

DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM PROGÊNIES DE UMA POPULAÇÃO DE *Eucalyptus camaldulensis* DEHNH

Ildes Soares Martins ¹
Ismael Eleotério Pires ²
Magda Carvalho de Oliveira ¹

RESUMO

O presente trabalho teve por objetivo a recomendação de progenitores para hibridação, através da utilização de técnicas de análise de variância e técnica multivariada de análise canônica, na predição da divergência genética. Foram utilizados dados de um teste de 44 famílias de meios-irmãos de *E. camaldulensis* Dehnh., com 67 meses de idade, instalado em Paraopeba – MG. As características avaliadas foram: diâmetro à altura do peito (DAP), altura comercial (ALTC), volume comercial sem casca (VCSC), densidade básica da madeira (DBM) e biomassa do tronco sem casca (BTSC). Verificou-se existência de variabilidade genética entre as famílias para todas as características analisadas. A técnica de análise canônica foi eficiente para o estudo da divergência genética entre as famílias estudadas e permitiram a separação das 44 famílias de progenitores em 16 grupos distintos.

Palavras-chaves: *Eucalyptus camaldulensis*, divergência genética, melhoramento florestal

ABSTRACT

GENETIC DIVERGENCE IN PROGENIES OF A POPULATION OF *Eucalyptus camaldulensis* DEHNH

The objective of this study was to recommend stock for hybridization, using analysis of variance and multivariate canonical covariance analysis to predict genetic divergence. Data from a test of 44 families of 67-month-old half-sibs of *E. camaldulensis* Dehnh. were used. Diameter at breast height (DBH), commercial height (ALTC), commercial volume without bark (VCSC), basic wood density (DBM), and trunk biomass without bark (BTSC) were evaluated. Genetic variation among families was observed for all traits analyzed. Canonical covariance analysis was efficient for demonstrating genetic divergence between the families studied and permitted the separation of the 44 families into 16 distinct groups.

Key words: *Eucalyptus camaldulensis*, genetic divergence, forest breeding

INTRODUÇÃO

As espécies do gênero *Eucalyptus* L'Herit, devido ao seu rápido crescimento e produção de

madeira, aliado à sua grande diversidade genética entre as espécies e adaptabilidade a diferentes regiões, ocupam posição de destaque no setor florestal mundial.

¹ Universidade de Brasília, Departamento de Engenharia Florestal

² Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Engenharia Florestal

Recebido para publicação em 2001.

Pelo seu potencial e diversidade de uso, o *Eucalyptus camaldulensis* constitui uma das espécies de grande interesse econômico, entre outras como *E. grandis*, *E. citriodora*, *E. urophylla*. Esta espécie foi uma das primeiras espécies de eucalipto a ser plantada com sucesso em regiões fora da Austrália (FAO, 1979). Dentre as boas características do *E. camaldulensis*, as principais são sua capacidade de desenvolver-se bem em solos relativamente pobres, resistência a longos períodos de seca, tolerância a período chuvoso, alguma resistência à geada, a madeira produzida é mais dura, pesada e escura quando comparada às das espécies *E. grandis* ou *E. globulus*.

Para o aumento da produtividade da floresta deve-se considerar, além do desenvolvimento de novas técnicas de manejo, os aspectos genéticos, uma vez que a floresta é o resultado das ações e interações dos genótipos que a constituem e do ambiente no qual está crescendo.

Em programas de melhoramento genético, a escolha dos paternos envolvidos nos cruzamentos é de grande importância para obtenção de progênies melhores do que as até então existentes. Desta forma, a seleção de fenótipos superiores é prática imprescindível no melhoramento.

Através do estudo da divergência genética, em programas de melhoramento, pode ser realizada a escolha dos progenitores superiores a serem utilizados em cruzamentos. Segundo Falconer (1987) a amplitude da variabilidade genética em uma população segregante é função da divergência genética entre os pais envolvidos nos diferentes cruzamentos.

A importância da diversidade genética para o melhoramento reside no fato de que cruzamentos que envolvem progenitores geneticamente divergentes são os mais convenientes para produzir alto efeito heterótico e, também, maior variabilidade genética em gerações segregantes (Xavier, 1996).

Desta forma, o presente trabalho teve por objetivo a seleção (ou recomendação) de progenitores para hibridação, tomando como base características silviculturais de 44 famílias de meios-

irmãos de *E. camaldulensis*.

MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados pertencem a um teste de progênie de *E. camaldulensis*, com 67 meses de idade, realizado no município de Paraopeba – MG. O experimento, envolvendo 44 famílias de meios-irmãos, foi disposto no delineamento de blocos casualizados, com quatro repetições, espaçamento de 3,0 x 1,5 m, parcelas lineares de seis plantas e bordadura geral simples.

Foram avaliadas as seguintes características:

(i) diâmetro à altura do peito (DAP);

(ii) altura comercial (ALTC), considerando como altura comercial o comprimento do tronco desde a base até um diâmetro mínimo de 4 cm;

(iii) volume comercial sem casca (VCSC);

(iv) densidade básica da madeira (DBM) e;

(v) biomassa do lenho (BTSC).

O DAP e a ALTC foram determinados através de medições realizadas diretamente nas árvores. O VCSC foi determinado após cubagem rigorosa de todas as árvores. A determinação da DBM foi realizada em laboratório, pelo método com base no Princípio de Arquimedes, tomando-se como representativo da densidade básica média da madeira o disco referente à posição básica do DAP. A BIOML foi obtida pelo produto entre a DBM e o VCSC (Xavier, 1996).

Análise Estatística

Foi utilizado o programa GENES (Cruz, 1998) na realização de todos os procedimentos estatísticos descritos a seguir.

A análise estatística para cada característica, em nível de plantas individuais, foi realizada conforme Steel & Torrie (1985), segundo o modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + p_i + b_j + e_{ij} + d_{ijk}$$

com: $i = 1, 2, \dots, I$ famílias de meios-irmãos;

$j = 1, 2, \dots, J$ repetições (blocos); e

$k = 1, 2, \dots, K$ plantas por parcela.
 em que
 Y_{ijk} = observação feita no indivíduo k , da família i , no bloco j ;
 μ = média geral;
 p_i = efeito aleatório da i -ésima família de polinização aberta, em que $p_i \sim \text{NID}(0, \sigma_g^2)$;
 b_j = efeito do j -ésimo bloco, em que $b_j \sim \text{NID}(0, \sigma_b^2)$;
 e_{ij} = efeito de variação entre parcelas, em que $e_{ij} \sim \text{NDI}(0, \sigma_e^2)$; e
 d_{ijk} = efeito da variação dentro de parcelas, em que $d_{ijk} \sim \text{NID}(0, \sigma_d^2)$.

A análise de variância, em nível de plantas individuais, com as esperanças matemáticas dos quadrados médios é apresentado na Tabela 1.

Estudo da Divergência Genética

Foi estudada a divergência genética das 44 famílias de meios-irmãos de *E. camaldulensis* através da técnica multivariada de variáveis canônicas, usando-se como medida de dissimilaridade (ou de similaridade), a distância generalizada de Mahalanobis, conforme Cruz e Regazzi (1994).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Análise de Variância

Os resultados da análise de variância para as características em estudo, estão apresentados na Tabela 2.

Observa-se que todas as características avaliadas revelaram a existência de variabilidade genética entre as famílias em nível de 5% de probabilidade, pelo teste F. Esses resultados evidenciam a possibilidade de ganhos genéticos pela seleção das melhores famílias.

Em geral os resultados obtidos na análise de variância estão em conformidade com aqueles obtidos por vários autores, trabalhando com outras espécies florestais e em condições ambientais diversas (Kalil Filho et al., 1983; Santos et al., 1990;

Silva, 1990; citados por Paula, 1997; Martins, 1999). Isto evidencia que os materiais genéticos empregados no setor florestal apresentam, de modo geral, grande variabilidade genética e que as possibilidades de melhoramento desses materiais são promissoras.

Os valores dos coeficientes de variação experimental foram pequenos ou médios e dentro dos padrões normais para espécies florestais, para todas as características, em todos os locais de experimentação.

Com relação às médias das características de crescimento, observou-se que elas são condizentes com o normalmente encontrado em espécies do gênero *Eucalyptus*, na idade em que se encontravam os experimentos (Paula, 1997).

Estudo da divergência genética através das Variáveis Canônicas

A utilização das variáveis canônicas teve por finalidade proporcionar uma simplificação estrutural dos dados, de modo que a divergência genética entre as progênies, influenciada, em princípio, por um conjunto p -dimensional (p =número de características consideradas no estudo), possa ser avaliada por um complexo bi ou tridimensional de fácil interpretação geométrica. Entretanto, a eficácia de sua utilização depende da quantidade da variação total disponível contida nas n ($n < p$) primeiras variáveis canônicas utilizadas, em outros termos, do grau de distorção provocado nas distâncias entre as progênies, quando se passa do espaço p -dimensional para o n -dimensional (Mardia, 1979; Cruz, 1990).

Na Tabela 3, são apresentadas as estimativas dos autovalores, e percentagens das variâncias acumuladas e os autovetores (coeficientes de ponderação) associadas a cada uma das variáveis canônicas estimadas, obtidos a partir da matriz de correlação entre as características em estudo. Em estudos de divergência genética, considera-se que o número adequado de variáveis canônicas para expressar a variação nos dados originais deve ser tal que a variância acumulada seja superior a 80%.

Verifica-se, no presente caso, que as duas primeiras variáveis canônicas conseguiram “explicar” 94% da variação total, sendo, portanto, suficiente para estudar a divergência genética das famílias em consideração.

De acordo com Xavier (1996), a viabilidade do estudo da divergência genética por meio das distâncias geométricas entre progênies em gráficos de dispersão, cujas coordenadas são escores relativos às primeiras variáveis canônicas, é restrita quando estas concentram a maior proporção da variação total, em geral, referenciada como acima de 80%.

Nesse caso, pode-se fazer uma análise bidimensional da dispersão gráfica em relação à primeira e segunda variáveis canônicas, dado às duas primeiras variáveis canônicas terem superado o limite de 80% da variação total.

Fato questionável é a avaliação da divergência em análise gráfica e o estabelecimento de grupos de similaridade de maneira subjetiva, com base em simples inspeção visual da dispersão (Xavier, 1996).

Dessa forma, para o presente estudo, apresentou-se a dispersão gráfica (Figura 1), com base nos escores das duas primeiras variáveis canônicas (Tabela 4) e posterior divisão dos progenitores em grupos de similaridade.

Na Figura 1, é apresentada a dispersão gráfica no espaço bidimensional das 44 progênies em estudo, utilizando as duas primeiras variáveis canônicas. Através da inspeção visual da dispersão, as 44 famílias foram divididas em 16 grupos de acordo com o seu grau de similaridade. Constatou-se que a progênie 4 distanciou-se nitidamente das demais, constituindo um grupo unitário bem característico, o que significa que geneticamente ela é bem divergente das outras famílias. Ainda na mesma figura, percebe-se que as progênies 13 e 31, 23 e 32, 34, 9 e 35, apresentam também certa divergência em relação ao restante do grupo. Além disso, pode ser observado que em algumas progênies, ocorre certa similaridade genética, como no caso das progênies 13 e 31, 23 e 32, que foram agrupadas devido à sua proximidade no gráfico.

Desta forma, baseado na figura 1, separou-se as 44 progênies em 16 grupos, conforme a Tabela 5.

A separação dos mesmos na figura é dependente da escala utilizada, o que evidencia um dos aspectos subjetivos desse tipo de análise da divergência genética (Xavier, 1996).

Com a separação das famílias em grupos distintos de progênies, pode-se recomendar progenitores para cruzamentos (hibridação) entre grupos, isto levando em consideração as características desejáveis que se quer obter nas próximas gerações. Assim sendo, a importância da divergência genética para o melhoramento está no fato de que cruzamentos que envolvam progenitores geneticamente divergentes são os mais convenientes para produzir maior variabilidade genética nas gerações futuras.

De acordo com a Figura 1, pode-se recomendar grupos de progenitores para hibridação, baseado na inspeção visual, sendo que os mais distantes são os mais convenientes para cruzamentos por produzirem maior efeito heterótico e variabilidade genética nas gerações segregantes. Desta forma, pode-se recomendar cruzamentos, por exemplo, entre progenitores dos grupos 1 e 16, 3 e 15, 2 e 14, 5 e 12, 4 e 16, 1 e 10, e várias outras combinações possíveis; já os grupos de progenitores que estão localizados muito próximos não são convenientes para hibridação por apresentarem pequena divergência genética entre si, como no caso dos grupos 7 e 8, 10 e 11, 12 e 13, 3 e 4, e outros.

A identificação de progênies com alta divergência tem sido objetivo de muitos estudos de melhoramento na área agrícola, em virtude da recomendação, de diversos autores (Maluf e Ferreira, 1983; Carvalho, 1993; Cruz e Regazzi, 1994), de cruzá-las, visando maximizar a heterose manifestada nas progênies e aumentar a probabilidade de ocorrência de segregantes superiores em gerações avançadas. Recomenda-se, também, evitar cruzamentos entre progenitores de mesmo padrão de similaridade, para que a variabilidade, indispensável em qualquer programa

Tabela 1. Esquema da análise de variância, em nível de plantas individuais, com as esperanças matemáticas dos quadrados médios.

Table 1. Variance analysis, in level of individual plants, with expected sums of squares.

FV	GL	QM	E(QM)
Blocos	J-1	Q1	$\sigma_d^2 + K\sigma_c^2 + Kl\sigma_b^2$
Famílias	I-1	Q2	$\sigma_d^2 + K\sigma_c^2 + KJ\sigma_g^2$
Varição entre	(I-1)(J-1)	Q3	$\sigma_d^2 + K\sigma_c^2$
Varição dentro	IJ(K-1)	Q4	σ_d^2

QM = quadrado médio; E(QM) = esperança do quadrado médio; σ_d^2 = componente de variância, em virtude do efeito de bloco; σ_g^2 = componente de variância, em razão do efeito de progênies; σ_c^2 = componente de variância, proveniente do erro entre parcelas; e σ_b^2 = componente de variância, em virtude da variação dentro de parcelas.

Tabela 2. Resumo da análise de variância e estimativas de alguns parâmetros genéticos referentes as características de diâmetros à altura do peito (DAP), altura comercial (ALTC), volume comercial sem casca (VCSC), densidade básica da madeira (DBM) e biomassa do tronco sem casca (BTSC), em famílias de meios-irmãos de *E. camaldulensis*, aos 67 meses de idade.

Table 2. Summary of the analysis of variance and estimate of some genetics parameters related with the characteristics of diameter at breast height (DBH), commercial height (ALTC), commercial volume without bark (VCSC), basic wood density (DBM), and trunk biomass without bark (BTSC), in half-sib families of *E. camaldulensis*, at 67-month-old.

Quadrados médios						
FV	GL	DAP(cm)	ALTC(m)	VCSC(cm ³)	DBM (g/cm ³)	BTSC (Kg)
BLOCOS	3	5.297063	15.662899	0.001126	0.002624	422.26495
FAMÍLIAS	43	2.25994*	3.251516*	0.000348*	0.002778*	131.138931*
RESÍDUO	129	0.860912	1.28155	0.000109	0.001866	46.608297
TOTAL	175					
MÉDIA		10.283778	11.989346	5.261931	0.598147	31.666897
CV(%)		9.022497	9.442181	19.798119	7.221621	21.558875

** - Significativo a 5% de probabilidade; pelo teste F

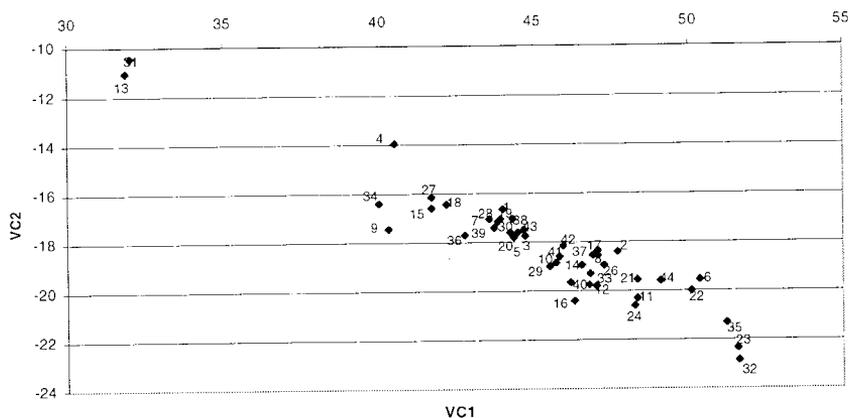


Figura 1. Dispersão dos escores de 44 famílias de *E. camaldulensis*, em relação às duas primeiras variáveis canônicas (VC1 e VC2), tendo como base cinco características silviculturais.

Figure 1. Scores dispersion of 44 half-sib families *E. camaldulensis*, in relation with two first canonical variables (VC1 e VC2), base an five silvicultural characteristics.

Tabela 3. Autovalores (λ_i), variância acumulada (%) e coeficientes de ponderação das características envolvidas.
Table 3. Latent roots (λ_i), accumulated variance (%) and coefficients of ponderation of the involved characteristics.

Variável canônica	Autovalor (λ_i)	Autovalor (%)	Variância acumulada	Coeficientes de ponderação (autovetores)				
				DAP	ALTC	VCSC	DBM	BTSC
VC1	16.813233	89.421570	89.421570	-0.0585	-0.00019	-0.17708	0.03362	0.98188
VC2	0.874808	4.652687	94.074257*	-0.5110	0.50949	-0.61733	-0.28422	-0.13195
VC3	0.616740	3.280146	97.354404	0.6981	0.67861	-0.19825	0.19825	-0.0147
VC4	0.301844	1.605365	98.959770	-0.4463	0.2463	-0.83853	0.83853	-0.0208
VC5	0.195586	1.040229	100.0	-0.2209	0.46824	-0.41911	-0.41911	0.1336

Tabela 4. Escores associados às 44 famílias de *E. camaldulensis*, em relação às duas primeiras variáveis canônicas.**Table 4.** Associated scores to 44 families of *E. camaldulensis*, relation with two first canonical variables.

FAMÍLIA	VC1	VC2	FAMÍLIA	VC1	VC2
1	44.0088	-16.6394	23	51.5933	-22.3538
2	47.6886	-18.3952	24	48.2369	-20.5871
3	44.7124	-17.7711	25	46.1812	-19.6639
4	40.5168	-13.9618	26	47.2453	-18.9706
5	44.4924	-17.6097	27	41.7089	-16.132
6	50.3593	-19.5386	28	43.8463	-17.1268
7	43.5691	-17.0314	29	45.4969	-19.0218
8	47.0438	-18.5318	30	44.2529	-17.5911
9	40.3023	-17.4596	31	32.012	-10.4379
10	45.7004	-18.8723	32	51.6172	-22.8415
11	48.3298	-20.2994	33	46.8287	-19.308
12	47.0393	-19.7773	34	39.995	-16.3899
13	31.882	-11.0355	35	51.2424	-21.2803
14	46.5289	-18.9599	36	42.7873	-17.6885
15	41.7025	-16.6104	37	46.9102	-18.5542
16	46.2978	-20.3996	38	44.3388	-17.0361
17	47.0515	-18.3591	39	43.722	-17.3836
18	42.1981	-16.4535	40	46.7679	-19.7332
19	43.9424	-17.051	41	45.8324	-18.607
20	44.3513	-17.7773	42	45.9697	-18.172
21	48.325	-19.5551	43	44.684	-17.5246
22	50.0665	-19.9942	44	49.077	-19.6207

de melhoramento, não seja restrita, de modo a inviabilizar os ganhos a serem obtidos por seleção (Xavier, 1996). Entretanto, deve-se evitar fazer a escolha dos progenitores, com base apenas em suas

divergências, sem levar em consideração seus desempenhos. Desta forma, o mais apropriado seria recomendar cruzamentos entre os progenitores divergentes, mas que também exibam desempenho

Tabela 5. Distribuição das 44 progênies de *E. camaldulensis* em 16 grupos, por similaridade:

Table 5. Distribution of 44 progenies of *E. camaldulensis* of 67-month-old in 16 groups, by similarity.

GRUPO	PROGENIE
1	13,31
2	4
3	34
4	9
5	15,18 e 27
6	6
7	1,7,19,38,28,30 e 39
8	3,5,20 e 43
9	29,10,41 e 42
10	2,17,37,8,26 e 14
11	16,25,33,12,40
12	11,24
13	21,44
14	6,22
15	35
16	23,32

superior em relação às principais características de importância econômica.

CONCLUSÕES

As análises realizadas permitiram apontar as seguintes conclusões:

➤ Existe variabilidade genética entre as famílias para todas as características analisadas;

➤ A técnica multivariada de análise canônica foi eficiente para o estudo da divergência genética entre as 44 famílias de meios-irmãos de *E. camaldulensis*, avaliada com base nas cinco características silviculturais;

➤ As variáveis canônicas permitiram, através da inspeção visual do gráfico de dispersão, a separação das 44 famílias de progenitores em 16 grupos distintos.

➤ Através da análise da divergência genética entre as 44 progênies de meios-irmãos de *E. camaldulensis*, os grupos considerados mais convenientes para hibridação, que apresentaram maiores distâncias entre eles no gráfico de dispersão, foram os grupos 1 (progênies 13 e 31) e 16 (progênies 23 e 32), 2 (progênie 4) e 15 (progênie 35), 3 (progênie 34) e 14 (progênies 6 e 22), entre outros.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CARVALHO, L. P. **Divergência genética e análise dialética de *Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.** Viçosa –MG, 203 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, 1993.

CRUZ, C. D. **Programa GENES-Applicativo Computacional em Estatística Aplicada à Genética.** Genetics and Molecular Biology, v. 21, n. 1, p.135-138, 1998.

CRUZ, C. D. ; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 1994. 390 p.

CRUZ, C.D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas.** Piacabá, 188f. Tese (Doutorado em Melhoramento Genético). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz/USP, 1990.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa.** Trad.: M.A. Silva e J. C. Silva. Viçosa, UFV, 1987. 279 p.

FAO. (1979). **Eucalypts for planting.** pp. 677. Rome: FAO (Food and Agriculture Organization of the

United Nations). Rome, 1979.

MALUF, W.R.; FERREIRA, P.E. **Análise multivariada de divergência genética em feijão vagem (*Phaseolus vulgaris* L.)**. Hort bras, v. 1, p. 31-4, 1983.

MARDIA, K.V.; KENT, J.T.; BIBBY, J.M. **Multivariate analysis**. Academic Press, 1974. 117 p.

MARTINS, I. S. **Comparação entre métodos uni e multivariados aplicados na seleção em *Eucalyptus grandis***. Viçosa: UFV, 1999. 94 f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa-MG.

PAULA, R.C. de. **Avaliação de diferentes critérios de seleção aplicados em melhoramento florestal**. Viçosa: UFV, 1997. 74 f. Tese (Doutorado em Ciências Florestais) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG.

RAO, R. C. **Advanced statistical methods in biometric research**. John Wiley and Sons. 1952. 390 f.

STEELE, R. G. D.; TORRIE, J. H. **Biostatística: princípios e procedimentos**. 2 ed., Bogotá, McGraw-Hill. 1985. 622p.

XAVIER, A. **Aplicação da Análise Multivariada da Divergência Genética no melhoramento de *Eucalyptus sp.*** Viçosa: UFV, 1996. 129 f. Tese (Doutorado Ciências Florestais) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG.