

ANÁLISIS GENÉTICO DE PROGENIES DE POLINIZACIÓN ABIERTA DE *Eucalyptus grandis*

Miranda, Aline Cristina⁴; Muller da Silva, Paulo Henrique⁴; Gomes Vieira, Israel⁴;
Teixeira de Moraes, Mario Luiz⁵ e Magno Sebbenn, Alexandre⁶

RESUMEN

Eucalyptus grandis es la especie más cultivada en las plantaciones comerciales de Brasil y de varios otros países. Se trata de una especie originaria de diferentes sectores de Australia.

El objetivo del presente trabajo fue estimar parámetros genéticos para variables de crecimiento y evaluar la variabilidad genética entre progenies de polinización abierta de la especie. El ensayo de progenies se estableció en Boa Esperança do Sul en el estado de São Paulo, Brasil. El diseño experimental fue de bloques al azar, con 148 progenies, en parcelas lineares de 6 plantas por progenie en cada bloque, con un espaciamiento de 3 x 2 m. Se estimó los parámetros genéticos a los 12 y 24 meses de edad para las variables altura, DAP y volumen, mediante el método REM/BLUP, usando el programa para estadística genética SELEGEN-REML/BLUP. Para todas las variables en estudio, los resultados muestran mayor variación genética a los 12 que a los 24 meses. La heredabilidad media de las progenies fue alta, mostrando un elevado control genético de las variables a nivel de medias familiares y la posibilidad de obtener ganancias mediante la selección de la mejor progenie. La exactitud fue alta (72%), confirmando la precisión de las estimaciones y el control de la variación ambiental. A mayor exactitud aumenta la eficiencia de la predicción y consecuentemente aumenta también la ganancia genética por selección.

Palabras clave: *Eucalyptus grandis*, Variabilidad genética, Ganancia genética, Exactitud.

ABSTRACT

Eucalyptus grandis is the most commonly cultivated species in commercial stands in Brazil and several other countries throughout the world. The specie occurs naturally in different regions in Australia.

The study objective was to estimate genetics parameters for growth traits and evaluate the genetic variability among open-pollinated *Eucalyptus grandis* progenies. The progeny test was conducted at Boa Esperança do Sul in the State of São Paulo, Brazil. The experimental design used was random blocks with 148 progenies, linear plots of six plants and the spacing used was 3 x 2 m. The genetic parameters were estimated at the age of 12 and 24 months, for height, DBH (diameter at breast height) and volume (VOL), obtained by the REML/BLUP method and using the genetic statistics program SELEGEN-REML/BLUP. The results show greater genetic variation at 12 months for all traits under study. The mean heritability of progenies was higher, showing high genetic control of traits to the average level of progeny and the possibility to obtain gains with the selection of the best progenies. Accuracy was high (72%), confirming precision and control of environmental causes because the higher is the accuracy, greater is the selection prediction success and consequently greater is the gain.

Keywords: *Eucalyptus grandis*, Genetic variability; Genetic gain; Accuracy.

⁴ Instituto de Pesquisa e Estudos Florestais– IPEF aline.miranda@ipef.br; paulohenrique@ipef.br; israel@ipef.br

⁵ Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira – UNESP teixeira@agr.feis.unesp.br

⁶ Instituto Florestal de São Paulo alexandre.sebbenn@pq.cnpq.com.br

INTRODUCCIÓN

Eucalyptus grandis, originario de diferentes regiones del este de Australia, es una especie que ha sido destacada para zonas tropicales y subtropicales por su crecimiento, la aptitud de su madera para producción de pulpa y papel, y por su amplia adaptabilidad a diferentes condiciones de suelo y clima, características que la han transformado en una de las especies más plantadas.

El manejo de plantaciones comerciales se efectúa actualmente bajo una silvicultura intensiva que maximiza los rendimientos en función de los productos finales deseados, no obstante, más allá de los tratamientos silvícolas, el mejoramiento genético es una importante herramienta adicional para la obtención de ganancias en sus principales características económicas y en la obtención de plantaciones más productivas y mejor adaptadas a diferentes regiones (Martins *et al.*, 2005).

La mantención de la variabilidad genética en los programas de mejoramiento es esencial para la conservación de la capacidad natural de las especie para adaptarse al cambio climático y a toda clase de estreses bióticos o abióticos, Actualmente los programas de mejoramiento a menudo buscan rescatar esta variabilidad genética que puede haber disminuido e incluso desaparecido con el tiempo. Es así que los ensayos de progenies resultan determinantes para asegurar una amplia variabilidad en las poblaciones de mejora.

La estimación de parámetros genéticos permite predecir las posibles ganancias de diferentes estrategias de mejoramiento, proporcionando información importante para la selección y desarrollo de programas de mejoramiento. Los ensayos de progenies permiten la estimación de estos parámetros genéticos, entre ellos destaca el coeficiente de heredabilidad que cuantifica la variación genética en el fenotipo.

Estas estimaciones proveen información sobre la naturaleza de la acción génica involucrada en la heredabilidad y es la base para la evaluación de los programas de mejoramiento (Vencovsky and Barriga, 1992). De acuerdo con Falconer (1989) y Vencovsky y Barriga (1992) la heredabilidad es por sí misma un parámetro de una población en un ambiente determinado, por lo tanto no es fija para un carácter de la especie, y puede variar en diferentes edades y ambientes, por lo mismo su estimación a edades tempranas es solo una indicación de su comportamiento, pero esta estimación es más útil a edades mayores.

En la estimación de parámetros genéticos en ensayos de progenie, el análisis de varianza y el método estadístico REML/BLUP (*restricted maximum likelihood/best linear unbiased prediction*) son las herramientas más usadas. El procedimiento más apropiado para la predicción de valores genético en plantas perennes es el BLUP individual, que consiste básicamente en la predicción de valores genéticos mediante modelos estadísticos de efectos aleatorios asociados con observaciones fenotípicas, ajustando los datos a los efectos fijos y a la desigual información de las parcelas mediante la metodología de modelos mixtos (Resende, 2002).

La predicción de valores genéticos mediante BLUP asume que los componentes de varianza son conocidos, sin embargo en la práctica no se conocen los verdaderos componentes de varianza, los cuales deben ser estimados usando el método REML desarrollado por Patterson y Thompson (1971).

OBJETIVO

El objetivo del estudio fue la estimación de parámetros genéticos para variables de crecimiento y evaluar la variabilidad genética entre progenies de polinización abierta de *Eucalyptus grandis*.

MATERIAL Y MÉTODO

Ubicación y Caracterización del Área Experimental

El ensayo de progenies se desarrolló en Boa Esperança do Sul, en el estado de São Paulo, ubicado en los 21°57' LS y 48°31' LW, a una altitud de 490 m. El suelo es Red Dystrophic Latosol (LVd), el clima corresponde a Savana Tropical (Aw) según la clasificación de Köppen, la precipitación media anual es de 1.300 mm y la temperatura media anual de 22,7° C.

Diseño Experimental

El ensayo fue establecido en un diseño de bloques completos al azar, con 148 progenies de polinización abierta en parcelas lineares 6 plantas por progenie en cada bloque, a un espaciamiento de 3 x 2 m y con una doble hilera de aislación perimetral. Las progenies fueron evaluadas a los 12 y 24 meses de edad para altura (m), DAP (cm) y volumen (m³).

Análisis Estadístico

Las estimaciones de los componentes de varianza y parámetros genéticos fueron obtenidas mediante el método REML/BLUP utilizando el programa de estadística genética SELEGEN-REML/BLUP (Resende, 2007b). Las variables cuantitativas fueron analizadas mediante la metodología de modelo lineal mixto (univariado aditivo) - REML/BLUP, siguiendo el procedimiento propuesto por Resende (2002 y 2007a):

$$y = Xb + Za + Wc + e;$$

Donde: y = Vector de datos u observaciones
 b = Vector de efecto de los bloques (fijo)
 a = Vector de efecto genético aditivo (aleatorio)
 c = Vectores de efectos de la parcela (aleatorio)
 e = Vectores de efectos de errores aleatorios
 X, Z y W = Matrices de incidencia para los efectos de los vectores b, a y c .

- Varianza genética aditiva

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

- Varianza ambiental entre parcelas

$$\hat{\sigma}_c^2 = [\hat{c}' \hat{c} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr} C^{33}] / s_1$$

- Varianza residual (ambiental + no aditiva)

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

Donde: C^{22} y C^{33} = Inverso de C.
 C = Matriz de coeficientes de la ecuaciones del modelo mixto.
 tr = Traza de una matriz
 $r(x)$ = Rango de la matriz X.
 N, q, s = Número de datos de individuos y parcelas, respectivamente.

RESULTADOS

El efecto de la progenie fue altamente significativo para todas las variables, indicando la existencia de diferencias genéticas.

En general hubo una baja pérdida de parcelas durante los dos años del estudio, lo cual indica el potencial de adaptación del material genético a las condiciones del área de estudio.

El coeficiente estimado de variación genética entre progenies en las procedencias CV_{gi} (%) fue alto en todo el ensayo.

Las heredabilidades estimadas fueron generalmente moderadas a nivel de individuos y dentro de las progenies, y generalmente altas a nivel de las medias familiares.

DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES

El análisis genético de esta población, a través de las variables de crecimiento a los 12 y 24 meses de edad, indica que ella posee una amplia base genética para altura y DAP, lo cual es muy favorable para su uso en un programa de mejoramiento y también como una fuente representativa de la base genética del *Eucalyptus grandis* existente en Brasil.

El coeficiente de variación del error CV_e (%) promedió para altura a los 12 meses 11,7% y a los 24 meses 12,1%; para DAP 15,6% a los 12 meses y 14,1% a los 24 meses y para volumen 32% a los 12 meses y 29% a los 24 meses. Estos valores son normales en ensayos forestales (Kageyama and Vencovsky, 1983; Garcia and Nogueira, 2005; Freitas *et al.*, 2009).

Los coeficientes de variación genética aditiva individual CV_{gi} (%) mostraron la existencia de variabilidad genética. Mientras mayor es este valor, es más fácil encontrar individuos que provean ganancias de selección superiores. Según Sebbenn (1998), coeficientes de variación genética sobre 7% son considerados altos, tal como los encontrados en el presente estudio, los que fueron mayores a 10% en todas las variables evaluadas (Cuadro N° 1). En el caso del volumen, en este estudio alcanzó a los 12 y 24 meses valores de 51,88 y 34,77% respectivamente, mientras que para *E. pellita* de 23 años, Zanata *et al.* (2010) indican un valor de 18,8%

Los valores de variación genética aditiva individual para volumen son más altos a los 12 meses, lo que refleja una mayor variación genética entre individuos y entre progenies respecto de las otras variables analizadas. Aun así, la variación genética aditiva decreció de un año al otro para todas las variables (Cuadro N° 1). Este resultado es indicativo de la existencia de variación genética de los individuos dentro de cada progenie y del potencial para mejoramiento genético, ya que esto es una condición esencial para obtener ganancias por selección entre y dentro de las progenies.

Para los tres caracteres evaluados, el coeficiente de determinación del efecto ambiental entre parcelas (C^2_{parc}) fue bajo, lo que indica una escasa diferencia ambiental entre parcelas. Resultados similares para altura y DAP se señalan en los trabajos de Rocha *et al.* (2006) y Miranda (2012). Este coeficiente cuantifica la variabilidad de las parcelas dentro de los bloques, señalándose que valores de hasta 10% no interfieren en la estimación de los parámetros genéticos (Resende, 2002). En el presente estudio tal valor fluctuó entre 3 y 9%

La diferencia o desviación absoluta entre el valor de un parámetro y su valor genético estimado corresponde a la exactitud de la estimación. Esta se designa por r_{aa} , y es más alta en la medida que la diferencia descrita es más pequeña (Resende and Duarte, 2007). Mientras mayor es este valor, las selecciones son más exactas y aumenta la ganancia genética (Resende, 1995).

Cuadro N° 1
ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS EN PROGENIES DE POLINIZACIÓN ABIERTA
DE *E. grandis* A LOS 12 Y 24 MESES DE EDAD

Parámetros	Altura		DAP		Volumen	
	12 meses	24 meses	12 meses	24 meses	12 meses	24 meses
$\hat{\sigma}_a^2$	1.053	1.870	1.167	2.057	0.000008	0.0002
$\hat{\sigma}_{\text{parc}}^2$	0.117	0.666	0.073	0.069	0	0.000006
$\hat{\sigma}_e^2$	0.790	4.371	1.561	7.110	0.000009	0.0006
$\hat{\sigma}_f^2$	1.960	6.907	2.801	9.236	0.00002	0.0008
\hat{h}_a^2	0.54 ± 0.07	0.27 ± 0.05	0.42 ± 0.06	0.22 ± 0.05	0.45 ± 0.06	0.23 ± 0.05
C_p^2	0.06	0.09	0.03	0.007	0.03	0.007
\hat{h}_m^2	0.73	0.53	0.71	0.58	0.72	0.59
$r_{\hat{a}a}$	0.86	0.73	0.84	0.76	0.85	0.77
\hat{h}_{ad}^2	0.49	0.24	0.36	0.18	0.39	0.19
$CV_{gi} \%$	19.48	12.91	24.44	16.46	51.85	34.77
$CV_{gp} \%$	9.74	6.45	12.22	8.23	25.92	17.39
$CV_e \%$	11.70	12.05	15.66	14.11	32.02	29.02
CV_r	0.83	0.54	0.78	0.58	0.81	0.59
Media	5.27	10.59	4.42	8.71	0.005	0.04

$\hat{\sigma}_a^2$:	Varianza genética aditiva	$\hat{\sigma}_{\text{parc}}^2$:	Varianza ambiental entre parcelas
$\hat{\sigma}_e^2$:	Varianza residual entre parcelas	$\hat{\sigma}_f^2$:	Varianza fenotípica individual
\hat{h}_a^2 :	Heredabilidad individual en sentido estricto	C_p^2 :	Coefficiente determinación del efecto de las parcelas
\hat{h}_m^2 :	Heredabilidad promedio familiar	$r_{\hat{a}a}$:	Exactitud
\hat{h}_{ad}^2 :	Heredabilidad aditiva entre parcela	$CV_{gi} \%$:	Coefficiente de variación genética
$CV_{gp} \%$:	Coefficiente genotípico de variación entre progenies	$CV_e \%$:	Coefficiente de variación residual

En este estudio el valor de $r_{\hat{a}a}$ fluctuó entre 73 y 86%, dando cuenta de la apropiada precisión de las estimaciones y del control de la variación ambiental en el ensayo. Si bien se observó una ligera disminución de un año al otro, aun así se considera que son valores de exactitud altos. En estudios con *E. pellita* Zanata *et al.* (2010) señalan valores de $r_{\hat{a}a}$ para el volumen a los 23 años de edad de 95%.

La heredabilidades individuales (\hat{h}_a^2) estimadas a los 12 y 24 meses para el volumen, la altura y el DAP variaron de medias a altas (0,22 a 0,54), de acuerdo a la interpretación de Resende (1995) que señala como heredabilidad baja a los valores inferiores a 0,15; como media a las que

fluctúan entre 0,15 y 0,5; y como alta a las superiores a 0,5.

Para todas las variables evaluadas, las heredabilidades medias por familia fueron mayores a las individuales, registrando valores superiores a 0,53 y corroborando lo observado en otros estudios con *E. grandis* (Martins *et al.*, 2001; Martins, 2007), *E. urophylla* (Rosado *et al.*, 2009), *E. pellita* (Zanata *et al.*, 2010) y *E. camaldulensis* (Paula *et al.*, 2002). Esta situación indica que la selección basada en la heredabilidad media familiar sería más eficiente que aquella basada en valores individuales dentro de las familias. La heredabilidad decrece de un año a otro, situación que es consistente con la señalada en la bibliografía para *E. grandis* (Rocha *et al.*, 2006; Miranda, 2012).

Estudios con familias de medios hermanos de *E. grandis* (Martins *et al.*, 2001) indican valores de heredabilidad media familiar para altura y DAP de 0,68 y 0,69, respectivamente, los que resultan inferiores a los obtenidos en este trabajo, probablemente debido a la edad en que se realizó la estimación y a la variación ambiental en ese ensayo. Por su parte, Zanata *et al.* (2010) en estudios realizados con *E. pellita*, señalan valores de hasta 0,8 y 0,9 para altura y DAP, los cuales son superiores a los obtenidos en el presente trabajo, y que sugieren que estos caracteres son potencialmente apropiados para realizar selección.

Las estimaciones de heredabilidad son una importante herramienta en el campo del mejoramiento genético, por cuanto ellas expresan la cantidad de variabilidad genética disponible en una población, aportando conocimiento respecto de la magnitud relativa o proporción entre la variación genética y ambiental (Wright, 1976). Las heredabilidades fueron estimadas asumiendo la existencia de progenies de medios hermanos, sin embargo los valores podrían estar sobrestimados. En efecto, Berti *et al.* (2011) calculó rangos de sobrestimación de 40,3 a 64,3% en progenies de *E. cloeziana*. La varianza genética aditiva podría corregirse en base al coeficiente de Kinship (\hat{r}_{xy}) (Sebbenn, 2006).

RECONOCIMIENTOS

Los autores agradecen al Instituto de Pesquisa e Estudos Florestais [IPEF] por el desarrollo del proyecto en el Programa Cooperativo Populações Núcleo (PCPN), a las compañías asociadas al proyecto, a la Universidad de São Paulo, al Colegio de Agricultura Luiz de Queiroz y su Escuela Superior de Agricultura (ESALQ), a la Universidad Estatal de São Paulo UNESP en los campus de Botucatu e Ilha Solteira y a FAPESP por su apoyo financiero.

REFERENCIAS

Berti, C. L.; Freitas, M. L. M.; Zanatto, A. C. S.; Moraes, E.; Moraes, M. L. T., e Sebbenn, A. M., 2011. Variação genética, herdabilidades e ganhos na seleção para caracteres de crescimento e forma em teste de progênies de polinização aberta de *Eucalyptus cloeziana*. Rev. Inst. Flor. v. 23 n. 1 p. 13-26 jun.

Falconer, D. S., 1989. Introduction to quantitative genetics. 3rd. ed. Longman: Harlow, 438 p.

Freitas, R. G.; Vasconcelos, E. S.; Cruz, C. D.; Rosado, A. M.; Rocha, R. B. e Takami, L. K., 2009. Predição de ganhos genéticos em progênies de polinização aberta de *Eucalyptus urograndis* cultivadas em diferentes ambientes e submetidas a diferentes procedimentos de seleção. Revista Árvore, Viçosa-MG, v.33, n.2, p.255-263

Garcia, C. H. e Nogueira, M. C. S., 2005. Utilização da metodologia REML/BLUP na seleção de clones de eucalipto. Scientia Forestalis, Piracicaba, n. 68, p. 107-112

Kageyama, P. Y. e Vencovsky, R., 1983. Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden. IPEF, Piracicaba, v. 24, p. 9-26

Martins, I. S.; Martins, R. C. C. e Correia, H. S., 2001. Comparação seleção combinada e seleção direta em *Eucalyptus grandis*, sob diferentes intensidades de seleção. Floresta e Ambiente, Seropédica, v. 8, n. 1, p. 36-43

Martins, I. S.; Cruz, C.D.; Rocha, M. G. B.; Regazzi, A. J. e Pires, I. E., 2005. Comparação entre os processos de seleção entre e dentro e o de seleção combinada, em progênies de *Eucalyptus grandis*. Cerne, Lavras, v. 11, n. 1, p. 16-24, jan./mar.

Martins, F. B., 2007. Desenvolvimento e estresse hídrico em mudas de *Eucalyptus grandis* (Hill ex Maiden) e *Eucalyptus saligna* (Smith). 73 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Agrícola) Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria

Miranda, A. C., 2012. Produtividade, estabilidade e adaptabilidade de progênies de *Eucalyptus grandis*. (Dissertação de mestrado) Universidade Estadual Paulista. Botucatu, Brasil

Patterson, H. D. and Thompson, R., 1971. Recovery of inter-block information when blocks sizes are unequal. Biometrika, Oxford, v. 58, p. 545-554

Paula, R. C.; Pires, I. E.; Borges, R. C. G. e Cruz, C. C., 2002. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.37, n. 2, p. 159-165

Resende, M. D. V., 1995. Delineamento de experimentos de seleção para maximização da acurácia seletiva e do progresso genético. Revista Árvore, Viçosa, MG, v. 19, n. 4, p. 479-500

Resende, M. D. V., 2002. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília, DF: EMBRAPA Informação Tecnológica, 975 p.

Resende, M. D. V., 2007a. Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético. Colombo: EMBRAPA Florestas, 561p.

Resende, M. D. V., 2007b. SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: EMBRAPA Florestas, 259 p.

Resende, M. D. V. e Duarte, J. B., 2007. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. Pesquisa Agropecuária Tropical, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, set. 2007.

Rocha, M. G. B.; Pires, I. E.; Rocha, R. B.; Xavier, A. e Cruz, C. D., 2006. Avaliação genética de progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus grandis* por meio dos procedimentos REML/BLUP e da ANOVA. Scientia Forestalis, Piracicaba, n. 71, p. 99-107.

Rosado, A. M.; Rosado, T. B.; Alves, A. L.; Laviola, B. G. e Bhering, L. L., 2009. Seleção simultânea, de clones de *Eucalyptus*, para produção, estabilidade e adaptabilidade por meio de modelos mistos. In: Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 6ªed, 2011, Búzios. Panorama Búzios: SBMP, Não paginado.

Sebbenn, A. M., 1998. Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva: *Myroxytonperuiferum* L. F. Allemão. Scientia Forestalis, Piracicaba, v. 53, p. 31-38

Sebbenn, A. M., 2006. Sistemas de reprodução em espécies arbóreas tropicais e suas implicações para a seleção de árvores matrizes para reflorestamentos ambientais. In: Higa, A. R.; Silva, L. D. Pomar de sementes de espécies florestais nativas. Curitiba: FUPEF, 2006. p. 93-138

Vencovsky, R. e Barriga, P., 1992. Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 416 p.

Wright, J. W., 1976. Introduction to forest genetics. New York: Academic Press, 464 p.

Zanata, M.; Freitas, M. L. M.; Silva, M. T.; Moraes, E.; Zanatto, A. C. S. e Sebbenn, A. M., 2010. Parâmetros genéticos e ganhos na seleção em teste de progênies de polinização aberta de *Eucalyptus pellita*, em Batatais - SP. Revista do Instituto Florestal, São Paulo, v. 22 n. 2 p. 233-242, dez.

