAMALHO et al., 2012; RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2012; STORCK et al., 2021).

Esse último ainda é uma incerteza para a cultura do eucalipto, pois a maioria dos trabalhos existentes tem focado em determinar o tamanho ótimo da parcela experimental (ZANON; STORCK, 1997; STANGER; GALLOWAY; RETIEF, 2011; ARAÚJO et al., 2015; SILVA et al., 2016). O número de indivíduos por progênie pode ser estimado baseando-se em fatores relacionados a precisão experimental, como coeficiente de variação genético e residual além da acurácia seletiva.

Sendo assim, os objetivos desse trabalho foram otimizar a seleção clonal e de genitores em eucalipto por meio da modelagem dos efeitos genéticos aditivos e não aditivos, utilizando diferentes estruturas de parentesco e avaliar o número mínimo de indivíduos que represente uma progênie de meios irmãos de eucalipto.

REFERÊNCIAS

- ARANTES, F. C.; GONÇALVES, P. de S.; SCALOPPI JUNIOR, E. J.; MORAES, M. L. T. de; RESENDE, M. D. V. de. Ganho genético com base no tamanho efetivo populacional de progênies de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 12, p. 1419–1424, dez. 2010. doi: 10.1590/S0100-204X2010001200012.
- ARAÚJO, M. J.; DIAS, D. da C.; SCARPINATI, E. A.; PAULA, R. C. Número de repetições, de plantas por parcela e de avaliações para testes clonais de eucalipto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 50, n. 10, p. 923–931, 2015. doi: 10.1590/S0100-204X2015001000008.
- CASTRO, C. E. C. de; SILVA, P. H. M. da; ARAÚJO, M. J. de; MIRANDA, A. C.; MORAES, M. L. T. de; PAULA, R. C. de. Adaptabilidade, estabilidade e produtividade de progênies de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Scientia Forestalis**, v. 46, n. 118, 1 jun. 2018. doi: 10.18671/scifor.v46n118.02.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to Quantitative Genetics**. v. 17
- FAO. **Global forest sector outlook 2050: Assessing future demand and sources of timber for a sustainable economy**. FAO, 2022.
- HUA, L. S.; CHEN, L. W.; ANTOV, P.; KRISTAK, L.; MD TAHIR, P. Engineering Wood Products from *Eucalyptus* spp. **Advances in Materials Science and Engineering**, v. 2022, p. 1–14, 2 fev. 2022. doi: 10.1155/2022/8000780.
- MASIERO, M. A.; OLIVEIRA, V. H. D.; SILVA, L. S.; SILVA, E. C.; CORDEIRO, N. K.; ALMEIDA, J. dos S.; MENECHINI, W.; PINHEIRO, J. F. Aspectos sobre o melhoramento genético do eucalipto no Brasil. Em: ZUFFO, A. M.; AGUILERA, J. G. (Ed.). **Pesquisas agrárias e ambientais: Volume XII**. Pantanal Editora, 2022. 12 p. 89–104. 2022.
- MOLION, L. C. B. Perspectivas climáticas para os próximos 20 anos. **Revista Brasileira de Climatologia**, v. 3, 31 ago. 2008. doi: 10.5380/abclima.v3i0.25438.
- MUÑOZ, P. R.; RESENDE, M. F. R.; GEZAN, S. A.; RESENDE, M. D. V.; DE LOS CAMPOS, G.; KIRST, M.; HUBER, D.; PETER, G. F. Unraveling Additive from Nonadditive Effects Using Genomic Relationship Matrices. **Genetics**, v. 198, n. 4, p. 1759–1768, 1 dez. 2014. doi: 10.1534/genetics.114.171322.
- OLIVEIRA, E. B.; PINTO JÚNIOR, J. E. (ed.). **O eucalipto e a Embrapa: quatro décadas de pesquisa e desenvolvimento**. Brasília: Embrapa Florestas, 2021.
- RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. de F. B.; SANTOS, J. B. dos; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Ed. da UFLA, 2012.
- RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em Genética e Melhoramento de Plantas**.pdf. 3. ed.

- REIS, C. A. F.; GONÇALVES, F. M. A.; ROSSE, L. N.; COSTA, R. R. G. F.; RAMALHO, M. A. P. Correspondence between performance of Eucalyptus spp trees selected from family and clonal tests. **Genetics and Molecular Research**, v. 10, n. 2, p. 1172–1179, 2011. doi: 10.4238/vol10-2gmr1078.
- SANTOS, H. G.; GONÇALVES, F. M. A.; LIMA, J. L.; AGUIAR, A. M.; REZENDE, G. D. S. P.; DE LIMA, B. M.; RAMALHO, M. A. P. Strategies for the analysis of single-tree plot experiments in Eucalyptus plantations. **Journal of Forestry Research**, v. 32, n. 6, p. 2437–2445, 31 dez. 2021. doi: 10.1007/s11676-021-01322-y.
- SILVA, W. de M.; MORAES, M. L. T. de; PUPIN, S.; SILVA, J. M. da; SEBBENN, A. M.; PAVAN, B. E. Influência do tamanho de parcelas experimentais na seleção de progênies de E. camaldulensis Dehnh. **Scientia Forestalis**, v. 44, n. 112, 21 dez. 2016. doi: 10.18671/scifor.v44n112.19.
- STANGER, T. K.; GALLOWAY, G. M.; RETIEF, E. C. L. Final results from a trial to test the effect of plot size on Eucalyptus hybrid clonal ranking in coastal Zululand, South Africa. **Southern Forests**, v. 73, n. 3–4, p. 131–135, set. 2011. doi: 10.2989/20702620.2011.639492.
- STORCK, L.; CAMACHO GARCIA, D.; JOSÉ LOPES, S.; ESTEFANEL, V. **Experimentação Vegetal**. Editora UFSM, 2021.
- ZANON, M. L. B.; STORCK, L. Tamanho de parcelas experimentais para Eucalyptus saligna Smith. **Ciência Rural**, v. 27, n. 4, p. 589–593, dez. 1997. doi: 10.1590/S0103-84781997000400011.
- ZHANG, Y.; WANG, X. Geographical spatial distribution and productivity dynamic change of eucalyptus plantations in China. **Scientific Reports**, v. 11, n. 1, p. 19764, 5 out. 2021. doi: 10.1038/s41598-021-97089-7.

2. SEGUNDA PARTE

2. Artigo 1 - Modelagem dos efeitos genéticos aditivos e não aditivos visando à seleção de indivíduos em um teste de progênies na cultura do eucalipto.

Artigo redigido conforme a norma para publicação periódica científica NBR 6022 (ABNT, 2018)

MODELAGEM DOS EFEITOS GENÉTICOS ADITIVOS E NÃO ADITIVOS VISANDO À SELEÇÃO DE INDIVÍDUOS EM UM TESTE DE PROGÊNIES NA CULTURA DO EUCALIPTO

Resumo:

O objetivo do trabalho foi otimizar a seleção clonal e de genitores em eucalipto por meio da modelagem dos efeitos aditivos e não aditivos utilizando-se de diferentes estruturas de parentesco. Foram avaliadas 27 progênies de meios irmãos, obtidas pela coleta de sementes em árvores individuais em um pomar de polinização aberta de *Eucalyptus grandis* da empresa Suzano SA. O delineamento experimental foi de blocos casualizados (DBC) com quatro repetições e 20 plantas por parcela. Aos seis anos de idade estimou-se o incremento médio anual de madeira (IMA), rendimento depurado de celulose (RD) e densidade básica da madeira (DB). Foi realizada a genotipagem de 1740 plantas das 2160 existentes e de posse dos dados fenotípicos e de genotipagem, as análises foram realizadas utilizando duas estruturas de modelo, no primeiro foi excluído o efeito não aditivo e no segundo o efeito não aditivo foi mantido. Além disso, três estruturas de pedigree foram utilizadas: pedigree original, pedigree corrigido e pedigree híbrido. Foi estimado o índice de coincidência na seleção dos 30 melhores indivíduos para genitores e 200 melhores para clones. Os resultados demonstraram que o efeito genético aditivo foi significativo na maioria das estruturas e o não aditivo foi significativo apenas para o IMA. Para os caracteres analisados, à medida que a estrutura de parentesco foi se tornando mais informativa, a variância aditiva foi melhor explorada e as estimativas de variância dentro de parcelas decresceram nos dois modelos. A utilização do pedigree híbrido se mostrou mais eficiente que aqueles baseados em pedigree genealógico, promovendo melhora significativa nas estimativas de acurácia aditiva além de maior confiabilidade na seleção de genótipos. Na seleção de genitores, levando em consideração o valor genético predito pelos dois modelos, o índice de coincidência dos indivíduos selecionados foi alto para todos os caracteres, mostrando que independente do modelo a resposta a seleção foi praticamente a mesma. Já para a seleção de clones, a estrutura de modelo influenciou no ranqueamento e conseqüentemente nas árvores selecionadas.

Palavras-chaves: *Eucalyptus grandis*; REML/BLUP; valor genotípico; *breeding value*; acurácia

2.1 INTRODUÇÃO

O Brasil é hoje o país com maior área plantada de eucalipto e também um destaque no melhoramento genético da cultura (IBÁ 2022; ZIEGLER AND TAMBARUSSI 2022). Avanços significativos foram obtidos em termos de materiais genéticos adaptados aos diversos ambientes de cultivo, métodos de propagação e hibridação, em que é possível programar os cruzamentos pela indução floral em genitores enxertados (MASIERO et al., 2022a; ROCHA et al., 2007). Todavia, os ciclos de melhoramento são relativamente longos, sendo necessário vários anos para o lançamento de um novo material. Dessa forma, gerações curtas de melhoramento aliadas a estratégias de seleção eficientes podem promover o lançamento de clones com maior frequência (Oliveira e Pinto Júnior 2021).

Os melhoristas de espécies florestais têm incluído em suas análises a informação de parentesco para aumentar a eficiência de seleção (MISZTAL; LEGARRA; AGUILAR, 2009a; RESENDE et al., 2017). Uma das maneiras de se incorporar essas informações é por meio da construção e inclusão de matrizes de relacionamento genético aditivo. Tais matrizes podem ser construídas com base no pedigree (**A**) ou em informações genômicas (**G_a**), ou ainda pela mistura destas duas classes (**H**). A matriz (**A**) consiste em prever os valores genéticos a partir de uma relação esperada entre indivíduos (CROSSA et al., 2010). No entanto, a informação de pedigree genealógico pode estar sujeita a erros na identificação dos parentais de um determinado indivíduo, e além disso, apenas uma proporção média de genes compartilhados entre os genótipos aparentados é considerada (EL-DIEN et al. 2016; PALUDETO et al. 2021; YOKOO et al., 2020). Já na matriz de parentesco genômico (**G_a**), a frequência de marcas compartilhadas por indivíduos pode ser usada para construir relações genômicas visando previsões mais precisas dos valores genéticos dos indivíduos (BURGUEÑO et al., 2012; CERICOLA et al., 2017; JULIANA et al., 2017; TAN et al., 2018; VELAZCO et al., 2019). Contudo, sua desvantagem é que, indivíduos que não foram genotipados não podem ser incluídos nas análises. Por fim, a matriz de parentesco (**H**) consiste na combinação das matrizes **A** e **G_a**, incluindo assim todas as informações disponíveis nas análises (AGUILAR et al., 2010; LEGARRA; AGUILAR; MISZTAL, 2009).

Com o avanço das técnicas de clonagem na cultura do eucalipto, os testes de progênies passaram a ser utilizados como forma de identificação dos melhores indivíduos para serem avaliados em teste clonais, ou até mesmo para seleção de possíveis genitores (RESENDE, ALVES 2021; MASIERO et al. 2022b). Contudo, proceder essa seleção baseada somente nos efeitos aditivos pode não ser eficiente, uma vez que, em algumas situações os fatores genéticos aditivos e não aditivos podem ser confundidos no modelo e dessa forma uma grande proporção de variância devido a interações de alelos (dominância e epistasia) podem se manifestar como variância aditiva (MASIERO et al., 2022b; MUÑOZ et al., 2014). Sendo assim, na seleção de possíveis genitores para o próximo ciclo de melhoramento, a variância genética aditiva é a base de estudo do melhorista, pois ela faz inferência a tudo aquilo que está fixado (valor genético) e será repassado para próxima descendência. Na seleção de indivíduos para testes clonais, é necessário considerar os efeitos gênicos não aditivos e, conseqüentemente, classificar os indivíduos pelo mérito genotípico (RESENDE, HIGA 1994; OLIVEIRA, PINTO JÚNIOR, 2021).

A seleção de clones e até mesmo de possíveis genitores em programas de melhoramento de espécies florestais pode ser um desafio, uma vez que a seleção precoce com

base apenas no valor genético do indivíduo pode resultar na escolha de plantas que, ao final do ciclo de melhoramento, não apresentem genótipos adequados para a clonagem. Para superar essa dificuldade, é necessário buscar estratégias que permitam a seleção mais acurada desses genótipos, levando em consideração o valor genotípico do indivíduo.

Uma possível alternativa seria adotar um modelo semelhante ao utilizado em programas de melhoramento animal (OAKLEY et al. 2006; HUNT et al. 2013; COWLING et al. 2015). Nele, o vetor de efeitos genotípicos é particionado em efeitos genéticos aditivos e não aditivos. No modelo é incluído um vetor de efeitos aleatórios não correlacionados capaz de capturar os efeitos genéticos residuais (não aditivos). Portanto, o presente estudo teve como objetivo otimizar a seleção clonal e de genitores em eucalipto por meio da modelagem dos efeitos genéticos aditivos e não aditivos, utilizando diferentes estruturas de parentesco.

2.2 MATERIAL E MÉTODOS

Descrição do Experimento

A população avaliada foi derivada de 27 progênies de meios-irmãos, obtidas pela coleta de sementes em árvores individuais em um pomar de polinização aberta de *Eucalyptus grandis* da empresa Suzano SA. Essas progênies foram avaliadas em um experimento instalado em 2012 na fazenda Santa Eliza em São Miguel Arcanjo/SP. O delineamento experimental adotado foi o de blocos completos casualizados com quatro repetições, parcela de quatro linhas de cinco plantas e espaçamento de 3,0m x 2,0m. Foram avaliadas 80 plantas de cada progênie.

Aos seis anos de idade foi estimado o incremento médio anual de madeira (IMA, $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$) e mensurados os caracteres relacionados à qualidade da madeira, sendo eles, rendimento depurado de celulose (RD, %) e densidade básica da madeira (DB, $kg \cdot m^{-3}$). Todos os tratos culturais foram realizados de acordo com as recomendações para a cultura do eucalipto. Os dados obtidos foram gentilmente cedidos pela empresa Suzano SA para a realização do presente trabalho.

Dados Moleculares

Das 2.160 plantas que compunham o experimento, 1.740 foram genotipadas com 64.639 SNPs. Para a realização do controle de qualidade dos marcadores foram avaliados o *Call Rate* ($CR \geq 0,05$) e a *Minor Allele Frequency* ($MAF < 0,01$), ou seja, marcas com mais de 5% de valores perdidos ou com frequência alélica menor que 1% foram removidas. Por fim, a

média das marcas foi utilizada para imputar eventuais valores perdidos para determinados indivíduos da população avaliada. Após o controle de qualidade, as marcas selecionadas foram utilizadas para estimar a matriz de parentesco genômico (\mathbf{G}_a) utilizando a metodologia proposta por VAN RADEN (2008).

Análises Estatísticas

A análise dos dados foi realizada utilizando-se a abordagem de modelos mistos, que combina os procedimentos de estimação dos efeitos fixos via BLUE (melhor estimador linear não-tendencioso), dos efeitos aleatórios via BLUP (melhor preditor linear não-tendencioso) (HENDERSON, 1974) e o método de estimação de componentes de variância via REML (máxima verossimilhança restrita) (PATTERSON, THOMPSON 1971).

Considerando um teste de progênies, no qual f progênies são avaliadas em parcelas contendo m plantas, no qual objetiva-se prever o valor genotípico de indivíduos, a forma geral do modelo linear misto é apresentada na equação (1).

$$\mathbf{y} = \mathbf{1}\boldsymbol{\mu} + \mathbf{X}_r\boldsymbol{\tau}_r + \mathbf{Z}_g\mathbf{u}_g + \mathbf{Z}_p\mathbf{u}_p + \mathbf{e} \quad (1)$$

em que: $\mathbf{y}^{(N \times 1)}$ é o vetor de observações fenotípicas, sendo que, N é o número total de parcelas de plantas avaliadas no experimento; $\mathbf{1}^{(N \times 1)}$ é um vetor em que todos os elementos são iguais a um; $\boldsymbol{\mu}^{(1 \times 1)}$ é o intercepto; $\boldsymbol{\tau}_r$ é o vetor de efeitos fixos de repetição associado a matriz $\mathbf{X}_r^{(N \times r)}$, em que r é o número de repetições; $\mathbf{u}_g^{(g \times 1)}$ é o vetor de efeitos aleatórios genotípicos dos indivíduos associado a matriz $\mathbf{Z}_g^{(N \times g)}$, em que g é o número de indivíduos genotipicamente diferentes; $\mathbf{u}_p^{(p \times 1)}$ é o vetor de efeitos aleatórios de parcelas associado a matriz $\mathbf{Z}_p^{(N \times p)}$, em que p é o número de parcelas e \mathbf{e} é o vetor aleatório de erros.

Assumiu-se que os vetores de efeitos aleatórios \mathbf{u}_g , \mathbf{u}_p , e \mathbf{e} são mutuamente independentes e apresentam distribuição normal multivariada, com média zero e matrizes de (co)variância $\text{var}(\mathbf{u}_g) = \mathbf{G}_g$, $\text{var}(\mathbf{u}_p) = \mathbf{G}_p$, $\text{var}(\mathbf{u}_c) = \mathbf{G}_c$ e $\text{var}(\mathbf{e}) = \mathbf{R}$. As estruturas dessas matrizes de (co)variância são apresentadas na Tabela 1, nas quais considerou-se as matrizes de relacionamento genético aditivo original (\mathbf{A}_o , sem a correção do pedigree), corrigida (\mathbf{A}_c , com correção do pedigree) e híbrida (\mathbf{H} , resultado da combinação entre as matrizes \mathbf{A}_c e \mathbf{G}_a), nos modelos que incluem (cNA) ou não (sNA) os efeitos não aditivos. A matriz \mathbf{A}_o foi obtida a partir do pedigree das progênies de meios irmãos, a matriz \mathbf{A}_c foi obtida a partir do pedigree corrigido por meio das informações moleculares, comparando-se a similaridade genômica entre os genitores e os descendentes, e \mathbf{H} refere-se a matriz de parentesco híbrida (AGUILAR et al., 2010; LEGARRA; AGUILAR; MISZTAL, 2009).

O vetor de efeitos genotípicos (\mathbf{u}_g) descrito na equação (1) pode ser particionado no vetor de efeitos genéticos aditivos (\mathbf{u}_a) e não aditivos (\mathbf{u}_s) como apresentado na equação (2) (COWLING et al., 2015; HUNT et al., 2013; OAKEY et al., 2006). Para isso, é preciso incluir no modelo a matriz de parentesco aditivo e adaptar a matriz de incidência \mathbf{Z}_g associada ao vetor \mathbf{u}_g , concatenando-se a mesma com uma matriz de zeros $[\mathbf{0}, \mathbf{Z}_g]$, em que a matriz de zeros ($\mathbf{0}$) representa os ancestrais não fenotipados presentes na matriz de parentesco. A variância do vetor de efeitos genotípicos (\mathbf{u}_g) da equação (2) é apresentada na equação (3).

$$\mathbf{u}_g = \mathbf{u}_a + \mathbf{u}_s \quad (2)$$

$$\text{var}(\mathbf{u}_g) = \mathbf{A}\sigma_a^2 + \begin{bmatrix} \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{I}_s \end{bmatrix} \sigma_s^2 \quad (3)$$

em que: \mathbf{A} é a matriz de parentesco aditivo; \mathbf{I}_s é uma matriz identidade; σ_a^2 e σ_s^2 são os componentes de variância associados aos vetores de efeitos aditivos (\mathbf{u}_a) e não aditivos (\mathbf{u}_s), respectivamente.

Na equação (3) a matriz de parentesco aditivo (\mathbf{A}_o ou \mathbf{A}_c), derivada do pedigree, pode ser substituída por uma matriz de parentesco genômica (\mathbf{G}_a) ou ainda por uma matriz de parentesco híbrida que combina as matrizes \mathbf{A}_c e \mathbf{G}_a conforme proposto por MISZTAL et al. (2009a).

As matrizes de parentesco aditivo requeridas nos modelos foram construídas por meio do pacote AGHMatrix (AMADEU et al., 2016) do software R (R CORE TEAM, 2022).

Tabela 1: Resumo das estruturas das matrizes de (co)variância para matriz de relacionamento genético aditivo original (\mathbf{A}_o), corrigida (\mathbf{A}_c) e híbrida (\mathbf{H}) nos modelos sem efeito não aditivo (sNA) e com efeito não aditivo (cNA).

Matriz Covariância	sNA			cNA		
	\mathbf{A}_o	\mathbf{A}_c	\mathbf{H}	\mathbf{A}_o	\mathbf{A}_c	\mathbf{H}
\mathbf{G}_a	$\sigma_a^2 \mathbf{A}_o$	$\sigma_a^2 \mathbf{A}_c$	$\sigma_a^2 \mathbf{H}$	$\sigma_a^2 \mathbf{A}_o \mathbf{A}$	$\sigma_a^2 \mathbf{A}_c \mathbf{A}$	$\sigma_a^2 \mathbf{H} \mathbf{G}$
\mathbf{G}_s	-	-	-	$\sigma_s^2 \mathbf{I}_s$	$\sigma_s^2 \mathbf{I}_s$	$\sigma_s^2 \mathbf{I}_s$
\mathbf{G}_p	$\sigma_p^2 \mathbf{I}_p$	$\sigma_p^2 \mathbf{I}_p$	$\sigma_p^2 \mathbf{I}_p$	$\sigma_p^2 \mathbf{I}_p$	$\sigma_p^2 \mathbf{I}_p$	$\sigma_p^2 \mathbf{I}_p$
\mathbf{R}	$\sigma_e^2 \mathbf{I}_N$	$\sigma_e^2 \mathbf{I}_N$	$\sigma_e^2 \mathbf{I}_N$	$\sigma_e^2 \mathbf{I}_N$	$\sigma_e^2 \mathbf{I}_N$	$\sigma_e^2 \mathbf{I}_N$

\mathbf{G}_a , \mathbf{G}_s , \mathbf{G}_p , e \mathbf{R} : estruturas de (co)variância associadas com efeito aditivo, não aditivo, parcela e erro, respectivamente; \mathbf{A}_o , \mathbf{A}_c , e \mathbf{H} : numerador da matriz de relacionamento baseado no pedigree de meios irmãos, numerador da matriz de relacionamento baseado em irmãos completos e matriz de relacionamento genômico híbrida, respectivamente; σ_a^2 , σ_s^2 , σ_p^2 e σ_e^2 : componentes de variância associados com os efeitos aditivo, não aditivo, parcela e erro, respectivamente; \mathbf{I}_s , \mathbf{I}_p , e \mathbf{I}_N : matriz identidade associado com os efeitos aditivos, não aditivos, parcela e erro, respectivamente.

Os diferentes modelos foram comparados pelo critério de informação de Akaike (AIC). A significância dos componentes de variância dos efeitos aleatórios foi testada pelo teste da razão da verossimilhança.

A acurácia seletiva aditiva ($r_{\hat{a}a}$) (Equação 4) e acurácia seletiva não aditiva ($r_{\hat{s}s}$) (Equação 5) foram estimadas conforme as seguintes expressões:

$$r_{\hat{a}a} = \sqrt{1 - \frac{\overline{PEV}_a}{\sigma_a^2}} \quad (4)$$

$$r_{\hat{s}s} = \sqrt{1 - \frac{\overline{PEV}_s}{\sigma_s^2}} \quad (5)$$

em que: \overline{PEV}_a e \overline{PEV}_s são as estimativas médias da variância do erro de predição associadas a cada BLUP aditivo e não aditivo, respectivamente.

O modelo que inclui os efeitos não aditivos permitiu a predição dos valores genéticos aditivos e não aditivos, enquanto o modelo sem os efeitos genéticos não aditivos permitiu apenas a predição dos valores genéticos aditivos. Desta forma, para a seleção de genitores, foi considerado somente o valor aditivo em ambos os modelos. Enquanto que na seleção de clones, foi considerado o valor genotípico total. Foram selecionados os 30 melhores indivíduos para serem utilizados como genitores e os 200 melhores indivíduos para clones. Para avaliar a eficiência dos modelos na seleção de genitores e de clones foi estimado o índice de coincidência simples (IC) dos indivíduos selecionados em cada modelo, bem como a correlação de Spearman (r_s) de todos os indivíduos.

2.3 RESULTADOS

Os parâmetros de ajuste dos modelos são apresentados na tabela 2. A inclusão de uma matriz de parentesco mais informativa promoveu um melhor ajuste dos modelos cNA ou sNA (estimativas de AICs diminuíram). Por outro lado, quando se compara os dois modelos, a utilização do cNA se ajustou melhor somente para IMA, enquanto para os caracteres de qualidade da madeira, a variação do AIC foi muito baixa. Esses resultados demonstram, a princípio, que para DB e RD é irrelevante a utilização de um modelo mais parametrizado para capturar os efeitos genéticos não aditivos presentes no controle desses caracteres.

Tabela 2: Estimativas AIC para as estruturas de modelo sem efeito não aditivo (sNA) e com efeito não aditivo (cNA), aliadas as estruturas de pedigree original (A_o), corrigida (A_c) e híbrida (H) para os caracteres incremento médio anual de madeira (IMA, $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$), rendimento depurado de celulose (RD, %) e densidade básica da madeira (DB, $kg \cdot m^{-3}$).

Caracteres	A_o		A_c		H	
	sNA	cNA	sNA	cNA	sNA	cNA
IMA	16714,67	16701,16	16635,12	16625,67	16492,76	16490,31
RD	2171,46	2171,87	2009,85	2009,62	1865,90	1866,01
DB	12203,61	12205,32	12081,54	12083,27	11891,41	11893,25

A variância genética aditiva foi significativa para todas as características em todos os cenários de análises, exceto para IMA, no modelo cNA na estrutura A_o (Tabela 3). Nessa situação, o processo de seleção das melhores árvores para serem utilizadas como possíveis genitores torna-se mais laborioso, uma vez que não há variabilidade para seleção.

A variância genética não aditiva foi significativa somente para IMA, independente da estrutura de pedigree (Tabela 3). Os resultados demonstram que, no modelo sNA, parte da variância não aditiva pode estar sendo absorvida por outros componentes (variância aditiva e principalmente variância dentro de parcelas). No modelo sNA, os resultados demonstraram altas estimativas de variância dentro de parcelas, porém, a inclusão do efeito não aditivo no modelo promoveu uma queda gradual e significativa nessas estimativas. Sua contribuição relativa na variância declinou de 93,87% para 43,24% (A_o), 78,62% para 43,16% (A_c) e 48,63% para 32,32% (H). No que diz respeito aos caracteres de qualidade da madeira, a inclusão do efeito não aditivo no modelo mostrou-se irrelevante. Mesmo havendo uma grande contribuição relativa na variância observada, todas as estimativas para esse efeito foram não significativas (Tabela 3).

Tabela 3: Contribuição relativa dos componentes de variância aditiva (σ_a^2), não aditiva (σ_s^2), parcelas (σ_p^2) e residual (σ_e^2) para os caracteres, incremento médio anual de madeira (IMA, $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$), rendimento depurado de celulose (RD, %) e densidade básica da madeira (DB, $kg \cdot m^{-3}$) para o modelo sem o efeito não aditivo (sNA) e com o efeito não aditivo (cNA), utilizando as estruturas de pedigree original (A_o), corrigida (A_c) e híbrida (H).

Componentes de Variância		IMA		RD		DB	
		sNA	cNA	sNA	cNA	sNA	cNA
σ_a^2	A_o	6,13**	4,78 ^{N.S.}	63,77**	59,18**	43,91**	41,75**
	A_c	21,37**	16,23**	41,29**	40,79**	48,44**	41,27**
	H	51,36**	49,33**	55,46**	55,35**	53,24**	53,16**
σ_s^2	A_o	-	51,97**	-	33,97 ^{N.S.}	-	24,06 ^{N.S.}
	A_c	-	40,61**	-	52,57 ^{N.S.}	-	23,90 ^{N.S.}
	H	-	16,35*	-	38,27 ^{N.S.}	-	15,85 ^{N.S.}
σ_p^2	A_o	93,87**	43,24**	35,64**	45,82**	6,22*	23,69**
	A_c	78,62**	43,16**	51,71**	42,27**	5,62*	25,12**
	H	48,63**	32,32**	43,84**	38,94**	5,66*	23,14**
σ_e^2	A_o	< 1	< 1	< 1	< 1	10,36	10,48
	A_c	8,62	< 1	1	1	9,27	9,71
	H	< 1	< 1	< 1	< 1	7,81	7,84

* e ** significativo a 5 e 1% de probabilidade

A variação nas estimativas de acurácia aditiva para IMA foi de 0,75 a 0,94, enquanto que para os caracteres de qualidade da madeira essa flutuação foi de 0,88 a 0,94 (RD) e 0,86 a 0,93 (DB) (Tabela 4). A acurácia não aditiva foi calculada somente para IMA, uma vez que o efeito não aditivo foi significativo somente para esse caráter. As estimativas de acurácia não aditiva variaram de 0,72 (A_o) a 0,50 (**H**).

A inclusão de uma matriz de parentesco mais informativa propiciou um aumento gradativo nas estimativas de acurácia aditiva para IMA e DB, sendo as melhores estimativas obtidas no modelo com **H**. Para a variável RD, a melhor estimativa também foi com **H**,

contudo quando se comparou as duas estruturas de A_o e A_c , verificou-se que o A_o forneceu as melhores estimativa de acurácia (0,92 - sNA e 0,90 - cNA), mesmo sendo menos informativo.

Tabela 4: Estimativas de acurácia seletiva aditiva ($r_{\hat{a}a}$) e acurácia seletiva não aditiva ($r_{\hat{s}s}$) para os caracteres IMA, RD e DB considerando as estruturas de modelo sem o efeito não aditivo (sNA) e o com o efeito não aditivo(cNA) e utilizando as estruturas de pedigree original (A_o), corrigida (A_c) e híbrida (H).

Caráter	Estruturas de parentesco	$r_{\hat{a}a}$		$r_{\hat{s}s}$	
		sNA	cNA	sNA	cNA
IMA	A_o	0,76	0,75	-	0,72
	A_c	0,85	0,84	-	0,65
	H	0,93	0,93	-	0,50
RD	A_o	0,92	0,90	-	-
	A_c	0,88	0,88	-	-
	H	0,94	0,94	-	-
DB	A_o	0,86	0,86	-	-
	A_c	0,88	0,88	-	-
	H	0,94	0,94	-	-

Visando a obtenção de genótipos para serem utilizados como genitores, com a seleção dos 30 melhores indivíduos, os dois modelos (sNA e cNA) conduziram a seleção de praticamente os mesmos indivíduos, como pode ser observado pelo elevado índice de coincidência (Tabela 5) para todas as características nas três estruturas de parentesco. Além disso, observa-se uma altíssima correlação dos BLUPs estimados nos dois modelos.

Entretanto, para seleção de clones, com a seleção dos 200 melhores indivíduos, o índice de coincidência foi baixo quando se utilizou A_o (37%) e A_c (31%) e moderado para H (75%) (Tabela 5). Esses resultados demonstram que a estrutura de modelo utilizado afetou a seleção dos melhores indivíduos. A estimativa de correlação genética entre os modelos sNA (BLUPs aditivos) e cNA (BLUPs aditivos + BLUPs não aditivos) foi moderada para A_o e A_c e alta para o H (Tabela 5).

Tabela 5: Índice de coincidência (IC, %) dos 30 melhores indivíduos selecionados como genitores e dos 200 melhores indivíduos selecionados para clones entre os modelos sem (sNA) e com (cNA) efeito não aditivo, bem como as estimativas de correlação de Spearman (r_s) entre os indivíduos para os caracteres incremento médio anual de madeira (IMA, $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$), rendimento depurado de celulose (RD, %) e densidade básica da madeira (DB, $kg \cdot m^{-3}$) utilizando as estruturas de pedigree original (A_o), corrigida (A_c) e híbrida (H).

Caráter	Tipo de pedigree	Seleção de genitores		Seleção clonal	
		IC	r_s	IC	r_s
IMA	A_o	93	0,99	37	0,46
	A_c	93	0,99	31	0,46
	H	93	0,99	75	0,94
RD	A_o	96	0,99	-	-
	A_c	100	0,99	-	-
	H	96	0,99	-	-
DB	A_o	100	0,99	-	-
	A_c	100	0,99	-	-
	H	100	0,99	-	-

2.4 DISCUSSÃO

A expressão genética é resultado da soma dos efeitos genéticos aditivos e não aditivos. O efeito genético aditivo obtido para cada genótipo mede o potencial de usá-lo como genitor, já o efeito não aditivo está associado aos desvios de dominância e efeitos epistáticos, sendo importante na seleção dos indivíduos. Contudo, a estimação errônea dos dois efeitos pode prejudicar a discriminação de genótipos com potencial de seleção para clones.

As estimativas de variância genética aditivas significativas, demonstram que existe variabilidade para promover a seleção dos melhores indivíduos com base em seu valor genético. Já para a variância não aditiva, apenas o caráter IMA foi significativo. Os resultados são condizentes com a literatura, uma vez que caracteres de qualidade da madeira tendem a ser controlados por genes de ação predominantemente aditiva, enquanto os de crescimento têm grande participação de efeitos não aditivos (AGUIAR et al. 2007; REZENDE et al. 2014; SCHUMACHER, VIEIRA 2015; TAN et al. 2018).

Pode-se verificar que no modelo sNA, a variância de origem não aditiva foi absorvida principalmente pela variância dentro de parcelas, inflacionando a estimativa desse parâmetro. Nessas análises, foi utilizada uma população de melhoramento intrapopulacional, sendo assim, não se esperavam efeitos genéticos não aditivos de elevada magnitude. Por outro lado, em uma situação de melhoramento interpopulacional, em uma população com alta heterose, a utilização do modelo mais simples (sNA) pode promover uma superestimação da variância

dentro de parcelas, impactando de maneira mais severa na capacidade de discriminar os genótipos testados.

Nas análises com o modelo cNA, os caracteres de qualidade da madeira (RD, DB) tiveram estimativas de variância não aditiva com grande contribuição relativa na variância total observada, porém em todas as situações elas não foram significativas. As análises prévias de ajuste dos modelos já demonstravam que a inclusão do efeito não aditivo no modelo não proporciona ganhos. Uma explicação para isso está relacionada ao elevado erro (dados não publicados) associado à estimativa desse parâmetro. Esse problema pode ter ocorrido devido à estrutura do experimento que deu origem a esse conjunto de dados. Nesse ensaio, cada planta é sua única repetição, desse modo a estimação do efeito não aditivo se torna mais laborioso. Uma solução para esse entrave seria a utilização do teste de progênies clonadas, no qual cada indivíduo possuiria réplicas biológica no experimento. Dessa forma, espera-se uma melhor acurácia na estimação dos efeitos genéticos não aditivos com um erro padrão mais baixo associado a essas estimativas.

A incorporação dos dados de pedigree no melhoramento de plantas permite explorar a correlação genética entre indivíduos aparentados e, além disso, conduz a estimação dos valores genéticos com predições mais acuradas quando comparada à análise sem a informação de parentesco (EL-KASSABY et al., 2011; PIEPHO et al., 2008). Para os caracteres analisados, à medida que a estrutura de parentesco foi se tornando mais informativa, a variância aditiva foi melhor explorada e com isso parte da variância total que não era explicada e conseqüentemente era absorvida pelo erro, passou a ser discriminada, sendo então absorvida pela variância aditiva e não aditiva.

À medida que a estrutura de pedigree se torna mais informativa, espera-se que os componentes do modelo sejam estimados com maior acurácia. Para os caracteres de qualidade da madeira, mesmo com o pedigree genômico, não foi observado variância genética não aditiva significativa. Assim, como já comentado, em uma situação de progênies híbridas, o resultado poderia ser diferente, conforme demonstrado por TAN et al. (2018), trabalhando com progênies do cruzamento de *E. urophylla* x *E. grandis*, os autores detectaram variância genética não aditiva para caracteres de qualidade da madeira somente quando a estrutura de pedigree genômico foi incorporada na análise.

A estrutura de pedigree mais simplória promoveu uma superestimação da variância aditiva para RD, enquanto para IMA e DB ocorreu uma subestimação. Na cultura do Pinus, EL-DIEN et al. (2016) fizeram uma comparação entre o pedigree genealógico e o genômico. Os autores encontraram resultados divergentes para DB, ocorrendo uma superestimação da

variância aditiva para DB no pedigree mais básico quando comparado ao pedigree genômico. Mesmo menores, as estimativas de variância aditiva podem ser consideradas mais realistas, pois a utilização do pedigree genômico resulta em um erro padrão mais baixo associado às estimativas desta variância (FORNI; AGUILAR; MISZTAL, 2011).

A inclusão da informação de parentesco nas análises em programas de melhoramento do setor florestal não é algo novo (RESENDE et al., 2017). A utilização da matriz de pedigree genealógico é a estratégia que tem sido tradicionalmente utilizada, assim como a matriz de pedigree genômica, baseada exclusivamente em marcadores moleculares. Entretanto, na maioria dos casos, o melhorista não dispõe da informação genômica de todos os indivíduos envolvidos em um programa de melhoramento, desta forma, Misztal et al. (2009) propôs o método ssGBLUP em que a inversa da matriz de parentesco (A^{-1}) foi substituída pela matriz H^{-1} que combina pedigree e informações genômicas. Os resultados deste trabalho demonstram que a utilização da matriz de pedigree híbrida foi mais eficiente do que aquelas baseadas em pedigree genealógico (A_o e A_c), promovendo uma melhora significativa nas estimativas de acurácia aditiva, e também maior confiabilidade na seleção dos indivíduos. Além disso, mostram que a combinação das informações de pedigree com as de genotipagem pode gerar ou não aumentos substanciais na estimação de alguns parâmetros (BURGUEÑO et al. 2012; CERICOLA et al. 2017; JULIANA et al. 2017; TAN et al. 2018; SUONTAMA et al. 2019; VELAZCO et al. 2019).

Valores elevados de acurácia indicam maior confiabilidade na seleção de indivíduos, uma vez que ela reflete a correlação entre o valor genético verdadeiro e o estimado (RESENDE, 2002). De maneira geral, todas as estimativas de acurácia aditiva e não aditiva foram classificadas como altas e muito altas (RESENDE; DUARTE 2007). Os dois modelos promoveram estimativas de acurácia aditiva muito parecidas, não sendo possível diferenciá-las. Os melhores valores foram obtidos quando se utilizou a matriz de pedigree híbrida, para os três caracteres. A inclusão de um pedigree mais informativo foi benéfica para DB, IMA e RD, uma vez que a melhora nas estimativas de acurácia foi crescente ao longo das estruturas de pedigree. O uso da informação de pedigree promove uma maior precisão preditiva devido a exploração da correlação genética existente entre os indivíduos (PIEPHO et al. 2008; BERNARDO 2010) e quanto mais informativa for essa matriz de pedigree, espera-se que melhor essas correlações serão exploradas.

Sabendo disso, um questionamento que surge é se o custo adicional com a genotipagem seria compensatório considerando a acurácia de seleção. Para IMA o uso da matriz de pedigree híbrida promoveu incrementos significativos nas estimativas de acurácia

aditiva, cerca de 22% quando comparado ao A_o e 9% para A_c . Já para os caracteres de qualidade da madeira, o incremento foi entre 2% a 9%. Trabalhando com *Eucalyptus* spp., RESENDE et al. (2017) verificaram que a incorporação do pedigree nas análises promoveu melhora significativa nas estimativas de acurácia seletiva. Porém, eles debatem que a utilização da matriz de pedigree genealógico já seria suficiente em detrimento da matriz genômica, dado os custos de genotipagem dos indivíduos. Os resultados deste trabalho evidenciam um incremento considerável em acurácia, para IMA, quando a matriz híbrida proposta por Misztal et al. (2009) é utilizada.

A cultura do eucalipto permite a reprodução de plantas por meio sexuado e assexuado, sendo assim, o melhorista deve se atentar à variância genética aditiva e não aditiva no processo de seleção (RESENDE, 2007). Na escolha de genitores, levando em consideração o valor genético predito pelos dois modelos, o índice de coincidência dos indivíduos selecionados foi alto para todos os caracteres, mostrando que independente do modelo a resposta a seleção foi praticamente a mesma. A elevada estimativa de correlação de Spearman também reforça esse resultado. Sendo assim, a utilização de um modelo menos parametrizado (sNA) é preferível em relação ao modelo (cNA), uma vez que, a parametrização irá fornecer um modelo com elevado índice de explicação, porém com menor capacidade preditiva. Vale reforçar que para um ensaio de progênies híbridas, com elevada heterose, os resultados obtidos poderiam ser diferentes.

Um dos grandes entraves no melhoramento genético do eucalipto é o tempo gasto em um ciclo de melhoramento (REZENDE et al. 2014; OLIVEIRA, PINTO JÚNIOR 2021; MASIERO et al. 2022a). A seleção e teste de indivíduos com base apenas no valor genético do indivíduo pode promover a seleção de plantas que, no final do processo, não se mostrarão como genótipos adequados para serem utilizados como clones. Portanto, a busca por estratégias que permitam uma seleção antecipado desses indivíduos, levando em consideração o valor genotípico deles, é necessária.

Diferentemente da seleção de genitores, o índice de coincidência estimado na escolha dos clones foi baixo, bem como as estimativas de correlação genética entre os indivíduos. Isso demonstra que o modelo influenciou no ranqueamento e na seleção das árvores, o que poderá impactar o ganho com a seleção. Desta maneira, proceder a seleção de árvores baseada somente no valor genético do indivíduo, como comumente é feito, pode não resultar em ganhos efetivos se o objetivo for a seleção de clones. Para avaliar verdadeiramente a eficiência dos modelos, seria necessário proceder a avaliação dos indivíduos selecionados em campo e estimar o ganho real obtido com a seleção.

2.6 CONCLUSÃO

Observou-se que **H** foi melhor que os demais, promovendo melhora significativa nas estimativas de acurácia aditiva para todos os caracteres, além de maior confiabilidade na seleção de genótipos. A utilização do modelo cNA promoveu resultados semelhantes ao modelo menos parametrizado (sNA) quando o objetivo foi a seleção de genitores. Contudo, quando se trata da seleção de possíveis indivíduos para serem clonados, o modelo cNA deve ser analisado com mais cautela, uma vez que resultou na seleção de indivíduos distintos. Como sugestão, recomenda-se que as duas estruturas de modelo sejam testadas novamente, porém utilizando uma população de hibridação interpopulacional, no qual se espera ter mais heterose.

REFERÊNCIAS

- AGUILAR, I. et al. Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. **Journal of Dairy Science**, v. 93, n. 2, p. 743–752, fev. 2010.
- AMADEU, R. R. et al. AGHmatrix: R Package to Construct Relationship Matrices for Autotetraploid and Diploid Species: A Blueberry Example. **The Plant Genome**, v. 9, n. 3, nov. 2016.
- BURGUEÑO, J. et al. Genomic prediction of breeding values when modeling genotype \times environment interaction using pedigree and dense molecular markers. **Crop Science**, v. 52, n. 2, p. 707–719, mar. 2012.
- CERICOLA, F. et al. Optimizing training population size and genotyping strategy for genomic prediction using association study results and pedigree information. a case of study in advanced wheat breeding lines. **PLoS ONE**, v. 12, n. 1, 1 jan. 2017.
- COWLING, W. A. et al. Using the Animal Model to Accelerate Response to Selection in a Self-Pollinating Crop. **G3 Genes|Genomes|Genetics**, v. 5, n. 7, p. 1419–1428, 1 jul. 2015.
- CROSSA, J. et al. Prediction of genetic values of quantitative traits in plant breeding using pedigree and molecular markers. **Genetics**, v. 186, n. 2, p. 713–724, out. 2010.
- EL-DIEN, O. G. et al. Implementation of the Realized Genomic Relationship Matrix to Open-Pollinated White Spruce Family Testing for Disentangling Additive from Nonadditive Genetic Effects. **G3: Genes|Genomes|Genetics**, v. 6, p. 743–753, 2016.
- EL-KASSABY, Y. A. et al. Breeding without breeding: Is a complete pedigree necessary for efficient breeding? **PLoS ONE**, v. 6, n. 10, 3 out. 2011.

- FORNI, S.; AGUILAR, I.; MISZTAL, I. Different genomic relationship matrices for single-step analysis using phenotypic, pedigree and genomic information. **Genetics Selection Evolution**, v. 43, n. 1, 2011.
- HENDERSON, C. R. General Flexibility of Linear Model Techniques for Sire Evaluation. **Journal of Dairy Science**, v. 57, n. 8, p. 963–972, 1974.
- HUNT, C. H. et al. Predicting Additive and Non-additive Genetic Effects from Trials Where Traits Are Affected by Interplot Competition. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, v. 18, n. 1, p. 53–63, 1 mar. 2013.
- JULIANA, P. et al. Genomic and pedigree-based prediction for leaf, stem, and stripe rust resistance in wheat. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 130, n. 7, p. 1415–1430, 1 jul. 2017.
- LEGARRA, A.; AGUILAR, I.; MISZTAL, I. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. **Journal of Dairy Science**, v. 92, n. 9, p. 4656–4663, set. 2009.
- MASIERO, M. A. et al. Aspectos sobre o melhoramento genético do eucalipto no Brasil. Em: **Pesquisas agrárias e ambientais: Volume XII**. Pantanal Editora, 2022a. p. 89–104.
- MASIERO, M. A. et al. Aspectos sobre o melhoramento genético do eucalipto no Brasil. Em: ZUFFO, A. M.; AGUILERA, J. G. **Pesquisas agrárias e ambientais: Volume XII**. Pantanal Editora, 2022b. v. 12p. 89–104.
- MISZTAL, I.; LEGARRA, A.; AGUILAR, I. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. **Journal of Dairy Science**, v. 92, n. 9, p. 4648–4655, 2009a.
- MISZTAL, I.; LEGARRA, A.; AGUILAR, I. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. **Journal of Dairy Science**, v. 92, n. 9, p. 4648–4655, 2009b.
- MUÑOZ, P. R. et al. Unraveling Additive from Nonadditive Effects Using Genomic Relationship Matrices. **Genetics**, v. 198, n. 4, p. 1759–1768, 1 dez. 2014.
- OAKEY, H. et al. Joint modeling of additive and non-additive genetic line effects in single field trials. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 113, n. 5, p. 809–819, set. 2006.
- OLIVEIRA, E. B.; PINTO JÚNIOR, J. E. **O eucalipto e a Embrapa: Quatro décadas de pesquisa e desenvolvimento**. 1. ed. Brasília, DF: Embrapa Florestas, 2021. v. 1
- PALUDETO, J. G. Z. et al. Genomic relationship-based genetic parameters and prospects of genomic selection for growth and wood quality traits in *Eucalyptus benthamii*. **Tree Genetics & Genomes**, p. 17–38, 2021.
- PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 545–554, 1971.
- PIEPHO, H. P. et al. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v. 161, n. 1–2, p. 209–228, 19 maio 2008.

- RESENDE, M. D. V. DE; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182–194, 2007.
- RESENDE, M. D. V. DE; HIGA, A. R. Estimação de valores genéticos no melhoramento de Eucalyptus: seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e de seus parentes. **Embrapa Florestas. Boletim de Pesquisa Florestal**, p. 11–36, 1994.
- RESENDE, M. D. V.; ALVES, R. S. Genética: estratégias de melhoramento e métodos de seleção. Em: OLIVEIRA, E. B.; PINTO JÚNIOR, J. E. **O eucalipto e a Embrapa: quatro décadas de pesquisa e desenvolvimento**. Guaraituba: Embrapa Floresta, 2021. p. 1–1160.
- RESENDE, R. T. et al. Acurácia preditiva de testes clonais de Eucalyptus spp. utilizando efeitos aditivos do parentesco e validação cruzada. **Scientia Forestalis/Forest Sciences**, v. 45, n. 113, p. 39–47, 1 mar. 2017.
- ROCHA, M. DAS G. DE B. et al. Seleção de genitores de Eucalyptus grandis e de Eucalyptus urophylla para produção de híbridos interespecíficos utilizando REML/BLUP e informação de divergência genética. **Revista Árvore**, v. 31, n. 6, p. 977–987, 2007.
- SUONTAMA, M. et al. Efficiency of genomic prediction across two Eucalyptus nitens seed orchards with different selection histories. **Heredity**, v. 122, n. 3, p. 370–379, 1 mar. 2019.
- TAN, B. et al. Genomic relationships reveal significant dominance effects for growth in hybrid Eucalyptus. **Plant Science**, v. 267, p. 84–93, 1 fev. 2018.
- VANRADEN, P. M. Efficient methods to compute genomic predictions. **Journal of Dairy Science**, v. 91, n. 11, p. 4414–4423, 2008.
- VELAZCO, J. G. et al. Combining pedigree and genomic information to improve prediction quality: an example in sorghum. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 132, n. 7, p. 2055–2067, 1 jul. 2019.
- ZIEGLER, A. C. F.; TAMBARUSSI, E. V. Classifying coefficients of genetic variation and heritability for Eucalyptus spp. Classifying coefficients of genetic variation and heritability for Eucalyptus spp. ARTICLE. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 22, n. 2, 2022.

3. Artigo 2 - Efeitos do número de indivíduos nas estimativas dos parâmetros genéticos em progênies de meios irmãos na cultura do eucalipto.

Artigo redigido conforme a norma para publicação periódica científica NBR 6022 (ABNT, 2018).

NÚMERO ÓTIMO DE INDIVÍDUOS NAS ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIAS DE MEIOS IRMÃOS NA CULTURA DO EUCALIPTO

Resumo:

O objetivo deste trabalho foi avaliar o número mínimo de indivíduos que representa progênies de meios irmãos na cultura do eucalipto. Os dados de eucalipto utilizados neste estudo foram gentilmente cedidos pela empresa Suzano SA. A população avaliada nos dois testes de progênies (TP1 e TP2), foi derivada de 27 progênies de meios irmãos de *Eucalyptus grandis*. O delineamento experimental adotado nos dois testes foi o de blocos completos casualizados com quatro repetições, parcela de quatro linhas com cinco plantas, em que cada progênie foi representada por 80 indivíduos. O incremento médio anual de madeira (IMA) foi estimado aos três anos. O número de indivíduos testados variou de 8 a 76, ou seja, de dois indivíduos a 19 indivíduos por repetição. Para cada cenário foram realizadas 1.000 reamostragens sem reposição. Em cada reamostragem foram obtidas as estimativas da variância genética aditiva entre as progênies, variância dentro de parcelas, variância residual, média populacional, acurácia seletiva, coeficiente de variação genético e coeficiente de variação residual. De posse dos dados das 1.000 reamostragens, foi estimada a média de cada um dos parâmetros e o desvio padrão das 1.000 reamostragens. Os resultados demonstram que a quantidade de indivíduos avaliados teve pouca influência nas estimativas da variância aditiva e dentro de parcelas, contudo para a variância residual, o uso de um maior número de indivíduos promoveu um decréscimo em suas estimativas. As estimativas médias do coeficiente de variação genético tiveram um discreto acréscimo à medida que se aumentou o número de indivíduos por progênie, enquanto que, para o coeficiente de variação residual a partir de 16 houve uma certa estabilidade em suas estimativas. Com o incremento do número de indivíduos avaliados por progênie, ocorreu um aumento da estimativa média da acurácia, contudo, a partir de 60 indivíduos o incremento passou a ser muito pequeno e além disso, nesse cenário já foram obtidas estimativas de acurácia que indicam que a seleção poderia ser realizada com boa precisão. Sendo assim, em um teste de progênies na cultura do eucalipto, a utilização de 60 indivíduos por progênie foi eficiente, promovendo um cenário favorável a seleção das melhores progênies.

Palavras-chaves: *Eucalyptus grandis*. Coeficiente de variação. Acurácia

3.1 INTRODUÇÃO

O setor florestal brasileiro mantém atualmente, em regime de produção, cerca de nove milhões e meio de hectares de áreas de florestas plantadas, sendo 75,8% do total, representado pelo gênero *Eucalyptus* (IBÁ, 2022). Este, por sua vez, tem grande importância na economia brasileira sendo fonte de matéria prima para grandes setores da indústria, como celulose e papel, siderurgia, bioenergia, madeira serrada, dentre várias outras (RESENDE; ALVES, 2021). A produtividade média nos plantios tem evoluído bastante ao longo dos anos, sendo que em 1970 era $10 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$ e atualmente atingiu seu maior nível, chegando a $38,9 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$ em 2021 (IBÁ, 2022).

Esse aumento de produtividade visto nos últimos anos está diretamente relacionado ao sucesso dos programas de melhoramento, seja no desenvolvimento de materiais genéticos de maior potencial produtivo, especialmente pelo aprimoramento da hibridação e clonagem, bem como pela evolução das técnicas de manejo florestal (ASSIS, 2014; SÁ; TAMBARUSSI, 2023). Estima-se que o melhoramento genético proporcionou um ganho de produtividade de 5,7% ao ano durante o período de 1970 a 2008, porém, nos últimos anos, esses ganhos têm sido cada vez menores, atingindo 0,3% ao ano (CASTRO et al., 2018).

Esse menor ganho, pode ser explicado pela interação genótipos x ambientes, visto as adversidades bióticas e abióticas que a cultura do eucalipto vem enfrentando nos últimos anos, como seca, frio, distúrbio fisiológico dentro outras (MOLION, 2008; CASTRO et al., 2018). Sendo assim, os melhoristas devem buscar por técnicas e estratégias mais refinadas para proceder a seleção dos indivíduos.

Os testes de progênies (TP) são uma etapa inicial e de grande importância dentro de um programa de melhoramento florestal. A seleção de indivíduos com alto valor genético nessa fase, garantirá que os melhoristas tenham chances de encontrar genótipos promissores para serem clonados. Os testes de progênies desempenham um papel crucial como fonte de informações essenciais para a seleção de materiais genéticos, aprimoramento na produção de propágulos destinados a plantios comerciais, investigações sobre a interação genótipos × ambientes, além do controle genético dos caracteres (ARANTES et al., 2010). Sendo assim, eles devem ser realizados de maneira mais organizada possível, a fim de criar um ambiente favorável e confiável para a seleção dos indivíduos e extração de outras informações (MORAES NETO, 2021).

Na cultura do eucalipto, os TP demandam uma grande área experimental visto que, grande número de progênies deve ser avaliado no processo de seleção. Neste caso, a restrição mais importante é a dimensão da área experimental. Sendo assim, surge um questionamento com relação ao número de indivíduos que devem ser avaliados por progênie, mantendo um cenário experimental preciso e promovendo uma economia de área. Na literatura existem trabalhos que determinaram o tamanho ótimo da parcela experimental, seja com clones ou em teste de progênies (STANGER; GALLOWAY; RETIEF, 2011; ARAÚJO et al., 2015; CASTRO et al., 2019), porém é inexistente trabalhos que se discutam o tamanho ótimo de indivíduos por progênie. Sendo assim, o objetivo deste trabalho é avaliar o número mínimo de indivíduos que represente uma progênie de meio irmãos de eucaliptos.

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

Descrição dos experimentos

Os dados de eucalipto utilizados neste estudo foram gentilmente cedidos pela empresa Suzano SA. A população avaliada nos dois testes de progênies (TP1 e TP2), foi derivada de 27 progênies de meios irmãos, obtidas pela coleta de sementes em árvores individuais em um pomar de polinização aberta de *Eucalyptus grandis*.

O delineamento experimental adotado nos dois testes foi o de blocos completos casualizados com quatro repetições, parcela de quatro linhas com cinco plantas, em que cada progênie foi representada por 80 indivíduos, e no espaçamento de 3,0m x 2,0m. O incremento médio anual de madeira (IMA, $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$) foi estimado aos três anos. Todos os tratamentos culturais foram realizados de acordo com as recomendações para a cultura do eucalipto.

Análises Estatísticas

Visando verificar os efeitos do número mínimo de indivíduos nas estimativas dos parâmetros genéticos foram amostrados diferentes número de indivíduos por progênie. O número de indivíduos variou de 8 a 76, ou seja, de dois indivíduos a 19 indivíduos por repetição. Para cada cenário foram realizadas 1.000 reamostragens sem reposição.

A partir das 1.000 reamostragens por cenário, foram realizadas as análises utilizando-se a abordagem de modelos mistos, que combina os procedimentos de estimação dos efeitos fixos via BLUE (melhor estimador linear não-tendencioso), dos efeitos aleatórios via BLUP (melhor preditor linear não-tendencioso) (HENDERSON, 1974) e o método de estimação de componentes de variância via REML (máxima verossimilhança restrita) (PATTERSON; THOMPSON, 1971).

Considerando um teste de progênies, no qual f progênies são avaliadas em parcelas contendo m plantas, no qual objetiva-se prever o valor genotípico das progênies, a forma geral do modelo linear misto é apresentada na equação (1).

$$\mathbf{y} = \mathbf{1}\boldsymbol{\mu} + \mathbf{X}_r\boldsymbol{\tau}_r + \mathbf{Z}_g\mathbf{u}_g + \mathbf{Z}_p\mathbf{u}_p + \mathbf{e} \quad (1)$$

em que: $\mathbf{y}^{(N \times 1)}$ é o vetor de observações fenotípicas, sendo que, N é o número total de parcelas avaliadas no experimento; $\mathbf{1}^{(N \times 1)}$ é um vetor em que todos os elementos são iguais a um; $\boldsymbol{\mu}^{(1 \times 1)}$ é o intercepto; $\boldsymbol{\tau}_r$ é o vetor de efeitos fixos de repetição associado a matriz $\mathbf{X}_r^{(N \times r)}$, em que: r é o número de repetições ; $\mathbf{u}_g^{(g \times 1)}$ é o vetor aleatório de efeitos genotípicos das

progênies associado a matriz \mathbf{Z}_g ($N \times g$), em que g é o número de progênies; \mathbf{u}_p ($p \times 1$) é o vetor aleatório do efeito das parcelas associado a matriz \mathbf{Z}_p ($N \times p$), em que p é o número de parcelas e \mathbf{e} é o vetor aleatório de erros.

Assume-se que os vetores de efeitos aleatórios \mathbf{u}_g , \mathbf{u}_p e \mathbf{e} são independentes e apresentam distribuição normal, com média zero e matrizes de (co)variância $\text{var}(\mathbf{u}_g) = \mathbf{G}_g$, $\text{var}(\mathbf{u}_p) = \mathbf{G}_p$ e $\text{var}(\mathbf{e}) = \mathbf{R}$. As matrizes de (co)variância assumiram as seguintes estruturas: $\mathbf{G}_g = \sigma_g^2 \mathbf{I}_g$, $\mathbf{G}_p = \sigma_p^2 \mathbf{I}_p$ e $\mathbf{R} = \sigma_e^2 \mathbf{I}_e$, sendo σ_g^2 , σ_p^2 e σ_e^2 os componentes de variância associados aos efeitos aleatórios progênies, dentro de parcelas e resíduos e \mathbf{I}_g , \mathbf{I}_p e \mathbf{I}_e matrizes identidade.

Em cada reamostragem foram obtidas as estimativas da variância genética aditiva entre as progênies (σ_a^2), variância dentro de parcelas (σ_p^2) e variância residual (σ_e^2). Além disso, visando avaliar a qualidade experimental, as seguintes estimativas foram obtidas;

- 1) Acurácia seletiva aditiva ($r_{\hat{g}g}$) $\rightarrow r_{\hat{g}g} = \sqrt{1 - \frac{s^2}{\sigma_a^2}}$; em que s é a estimativa média do erro padrão associada ao efeito de cada progênie.
- 2) Coeficiente de variação genético (CV_g) $\rightarrow \frac{\sqrt{\sigma_a^2}}{\bar{m}} \times 100$; em que \bar{m} é a média da população de indivíduos selecionados em cada reamostragem.
- 3) Coeficiente de variação residual (CV_e) $\rightarrow \frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\bar{m}} \times 100$

Todas as análises foram realizadas no software R (R CORE TEAM, 2020), utilizando o pacote lme4 (BATES et al., 2015).

3.4 RESULTADOS

As estimativas médias das variâncias genética aditiva (σ_a^2) apresentaram amplitude de 4,02 em TP1 e de 12,92 em TP2. O cenário de reamostragem de oito indivíduos por progênie apresentou as maiores estimativas, sendo de 35,48 (TP1) e 41,98 (TP2). A partir de 12 indivíduos por progênie observa-se uma redução na amplitude da σ_a^2 para os dois experimentos. As estimativas médias das variâncias dentro de parcelas tiveram pequena oscilação com aumento no número de indivíduos por progênie, sendo que os menores valores foram obtidos para o cenário com 8 indivíduos para os dois experimentos (823,38-TP1; 962,79-TP2) (TABELA 1). Com o aumento do número de indivíduos avaliados a estimativa da variância residual decresceu em ambos os experimentos

Tabela 1: Estimativa da variância genética aditiva (σ_a^2), variância do erro (σ_e^2) e variância dentro de parcelas (σ_p^2) obtidas nos experimentos TP1 e TP2 aos três anos de idade, considerando 1.000 reamostragens, com diferente número de indivíduos por progênie (NIF).

NIF	TP1			TP2		
	σ_a^2	σ_e^2	σ_p^2	σ_a^2	σ_e^2	σ_p^2
8	35,48	43,34	823,38	41,98	73,37	962,79
	± 37,54*	± 64,72	± 94,05	± 52,12	± 107,32	± 146,75
12	31,46	30,29	842,15	32,70	50,77	1001,68
	± 28,60	± 39,48	± 68,45	± 37,94	± 69,51	± 104,66
16	33,05	20,84	847,95	33,60	38,39	1016,06
	± 22,39	± 28,26	± 52,87	± 31,42	± 51,67	± 85,64
20	31,99	19,35	855,32	30,38	34,68	1019,44
	± 19,62	± 25,64	± 47,45	± 26,65	± 43,90	± 75,02
24	32,75	17,19	851,93	30,42	30,79	1022,79
	± 16,64	± 19,90	± 39,94	± 22,32	± 38,23	± 64,94
28	32,13	16,15	854,08	29,12	26,34	1028,16
	± 14,50	± 18,30	± 34,53	± 19,23	± 31,99	± 55,41
32	33,21	14,21	854,33	30,37	22,58	1031,23
	± 13,09	± 15,83	± 32,79	± 17,42	± 26,19	± 49,94
36	33,30	12,29	857,67	30,79	21,82	1029,61
	± 10,74	± 13,25	± 27,81	± 16,46	± 25,09	± 45,02
40	32,84	11,92	857,11	29,09	21,52	1032,94
	± 10,24	± 12,26	± 25,66	± 14,26	± 22,90	± 40,58
44	32,71	11,60	857,67	30,05	19,94	1034,42
	± 9,02	± 10,98	± 22,75	± 12,50	± 19,79	± 35,36
48	33,38	11,05	857,23	30,38	18,99	1033,96
	± 8,42	± 9,70	± 20,78	± 10,45	± 19,16	± 32,75
52	33,14	10,54	858,16	29,76	18,35	1035,35
	± 7,17	± 8,75	± 18,36	± 10,09	± 16,72	± 29,36
56	33,45	9,79	858,24	29,85	19,07	1035,57
	± 6,48	± 7,71	± 16,24	± 8,83	± 15,27	± 26,32
60	33,58	9,43	858,83	29,91	17,32	1037,49
	± 5,45	± 6,59	± 14,41	± 7,71	± 12,73	± 21,67
64	33,34	10,02	859,28	29,59	16,83	1036,37
	± 4,89	± 6,24	± 12,55	± 6,90	± 11,36	± 19,88
68	33,49	9,49	859,19	29,78	17,11	1036,75
	± 3,99	± 5,15	± 10,92	± 5,55	± 9,56	± 16,67
72	33,38	9,64	858,74	29,06	17,11	1036,88
	± 3,31	± 4,05	± 8,38	± 4,28	± 7,72	± 13,29
76	33,36	9,51	858,83	29,41	16,74	1037,27
	± 2,13	± 2,71	± 5,67	± 3,02	± 5,60	± 9,06
80	33,36	9,45	859,00	29,26	16,78	1037,46

* Desvios padrão das estimativas obtidas nas 1000 reamostragens.

Deve-se destacar que o desvio padrão das estimativas decresceram com o incremento no número de indivíduos por progênie para as estimativas médias da variância genética aditiva, variância dentro de parcelas e variância residual. Contudo, observa-se um desvio padrão de alta magnitude, para ambos os experimentos, quando se utilizou oito indivíduos por progênie. (TABELA 1).

Considerando o impacto do número de indivíduos avaliados na precisão experimental, observa-se que as estimativas médias do coeficiente de variação residual (CV_e) apresentaram uma certa estabilidade a partir de 16 indivíduos por progênie para ambos os experimentos (Tabela 2). Os maiores valores obtidos para esse parâmetro ocorreram no cenário de 8 indivíduos por progênie, sendo de 6,64 (TP1) e 7,12 (TP2). As estimativas médias do coeficiente de variação genético tiveram um discreto acréscimo à medida que se aumentou o número de indivíduos por progênie. Os valores obtidos oscilaram entre 7,35 a 9,07 para TP1 e 5,52 a 6,90 para TP2 (Tabela 2).

A estimativa da média dos indivíduos selecionados se manteve estável ao longo de todos os cenários testados. Assim como aconteceu com as estimativas de variância, o desvio padrão dos dados obtidos em todos os cenários testados diminuiu à medida que ocorreu um incremento no número de indivíduos avaliados por progênie (Tabela 2).

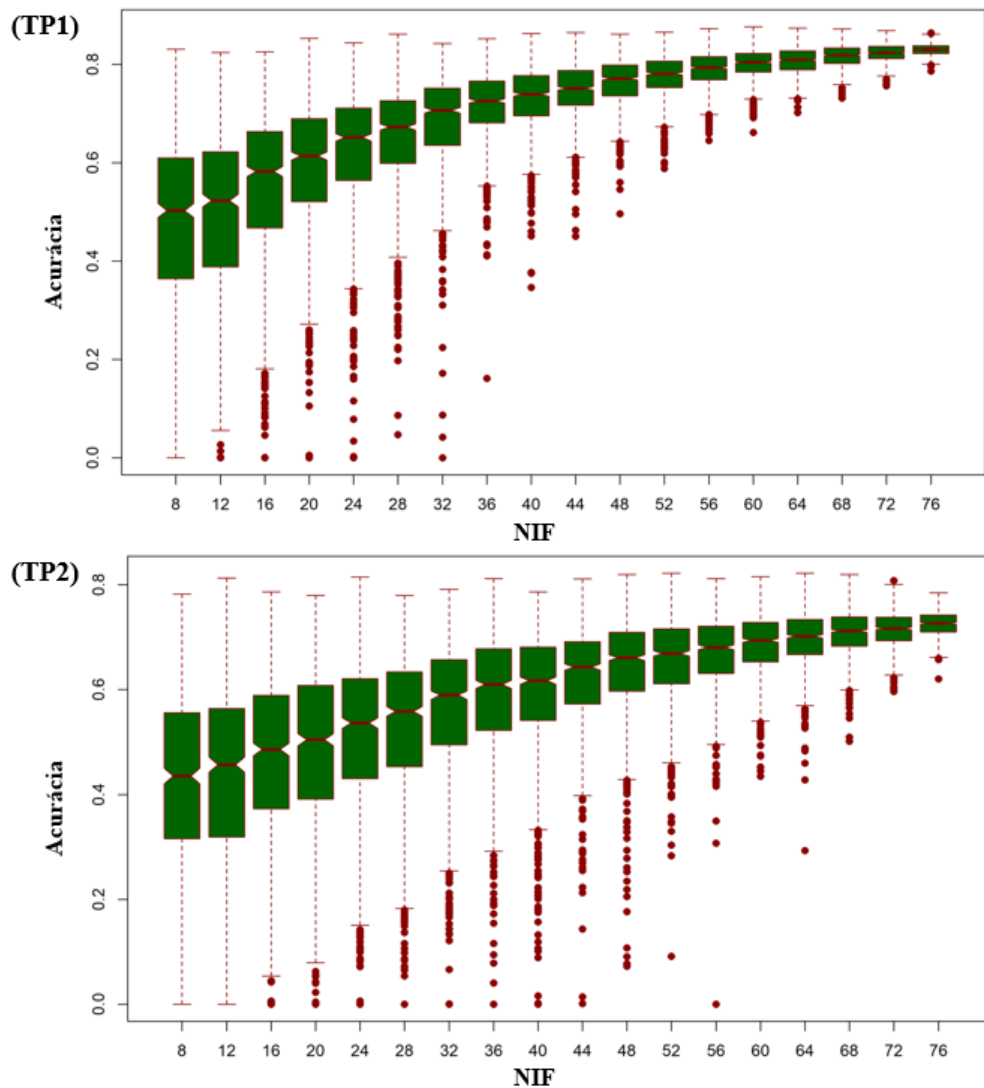
Tabela 2: Média das estimativas do coeficiente de variação genético (CV_g), coeficiente de variação experimental (CV_e), acurácia seletiva ($r_{\hat{g}g}$) e média dos indivíduos amostrados (\bar{m}) obtidas nos experimentos TP1 e TP2 aos três anos de idade, considerando 1.000 reamostragens com diferente número de indivíduos por progênie (NIF).

NIF	TP1				TP2			
	CV_g	CV_e	$r_{\hat{g}g}$	\bar{m}	CV_g	CV_e	$r_{\hat{g}g}$	\bar{m}
8	7,35	6,64	0,47	63,74	6,01	7,12	0,42	78,69
	$\pm 5,82^*$	$\pm 7,91$	$\pm 0,15$	$\pm 1,97$	$\pm 5,63$	$\pm 8,25$	$\pm 0,18$	$\pm 2,55$
12	7,45	6,04	0,49	63,69	5,52	6,18	0,43	78,71
	$\pm 4,74$	$\pm 6,17$	$\pm 0,17$	$\pm 1,51$	$\pm 4,69$	$\pm 6,59$	$\pm 0,17$	$\pm 2,00$
16	8,25	4,92	0,55	63,68	6,15	5,42	0,46	78,71
	$\pm 3,68$	$\pm 5,20$	$\pm 0,16$	$\pm 1,30$	$\pm 4,02$	$\pm 5,69$	$\pm 0,16$	$\pm 1,65$
20	8,28	4,83	0,59	63,70	5,95	5,33	0,48	78,76
	$\pm 3,25$	$\pm 4,94$	$\pm 0,13$	$\pm 1,13$	$\pm 3,66$	$\pm 5,23$	$\pm 0,17$	$\pm 1,47$
24	8,61	4,85	0,62	63,68	6,26	5,09	0,51	78,64
	$\pm 2,58$	$\pm 4,35$	$\pm 0,12$	$\pm 1,02$	$\pm 3,14$	$\pm 4,86$	$\pm 0,15$	$\pm 1,31$
28	8,63	4,79	0,65	63,72	6,28	4,79	0,53	78,69
	$\pm 2,17$	$\pm 4,09$	$\pm 0,10$	$\pm 0,89$	$\pm 2,74$	$\pm 4,41$	$\pm 0,15$	$\pm 1,19$
32	8,84	4,51	0,69	63,73	6,58	4,54	0,56	78,74
	$\pm 1,93$	$\pm 3,80$	$\pm 0,09$	$\pm 0,78$	$\pm 2,36$	$\pm 3,96$	$\pm 0,13$	$\pm 1,02$
36	8,94	4,29	0,71	63,66	6,70	4,50	0,59	78,72
	$\pm 1,52$	$\pm 3,44$	$\pm 0,07$	$\pm 0,70$	$\pm 2,18$	$\pm 3,86$	$\pm 0,12$	$\pm 0,92$
40	8,88	4,31	0,73	63,73	6,56 \pm	4,64	0,59	78,71
	$\pm 1,45$	$\pm 3,28$	$\pm 0,06$	$\pm 0,64$	1,97	$\pm 3,62$	$\pm 0,12$	$\pm 0,86$
44	8,89	4,38	0,75	63,69	6,78 \pm	4,5	0,62	78,71
	$\pm 1,26$	$\pm 3,06$	$\pm 0,05$	$\pm 0,60$	1,56	$\pm 3,40$	$\pm 0,10$	$\pm 0,78$
48	9,00	4,39	0,76	63,69	6,85 \pm	4,45	0,64	78,70
	$\pm 1,16$	$\pm 2,82$	$\pm 0,05$	$\pm 0,53$	1,45	$\pm 3,29$	$\pm 0,09$	$\pm 0,69$
52	8,98	4,39	0,78	63,70	6,82 \pm	4,53	0,66	78,69
	$\pm 0,99$	$\pm 2,59$	$\pm 0,04$	$\pm 0,47$	1,23	$\pm 3,01$	$\pm 0,08$	$\pm 0,65$
56	9,04	4,30	0,79	63,71	6,86 \pm	4,82	0,67	78,72
	$\pm 0,89$	$\pm 2,36$	$\pm 0,03$	$\pm 0,42$	1,06	$\pm 2,74$	$\pm 0,07$	$\pm 0,57$
60	9,07	4,33	0,80	63,70	6,89 \pm	4,72	0,70	78,71
	$\pm 0,75$	$\pm 2,12$	$\pm 0,03$	$\pm 0,39$	0,90	$\pm 2,37$	$\pm 0,05$	$\pm 0,49$
64	9,04	4,60	0,81	63,72	6,86 \pm	4,74	0,70	78,69
	$\pm 0,67$	$\pm 1,86$	$\pm 0,02$	$\pm 0,33$	0,82	$\pm 2,17$	$\pm 0,05$	$\pm 0,43$
68	9,07	4,58	0,82	63,70	6,90 \pm	4,95	0,71	78,69
	$\pm 0,54$	$\pm 1,54$	$\pm 0,02$	$\pm 0,26$	0,65	$\pm 1,77$	$\pm 0,04$	$\pm 0,36$
72	9,06	4,73	0,82	63,71	6,83 \pm	5,08	0,71	78,69
	$\pm 0,45$	$\pm 1,15$	$\pm 0,01$	$\pm 0,21$	0,50	$\pm 1,34$	$\pm 0,03$	$\pm 0,28$
76	9,06	4,79	0,83	63,71	6,88 \pm	5,12	0,73	78,69
	$\pm 0,29$	$\pm 0,71$	$\pm 0,01$	$\pm 0,15$	0,35	$\pm 0,92$	$\pm 0,02$	$\pm 0,19$
80	9,06	4,82	0,83	63,70	6,87	5,21	0,73	78,70

* Desvios padrão das estimativas obtidas nas 1000 reamostragens.

Analisando o impacto do número de indivíduos por progênie nas estimativas de acurácia, observa-se que, a acurácia média aumentou à medida que se aumentou o número de indivíduos (TABELA 2). Para ambos os experimentos a acurácia variou de baixa (0,47-TP1; 0,42-TP2) a alta (0,83-TP1; 0,73-TP2). O comportamento foi muito semelhante nos dois experimentos, exceto pelo fato de que no TP1, as estimativas médias de acurácia em cada cenário de avaliação sempre foram superiores às obtidas no mesmo cenário em TP2. Observa-se na figura 1 que, com 60 indivíduos, há uma tendência das estimativas médias das acurácias de se estabilizarem (FIGURA 1). Nos cenários com menor número de indivíduos, a amplitude da variação das estimativas obtidas foi bastante elevada, atingindo valores iguais a zero. Ao aumentar o número de indivíduos por progênie, os intervalos das estimativas diminuíram (FIGURA 1).

Figura 1: Boxplot das estimativas de acurácia obtida na média de 1.000 reamostragens para os experimentos TP1 e TP2 com todos os cenários de número de indivíduos por progênie (NIF).



3.4 DISCUSSÃO

Com o avanço das técnicas de clonagem na cultura do eucalipto, os testes de progênies passaram a ser utilizados como uma forma de identificação dos melhores indivíduos que posteriormente são avaliados em testes clonais (RESENDE; ALVES, 2021; MASIERO et al., 2022). Contudo, esse método apresenta um grave problema que é a baixa correlação entre o desempenho dos indivíduos no teste de progênies e seu desempenho no teste clonal (REIS et al., 2011). Sendo assim, os melhoristas precisam buscar estratégias que criem cenários mais favoráveis à seleção.

Os testes de progênies auxiliam os melhoristas na determinação dos parâmetros genéticos, que por sua vez vão auxiliar na definição da estratégia de melhoramento (MASIERO, 2022; RESENDE, 2002; ARANTES et al., 2010). Os cenários testados causaram alterações significativas apenas nas estimativas médias da variância residual, ao passo que a variância aditiva e dentro de parcelas a oscilação foi pequena. Para teste de progênies com eucalipto, resultados demonstram que experimentos com menor número de plantas por parcelas aliados a um maior número de repetições permitem obter maiores estimativas de variância genotípica e/ou menores variâncias residuais (SILVA et al., 2016; CASTRO et al., 2018).

O coeficiente de variação genético (CV_g) é um estimador que demonstra a variabilidade genética existente na população e, quanto maior for a sua estimativa, mais favorável o cenário se encontra para seleção, desta maneira possibilitando maiores ganhos genéticos (RESENDE, 2002, 2007; RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2012). Os valores aqui estimados para IMA, em todos os cenários testados são considerados baixos, segundo classificação proposta por Ziegler e Tambarussi (2022b) para cultura do eucalipto. Por se tratar de um CV_g aditivo, há um indicativo de baixa variação genética herdável em todos os cenários testados. Isso é um resultado esperado, uma vez que caracteres de crescimento na cultura do eucalipto são altamente influenciados pelo ambiente e, além disso tem grande participação de efeitos não aditivos no controle gênico (AGUIAR et al., 2007; REZENDE; DE RESENDE; DE ASSIS, 2014; TAN et al., 2018).

Uma das medidas de maior importância quando se trata de testes experimentais é o coeficiente de variação (CV_e), uma vez que ele dá uma ideia da precisão experimental (LOPES et al., 2021; STORCK et al., 2021). Sua estimativa é influenciada pela variância residual e a média populacional, que se manteve estável para TP1 e TP2 ao longo de todos os cenários testados. As estimativas médias obtidas em todos os cenários são consideradas

baixas ($CV_e < 10$) segundo classificação proposta por Pimentel-Gomes (2000), sendo assim cenários com boa precisão experimental. Na literatura é comum encontrar valores de CV_e considerados altos para caracteres de crescimento em eucalipto (MORAES et al., 2015; CASTRO et al., 2018; PALUDETO et al., 2020), contudo, não necessariamente pode-se dizer que os experimentos têm baixa precisão experimental, pois essa classificação, normalmente utilizada, não leva em consideração diferentes fatores genéticos e ambientais, que normalmente ocorrem em experimentos de campo, principalmente aqueles de espécie florestais, desta forma é comum a existência de CV_e acima de 30% na cultura do eucalipto (MORAES et al., 2015).

Uma abordagem adicional para avaliar a precisão experimental é baseando nas estimativas de acurácia. Esse parâmetro demonstra valores mais próximos de 1 quanto menores forem os desvios entre o valor genético real e os estimados/preditos (PIEPHO; MÖHRING, 2006; MENDONÇA, 2015). Para ensaios de avaliação de cultivo e uso, Resende e Duarte (2007) estabeleceram que valores de acurácia de até 0,49 são considerados baixos, enquanto, que acima de 0,70 altos. Durante as reamostragens realizadas, as estimativas de acurácia variaram amplamente, sendo observado que os cenários com menor NIF resultaram em estimativas mais baixas. Esses valores de acurácia obtidos não estão relacionados ao mérito genético dos indivíduos, o qual deve ser avaliado por meio do valor genético, mas sim refletem a confiança na seleção das progênes (NOGUEIRA et al., 2019).

A busca por um número satisfatório de indivíduos por progênie é importante, uma vez que, a partir do momento em que se atinge um tamanho satisfatório, pouco se ganha em precisão (RESENDE, 2002; RESENDE; DUARTE, 2007; STORCK et al., 2021). Observou-se que, o aumento no número de indivíduos por progênie está diretamente relacionado ao aumento das estimativas médias de acurácia ao mesmo tempo em que o desvio padrão da estimativa é reduzido. Todavia, isso ocorreu até certo ponto, uma vez que a partir de 60 indivíduos os valores de acurácia obtidos foram classificados como altos (RESENDE; DUARTE, 2007) sendo que, o ganho em acurácia passou a ser mínimo com estimativas de desvios padrões cada vez menores.

Na literatura, existem trabalhos que determinaram o tamanho ótimo de parcela na cultura do eucalipto (ZANON; STORCK, 1997; STANGER; GALLOWAY; RETIEF, 2011; ARAÚJO et al., 2015; SILVA et al., 2016). Porém, no caso do teste de progênes, não foram encontrados trabalhos que tenham determinado o número ideal de indivíduos por progênie. Foi encontrado um trabalho que determinou o tamanho da parcela, em um teste de progênes, de forma comparativa, com experimentos conduzidos em diferentes desenhos experimentais

(SILVA et al., 2016). O número de 60 indivíduos por progênie, sendo 15 por repetição, sugerido neste trabalho condiz com a literatura, pois caracteres de crescimento, como é o caso do IMA, estão mais sujeitos a expressar a variabilidade nas parcelas maiores, o que resulta em menor repetibilidade de plantas na parcela e em maior número de plantas necessário para alcançar elevada exatidão no valor real do indivíduo (ARAÚJO et al., 2015).

Nos testes de progênies da área florestal, fatores como os altos custos envolvidos na experimentação, a exigência e disponibilidade de grandes áreas experimentais, um amplo número de tratamentos e a heterogeneidade da área experimental influenciarão na seleção dos melhores indivíduos (DONATO et al., 2008; SILVA et al., 2016; STORCK et al., 2021). Sendo assim, é necessário buscar um NIF a fim de otimizar a eficiência experimental. No contexto deste estudo, a redução de 20 indivíduos por progênie resultaria em uma economia de 3.360m² em área total, por experimento. Embora esse valor possa parecer pouco no caso do eucalipto, em uma empresa de melhoramento florestal, onde vários experimentos são conduzidos simultaneamente, a soma das economias em área de todos eles representa uma economia macro de proporções significativas.

Uma vez que o custo por experimento já está fixado bem como a área destinada a instalação do experimento o melhorista pode promover mudanças no desenho experimental visando a busca por experimentos mais precisos (ROSSETTI, 2002; STORCK et al., 2021). A repetição constitui um dos princípios básicos da experimentação, uma vez que, além de proporcionar estimativas do erro experimental, ela vai permitir a distribuição dos tratamentos em maior número de ambientes (ROSSETTI, 2002).

Segundo Resende e Duarte (2007), em uma situação de alta variabilidade ambiental e baixa variabilidade genética o uso de mais repetições permite ao melhorista atingir valores de acurácia acima de 0,90. Considerando as estimativas de coeficiente de variação, tem-se que para este trabalho, todos os cenários apresentaram baixa variação genética e ambiental. Em um trabalho conduzido por Silva et al. (2016) com dois testes de progênies de *Eucalyptus camaldulensis* os autores observaram que o erro experimental para caracteres de crescimento foi menor no experimento de uma planta por parcela com 20 repetições quando comparado a um experimento de cinco plantas por parcela com quatro repetições.

Para os resultados aqui discutidos, uma vez determinado que 60 plantas representam uma progênie de meios irmãos, os melhoristas poderiam ter optado pelo uso de mais uma repetição em seus experimentos, utilizando as 20 plantas excedentes que compunham os experimentos originalmente. Isso seria justificável e recomendado pois, ao se aumentar o número de repetições, em função da diminuição do número de plantas por progênie, a

distribuição dos indivíduos de cada progênie na área experimental se tornaria mais homogênea e o efeito ambiental seria captado de maneira mais precisa (RESENDE, 2002; LOPES et al., 2021; STORCK et al., 2021; ZIEGLER; TAMBARUSSI, 2022a). Uma segunda abordagem e que é tão importante quanto o uso de mais repetições, seria a avaliação em mais de um local, uma vez que, o conhecimento dos efeitos da interação genótipos x ambientes irá auxiliar o melhorista na tomada de decisão (RAMALHO et al., 2012; RAMALHO; MARQUES; LEMOS, 2021; RESENDE; ALVES, 2021; STORCK et al., 2021).

Por fim, outra estratégia sugerida para promover uma melhora no processo de seleção dos melhores indivíduos seria a utilização do teste de progênies clonadas (TPC) (RESENDE, 2002; RAMALHO; MARQUES; LEMOS, 2021; RAMALHO; SANTOS; SOUZA, 2022). Nele, os diferentes indivíduos de uma mesma progênie deverão ser clonados obtendo-se algumas cópias biológicas para serem avaliadas. Nessa situação o melhorista pode optar por diminuir o número de indivíduos avaliados por progênie e promover a clonagem dos indivíduos selecionados para o teste de progênies. A utilização de cópias biológicas dos indivíduos permite estimar de maneira mais acurado o valor genético dos indivíduos, bem como discriminar melhor o efeito do ambiente e a interação genótipos x ambiente, promovendo assim um ambiente mais favorável e confiável para proceder a seleção dos melhores indivíduos.

3.5 CONCLUSÃO

Desta forma, conclui-se que em um teste de progênies de meios irmãos na cultura do eucalipto, a utilização de 60 indivíduos por progênie foi eficiente, promovendo um cenário favorável a seleção das melhores progênies. A quantidade de indivíduos avaliados teve pouca influência nas estimativas da variância aditiva e dentro de parcelas, contudo para a variância residual, o uso de maior número de indivíduos promoveu um decréscimo em suas estimativas.

REFERÊNCIAS

AGUIAR, M. S. de; FERREIRA, D. F.; AGUIAR, A. M.; BISON, O.; REZENDE, G. D. S. P.; GRATTAPAGLIA, D. Potencial de híbridos entre clones-elite de eucalipto por meio de marcadores microssatélites. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 7, p. 1007–1012, jul. 2007. doi: 10.1590/S0100-204X2007000700013.

ARANTES, F. C.; GONÇALVES, P. de S.; SCALOPPI JUNIOR, E. J.; MORAES, M. L. T. de; RESENDE, M. D. V. de. Ganho genético com base no tamanho efetivo populacional de

progênes de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 12, p. 1419–1424, dez. 2010. doi: 10.1590/S0100-204X2010001200012.

ARAÚJO, M. J.; DIAS, D. da C.; SCARPINATI, E. A.; PAULA, R. C. Número de repetições, de plantas por parcela e de avaliações para testes clonais de eucalipto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 50, n. 10, p. 923–931, 2015. doi: 10.1590/S0100-204X2015001000008.

ASSIS, T. F. de. Melhoramento genético de Eucalyptus: desafios e perspectivas. p. 1–13, 2014.

BATES, D.; MÄCHLER, M.; BOLKER, B. M.; WALKER, S. C. Fitting linear mixed-effects models using lme4. **Journal of Statistical Software**, v. 67, n. 1, 2015. doi: 10.18637/jss.v067.i01.

CASTRO, C. A. de O.; NUNES, A. C. P.; ROQUE, J. V.; TEÓFILO, R. F.; SANTOS, O. P.; SANTOS, G. A.; GALLO, R.; PANTUZA, I. B.; RESENDE, M. D. V. Optimization of Eucalyptus benthamii progeny test based on Near-Infrared Spectroscopy approach and volumetric production. **Industrial Crops and Products**, v. 141, 1 dez. 2019. doi: 10.1016/j.indcrop.2019.111786.

CASTRO, C. E. C. de; SILVA, P. H. M. da; ARAÚJO, M. J. de; MIRANDA, A. C.; MORAES, M. L. T. de; PAULA, R. C. de. Adaptabilidade, estabilidade e produtividade de progênes de Eucalyptus grandis Hill ex Maiden. **Scientia Forestalis**, v. 46, n. 118, 1 jun. 2018. doi: 10.18671/scifor.v46n118.02.

DIAS, T. C. **Forme e tamanho ótimos de parcelas experimentais de eucalipto clonal em sistema de integração lavoura-pecuária-floresta**. 2014. Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2014.

DONATO, S. L. R.; SIQUEIRA, D. L. de; SILVA, S. de O. e; CECON, P. R.; SILVA, J. A. da; SALOMÃO, L. C. C. Estimativas de tamanho de parcelas para avaliação de descritores fenotípicos em bananeira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 8, p. 957–969, ago. 2008. doi: 10.1590/S0100-204X2008000800003.

HENDERSON, C. R. General Flexibility of Linear Model Techniques for Sire Evaluation. **Journal of Dairy Science**, v. 57, n. 8, p. 963–972, 1974. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(74)84993-3.

IBÁ - INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES. Relatório Anual. Ano base 2022. Disponível em: <https://www.iba.org/datafiles/publicacoes/relatorios/relatorio-anual-iba2022-compactado.pdf>

LOPES, B. G.; FARIA, G. A.; MALTONI, K. L.; ROCHA, P. S.; PEIXOTO, A. P. B.; OLIVEIRA, T. A. de; FONSECA, A. D. da; FELIZARDO, L. M. Classificação do coeficiente de variação para experimentos com mudas de eucalipto em casa de vegetação. **REVISTA CIÊNCIA AGRONÔMICA**, v. 52, n. 4, 2021. doi: 10.5935/1806-6690.20210050.

MASIERO, M. A.; OLIVEIRA, V. H. D.; SILVA, L. S.; SILVA, E. C.; CORDEIRO, N. K.; ALMEIDA, J. dos S.; MENECHINI, W.; PINHEIRO, J. F. Aspectos sobre o melhoramento

genético do eucalipto no Brasil. Em: ZUFFO, A. M.; AGUILERA, J. G. (Ed.). **Pesquisas agrárias e ambientais: Volume XII**. Pantanal Editora, 2022. 12 p. 89–104. 2022.

MENDONÇA, L. de F. **Acurácia da seleção simultânea para caracteres de interesse em milho tropical de segunda safra**. 2015. Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 2015.

MOLION, L. C. B. Perspectivas climáticas para os próximos 20 anos. **Revista Brasileira de Climatologia**, v. 3, 31 ago. 2008. doi: 10.5380/abclima.v3i0.25438.

MORAES, C. B. de; CARVALHO, E. V. de; ZIMBACK, L.; LUZ, O. dos S. L.; PIERONI, G. B.; MORI, E. S.; LEAL, T. C. A. de B. Variabilidade genética em progênies de meios-irmãos de eucalipto para tolerância ao frio. **Revista Árvore**, v. 39, n. 6, p. 1047–1054, dez. 2015. doi: 10.1590/0100-67622015000600007.

MORAES NETO, S. P. **Compilação de alguns estudos sobre *Tectona grandis* (Teca): Ênfase para plantio no domínio do Cerrado brasileiro**. Planaltina - DF: Embrapa Cerrados, 2021. v. 21

NOGUEIRA, T. A. P. C.; NUNES, A. C. P.; SANTOS, G. A. Dos; TAKAHASHI, E. K.; RESENDE, M. D. V. De; CORRADI, I. S. Estimativa de parâmetros genéticos em progênies de irmãos completos de eucalipto e otimização de seleção. **Scientia Forestalis**, v. 47, n. 123, 30 set. 2019. doi: 10.18671/scifor.v47n123.07.

PALUDETO, J. G. Z.; PEREK, M.; MUNHOZ, L. V.; SANTOS, J. R. M. dos; PESCK, V. A.; TAMBARUSSI, E. V. Variabilidade genética em população base de *Eucalyptus viminalis* em idade juvenil. **Scientia Forestalis**, v. 48, n. 126, 30 jun. 2020. doi: 10.18671/scifor.v48n126.07.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 545–554, 1971. doi: 10.1093/biomet/58.3.545.
PIEPHO, H. P.; MÖHRING, J. Selection in cultivar trials—Is it ignorable? **Crop Science**, v. 46, n. 1, p. 192–201, 2006. doi: 10.2135/cropsci2005.04-0038.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de Estatística Experimental**. 15. ed ed. Piracicaba: Ed. ESALQ, 2000. v. 14

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. de F. B.; SANTOS, J. B. dos; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Ed. da UFLA, 2012.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em Genética e Melhoramento de Plantas.pdf**. 3. Ed.
RAMALHO, M. A. P.; MARQUES, T. L.; LEMOS, R. do C. Plant breeding in Brazil: Retrospective of the past 50 years. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 21, n. spe, 2021. doi: 10.1590/1984-70332021v21sa16.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, H. G.; SOUZA, T. da S. Eucalyptus breeding programs: a proposal for the use of inbred progênies. **CERNE**, v. 28, 2022. doi: 10.1590/01047760202228013049.

REIS, C. A. F.; GONÇALVES, F. M. A.; ROSSE, L. N.; COSTA, R. R. G. F.; RAMALHO, M. A. P. Correspondence between performance of Eucalyptus spp trees selected from family and clonal tests. **Genetics and Molecular Research**, v. 10, n. 2, p. 1172–1179, 2011. doi: 10.4238/vol10-2gmr1078.

RESENDE, M. D. V. de. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.

RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. Precisão E Controle De Qualidade Em Experimentos De Avaliação De Cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical (Agricultural Research in the Tropics)**, v. 37, n. 3, p. 182–194, 2007. doi: 10.5216/pat.v37i3.1867.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. EMBRAPA: I ed.

RESENDE, M. D. V.; ALVES, R. S. Genética: estratégias de melhoramento e métodos de seleção. Em: OLIVEIRA, E. B.; PINTO JÚNIOR, J. E. (Ed.). **O eucalipto e a Embrapa: quatro décadas de pesquisa e desenvolvimento**. Guaraituba: Embrapa Floresta, 2021. p. 1–1160. 2021.

REZENDE, G. D. S. P.; DE RESENDE, M. D. V.; DE ASSIS, T. F. Eucalyptus Breeding for Clonal Forestry. Em: **Challenges and Opportunities for the World's Forests in the 21st Century**. p. 393–424. 2014.

ROSSETTI, A. G. Influência da área da parcela e do número de repetições na precisão de experimentos com arbóreas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 4, p. 433–438, abr. 2002. doi: 10.1590/S0100-204X2002000400002.

SÁ, L. F.; TAMBARUSSI, E. V. Melhoramento genético como estratégia de gestão da produtividade florestal. **Revista do Instituto Florestal**, v. 35, n. 1, p. 99–112, 7 jul. 2023. doi: 10.24278/2178-5031.202335106.

SILVA, W. de M.; MORAES, M. L. T. de; PUPIN, S.; SILVA, J. M. da; SEBBENN, A. M.; PAVAN, B. E. Influência do tamanho de parcelas experimentais na seleção de progênies de *E. camaldulensis* Dehnh. **Scientia Forestalis**, v. 44, n. 112, 21 dez. 2016. doi: 10.18671/scifor.v44n112.19.

STANGER, T. K.; GALLOWAY, G. M.; RETIEF, E. C. L. Final results from a trial to test the effect of plot size on Eucalyptus hybrid clonal ranking in coastal Zululand, South Africa. **Southern Forests**, v. 73, n. 3–4, p. 131–135, set. 2011. doi: 10.2989/20702620.2011.639492.

STORCK, L.; CAMACHO GARCIA, D.; JOSÉ LOPES, S.; ESTEFANEL, V. **Experimentação Vegetal**. [s.l.] Editora UFSM, 2021.

TAN, B.; GRATTAPAGLIA, D.; WU, H. X.; INGVARSSON, P. K. Genomic relationships reveal significant dominance effects for growth in hybrid Eucalyptus. **Plant Science**, v. 267, p. 84–93, fev. 2018. doi: 10.1016/j.plantsci.2017.11.011.

ZANON, M. L. B.; STORCK, L. Tamanho de parcelas experimentais para *Eucalyptus saligna* Smith. **Ciência Rural**, v. 27, n. 4, p. 589–593, dez. 1997. doi: 10.1590/S0103-84781997000400011.

ZIEGLER, A. C. da F.; TAMBARUSSI, E. V. Classifying coefficients of genetic variation and heritability for *Eucalyptus* spp. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 22, n. 2, 2022a. doi: 10.1590/1984-70332022v22n2a12.

ZIEGLER, A. C. F.; TAMBARUSSI, E. V. Classifying coefficients of genetic variation and heritability for *Eucalyptus* spp. Classifying coefficients of genetic variation and heritability for *Eucalyptus* spp. ARTICLE. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 22, n. 2, 2022b. doi: 10.1590/1984.