



ANA FLÁVIA CUNHA FERNANDES DE OLIVEIRA

**COMPOSTOS CLONAIS COMO ESTRATÉGIA PARA
MITIGAR A INTERAÇÃO DOS CLONES X AMBIENTES NA
CULTURA DO EUCALIPTO**

LAVRAS-MG

2020

ANA FLÁVIA CUNHA FERNANDES DE OLIVEIRA

**COMPOSTOS CLONAIIS COMO ESTRATÉGIA PARA MITIGAR A INTERAÇÃO
DOS CLONES X AMBIENTES NA CULTURA DO EUCALIPTO**

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

Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho
Orientador

Prof. Dr. Evandro Novaes
Coorientador

LAVRAS-MG

2020

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

Oliveira, Ana Flávia Cunha Fernandes de.

Compostos clonais como estratégia para mitigar a interação dos clones x ambientes na cultura do eucalipto / Ana Flávia Cunha Fernandes de Oliveira. - 2020.

78 p. : il.

Orientador(a): Magno Antônio Patto Ramalho.

Coorientador(a): Evandro Novaes.

Dissertação (mestrado acadêmico) - Universidade Federal de Lavras, 2020.

Bibliografia.

1. Melhoramento. 2. Seleção. 3. Adaptabilidade. I. Ramalho, Magno Antônio Patto. II. Novaes, Evandro. III. Título.

ANA FLÁVIA CUNHA FERNANDES DE OLIVEIRA

**COMPOSTOS CLONAIIS COMO ESTRATÉGIA PARA MITIGAR A INTERAÇÃO
DOS CLONES X AMBIENTES NA CULTURA DO EUCALIPTO**

**CLONAL COMPOSITES AS A STRATEGY TO MITIGATE THE INTERACTION OF
CLONES X ENVIRONMENTS IN EUCALYPTUS CULTURE**

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

Aprovada em 09 de outubro de 2020.

Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho - UFLA
Prof^a. Dr^a. Flávia Maria Avelar Gonçalves - UFLA
Dr. José Luis Lima - Suzano S/A

Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho
Orientador

Prof. Dr. Evandro Novaes
Coorientador

LAVRAS-MG

2020

AGRADECIMENTOS

Deus é o dono da minha história. Ele escreveu cada letra de acordo com o Seu coração. Mesmo quando Ele disse para eu não temer, eu tive medo. Mesmo quando Ele disse para eu ter fé, eu desacreditei. Ainda bem que todas as manhãs as Suas misericórdias sem derramam de novo sobre mim. Obrigada meu Deus por ser o maestro da minha vida. Cada melodia me encanta como uma brisa suave.

Perto de Deus está ela: Maria Etelvina. Meus olhos marejam e enchem um rio de saudades. Cada vez que alguém me diz que estou parecida com minha avó, eu me sinto uma força implacável da natureza. A 'Vó Nina' foi, e nunca deixará de ser, a grande homenageada em cada vitória minha. Levante-se, Vó, dei mais um passo hoje em direção aos nossos sonhos.

Pai, meu melhor amigo, obrigada por partilhar comigo as dores e as delícias desta vida. Meu herói completamente humano. Mãe, suas superações me inspiram. Você venceu pela força do próprio desejo, e hoje posso dizer que tenho a melhor mãe do mundo. Minha Loló, com você a tempestade vira calmaria. Você é a super-heroína da minha vida. Eu nunca vi um coração tão grande, onde cabe sempre mais um conselho, mais um abraço, mais uma conversa... um poço inesgotável de amor. Você é minha melhor amiga!

Aos avós Tetê, Ernane e Quico, meu grande agradecimento. Ao Tio Hélio e Tia Dau, minha gratidão pelos anos de convivência e amor. À Tia Bisa, por acreditar em todos os meus passos e se alegrar com minhas vitórias, e por lutar junto comigo pelos meus sonhos. A toda família Cunha e família Oliveira, meu grande abraço com amor.

Aos amigos dos meus pais, que são meus tesouros: Tia Kátia e Jane, minha eterna gratidão por partilharem todos os momentos ao meu lado. À Joyce, José Luis, Pedro, Mateus e João, meus profundos agradecimentos por tanta amizade, conselhos e bons momentos em Aracruz.

Gabi Prado, você foi a irmã que nasceu fora da minha casa e que transcendeu minha alma. Obrigada por segurar a onda quando eu mais preciso. Você é meu diamante. Sem você nada faz sentido. Paulo Henrique e André, meus amigos do peito. Quantos momentos felizes ao lado de vocês! Vocês são um acalento para o meu coração. Helena, Leocádia, Gabi, Isabela e Henrique, meu grande agradecimento por uma vida de amizade, companheirismo e amor. Samantha, seu riso é meu riso. Você voa tão alto, que me inspira a voar também. Felipe, você tem luz. Obrigada por iluminar meus dias mais nublados. Aos amigos do Mestrado, em especial

Luciana e Gabi, obrigada por tanta risada. Só de lembrar já estou rindo! Rir é o remédio da alma.

Magno, meu orientador e amigo. Muito obrigada por me ajudar em todos os momentos. Obrigada por não me deixar desanimar. Pelos conselhos, risadas e principalmente pelos ensinamentos. Eu admiro sua competência e sua essência. À Leninha, obrigada pelos cafés, pela banana frita com açúcar e principalmente pela paciência. Minha gratidão a vocês é eterna. Aos professores, em especial Vinícius, Evandro e Flávia, técnicos e servidores, muito obrigada.

À Suzano S/A pela parceria e confiança, pela disponibilidade em ceder os dados para o estudo. À todos os funcionários que estiverem presentes direta e indiretamente, muito obrigada.

E à Universidade Federal de Lavras, meu quintal de emoções, nos vemos de novo no Doutorado.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG).

RESUMO

Um dos maiores desafios dos melhoristas nas grandes empresas, especialmente aqueles que trabalham com plantas perenes, é identificar clones para serem recomendados, visando os plantios comerciais futuros, possuindo informações do passado, cujas condições ambientais são imprevisíveis. Nessa condição, os melhoristas buscam estudar estratégias que possam atenuar os efeitos da interação clones x ambientes (GA) no momento da recomendação dos mesmos para a exploração florestal. Diante do exposto, o objetivo desse trabalho foi estudar a interação utilizando compostos em relação aos seus respectivos monoclonos; verificar se o composto formado a partir de experimentos com monoclonos (MC) ou de *Single Tree Plot* (STP ou composto clonal -CC) tem comportamento diferente em relação a interação, e verificar se é possível determinar o número ideal de clones para constituir o composto no contexto de mitigação da interação. Foram utilizados dados de 60 clones cedidos pela empresa Suzano S/A. Os experimentos foram conduzidos em seis ambientes envolvendo quatro estados do Brasil. Em cada ambiente os clones foram avaliados de forma simultânea e contígua, nos delineamentos de *Single Tree Plot*, com 30 repetições, e DBC (parcelas de MC com quatro linhas de sete plantas, e avaliadas as dez plantas centrais, com três repetições). Os dados de IMA ($m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$) em monoclonos e em composto, aos três anos, foram submetidos a análise de variância por ambiente e, posteriormente, a análise conjunta. Foram utilizadas duas estratégias para a pesquisa. A primeira, a partir dos clones com melhor performance em MC ou em CC, e a segunda por simulação, tomando os clones inteiramente ao acaso. Foram utilizadas algumas metodologias para avaliar a adaptabilidade, estabilidade, bem como estimativas de risco de recomendação. Constatou-se que o modo de identificar os clones para constituir o CC independe se oriundos de experimentos de STP ou MC; o emprego de composto clonal mostrou-se mais eficiente que de monoclonos para mitigar a interação GA; em muitas situações a contribuição do composto clonal para a interação foi expressiva, contudo associado a alta produtividade indicando que os compostos clonais aproveitaram melhor as diferenças nos estímulos ambientais que a maioria dos monoclonos; as estimativas de risco na recomendação dos compostos clonais foram, na maioria dos situações, inferior à dos diferentes monoclonos; e o composto clonal com dez clones mostrou-se bem efetivo em mitigar a interação.

Palavras-chave: Melhoramento. Seleção. Adaptabilidade.

ABSTRACT

One of the biggest challenges for breeders in large companies, especially those that work with perennial plants, is to identify clones to be recommended, aiming at future commercial plantations and having information from the past, whose environmental conditions are unpredictable. In this condition, breeders seek to study strategies that can mitigate the effects of interaction between clones x environments (GA) at the time of their recommendation for forest exploitation. Given the above, the objective of this work was to study the interaction using compounds in relation to their respective monoclonal clones; to verify if the compound formed from experiments with monoclonal clones (MC) or Single Tree Plot (STP) or clonal composites (CC) has different behavior in relation to the interaction; and to verify whether the possibility of determining the ideal number of clones to constitute the compound in the context of mitigating the interaction. Data from 60 clones provided by Suzano S/A were used. The experiments were conducted in six environments involving four states in Brazil. In each environment, the clones were evaluated simultaneously and continuously, in the designs of Single Tree Plot, with 30 replications, and DBC (MC plots with four rows of seven plants, and the ten central plants were evaluated, with three replications). The IMA data ($\text{m}^3\cdot\text{ha}^{-1}\cdot\text{year}^{-1}$) in monoclonal clones and in composites, at the age of three, were subjected to analysis of variance by environment and, subsequently, in joint analysis. Two research strategies were used. The first, from the clones with the best performance in MC or CC. The second by simulation, taking the clones entirely at random. Some methodologies were used to assess adaptability, stability, as well as recommendation risk estimates. It was found that the way to identify the clones to constitute the CC does not depend on whether they come from STP or MC experiments; the use of clonal compound proved to be more efficient than that of monoclonal clones to mitigate the GA interaction. In many situations, the contribution of the clonal composites to the interaction was significant. However, associated with high productivity, which indicates that clonal compounds took better advantage of differences in environmental stimuli than most monoclonal clones; the risk estimates for recommending clonal compounds were in most cases lower than for different monoclonal clones; and the clonal composites with ten clones proved to be very effective in mitigating the interaction.

Keywords: Improvement. Selection. Adaptability.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	9
2 REFERENCIAL TEÓRICO	11
2.1 A eucaliptocultura no Brasil.....	11
2.2 O melhoramento genético do eucalipto no Brasil	15
2.3 A interação genótipos x ambientes e o trabalho do melhorista de eucalipto.....	18
2.4 Metodologias normalmente utilizadas visando a classificação de genótipos com relação a adaptabilidade e estabilidade.....	21
2.4.1 A metodologia de Ecovalência (W^2) (Wricke, 1964).....	22
2.4.2 Uso da Regressão no estudo da estabilidade – Eberhart e Russel (1966)	23
2.4.3 Método de Annichiarico (1992)	25
2.4.4 Método Gráfico de Nunes et al. (2005).....	26
2.5 A heterogeneidade genética como mecanismo para atenuar a interação de genótipos x ambientes	27
3 MATERIAL E MÉTODOS	29
3.1 Clones avaliados.....	29
3.2 Locais de condução dos experimentos.	29
3.3 Dados experimentais	30
3.4 Característica avaliada.....	30
3.5 Análise dos dados.....	31
4 RESULTADOS	35
4.1 Estimativas considerando clones selecionados a partir da média dos seis ambientes tanto em Composto Clonal (CC) ou Monoclone (MC).....	35
4.2 Resultados referentes a simulação de diferentes combinações clonais	48
5 DISCUSSÃO	52
6 CONCLUSÕES	56
REFERÊNCIAS	57
APÊNDICE	61

1 INTRODUÇÃO

Um dos maiores desafios dos melhoristas de eucalipto nas grandes empresas é identificar um clone para ser recomendado, possuindo informações de experimentos realizados no passado, visando os plantios comerciais futuros. Evidentemente que nem sempre as condições climáticas do passado refletem o que ocorrerá nos anos seguintes. O desafio se torna ainda maior quando o trabalho é realizado com plantas perenes, visto que o programa de melhoramento é muito demorado. Por isso, o grande gargalo é trabalhar objetivando mitigar a interação envolvendo condições ambientais imprevisíveis.

Nessa condição, evidentemente, devem ocorrer muitas frustrações, isto é, os clones que se destacaram no passado, não mantêm sua performance em escala comercial. Essa frustração não reflete somente na decepção da equipe envolvida no processo, mas tem enorme repercussão econômica, sobretudo porque nas grandes empresas, a área plantada com um determinado clone pode chegar a áreas expressivas.

Quais seriam as alternativas para atenuar esses erros na identificação dos novos clones? Uma opção que tem sido muito explorada é a intensa avaliação em experimentos bem conduzidos, em vários ambientes diferentes. Assim, normalmente, nenhum clone será recomendado sem que sua média tenha sido obtida a partir de algumas dezenas de repetições. Isto porque a interação clones x ambientes é quase sempre elevada (SOUZA et al., 2020; SANTOS, 2012; ROCHA et al., 2005; NUNES et al., 2002).

Contudo, no ambiente o que tem sido mais utilizado é a variação de locais, onde os aspectos ambientais, principalmente tipo de solo e manejo são mais previsíveis. O problema é mais sério quando se trata de uma variação de anos, isso porque a planta perene, evidentemente, permanece em uma dada condição alguns anos. A interação clones x anos é pouco conhecida em eucalipto, porém em outras espécies há evidências que seja grande (FERREIRA et al., 2015; ANDRADE et al., 2006; GONÇALVES et al., 1999; RAMALHO et al., 1998).

Assim, a estratégia anterior, embora importante, não resolve a imprevisibilidade das condições ambientais. Uma das alternativas para mitigar esse problema é a utilização de compostos clonais (REZENDE et al., 2019). Nesse caso a recomendação não seria apenas de um único clone mas uma mistura deles. O que se espera é que, se algum clone não exibir bom desempenho, outro irá compensar, e a frustração do insucesso de uma recomendação é atenuada.

Uma boa estratégia para comprovar essa hipótese é utilizar os experimentos em *Single Tree Plot* (STP) – compostos clonais (CC) - em relação aos mesmos clones que estão em plantios monoclonais (MC), estimando a contribuição da interação clones x ambientes nas duas condições. Embora essa informação seja muito desejada, ela ainda não foi devidamente explorada, sobretudo com um número grande de clones e ambientes.

Outro grande questionamento é sobre o número ideal de clones para formar um composto, ou seja, qual a melhor opção: utilizar maior ou menor número de clones no CC. Infelizmente esse tipo de informação não está disponível na literatura. Essa indagação pode ser obtida de alguns modos. Um deles seria a partir de experimentos, como já comentado anteriormente, verificar a implicação da utilização de compostos de diferentes tamanhos para atenuar os efeitos da interação. Outra alternativa, que não foi ainda explorada é utilizar a simulação a partir de resultados experimentais envolvendo um grande número de clones e gerar, ao acaso, inúmeras combinações de compostos contendo, em cada um deles, número diferente de clones. Essa estratégia possibilita obter várias alternativas, o que seria praticamente impossível em condições de campo. Esse tipo de informação também não foi encontrado na literatura.

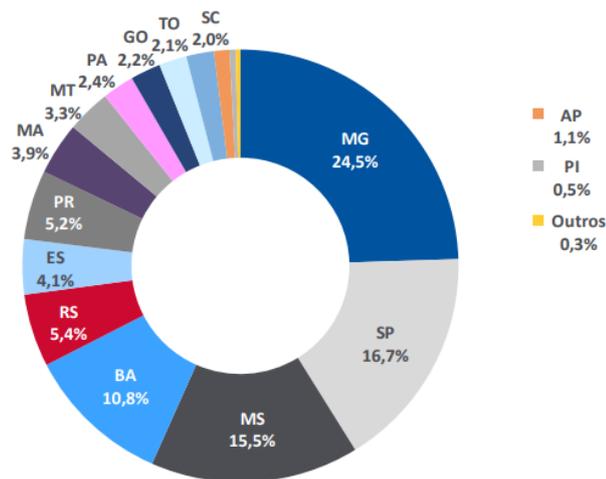
Diante do exposto, o objetivo desse trabalho foi estudar a interação utilizando compostos em relação aos seus respectivos monoclonos; verificar se o composto formado a partir de monoclonos ou de STP tem comportamento diferente em relação às estimativas de parâmetros associados a interação, e verificar se é possível determinar o número ideal de clones para constituir o composto no contexto de mitigação da interação.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 A eucaliptocultura no Brasil

De um total de 7,84 milhões de hectares de árvores plantadas no Brasil, a cultura do eucalipto corresponde a 5,7 milhões de hectares, o que representa 72,7% do total de florestas plantadas no país. Esses plantios estão localizados principalmente nos estados de Minas Gerais (24,5%), São Paulo (16,7%) e Mato Grosso do Sul (15,5%) (Figura 1).

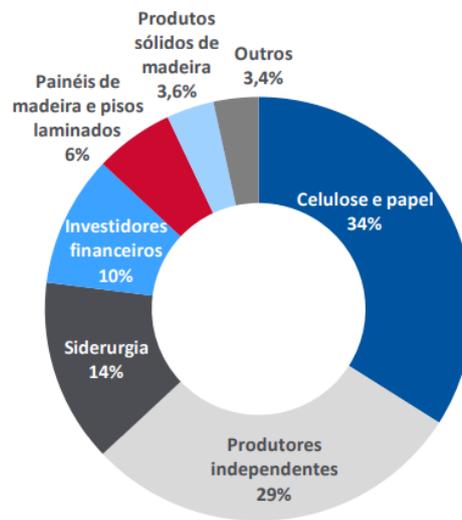
Figura 1 - Área plantada com eucalipto no Brasil por unidade da Federação.



Fonte: Bradesco (2019).

Desse total, o setor de papel e celulose destaca-se concentrando 34% dessa área, seguido por produtores independentes e fomentados com 29%, siderurgia e carvão vegetal com 14%, investidores financeiros com 10%, painéis de madeira e pisos laminados com 6%, móveis e outros produtos sólidos com 3,6% e outros com 3,4% (Figura 2).

Figura 2 - Área de eucalipto com diferentes finalidades industriais.



Fonte: Bradesco (2019).

O Brasil se destaca na produção de celulose, que no último ano foi de 19,2 milhões de toneladas, sendo 86% desse total advindos de celulose de fibra curta, originada de florestas plantadas de eucalipto. Com um total exportado de 13,3 milhões de toneladas no último ano, o país ocupa o segundo lugar no *ranking* dos países produtores de celulose de todos os tipos e é o primeiro produtor mundial de celulose de fibra curta (IBÁ, 2019).

A produção de papel segue o mesmo patamar desde 2014, com um total de 10,5 milhões de toneladas produzidas no último ano, refletindo uma fraca demanda doméstica pelo produto. Esse reflexo vem da retração do mercado de trabalho em anos anteriores e da mudança do mercado consumidor, onde as vias digitais ocupam grande parte do cenário. Já as exportações estão em queda, reflexo da concorrência chinesa no mercado, atingindo somente 2,2 milhões de toneladas em 2018 (BRADESCO, 2019).

A exportação de celulose é o principal destaque do setor florestal, concentrando grande parte dos lucros e mostrando uma tendência de crescimento ao longo dos anos. Em 2017, 68% da celulose produzida no país foi destinada ao mercado externo.

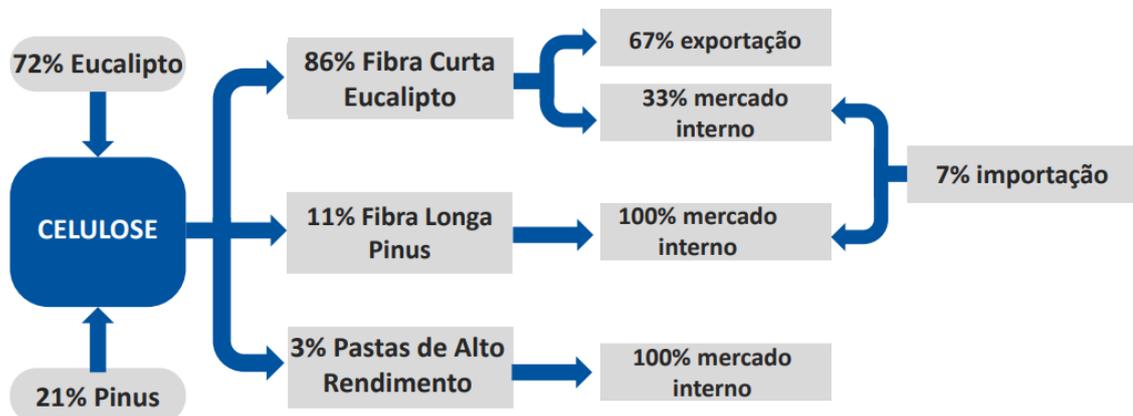
Já o setor de papel, como mencionado anteriormente, não possui valores tão expressivos relacionados a exportação. Somente 20,2 % do papel produzido em 2017 foi destinado ao mercado externo. Portanto, os setores de celulose e papel possuem divergências quanto as exportações e importações, mercado consumidor, produção, dentre outros (BRADESCO, 2019).

O setor de celulose é alimentado por florestas plantadas de eucalipto e pinus, em que 72% da área de árvores plantadas no Brasil correspondem a plantios de eucalipto, e 21% de pinus. Essa diferença se deve ao fato das espécies do gênero *Eucalyptus* possuírem uma boa adaptação as condições edafoclimáticas do país, sendo portanto cultivadas em quase todo território nacional, além da qualidade da madeira para essa finalidade (BRADESCO, 2019).

Do total de celulose produzida, 86% é de fibra curta e portanto proveniente de eucalipto, 11% de fibra longa originada de pinus e 3% é destinada para fabricação de pastas de alto rendimento. Como mencionado, 67% da celulose de fibra curta é destinada para o mercado externo e 33% fica no país. Já a celulose produzida de fibra longa e para pastas de alto rendimento são 100% destinadas para o mercado interno (Figura 3) (BRADESCO, 2019).

A celulose de fibra curta tem maior capacidade absorvente, portanto destina-se a produtos menos rígidos como papel para impressão e escrita, e também papéis *tissue* (higiênicos). A celulose de fibra longa possui maior resistência e por isso é mais utilizada na fabricação de embalagens. Já as pastas de alto rendimento são utilizadas na confecção de papel jornal e podem ser misturadas com fibra longa ou curta para adquirir maior resistência (BRADESCO, 2019).

Figura 3 - Perfil do mercado de celulose.



Fonte: Bradesco (2019).

O setor de papel possui uma estrutura mais diversificada, com diversas finalidades para o papel produzido no país, destacando: embalagens (53%), sendo 13% exportado e 87% para mercado interno; papel de imprimir e escrever (24%), sendo 38% exportado e 62% alimentando o mercado interno; sanitário (11%), com somente 2% de exportação e 98% para mercado interno; papel cartão (7%), sendo 27% destinado para exportação e 73% mercado interno; papel

imprensa (1%) e totalmente voltado para o mercado interno e outros (5%), com 37% exportado e 63% para mercado interno (BRADESCO, 2019).

O que chama atenção no setor de papel são as importações. Apesar do potencial produtivo do país, atualmente é importado papel.

Existem diferenças entre os setores de celulose e de papel quanto a fabricação dos produtos e o mercado consumidor. A fabricação de celulose atende uma exigência global e mais voltada para exportação, além da extração ser concentrada em grandes empresas com elevada demanda de produção (mínimo de 1,5 milhões de toneladas/ano). O papel atende uma demanda regional (maior na região sul e sudeste do país), além da produção ser fragmentada, isto é, também existe atuação de médias empresas. Portanto, essas divergências refletem também nos custos da produção de cada produto (BRADESCO, 2019).

Mais de 50% do custo da produção de celulose vem da matéria prima. A maior parte da madeira utilizada pela indústria é de produção própria, em torno de 85%. Os 15% restantes são fornecidos por pequenos produtores, em um sistema integrado de produção. Esse sistema consiste no fornecimento de mudas da indústria para o produtor, além de insumos como fertilizantes, defensivos, orientação técnica e garantia da compra da madeira (BRADESCO, 2019).

Todos esses dados referentes ao setor florestal brasileiro deixa visível a enorme competitividade do país nesse âmbito. Além do clima favorável para o cultivo das principais espécies florestais, o melhoramento genético atua como peça fundamental dessa engrenagem. A produção de 1,5 milhão de tonelada de celulose no Brasil requer 140 mil hectares de madeira, enquanto que na Escandinávia são necessários 720 mil hectares, e na China 300 mil (BRACESCO, 2019).

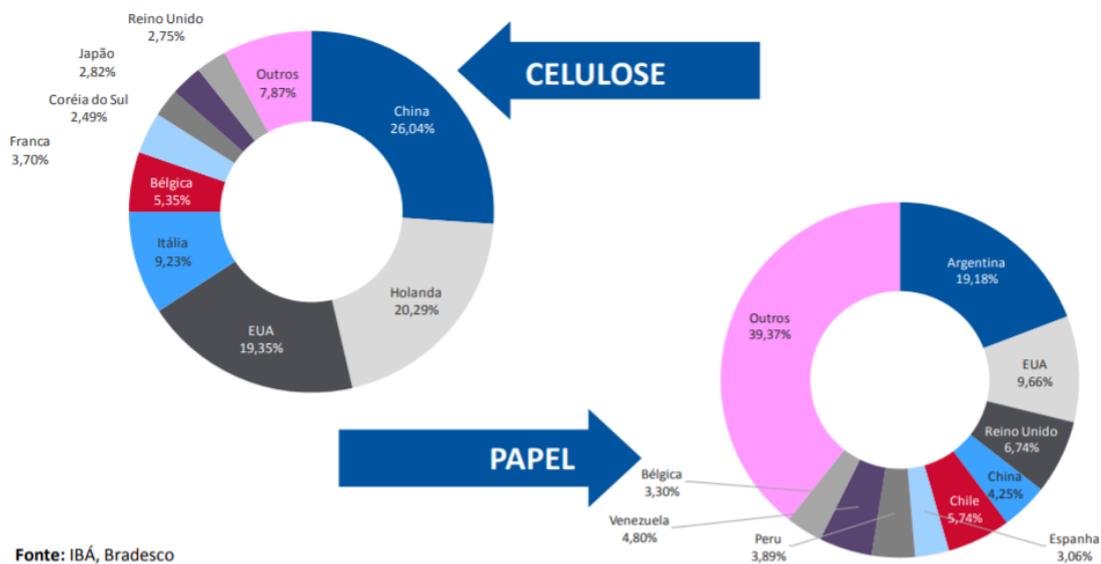
Isso só é possível, em grande parte, devido ao estabelecimento de programas de melhoramento genético definidos nos últimos 30 anos, correlacionando uma menor área plantada e maior produtividade de madeira por hectare. Tanto é assim que a produtividade de madeira passou de 20 m³/ha/ano em 1960 para 45 m³/ha/ano atualmente (RAMALHO et. al., 2012). Além disso, o custo de produção da celulose é o mais baixo do mundo (IBÁ; BRADESCO 2019).

O sucesso obtido com o melhoramento genético do eucalipto no Brasil foi grande (VENCOVSKY, RAMALHO, 2006). Um dos maiores avanços obtidos foi, sem dúvida, o desenvolvimento da técnica de clonagem. Esse procedimento não só permitiu aumentos significativos na produtividade de madeira por unidade de área, como também possibilitou a obtenção de povoamentos florestais mais homogêneos (ASSIS, ABAD, AGUIAR, 1996).

A união de todos esses aspectos colocou o Brasil como primeiro produtor mundial de celulose de fibra curta e longa, possuindo o menor ciclo de rotação do setor (7 anos para eucalipto e 15 anos para pinus) (BRADESCO, 2019).

O principal mercado consumidor da celulose produzida é a China (26,04%), seguido da Holanda (20,29%) e Estados Unidos (19,35%). Já o mercado consumidor do papel é amplo, onde não existe grande concentração de exportação para poucos países. Entretanto, a Argentina é o principal destino do papel, com 19,18% das exportações (Figura 4).

Figura 4 - Países de destino das exportações de celulose e papel.



Fonte: IBÁ, Bradesco

Fonte: Bradesco (2019).

2.2 O melhoramento genético do eucalipto no Brasil

A introdução do gênero *Eucalyptus* no Brasil ocorreu no século 19, provavelmente em 1825, no Jardim Botânico do Rio de Janeiro (SILVA; BARRICHELO, 2006). Apenas com os estudos realizados no início do século 20 por Edmundo Navarro de Andrade, agrônomo-silvicultor da Companhia Paulista de Estradas de Ferro, iniciou-se o processo de plantio comercial no Horto de Jundiá, SP. O objetivo desse plantio era produzir madeira para fornecer combustível nas locomotivas e madeira para postes e dormentes (COUTO; MÜELLER, 2008; VENCOVSKY; RAMALHO, 2000; FERREIRA; SANTOS, 1997).

Durante o período de 1905-1915, Navarro de Andrade avaliou 144 espécies do gênero *Eucalyptus* oriundas da Austrália, sendo as espécies *E. grandis* e *E. saligna* as que mais se

destacaram como promissoras. Porém, os plantios dessas espécies apresentaram baixa qualidade, sendo necessário melhorar geneticamente essas populações.

Então em 1941, Navarro de Andrade convidou Carlos Arnaldo Krug para iniciar um programa de melhoramento genético no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), com o objetivo principal de obter maior produtividade nos plantios. Para que tal objetivo fosse alcançado, foram estabelecidos alguns critérios, sendo: 1) melhorar a uniformidade dos plantios; 2) reduzir o número de falhas; 3) melhorar a forma do fuste, ramos, crescimento em diâmetro e altura; 4) melhorar a capacidade de brotações e 5) aumentar a produtividade de madeira (BISON, 2004). O programa também continha a seleção de árvores superiores, seleção de áreas de produção de sementes, hibridação interespecífica e seleção de mudas no viveiro (FERREIRA; SANTOS, 1997).

Entretanto, até o fim da década de 1960 as sementes ainda eram coletadas em áreas equivalentes a áreas de produção de sementes (APS), originando plantios com alta heterogeneidade. Para suprir a demanda de sementes tanto em quantidade quanto em qualidade, foram estabelecidos os primeiros pomares clonais de sementes (PCS) (FERREIRA; SANTOS, 1997). Assim, por iniciativa de algumas empresas privadas e também do setor público, foram estabelecidos programas de melhoramento genético realizados de forma consistente e sistemática (VENCOVSKY; RAMALHO, 2000).

Após o trabalho de introdução de diferentes espécies e procedências, os programas de melhoramento foram direcionados para a seleção em massa de indivíduos superiores e seleção com famílias de meios-irmãos. Com a identificação das melhores populações e indivíduos nos testes de progênies, foram implantados campos de recombinação alélica, objetivando a produção de sementes mais adaptadas às condições ambientais de onde estavam localizados os plantios comerciais das empresas (RESENDE, 2001; BISON, 2004).

Em 1967, a antiga Aracruz Celulose S.A começou seu investimento em plantios de eucalipto no Espírito Santo. Verificou-se que o *E. grandis* era a espécie que possuía maior produtividade em madeira. Porém, notou-se uma grande quantidade de indivíduos suscetíveis ao cancro (doença causada pelo fungo *Cryphonectria cubensis*). Assim intensificaram os trabalhos com *E. urophylla*, associando alta produtividade e resistência ao cancro (BISON, 2004). Foi observado já em 1974 que a combinação híbrida de *E. grandis* x *E. urophylla* era a combinação ideal para alta produtividade em celulose (FERREIRA; SANTOS, 1997).

Pesquisadores da Aracruz visionaram promover plantios clonais, sendo esse um grande avanço do programa de melhoramento genético. Selecionaram árvores superiores em plantios comerciais, sendo a maioria híbridos naturais de *E. grandis* x *E. urophylla*. Em 1979, a primeira

plantação clonal comercial de eucalipto foi implantada no país, utilizando estacas retiradas de brotações de cepas (FERREIRA; SANTOS, 1997).

Com o passar dos anos, o desenvolvimento de alta tecnologia, técnicas de manejo e desenvolvimento da seleção clonal possibilitaram, além de plantios mais homogêneos, um expressivo aumento em volume e produtividade de celulose por unidade de área.

A técnica de clonagem foi uma das grandes responsáveis pelo desenvolvimento da produtividade florestal. A multiplicação por via assexuada permite a perpetuação de boas combinações híbridas, onde toda variância genética (aditiva e não aditiva) é captada com a seleção, tornando viável a obtenção de milhões de indivíduos de uma mesma planta (ASSIS, 2000).

Devido à grande extensão territorial do Brasil, o cultivo do gênero é realizado em condições ambientais bem distintas. Em áreas próximas ao litoral, portanto ao nível do mar, onde a precipitação não é limitante, e em áreas de elevada altitude onde a temperatura pode influenciar no desenvolvimento dos plantios. Também ocorrem plantações no centro do país, onde a fertilidade do solo é naturalmente limitada, a temperatura é elevada e ocorrem períodos prolongados de déficit hídrico.

Todos esses avanços, tanto em técnicas e tecnologias quanto em expansão territorial, tiveram como objetivo o aumento da produção de madeira. Porém, um fato recente vem devastando a produção no sul do estado da Bahia, chamando a atenção de empresas e pesquisadores do setor florestal: o distúrbio fisiológico do eucalipto (FERREIRA, 1989).

Distúrbio fisiológico foi o nome dado para os plantios florestais nos quais as árvores modificaram o seu comportamento, afetando enormemente a produtividade por área. Ao que tudo indica, a ocorrência desse fenômeno se deve a uma interação de quatro fatores principais: genéticos, nutricionais, climáticos e edáficos. As perdas de produtividade em florestas plantadas de eucalipto causadas pelo distúrbio vêm provocando aumento no custo da produção de celulose.

Desde maio de 2007, quando os primeiros sintomas do distúrbio fisiológico apareceram no extremo sul da Bahia, este vem intrigando vários especialistas de florestas que não conseguem identificar suas causas. Diversas hipóteses foram levantadas para justificar a ocorrência do distúrbio nas florestas de eucalipto no extremo sul da Bahia, dentre as principais foram destacadas possíveis problemas com preparo de solo (subsolagem), deficiência nutricional e, principalmente, eventos climáticos, como a alternância entre períodos de estiagens e excesso hídrico (ALMEIDA et al., 2013; FERREIRA, 1989).

2.3 A interação genótipos x ambientes e o trabalho do melhorista de eucalipto

A interação dos genótipos x ambientes (GA) é um dos temas mais desafiadores dos melhoristas de todas as espécies cultivadas. Tomando como referência o eucalipto, o melhorista utiliza de 6 a 10 anos para identificar clones superiores, a fim de serem recomendados para a exploração florestal, na esperança de que o(s) clone(s) seja cultivado com sucesso nos próximos 10 a 20 anos, em condições previsíveis em termos de algum tipo de manejo mas, imprevisíveis para vários fatores, especialmente os climáticos. O sucesso dessa predição irá ocorrer em função principalmente da interação GA. Ou seja, a cultivar/clone deve ser identificada em condições ambientais bem heterogêneas para que reflita do melhor modo possível o que irá ocorrer no futuro. Por essa razão é que a interação GA não deixa de ser o principal complicador do trabalho dos melhoristas de plantas.

As implicações da interação GA no melhoramento são enormes e desde longa data desperta a atenção dos melhoristas/biometristas (YATES e COCHRAN, 1938). Contudo, mais recentemente, com novas ferramentas computacionais e sobretudo a possibilidade de analisar experimentos desbalanceados, tem havido uma profusão de publicações a respeito do tema. Eeuwilk et al (2016) comprovaram esse fato por meio do levantamento das publicações a respeito da interação GA no período de 1965 a 2015. Do exposto, o tema GA tem sua importância comprovada por ações no passado, na atualidade e certamente continuará tendo no futuro.

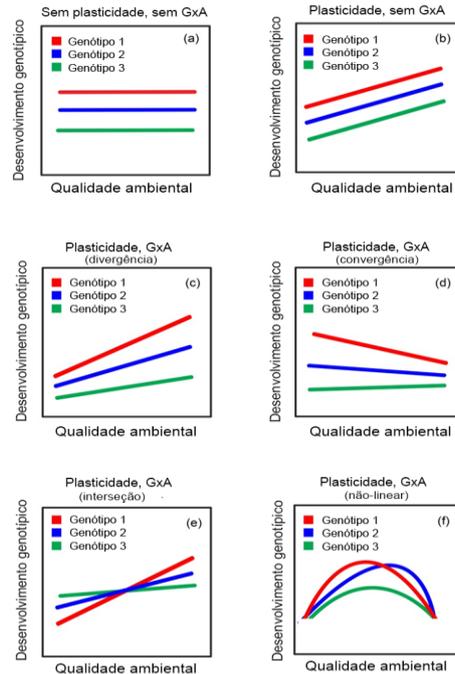
Para se comentar a respeito da GA no contexto atual é necessário inicialmente colocar alguns conceitos. O primeiro deles é o fenótipo (F), cuja ação atualmente é denominada de fenotipagem, ou seja, são as diferentes manifestações de um dado caráter. A expressão fenotípica de um caráter é fornecida por $F = G + A$, ou seja, o fenótipo depende do genótipo (G) e também do ambiente (A). O genótipo por sua vez é a parte da expressão fenotípica que é transmitida à descendência. Essa transmissão varia dependendo do modo de reprodução ser sexuado ou assexuado. Contudo, para generalizar, pelo menos em princípio essa transmissão é em função da sequência de bases da molécula de DNA. Já o ambiente são todos os demais fatores que afetam a expressão fenotípica exceto àquele devido a constituição genotípica. Quando se avaliam duas ou mais cultivares/clones em dois ou mais ambientes, a expressão fenotípica passa a depender de um novo componente, isto é, da interação dos genótipos x ambientes (GA) (BORÉM; MIRANDA, 2013). Assim, a nova expressão do fenótipo passa a ser: $F = G + A + GA$.

Em se falando de ambientes, é necessário conceituar as diferenças entre fatores ambientais previsíveis e imprevisíveis. Esses dois termos foram utilizados, ao que tudo indica, pela primeira vez por Allard e Bradshan (1964). Segundo esses autores, um fator ambiental previsível é, por exemplo a fertilidade do solo e o sistema de manejo das culturas. Os fatores ambientais imprevisíveis são aqueles relacionados ao clima. Porém, considerando plantas perenes, o que é previsível hoje pode ser imprevisível em um futuro próximo. Por exemplo, o melhorista seleciona clones para uma determinada região próxima ao litoral. Quando o clone foi cultivado, a empresa migrou para uma nova região, por exemplo cerrado. Assim, a fertilidade do solo que era previsível em locais litorâneos passa a ser imprevisível quando o cultivo é no cerrado.

Um outro termo ambiental muito utilizado é o ambiente alvo (*envirotyping*), isto é, quando se está identificando um ou mais clones, o melhorista deve, quando possível, ter um ambiente alvo. Ou seja, deve escolher locais de experimentos que reflitam bem o ambiente alvo no futuro. Outro conceito é o de mega-ambiente, também mencionado como população alvo de ambientes (*target population of environments*), isto é, quando se avalia uma cultivar/clone para uma ampla amplitude de condições ambientais. Neste trabalho, por exemplo, a avaliação dos clones em monoclonos ou compostos clonais, foi realizada em locais/ambientes que, ao que tudo indica, represente bem o mega-ambiente em que a empresa cultiva eucalipto no Brasil, pois abrange vários estados.

Do que foi comentado anteriormente, a GA é sempre uma medida relativa, que deve ser conceituada como sendo: o comportamento não coincidente das cultivares/clones nos diferentes ambientes (RAMALHO et al., 2012). A coincidência ocorre quando a resposta dos clones aos diferentes estímulos ambientais é a mesma nos diferentes ambientes. Dizendo de outro modo, a interação GA só não irá ocorrer quando a resposta dos diferentes genótipos nos diferentes ambientes for paralela. Portanto é praticamente impossível não ocorrer interação. Normalmente é realizado um sistema gráfico para uma melhor visualização da interação (Figura 5).

Figura 5 - Possíveis respostas dos genótipos a ambientes diferentes, ou seja, da interação genótipos x ambientes (GA).



Fonte: Eeuwijk et al (2016)

Para entender o gráfico é preciso colocar alguns termos frequentemente utilizados. O primeiro deles é norma de reação (*reaction norm*), isto é, o comportamento de determinado clone em relação aos outros avaliados em diferentes ambientes. Fica fácil entender que o conceito de norma de reação reflete o que é a interação GA.

Outro termo é a plasticidade fenotípica, ou simplesmente plasticidade. Novamente, é um termo que avalia o comportamento de determinado clone em relação aos outros. A plasticidade refere-se a diferença no “ajustamento fenotípico” às variações ambientais de diferentes clones. Na figura 5(a), veja que os três clones avaliados em diferentes ambientes responderam de modo semelhante à qualidade ambiental. Eles diferiram na constituição genética mas não responderam ao estímulo ambiental. Nesse caso tem-se: $F=G$. Na figura 5(b) a situação é diferente. Os clones diferem na constituição genética e respondem ao estímulo ambiental. Contudo, a resposta ao estímulo ambiental foi a mesma. Isto é, eles apresentam plasticidade, mas não ocorreu interação GA. Neste caso $F= G + A$. Veja no gráfico das figuras 5(a) e 5(b) que a resposta ao estímulo ambiental foi sempre paralela. Essa é a única condição que o componente GA na expressão fenotípica é nulo.

Na figura 5(c), existe diferença genotípica entre os clones e diferença na resposta ao estímulo ambiental, ou seja, os clones diferem em plasticidade e, diferindo em plasticidade, ocorre interação. Nessa situação, $F= G + A + GA$. Em princípio pode-se pensar que nesse caso

o comportamento dos clones foi coincidente. Contudo, não é bem assim. Embora a classificação nos diferentes ambientes é a mesma, a resposta ao estímulo ambiental foi diferente. Os clones, como já mencionado, diferiram na plasticidade. Quando isso ocorre, os melhoristas/biometristas denominam a interação de natureza simples. Ela é altamente desejável e, se ocorrer, não há nenhuma complicação em se realizar a recomendação.

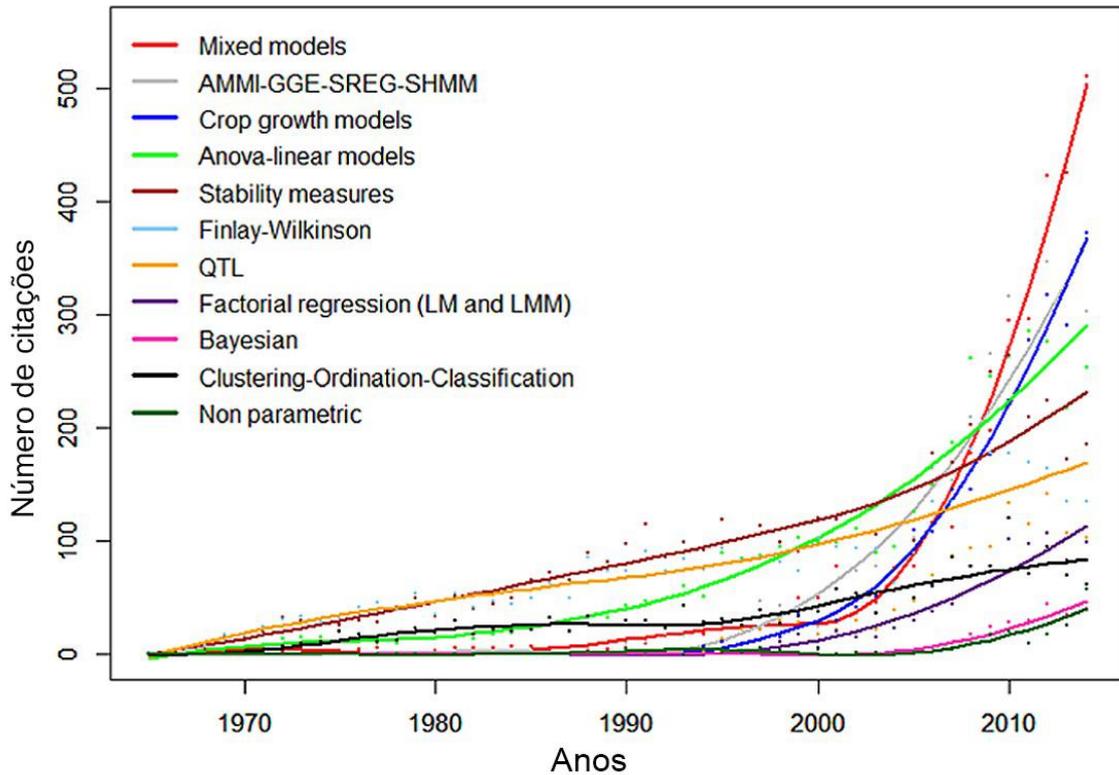
As figuras 5(e) e 5(f) refletem ocorrência de interação complexa. Veja que os clones diferem na constituição genética e também na plasticidade. Contudo, a norma de reação é muito distinta, alterando completamente a classificação dos clones. Nessa situação, como identificar o(s) clone(s) para serem recomendados? É em função desse tipo de interação que surgem diferentes metodologias para tentar escolher o(s) clone(s) mais aconselhável a ser recomendado para a exploração florestal. Em conformidade com esse tipo de interação, é que os melhoristas necessitam da associação com biometristas. A diferença entre as figuras 5(e) e 5(f) é que, na primeira, a resposta dos clones é linear. Já na segunda, a resposta é curvilínea. Nesse último caso o desafio na identificação dos clones é muito maior.

Dois outros conceitos constantemente utilizados pelos melhoristas são: a adaptabilidade e a estabilidade. Na literatura existem diferentes conceitos para esses termos (CRUZ & CARNEIRO, 2003; CRUZ et al., 2004; BRUZI et al., 2007; VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Nessa revisão a adaptabilidade será utilizada tendo como referência apenas a média. Isto é, será mais adaptado o indivíduo com maior média geral nos vários ambientes de avaliação. Já o conceito de estabilidade irá depender do método utilizado nas análises estatísticas. Quase sempre esses dois conceitos serão complementares.

2.4 Metodologias normalmente utilizadas visando a classificação de genótipos com relação a adaptabilidade e estabilidade

Como mencionado anteriormente, na literatura existem diversas metodologias para o estudo da estabilidade e, constantemente surgem novas opções. Cada uma delas tem suas vantagens e desvantagens, além de diferirem na essência da análise e modo de expressão da estabilidade e adaptabilidade. Atualmente, as análises que utilizam modelos mistos são as mais utilizadas, conforme levantamento realizado por Eeuwijk et al (2016) (Figura 6) do número de citações entre os anos de 1965 a 2015, totalizando 175 menções ao tema. Contudo, nessa revisão focaremos nos métodos que provavelmente ainda são os mais utilizados pelos melhoristas rotineiramente e que se aplicam ao que está sendo estudado.

Figura 6 - Número de citações entre os anos de 1965 a 2015, para diferentes metodologias que podem ser utilizadas no estudo da interação GA.



Fonte: Eeuwilk et al (2016).

Como já foi comentado, existem diversos métodos para estimar a interação GA, a adaptabilidade e estabilidade. Entre os métodos mais utilizados pelos melhoristas, estão aqueles de mais fácil utilização e, sobretudo, interpretação. Nesse trabalho foi utilizado esse pensamento para a escolha das metodologias.

2.4.1 A metodologia de Ecovalência (W^2) (Wricke, 1964)

A contribuição percentual de cada clone ou de cada ambiente para a interação GA é o foco principal da metodologia. Para isso é aplicado o seguinte estimador:

$$W^2_i = \sum_{j=1}^t \overline{TL}^2_{ij}$$

Em que \overline{TL}^2_{ij} corresponde a soma do quadrado do efeito da interação do tratamento i com o local j em que ele foi avaliado. Quanto menor a estimativa de W^2_i do clone, menor sua

contribuição para a interação GA e conseqüentemente maior sua estabilidade. Essa estabilidade é denominada de “estabilidade no sentido agrônômico” (BECKER, 1981), que ocorre em situações onde o clone mostra interações mínimas com o ambiente. Dizendo de outro modo, ele acompanha o desempenho médio obtido nos ambientes. Portanto é uma vantagem dessa metodologia possibilitar a identificação de clones estáveis e com potencial de se manter entre os melhores em todos os ambientes. Lin et al. (1986) salientam que, esse tipo de estabilidade é uma medida relativa e portanto, restrita aos clones avaliados, não podendo ser generalizada. Isso indica que se um clone é estável em um determinado grupo de clones, não necessariamente será na presença de outros.

2.4.2 Uso da Regressão no estudo da estabilidade – Eberhart e Russel (1966)

O trabalho de Eberhart e Russel (1966) foi provavelmente um dos mais citados artigos do melhoramento vegetal durante o século XX. A metodologia teve como base um trabalho publicado por YATES & COCHAN (1938), e o de FINLAY & WICKSON (1963). O principal fundamento da metodologia é o emprego de regressão linear e a utilização da média geral de cada ambiente como índice ambiental. Assim a equação de regressão linear é fornecida pela expressão:

$$\bar{y}_{ij} = b_{0i} + b_{1i}I_j + \sigma_{ij} + \bar{e}_{ij}$$

Em que:

\bar{y}_{ij} : média estimada do clone i no ambiente j .

b_{0i} : intercepto ou média do clone i .

b_{1i} : coeficiente de regressão do clone i .

I_j : índice ambiental. Esse índice, como já mencionado, utiliza a média de cada ambiente ($\bar{y}_{.j}$) como medida da flutuação ambiental e é determinado pelo seguinte estimador:

$$I_j = \bar{y}_{.j} - \bar{y}_{..}$$

Ou seja, o total do ambiente menos o total geral.

Em que:

$\bar{y}_{.j}$: a média de todos os clones no ambiente j .

$\bar{y}_{..}$: a média geral de todos os clones em todos os ambientes.

O clone ideal, segundo Eberhart e Russel (1966) é aquela com produção média alta, coeficiente de regressão igual a unidade ($b_{1i} = 1$) e com desvio da regressão menor possível, ou seja, aquele com resposta positiva à melhoria ambiental (plasticidade), além de possuir um comportamento altamente previsível ($\bar{V}_{\sigma i} = 0$). Assim, a metodologia está em concordância com o conceito agrônomo de estabilidade. Contudo, diferentes interpretações podem ser dadas de acordo com o contexto que o melhorista deseja.

Além das estimativas de b_{0i} e b_{1i} obtidas, são utilizadas também a do desvio da regressão ($\bar{V}_{\sigma i}$) ou o coeficiente de determinação da estimativa da regressão (R^2_i). Para a estimativa de $\bar{V}_{\sigma i}$ ou R^2_i , é necessário obter a soma de quadrados dos desvios (SQD_i) que segundo Ramalho et al. (2012) pode ser obtida pelo estimador:

$$SQD_i = \sum_{j=1}^k \bar{y}_{ij}^2 - \frac{(\sum_{j=1}^k \bar{y}_{ij} I_j)^2}{\sum_{j=1}^k I_j^2}$$

Desse modo o quadrado médio (QM) dos desvios da regressão é obtido por:

$$QMD_i = SQD_i / (k - 2)$$

Em que k é o número de ambientes.

Assim a variância dos desvios de regressão ($\bar{V}_{\sigma i}$) é obtido por:

$$\bar{V}_{\sigma i} = \frac{rQMD_i - QME}{r}$$

Em que r é o número de repetições e QME é o quadrado médio do erro.

O mais utilizado, contudo, é o R^2_i , obtido por:

$$R^2_i = \frac{SQR_i}{SQT_i} \times 100$$

Em que SQR_i é a soma de quadrados da regressão e SQT_i a soma de quadrados dos tratamentos.

2.4.3 Método de Annichiarico (1992)

Um dos principais questionamentos dos melhoristas quanto a escolha de um clone para a exploração florestal, é o risco da sua recomendação. Ou seja, se um clone for escolhido, qual o risco de ele possuir desempenho abaixo da média geral? Essa estimativa de risco é normalmente levada em conta na hora da tomada de decisão, por exemplo na área de economia. Pensando nisso é que Annichiarico (1992) propôs do emprego da metodologia ajustada ao risco de adoção de um genótipo/clone em relação a qualquer um dos demais em avaliação.

Para a aplicação dessa metodologia, as médias de cada cultivar em cada ambiente (\bar{y}_{ij}) são transformadas em porcentagem da média do ambiente, ou seja, ($p_{ij} = \bar{y}_{ij} / \bar{y}_{.j} \times 100$). Posteriormente é estimado o desvio padrão (s_i) das porcentagens de cada clone, pela expressão:

$$s_i = \sqrt{\sum_{j=i}^k \frac{(p_{ij} - \bar{p}_{i.})^2}{k-1}}$$

Em que:

p_{ij} : é a média do clone i no ambiente j .

$\bar{p}_{i.}$: é a média do clone i em todos os ambientes.

Portanto, com esses dois parâmetros ($\bar{p}_{i.}$ e s_i) pode ser estimado o risco de adoção, denominado por ANNICHARIKO (1992) de índice de confiança ou “*reliability index*” do clone (I_i), ou seja:

$$I_i = \bar{p}_{i.} - Z_{(1-a)} s_i$$

Em que $Z_{(1-a)}$ é o quantil da distribuição normal padronizada no qual a função de distribuição acumulada atinge o valor $(1 - a)$. Esse ‘ a ’ é um nível de significância pré-fixado. Segundo Annichiarico (1992) o nível de significância empregado na área de economia é de 0,25 ou 25%, o qual considera que possa ser extrapolado para a decisão dos melhoristas.

Um clone qualquer com estimativa de $I_i = 105,54$ significa que seu desempenho foi de 5,54% superior à média do ambiente, considerando 25% no nível de significância.

2.4.4 Método Gráfico de Nunes et al. (2005)

A maior dificuldade dos melhoristas é, a partir da estimativa dos diferentes métodos de estabilidade, classificar os clones e decidir quais deles podem ser recomendados. Uma boa alternativa é o emprego de gráficos que auxiliem na tomada de decisão, independente dos diversos participantes responsáveis pela recomendação conhecerem a metodologia ou não. No método do gráfico de Nunes et al. (2005) o gráfico obtido é denominado de gráfico polar, em que são plotadas as médias padronizadas de cada clone nos diferentes ambientes gerando gráficos que podem ter todos os eixos de dimensões semelhantes e maiores que a média, ou seja, uma “bola cheia”, ou de diferentes dimensões, algumas evidentemente abaixo da média, deixando a impressão de uma “bola murcha”.

Para aplicação do método, como os desempenhos dos clones diferem entre os ambientes, é necessária a padronização das variáveis, para possibilitar a comparação independente das diferentes magnitudes das médias dos ambientes, ou seja, os dados médios serão padronizados pelo estimador apresentado por Steel, Torrie e Dickey (1997):

$$Z_{ij} = (\bar{y}_{ij} - \bar{y}_{.j}) / s.j$$

Em que Z_{ij} é o valor da variável padronizada correspondente ao clone i no ambiente j , \bar{y}_{ij} é a média do clone i no ambiente j , $\bar{y}_{.j}$ é a média do ambiente j ; e $s.j$ é o desvio padrão genotípico entre as médias dos clones no ambiente j .

Como a variável padronizada Z_{ij} assume valores positivos e negativos, deve ser somada uma constante de modo a tornar os valores de Z_{ij} sempre positivos, com a finalidade de facilitar a visualização no gráfico, e também para estimar outros parâmetros. Assim, as estimativas das médias padronizadas, desvio padrão e coeficiente de variação (CV%) indicam os clones mais adaptados e estáveis.

Contudo, como mencionado anteriormente, o mais importante de cada método é sua interpretação. O que todo melhorista almeja é um coeficiente de variação baixo associado à média alta, ou seja, alta estabilidade e adaptabilidade. Esse fato se reflete na análise gráfica em um comportamento “bola cheia”. Já clones com alto CV% caracterizam-se por serem os mais instáveis, refletindo um comportamento “bola murcha”.

2.5 A heterogeneidade genética como mecanismo para atenuar a interação de genótipos x ambientes

A contribuição do melhoramento genético para a produção florestal brasileira, principalmente no setor de celulose, foi evidenciada inúmeras vezes. Esse sucesso começou com o estabelecimento dos primeiros programas de melhoramento, a escolha das procedências mais adaptadas, a exploração do vigor híbrido, seleção dos melhores indivíduos e a reprodução assexuada desses genótipos, incorporando os melhores clones nos plantios comerciais das empresas (REZENDE, RESENDE & ASSIS, 2014; ASSIS & MAFIA, 2007).

O uso de plantios monoclonais (MC) em escala comercial se iniciou na década de 1980 no Brasil. A utilização de clones teve como foco principal o aproveitamento de todo tipo de variação genética, sendo seus efeitos aditivos e não aditivos, e a utilização de híbridos aproveitando a heterose, principalmente entre as espécies de *E. grandis* e *E. urophylla*. Estudos de empresas florestais apontam que plantios clonais forneceram 25% de ganho no volume de madeira por hectare, em comparação com florestas oriundas de sementes, considerando as mesmas condições de cultivo (REZENDE, RESENDE & ASSIS, 2014).

Os melhoristas visam sempre recomendar clones superiores aos já existentes. Esse é um grande obstáculo quando a cultura é perene, visto que os melhores indivíduos a serem clonados são identificados no presente para serem plantados no futuro. A grande dificuldade é a imprevisibilidade das condições ambientais futuras, visto que nos últimos anos ocorreram grandes alterações e instabilidades no clima.

Uma alternativa é a utilização de uma mistura de clones não aparentados –compostos clonais (CC)- no mesmo talhão, ao invés de plantios monoclonais (MC). Estudos com diferentes espécies cultivadas apontam que a mistura de genótipos exploram melhor os recursos ambientais que estão disponíveis para as plantas (SOARES et al., 2016; VELLEUD, 2006; BOYDEN; BINKLEY; STAPE, 2008; FORRESTER; SMITH, 2012; LOUWAARS, 2018). Um estudo realizado com modelos semelhantes ao dos cruzamentos dialélicos, em que foram avaliados seis clones de eucalipto em MC e CC, foi observado que a capacidade dos genótipos de exercer e tolerar competição, além do desempenho “per se”, difere em MC e CC (MARTINS et al., 2013). Entretanto, o desempenho médio dos clones nesses dois sistemas de plantio, foi semelhante.

A utilização de compostos clonais, explorando a diversidade genética, minimiza o risco da ocorrência de pragas e patógenos, além de amenizar às variações dos fatores abióticos, a chamada homeostase. Esse fato tem sido comprovado em algumas espécies anuais (BRUZI et

al., 2007; BOTELHO et al., 2011; KENENI et al., 2012). Assim, é esperado que a estrutura genética das populações influencie no comportamento dos clones nos diferentes ambientes.

Existem relatos na literatura que comparam a influência da interação clones x ambientes utilizando populações com diferentes estruturas genéticas. Em todos os casos a contribuição da interação (GA) foi superior quando utilizados indivíduos homocigotos (BECKER; LÉON, 1988). Na área florestal, uma alternativa para reduzir o erro nas recomendações de clones é o uso de compostos clonais (REZENDE, 2019). Contudo, ainda não foi mostrado quais as implicações de utilizar compostos clonais ao invés de monoclonos no contexto de interação GA e de redução do risco na recomendação. Esse foi um dos focos dessa pesquisa.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Clones avaliados

Foram utilizadas estimativas de IMA (incremento médio anual) ($\text{m}^3.\text{ha}^{-1}.\text{ano}^{-1}$) gentilmente cedidos pela empresa Suzano S.A. Para este estudo foram utilizados dados de crescimento referentes a avaliação de clones de *Eucalyptus*. Sessenta clones das espécies *E. urophylla*, *E. grandis* e híbridos entre eles foram avaliados, de diferentes origens de seleção. Os experimentos foram conduzidos em dois sistemas de plantio de forma simultânea e contígua. O primeiro em monocultivo (MC) e o segundo em composto clonal (CC). Maiores detalhes sobre os clones podem ser encontrados em Rezende et al., (2019).

3.2 Locais de condução dos experimentos

Os clones foram avaliados em seis locais abrangendo quatro estados: Bahia, Espírito Santo, São Paulo e Mato Grosso do Sul (Tabela 1). Esses ambientes representam as principais regiões de atuação da companhia.

Tabela 1 - Caracterização dos locais em que foram realizados os experimentos dentro de cada região.

Unidade	Ambiente	Código	Esp.	Alt. (m)	PMA (mm)	Tipo de Solo
Aracruz	Aracruz-ES	ARA (A)	3 x 2	37	1290	LAd
	Mucuri-BA	BA (B)	3 x 3	12	1320	PAd
Jacareí	Caçapava-SP	VL (C)	3 x 2,5	646	1510	PVAd
	Capão Bonito-SP	CBO (F)	3 x 2	693	1262	LVd
Três	Faz. Curucaca-MT	CU (D)	3,6 x 2,3	350	1352	LVd
Lagoas	Faz. Esperança-MT	ES (E)	3 x 3	380	1352	LVd

Esp: Espaçamento de plantio; Alt: Altitude; PMA: precipitação média anual; LAd: Latossolo Amarelo distrófico; LVd: Latossolo Vermelho distrófico; PAd: Argissolo Amarelo distrófico; PVAd: Argissolo Vermelho Amarelo distrófico.

Figura 7 - Origens de seleção dos clones avaliados.



Fonte: Google Earth (2019).

3.3 Dados experimentais

Os experimentos foram implantados no ano de 2015, no delineamento de blocos casualizados e os espaçamentos de plantio foram os mesmos utilizados nos plantios operacionais da empresa, variando entre os locais (Tabela 1). As parcelas de MC foram formadas por quatro linhas com sete plantas e três repetições (em cada repetição foram avaliadas apenas dez plantas centrais), sendo obtidos dados de 30 plantas por clone. Já no CC, as parcelas foram de uma planta (*single tree plot*), também com 30 repetições.

3.4 Característica avaliada

As avaliações de crescimento foram realizadas aos três anos, quando foram medidas a circunferência à altura do peito (CAP), em centímetros, e a altura das árvores (h), em metros. Para a realização das análises foi utilizado o diâmetro a altura do peito (DAP), obtido pelo seguinte estimador:

$$DAP = \frac{CAP}{\pi}.$$

Assim foi estimado o volume (V) das árvores em metros cúbicos, dado pelo seguinte estimador:

$$V = \frac{\pi DAP^2}{40000} \times h \times f.$$

O fator de forma (f) adotado corresponde ao utilizado pela empresa, isto é, $f = 0,43$.

O incremento médio anual (IMA, $m^3.há^{-1}.ano^{-1}$), foi estimado multiplicando o volume individual (V) pelo número de árvore por hectare (N) e dividindo pela idade em anos (três anos):

$$IMA = \frac{V \times N}{3}.$$

3.5 Análise dos dados

Inicialmente, os dados de IMA foram submetidos a análise de variância por tipo de experimento (CC ou MC) em cada local, e em seguida, a análise conjunta por local, envolvendo os dois sistemas de plantio (CC e MC). Posteriormente, foi realizada a análise conjunta envolvendo todos os locais e tipos de experimentos. Maiores detalhes a respeito das análises realizadas foi apresentado por Rezende et al (2019).

Nessa pesquisa os dados médios dos clones em cada local, tanto para CC quanto para MC foram utilizados. Como os quadrados médios dos experimentos de CC e MC foram muito semelhantes, optou-se utilizar o quadrado médio do erro da análise conjunta para todas as análises realizadas posteriormente.

Foram utilizadas duas estratégias para estimar parâmetros de adaptabilidade e estabilidade. Na primeira, foram considerados a mistura de número variável de clones (5, 10, 15 ou 20). Nesse caso, testaram-se duas alternativas. A primeira alternativa consistiu na escolha dos melhores clones para formar o composto, e foi obtida a partir dos resultados médios dos clones envolvendo todos os ambientes, obtidos no experimento de STP. Dizendo de outro modo, foram identificados, por exemplo, os cinco melhores clones no experimento de CC e a média desses mesmos clones em MC. Assim, foram seis tratamentos submetidos a análise: a média dos cinco clones em MC e a média da mistura deles em CC. Depreende-se que nesse experimento que está sendo utilizado como exemplo, foi realizada uma análise envolvendo seis tratamentos e a média deles nos seis locais. De modo análogo, no composto com dez clones, as

análises foram realizadas com as médias por ambiente dos onze tratamentos. Já com quinze clones foram dezesseis tratamentos e com vinte clones, vinte e um tratamentos.

Na segunda alternativa, o processo foi semelhante, contudo, foram identificados os cinco melhores clones para constituir a mistura a partir da média geral dos experimentos em MC e a média geral desses mesmos clones obtidos no experimento de STP.

Em síntese, foram realizadas oito análises de variância utilizando as médias dos tratamentos em cada local, utilizando o seguinte modelo:

$$Y_{ij} = m + t_i + l_j + tl_{ij} + \bar{e}_{ijk}$$

Em que:

m : média geral.

t_i : efeito fixo do tratamento i ($i= 1,2,3, \dots, 60$).

l_j : efeito fixo do local j ($j= 1,2, \dots, 6$).

tl_{ij} : efeito fixo da interação entre o tratamento i e o local j .

\bar{e}_{ijk} : erro médio.

A partir dessas análises de variância foi estimado o componente da interação tratamentos x locais (σ_{TL}^2). Com base nas médias dos clones foram obtidas as estimativas de parâmetros que possibilitam inferências a respeito da adaptabilidade e estabilidade e de risco envolvido na recomendação de cada tratamento. As metodologias para estudo da interação foram:

a) Wricke. E (1964): foi estimada a contribuição percentual de cada tratamento - MC ou CC - para a interação. A contribuição de cada tratamento (T) foi obtida pela expressão:

$$\widehat{TL}_{ij} = (\bar{y}_{ij} - \bar{y}_{..}) - (\bar{y}_{i.} - \bar{y}_{..}) - (\bar{y}_{.j} - \bar{y}_{..})$$

$$\widehat{TL}_{ij} = \bar{y}_{ij} - \bar{y}_{i.} - \bar{y}_{.j} + \bar{y}_{..}$$

Em que:

\widehat{TL}_{ij} : corresponde a soma do quadrado do efeito da interação do tratamento i com o ambiente j em que ele foi avaliado.

\bar{y}_{ij} : média do tratamento i no local j .

$\bar{y}_{i.}$: média do tratamento i em todos os locais.

$\bar{y}_{.j}$: média de todos os tratamentos no local j .

$\bar{y}_{..}$: média geral.

A ecovalência (W^2_i) do tratamento i foi obtida pela expressão:

$$W^2_i = \sum_{j=1}^k (\bar{y}_{ij} - \bar{y}_{i.} - \bar{y}_{.j} + \bar{y}_{..})^2 = \sum_{j=1}^k \widehat{TL}^2_{ij}$$

Portanto, \widehat{TL}^2_{ij} é a estimativa dos efeitos da interação dos tratamentos nos ambientes.

b) Regressão Linear de Eberhart e Russel (1966), utilizando seguinte modelo:

$$\bar{y}_{ij} = b_{0i} + b_{1i}I_j + \sigma_{ij} + \bar{e}_{ij}$$

Em que:

b_{0i} : intercepto ou média do tratamento i .

b_{1i} : coeficiente de regressão do tratamento i .

σ_{ij} : desvio da regressão do clone i no ambiente j , sendo $\sigma_{ij} \sim N(0; V_{\sigma i})$.

\bar{e}_{ij} : o erro.

I_j : índice ambiental. Esse índice, utiliza a média de cada local ($\bar{y}_{.j}$) como medida da flutuação ambiental e é obtido pelo seguinte estimador:

$$I_j = \bar{y}_{.j} - \bar{y}_{..}$$

Em que:

$\bar{y}_{.j}$: a média de todos os clones no ambiente j .

$\bar{y}_{..}$: a média geral de todos os clones em todos os ambientes.

Foi estimado também o coeficiente de determinação da estimativa do ajuste de cada tratamento à regressão linear (R^2_i), pelo seguinte estimador, dado pela soma de quadrados da regressão (SQR_i) e a soma de quadrados dos tratamentos (SQT_i):

$$R^2_i = \frac{SQR_i}{SQT_i} \times 100$$

c) Annichiarico (1992): o risco de adoção do tratamento foi estimado pelo índice de confiança (I_i) obtido pelo seguinte estimador:

$$I_i = \bar{y}_i - Z_{(1-a)}s_i$$

Em que $Z_{(1-a)}$ é o quantil da distribuição normal padronizada, a é o nível de significância pré-fixado, no caso (0.25), s_i é o desvio padrão das porcentagens de cada clone.

d) O método gráfico de Nunes et al. (2005): O método possibilita estimar o risco de adoção de um determinado tratamento. Para isso, inicialmente, os dados médios dos tratamentos em cada ambiente devem ser padronizados pela expressão:

$$Z_{ij} = (\bar{y}_{ij} - \bar{y}_{.j}) / s.j$$

Em que \bar{y}_{ij} é a média do tratamento i no local j , $\bar{y}_{.j}$ é a média do local j ; e $s.j$ é o desvio padrão genotípico entre as médias dos tratamentos no local j . Para cada tratamento foi estimado a média do Z_i , o desvio padrão (s) e o coeficiente de variação (CV%).

Na segunda estratégia, também utilizando as médias de todos os clones em todos os ambientes, foram simulados compostos de tamanho 5, 10, 15 ou 20. A identificação dos clones foi realizada no MC e a média do composto clonal, constituído com os monoclonos identificados anteriormente, foi obtido pela média desses mesmos clones no experimento de STP. Para cada tamanho de composto foram obtidas mil possibilidades ao acaso. Ou seja, a identificação dos 5, 10, 15 ou 20 clones foi feita ao acaso, como já mencionado. Assim, foram geradas quatro mil situações. Para cada situação foi realizada a mesma análise de variância comentada na primeira estratégia, e para cada análise realizada foram estimados os mesmos parâmetros já comentados anteriormente. O roteiro para obter cada aleatorização e das análises estão apresentados no apêndice 1.

Todas as análises foram realizadas utilizando o software estatístico R (R Core Team, 2015) e Genes (2006).

4 RESULTADOS

4.1 Estimativas considerando clones selecionados a partir da média dos seis ambientes tanto em Composto Clonal (CC) ou Monoclone (MC)

Na Tabela 2 estão as médias do IMA ($\text{m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$) dos melhores clones, considerando a informação das médias dos experimento em STP ou Monoclonos nos seis ambientes. Veja que, quando considerou-se, por exemplo, composto de tamanho 5, apenas um clone não seria escolhido como de maior média nos dois experimentos. Para o composto de tamanho 20, constata-se que a correspondência foi de 14 clones, isto é, 70% dos clones com classificação entre os 20 melhores em CC estiveram entre os 20 do MC. Esse fato é explicado porque a estimativa da correlação entre as médias dos clones, em MC ou CC, quando se considerou os resultados médios dos seis ambientes foi muito alta ($r=0,85^{**}$) (Tabela 3).

Observou-se, como era esperado, que a média do composto (CC) decresceu com o aumento do número de clones envolvidos no referido composto, independente da seleção ter sido realizada no experimento STP ou de Monoclonos. A redução contudo, não é muito expressiva. Se for considerado CC de tamanho 5 ou 20, com seleção no STP, a média passou de $71,57 \text{ m}^3 \cdot \text{ha} \cdot \text{ano}$ para $63,08 \text{ m}^3 \cdot \text{ha} \cdot \text{ano}$, isto é, uma redução de 11,9%. Na outra situação de seleção em Monoclonos, a média do CC formado de tamanho 5 ($69,2 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$) e de 20 ($60,02 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$) mostrou uma redução de 13,3%.

Deve ser também salientado que a média dos compostos, independentemente do tamanho, foi sempre superior quando a seleção foi realizada no experimento de STP. Contudo, a superioridade embora de pequena magnitude, foi crescente com o incremento do número de clones no composto, sendo de 1,03% no composto com 5 clones a 5,1% no de tamanho 20.

Resultado expressivo é a média dos clones no experimento de STP, que independentemente do seu tamanho, foi sempre maior que a média correspondente se fosse obtido um CC a partir do experimento Monoclonal. Com tamanho 5 a seleção em STP teve média de $71,57 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$ e no Monoclone de $56,46 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$, ou seja, diferença bem expressiva.

Uma constatação importante, que também era esperada, é que em nenhuma situação a média do CC foi superior à média de todos os clones avaliados. Por exemplo, no tamanho 5 do STP a média do CC foi menor, em valor absoluto, do que os clones 7, 2 e 11. Entretanto se for considerado o comportamento dos mesmos clones no experimento de Monoclonos, nenhum dos cinco clones, se cultivado isolado, teria média superior ao CC.

Chama atenção que, com o incremento do número de clones no composto, proporcionalmente diminui o número de clones com performance individual superior aos Monoclonos. Utilizando a seleção em STP de tamanho 5, como já mencionado, três clones em cinco (60%) possuem média superior ao CC, e com 20 clones no CC esse número passa para 8 em 20 (40%).

Tabela 2 - Média dos clones (IMA m³.ha.ano) obtidos nos experimentos de STP (*single tree plot*) ou Monoclonos (MC). Seleção dos melhores clones tendo como referência o STP ou Monoclonos. Resultados referentes a possíveis compostos de tamanho 5, 10, 15 ou 20 clones.

Tamanho	Seleção baseada no STP			Seleção no Monoclone		
	Clones	Média CC ²	Média MC ²	Clones	Média CC	Média MC
5 ¹	7	75,19	60,72	7	75,19	60,72
	2	73,34	52,29	11	72,43	57,23
	11	72,43	57,23	47	70,31	56,42
	47	70,31	56,41	24	66,61	55,67
	24	66,61	55,67	18	61,48	55,2
	CC	71,57	56,46	CC	69,2	57,04
10	30	66,4	54,78	8	62,33	54,93
	21	65,14	47,06	59	64,08	54,87
	59	64,08	54,87	30	66,4	54,78
	22	62,93	49,86	13	58,99	54
	8	62,33	54,93	20	60,21	53,24
	CC	67,87	54,38	CC	65,8	55,7
15	18	61,48	55,2	25	47,5	53,13
	20	60,21	53,24	16	58,35	52,59
	27	60,13	44,12	12	51,94	52,42
	13	58,99	54	14	49,77	52,37
	56	58,52	49,86	2	73,34	52,3
	CC	65,21	53,34	CC	62,59	54,65
20	16	58,35	52,59	1	51,83	51,3
	4	57,96	50,7	4	57,96	50,7
	55	56,57	45,49	36	48,44	50,22
	60	55,67	47	9	55,11	50,19
	9	55,11	50,19	6	48,26	50
	CC	63,08	52,31	CC	60,02	53,61

¹O número de clones no composto é cumulativo, ou seja, o tamanho dez envolve os cinco primeiros e mais outros cinco. De modo análogo o tamanho quinze envolve os dez já mencionados e mais cinco novos. ²Média do clone selecionado no STP e média do mesmo clone no experimento de monocultivo.

As estimativas das correlações do desempenho médio dos clones (STP ou Monoclonos) em cada local de avaliação e na média dos seis ambientes variou muito entre os locais (Tabela 3). No ambiente de ES, no Mato Grosso a estimativa de ‘r’ foi apenas de 0,27, mas em CBO no estado de São Paulo foi de 0,88. Na média dos ambientes, como salientado, o ‘r’ foi de 0,85, indicando que a classificação dos clones em STP ou em Monoclonos foi bem semelhante.

Tabela 3 - Estimativas das correlações entre os experimentos de STP e Monoclone, por local de avaliação e na média de todos os ambientes.

	ARA	BA	VL	CU	ES	CBO	Média
r	0,80	0,86	0,49	0,69	0,27	0,88	0,85

Foram estimados parâmetros que avaliam adaptabilidade ou estabilidade, considerando diferentes metodologias, tamanho dos compostos clonais e também se no experimento foi realizado a seleção em STP ou MC (Tabela 4). Ou seja, foi construída para cada experimento uma tabela de média semelhante à Tabela 2. As tabelas de 4 a 8 envolvem os clones selecionados a partir do experimento de STP com o número de clones no composto variando de 5 a 20.

Constatou-se que o composto foi o responsável pela maior explicação da interação GA – maior estimativa de ecovalência. Deve ser salientado que o clone que apresentou menor contribuição para a interação foi o 24, com estimativa de ecovalência de 8%.

A estimativa do b da regressão linear, segundo Eberhart e Russel (1966) mostrou que o composto clonal constituído de 5 clones foi o mais responsivo, com b superior a 1. Os monoclonos ou não tiveram o b diferindo da unidade ou com a estimativa inferior a 1, como foi o caso do clone 2. Já as estimativas de R^2 , que avaliam o ajuste dos dados a equação linear, foram todos superiores a 80%, porém a menor estimativa foi do CC.

Chama atenção as estimativas do Índice de Confiabilidade (IC) de Annichiarico (1992). Veja que o único IC superior a 100% foi o do CC. Dizendo de outro modo, o CC foi o único dos tratamentos que na pior das hipóteses, com 75% de probabilidade, não teria desempenho abaixo da média geral em todos os ambientes. Todos os monoclonos teriam chance de ter desempenho abaixo da média em alguns dos ambientes testados.

Constatou-se nas tabelas 5, 6 e 7 que com o aumento do número de clones no composto a mesma tendência do que foi comentado no CC de tamanho 5, é observada. Um fato expressivo é que as estimativas de IC tiveram a mesma tendência com o aumento do número de clones. Apenas o clone da maior média (monoclone 7) não apresentou nenhuma estimativa de IC inferior a 100%, e o valor foi crescente com o aumento do número de clones no composto. Isso

ocorreu porque, com o aumento do número de tratamentos avaliados a média geral do ambiente reduz e desse modo o monoclonal 7 é esperado também, a semelhança do composto, que em nenhum dos ambientes obteve performance abaixo da média.

Tabela 4 - Estimativas de parâmetros de Ecovalência (W^2)¹, b da Regressão Linear², R^2 da Regressão Linear², Índice de Confiabilidade (IC)³ e média geral do IMA (m^3 .ha.ano) obtidos na avaliação de cinco clones e o composto clonal. Os clones foram selecionados a partir do experimento de STP e os dados dos Monoclonos obtidos no experimento Monoclonal.

Clones	W^2	b	R^2 (%)	IC	Média
7	10,13	1,1063 ns	92,79	96,50	60,72
2	16,80	0,7358 *	83,55	82,78	52,29
11	16,63	0,9346 **	83,68	89,06	57,23
47	11,49	0,854 ns	88,01	90,09	56,41
24	8,00	1,1468 ns	95,47	88,24	55,67
CC	36,92	1,2223 **	81,54	110,68	71,57

¹Metodologia de Wricke. E (1964).

²Metodologia de Eberhart e Russel (1966).

³Metodologia de Annichiarico (1992).

Tabela 5 - Estimativas de parâmetros de Ecovalência (W^2) (Wricke. E), b da Regressão Linear, R^2 da Regressão Linear, Índice de Confiabilidade (IC) e média geral do IMA (m^3 .ha.ano) obtidos na avaliação de dez clones e o composto clonal. Os clones foram selecionados a partir do experimento de STP e os dados dos Monoclonos obtidos no experimento Monoclonal.

Clones	W^2	b	R^2 (%)	IC	Média
7	7,43	1,1804 *	90,80	101,30	60,72
2	5,83	0,8088 ns	86,76	87,66	52,29
11	5,89	1,0383 *	88,77	95,92	57,23
47	9,17	0,8749 **	79,39	94,02	56,41
24	6,82	1,2215 ns	93,10	92,45	55,67
30	14,75	1,1063 **	78,58	88,67	54,78
21	7,48	0,7682 ns	82,95	79,10	47,06
59	17,39	0,7892 **	63,24	89,47	54,87
22	5,56	1,2073 ns	94,36	80,49	49,86
8	3,89	0,7812 ns	93,40	95,53	54,93
CC	15,75	1,224 **	82,49	111,85	67,87

Tabela 6 - Estimativas de parâmetros de Ecovalência (W^2) (Wricke. E), b da Regressão Linear, R^2 da Regressão Linear, Índice de Confiabilidade (IC) e média geral do IMA (m^3 .ha.ano) obtidos na avaliação de quinze clones e o composto clonal. Os clones foram selecionados a partir do experimento de STP e os dados dos Monoclonos obtidos no experimento Monoclonal.

Clones	W^2	b	R^2 (%)	IC	Média
7	3,82	1,2433 ns	93,17	104,74	60,72
2	2,88	0,8425 ns	87,08	90,59	52,29
11	4,11	1,0638 *	86,19	97,69	57,23
47	3,91	0,9329 *	83,50	97,44	56,41
24	3,45	1,2886 ns	95,83	95,61	55,67
30	8,54	1,1496 **	78,47	90,85	54,78
21	4,44	0,7844 *	79,99	80,67	47,06
59	10,74	0,7904 **	58,68	91,13	54,87
22	3,44	1,2574 ns	94,68	82,39	49,86
8	2,37	0,7996 ns	90,52	97,74	54,93
18	5,35	0,9119 **	78,09	94,06	55,21
20	1,76	1,0434 ns	93,34	93,86	53,24
27	27,48	0,7302 **	31,40	59,97	44,12
13	5,28	1,2666 *	90,58	91,18	53,99
56	5,62	0,6312 ns	77,24	85,94	49,86
CC	6,72	1,2641 **	87,27	111,02	65,26

Tabela 7 - Estimativas de parâmetros de Ecovalência (W^2) (Wricke. E), b da Regressão Linear, R^2 da Regressão Linear, Índice de Confiabilidade (IC) e média geral do IMA (m^3 .ha.ano) obtidos na avaliação de vinte clones e o composto clonal. Os clones foram selecionados a partir do experimento de STP e os dados dos Monoclonos obtidos no experimento Monoclonal (continua).

Clones	W^2	b	R^2 (%)	IC	Média
7	3,53	1,2821 *	91,85	106,56	60,72
2	1,88	0,8794 ns	87,98	92,90	52,29
11	2,84	1,1173 *	88,16	100,36	57,23
47	3,11	0,9627 *	82,44	99,64	56,41
24	2,83	1,3439 ns	96,64	97,72	55,67
30	6,27	1,2082 **	80,37	93,12	54,78
21	3,62	0,7993 *	77,01	81,98	47,06
59	7,59	0,8321 **	60,29	93,55	54,87
22	2,94	1,3067 ns	94,80	84,08	49,86
8	1,66	0,8277 ns	89,93	100,11	54,93
18	4,42	0,9332 **	75,83	95,76	55,21
20	1,21	1,0901 ns	94,46	96,33	53,24

Tabela 7 - Estimativas de parâmetros de Ecovalência (W^2) (Wricke. E), b da Regressão Linear, R^2 da Regressão Linear, Índice de Confiabilidade (IC) e média geral do IMA (m^3 .ha.ano) obtidos na avaliação de vinte clones e o composto clonal. Os clones foram selecionados a partir do experimento de STP e os dados dos Monoclonos obtidos no experimento Monoclonal (conclusão).

Clones	W^2	b	R^2 (%)	IC	Média
27	21,45	0,7318 **	29,24	61,37	44,12
13	4,15	1,3225 *	91,57	93,34	53,99
56	3,42	0,6691 ns	80,47	88,55	49,86
16	0,75	1,0076 ns	95,47	95,35	52,59
4	8,38	1,0169 **	65,94	83,51	5,7
55	3,07	0,9645 *	82,70	78,46	4,49
60	1,21	1,0264 ns	93,21	83,70	47,03
9	10,87	0,4005 **	32,46	86,04	50,19
CC	4,71	1,2779 **	87,95	10,69	63,08

Quando a seleção foi realizada considerando os experimentos Monoclonais, esse mesmo padrão de resultados se repete. Considerando o CC contendo 5 clones fica evidente a maior contribuição do composto nas estimativas de ecovalência e do b da regressão linear e também que as estimativas do IC acima de 100% só ocorreu para o CC (Tabela 9).

A medida que aumenta o número de clones no composto a média do CC reduz e, consequentemente a contribuição dele para a interação também, em função de que, tendo mais tratamentos (clones) evidentemente a contribuição de cada um diminui.

Tabela 8 - Estimativas de parâmetros de Ecovalência (W^2) (Wricke. E)¹, b da Regressão Linear², R^2 da Regressão Linear², Índice de Confiabilidade (IC)³ e média geral do IMA (m^3 .ha.ano) obtidos na avaliação de cinco clones e o composto clonal. Os clones foram selecionados a partir do experimento de Monoclone e os dados dos clones individuais também foram obtidos no experimento Monoclonal. O CC foi obtido a partir da mistura desses mesmos clones no STP.

Clones	W^2	b	R^2 (%)	IC	Média
7	10,66	1,1002 ns	93,03	95,89	60,72
11	18,81	0,926 **	83,28	89,35	57,23
47	16,35	0,8315 *	84,59	89,15	56,41
24	11,82	1,1236 ns	92,91	87,09	55,67
18	20,02	0,8231 **	81,12	87,04	55,21
CC	22,31	1,1956 **	89,24	108,69	69,2

Tabela 9 - Estimativas de parâmetros de Ecovalência (W^2) (Wricke. E)¹, b da Regressão Linear², R^2 da Regressão Linear², Índice de Confiabilidade (IC)³ e média geral do IMA (m^3 .ha.ano) obtidos na avaliação de dez clones e o composto clonal. Os clones foram selecionados a partir do experimento de Monoclone e os dados dos clones individuais também foram obtidos no experimento Monoclonal. O CC foi obtido a partir da mistura desses mesmos clones no STP.

Clones	W^2	b	R^2 (%)	IC	Média
7	7,90	1,1481 *	90,57	99,04	60,72
11	5,89	1,0166 *	89,73	94,56	57,23
47	10,07	0,8558 **	80,09	92,33	56,41
24	5,90	1,2006 ns	94,83	90,83	55,67
18	10,85	0,8578 **	78,78	90,25	55,21
8	6,16	0,7478 ns	90,24	93,31	54,93
59	21,28	0,7528 **	60,68	87,59	54,87
30	13,61	1,1017 **	82,16	87,60	54,78
13	7,60	1,2002 ns	92,72	88,04	53,99
20	3,52	0,9761 ns	93,12	89,48	53,24
CC	7,16	1,1425 **	91,33	109,41	65,8

Tabela 10 - Estimativas de parâmetros de Ecovalência (W^2) (Wricke. E)¹, b da Regressão Linear², R^2 da Regressão Linear², Índice de Confiabilidade (IC)³ e média geral do IMA (m^3 .ha.ano) obtidos na avaliação de quinze clones e o composto clonal. Os clones foram selecionados a partir do experimento de Monoclone e os dados dos clones individuais também foram obtidos no experimento Monoclonal. O CC foi obtido a partir da mistura desses mesmos clones no STP.

Clones	W^2	b	R^2 (%)	IC	Média
7	7,33	1,2576 *	90,03	101,38	60,72
11	4,64	1,1186 ns	90,00	96,48	57,23
47	7,41	0,9299 **	78,34	94,78	56,41
24	6,31	1,3134 ns	94,01	92,58	55,67
18	7,27	0,9441 **	79,04	92,11	55,21
8	2,35	0,8352 ns	93,27	96,58	54,93
59	12,65	0,8555 **	64,90	90,18	54,87
30	11,99	1,1941 **	79,97	89,03	54,78
13	8,82	1,2924 **	89,07	88,75	53,99
20	3,26	1,0637 ns	91,62	91,37	53,24
25	1,30	0,8352 ns	97,78	94,01	53,13
16	0,81	1,0085 ns	97,42	91,89	52,59
12	11,05	0,5786 *	64,26	87,34	52,42
14	7,56	0,7744 **	75,16	88,02	52,37
2	3,41	0,8753 ns	88,77	88,86	52,29
CC	3,76	1,1234 ns	92,07	107,46	62,59

Tabela 11 - Estimativas de parâmetros de Ecovalência (W^2) (Wricke. E)¹, b da Regressão Linear², R^2 da Regressão Linear², Índice de Confiabilidade (IC)³ e média geral do IMA (m^3 .ha.ano) obtidos na avaliação de vinte clones e o composto clonal. Os clones foram selecionados a partir do experimento de Monoclone e os dados dos clones individuais também foram obtidos no experimento Monoclonal. O CC foi obtido a partir da mistura desses mesmos clones no STP.

Clones	W^2	b	R^2 (%)	IC	Média
7	4,35	1,38 *	91,12	103,41	60,72
11	3,38	1,1985 *	86,85	97,29	57,23
47	4,16	0,9986 **	75,95	96,53	56,41
24	4,11	1,4354 ns	94,40	93,96	55,67
18	4,06	1,0165 **	77,03	93,30	55,21
8	0,94	0,9092 ns	92,90	98,55	54,93
59	6,61	0,92 **	63,11	91,54	54,87
30	6,60	1,3103 **	80,93	90,38	54,78
13	5,89	1,3918 **	86,83	89,44	53,99
20	2,15	1,153 ns	90,48	92,66	53,24
25	0,43	0,9079 ns	97,13	96,30	53,13
16	0,76	1,0921 ns	96,04	92,55	52,59
12	4,54	0,6375 *	65,58	89,92	52,42
14	3,36	0,8472 *	75,61	89,99	52,37
2	0,87	0,9802 ns	93,57	92,18	52,29
1	15,84	0,3753 **	14,80	79,46	51,3
4	8,20	1,1048 **	66,64	81,26	50,7
36	4,78	1,1171 **	78,13	81,80	50,22
9	8,68	0,4595 **	36,57	84,72	50,19
6	7,76	0,5587 **	44,23	81,75	50,03
CC	2,43	1,2065 ns	91,11	103,98	60,02

Os resultados das estimativas obtidas pela metodologia de Nunes et al (2005) estão apresentados nas tabelas de 12 a 19. Veja que para o composto de tamanho 5, com seleção no STP o CC apresentou a maior média Z. Deve ser salientado que nessa condição foi adicionada a constante com valor 2 e que em nenhum dos ambientes a estimativa de Z foi menor que 2. Nessa condição o risco da adoção do CC foi nulo ($Ri\% = 0$). Nenhum dos demais clones avaliados apresentou essa mesma condição. Mesmo o monoclonal de maior média obteve em alguns ambientes (A, B e D) desempenho abaixo da média geral. Conseqüentemente o seu risco de adoção foi diferente de zero e com grande magnitude. Outra estimativa importante nesse caso é o Coeficiente de Variação (CV%) das estimativas de Z. Novamente o CC foi destaque, com menor estimativa de CV indicando maior estabilidade de performance (Tabela 12).

A exceção acontece quando foi considerado no STP de tamanho 20 o monoclonal 7, que também apresentou risco nulo ($Ri\% = 0$). Deve ser comentado que a comparação nas estimativas da média de Z de compostos de tamanhos diferentes nem sempre podem ser comparadas porque a constante utilizada para eliminar as estimativas negativas de Z podem ser diferentes.

Tabela 12 - Estimativa dos valores médios padronizados (Z) em cada um dos ambientes avaliados (A a F), coeficiente de variação (CV%) das estimativas Z, média geral de Z e o risco da recomendação do clone (Ri%) pela metodologia de Nunes et al. (2005) obtidas para composto de tamanho cinco com seleção efetuada no experimento de STP.

Clones	A	B	C	D	E	F	CV(%)	Média Z	Ri (%)
7	1,56	1,71	2,74	1,76	3,01	2,75	29	2,25	41,91
2	0,98	1,8	1,56	0,91	2,33	0,37	53	1,33	46,83
11	2,68	3,06	1,23	1,76	0,18	1,69	58	1,77	40,50
47	2,33	0,69	1,36	2,13	2,64	1,51	41	1,78	29,66
24	0,98	1,42	1,41	1,56	1,65	2,66	35	1,62	58,50
CC	3,47	3,31	3,71	3,87	2,18	3,02	19	3,26	0

Tabela 13 - Estimativa dos valores médios padronizados (Z) em cada um dos ambientes avaliados (A a F), coeficiente de variação (CV%) das estimativas Z, média geral de Z e o risco da recomendação do clone (Ri%) pela metodologia de Nunes et al. (2005) obtidas para composto de tamanho dez com seleção efetuada no experimento de STP.

Clones	A	B	C	D	E	F	CV (%)	Média Z	Ri (%)
7	1,71	1,77	3,23	2,21	3,28	3,11	29	2,55	29
2	0,93	1,87	1,76	1,04	2,85	1,29	44	1,62	57,41
11	3,19	3,11	1,34	2,22	1,51	2,3	34	2,28	23,75
47	2,73	0,77	1,51	2,74	3,05	2,17	40	2,16	19
24	0,94	1,49	1,57	1,94	2,43	3,05	39	1,9	49,5
30	2,67	2,06	2,19	0,45	1,6	2,9	44	1,98	17,08
21	0,66	0,84	2	1,18	0,61	0,16	69	0,91	28,75
59	2,41	3,69	0,91	2,37	1,79	0,86	53	2	29,66
22	1,01	0,87	1,07	1,72	0,09	2,25	64	1,17	39,66
8	2,24	2,38	2,07	1,86	2,31	1,1	24	1,99	24,66
CC	3,5	3,16	4,34	4,26	2,47	2,81	22	3,42	0

Tabela 14 - Estimativa dos valores médios padronizados (Z) em cada um dos ambientes avaliados (A a F), coeficiente de variação (CV%) das estimativas Z, média geral de Z e o risco da recomendação do clone (Ri%) pela metodologia de Nunes et al. (2005) obtidas para composto de tamanho quinze com seleção efetuada no experimento de STP.

Clones	A	B	C	D	E	F	CV(%)	Média Z	Ri(%)
7	3,97	4,12	5,52	4,47	5,23	5,21	14	4,76	16,54
2	3,4	4,19	3,97	2,94	4,81	3,46	17	3,8	57,37
11	5,07	5,1	3,53	4,49	3,46	4,43	16	4,35	29,12
47	4,73	3,4	3,7	5,16	5	4,3	16	4,38	29,58
24	3,41	3,92	3,77	4,12	4,38	5,15	15	4,13	46,25
30	4,68	4,33	4,43	2,18	3,55	5,01	25	4,03	23,87
21	3,2	3,45	4,23	3,12	2,56	2,36	21	3,15	61,2
59	4,49	5,52	3,07	4,68	3,74	3,04	24	4,09	41,04
22	3,46	3,47	3,24	3,84	2,04	4,39	23	3,41	66,87
8	4,37	4,57	4,3	4,02	4,26	3,27	11	4,13	13,62
18	4,47	4,35	5,43	3,68	3,35	3,44	19	4,12	43,62
20	4,11	3,69	3,2	3,99	4,1	4,41	11	3,92	45,33
27	0,97	1,04	2,84	4,38	5,94	2,53	66	2,95	30,75
13	4,43	3,65	3,77	3,47	3,11	5,21	19	3,94	58,33
56	4,14	4,31	2,78	2,99	4,37	2,84	22	3,57	35,87
CC	5,1	4,9	6,23	6,44	4,08	4,94	17	5,28	0

Tabela 15 - Estimativa dos valores médios padronizados (Z) em cada um dos ambientes avaliados (A a F), coeficiente de variação (CV%) das estimativas Z, média geral de Z e o risco da recomendação do clone (Ri%) pela metodologia de Nunes et al. (2005) obtidas para composto de tamanho vinte com seleção efetuada no experimento de STP (continua).

Clones	A	B	C	D	E	F	CV(%)	Média Z	Ri(%)
7	4,03	4,2	5,76	4,73	5,43	5,35	14	4,91	0
2	3,42	4,27	4,23	3,21	4,96	3,61	17	3,95	42,66
11	5,22	5,24	3,79	4,74	3,52	4,57	16	4,51	30,45
47	4,85	3,41	3,96	5,41	5,18	4,45	17	4,54	30,7
24	3,42	3,98	4,03	4,38	4,51	5,28	15	4,27	30,70
30	4,8	4,42	4,68	2,45	3,62	5,14	24	4,18	25,29
21	3,2	3,47	4,48	3,38	2,55	2,53	22	3,27	63,04
59	4,59	5,7	3,34	4,93	3,82	3,2	23	4,26	43,16
22	3,48	3,49	3,5	4,09	1,99	4,53	24	3,51	51,91
8	4,46	4,67	4,55	4,27	4,38	3,43	10	4,29	14,29
18	4,57	4,44	5,67	3,94	3,39	3,59	19	4,27	45,5
20	4,18	3,73	3,46	4,25	4,21	4,55	10	4,06	29,95
27	0,78	0,88	3,11	4,63	6,19	2,69	69	3,05	31,08

Tabela 15 - Estimativa dos valores médios padronizados (Z) em cada um dos ambientes avaliados (A a F), coeficiente de variação (CV%) das estimativas Z, média geral de Z e o risco da recomendação do clone (Ri%) pela metodologia de Nunes et al. (2005) obtidas para composto de tamanho vinte com seleção efetuada no experimento de STP (conclusão).

Clones	A	B	C	D	E	F	CV(%)	Média Z	Ri(%)
13	4,53	3,69	4,03	3,73	3,13	5,34	19	4,08	43,95
56	4,22	4,39	3,05	3,25	4,49	3	19	3,73	38,75
16	4,16	4,49	3,98	3,76	3,37	3,87	10	3,94	62,41
4	5,17	4,15	3,95	1,53	3,11	4,56	34	3,75	35,79
55	2,92	2,56	2,37	3,32	3,85	3,78	20	3,13	78,33
60	3,1	3,44	2,56	3,45	3,28	3,79	13	3,27	81,75
9	4,12	4,52	3,22	4,51	4,86	1,79	30	3,84	20,87
CC	4,76	4,86	6,24	6,04	4,17	4,95	16	5,17	0

Tabela 16 - Estimativa dos valores médios padronizados (Z) em cada um dos ambientes avaliados (A a F), coeficiente de variação (CV%) das estimativas Z, média geral de Z e o risco da recomendação do clone (Ri%) pela metodologia de Nunes et al. (2005) obtidas para composto de tamanho cinco com seleção efetuada no experimento Monoclonal.

Clones	A	B	C	D	E	F	CV(%)	Média Z	Ri(%)
7	1,3	1,7	2,57	1,7	3,25	2,74	34	2,21	39,16
11	2,46	3,19	1,04	1,71	0,96	1,7	46	1,84	45,08
47	2,1	0,6	1,17	2,25	2,95	1,52	48	1,76	27,41
24	0,71	1,39	1,23	1,41	2,15	2,65	44	1,59	33,91
18	1,83	2,04	2,5	1,06	0,81	0,37	57	1,44	33,91
CC	3,61	3,08	3,49	3,88	1,87	3,02	22	3,16	0

Tabela 17 - Estimativa dos valores médios padronizados (Z) em cada um dos ambientes avaliados (A a F), coeficiente de variação (CV%) das estimativas Z, média geral de Z e o risco da recomendação do clone (Ri%) pela metodologia de Nunes et al. (2005) obtidas para composto de tamanho dez com seleção efetuada no experimento Monoclonal (continua).

Clones	A	B	C	D	E	F	CV(%)	Média Z	Ri (%)
7	2,13	2,68	4,29	3,26	4,79	3,97	29	3,52	26,72
11	3,93	4,11	2,28	3,27	2,16	3,02	26	3,13	24,66
47	3,37	1,61	2,45	3,95	4,44	2,86	33	3,11	38,44
24	1,2	2,38	2,52	2,91	3,52	3,89	35	2,74	50,05
18	2,95	3,01	4,2	2,46	1,99	1,81	32	2,74	51,16
8	2,78	3,33	3,05	2,8	3,34	1,61	23	2,82	39,94
59	2,98	4,73	1,81	3,47	2,57	1,33	43	2,82	48,27

Tabela 17 - Estimativa dos valores médios padronizados (Z) em cada um dos ambientes avaliados (A a F), coeficiente de variação (CV%) das estimativas Z, média geral de Z e o risco da recomendação do clone (Ri%) pela metodologia de Nunes et al. (2005) obtidas para composto de tamanho dez com seleção efetuada no experimento Monoclonal (conclusão).

Clones	A	B	C	D	E	F	CV(%)	Média Z	Ri (%)
30	3,3	2,98	3,18	0,95	2,29	3,71	36	2,74	34,55
13	2,89	1,99	2,52	2,25	1,63	3,96	32	2,54	62,66
20	2,36	2,04	1,94	2,78	3,11	2,99	20	2,54	67,27
CC	5,1	4,14	4,75	4,9	3,15	3,85	17	4,31	0

Tabela 18 - Estimativa dos valores médios padronizados (Z) em cada um dos ambientes avaliados (A a F), coeficiente de variação (CV%) das estimativas Z, média geral de Z e o risco da recomendação do clone (Ri%) pela metodologia de Nunes et al. (2005) obtidas para composto de tamanho quinze com seleção efetuada no experimento Monoclonal.

Clones	A	B	C	D	E	F	CV(%)	Média Z	Ri (%)
7	2,45	2,7	4,72	3,57	4,63	4,37	27	3,74	28,61
11	4,32	4,37	2,39	3,59	1,99	3,49	29	3,36	24,33
47	3,74	1,46	2,59	4,44	4,29	3,34	34	3,31	22,5
24	1,49	2,35	2,68	3,13	3,36	4,3	33	2,89	36,22
18	3,31	3,09	4,62	2,57	1,82	2,37	33	2,96	37,55
8	3,12	3,46	3,29	3	3,19	2,18	15	3,04	12,11
59	3,33	5,1	1,85	3,83	2,41	1,92	41	3,07	34,33
30	3,67	3,06	3,44	0,68	2,13	4,14	44	2,85	15,61
13	3,24	1,9	2,68	2,31	1,47	4,36	39	2,66	46,44
20	2,69	1,96	2	2,96	2,95	3,46	22	2,67	69,77
25	2,84	2,19	2,87	2,89	3,3	2,37	15	2,74	73,11
16	2,65	3,18	2,61	2,35	1,8	2,69	18	2,55	67,22
12	3,66	3,25	1,24	3,02	4,42	1,65	42	2,88	16,05
14	1,2	2,58	3,48	3,26	3,32	1,41	40	2,54	28,83
2	1,49	2,82	2,91	1,64	3,99	2,4	36	2,54	62,55
CC	4,79	4,53	4,61	4,78	2,92	3,54	19	4,2	16,22

Tabela 19 - Estimativa dos valores médios padronizados (Z) em cada um dos ambientes avaliados (A a F), coeficiente de variação (CV%) das estimativas Z, média geral de Z e o risco da recomendação do clone (Ri%) pela metodologia de Nunes et al. (2005) obtidas para composto de tamanho vinte com seleção efetuada no experimento Monoclonal (continua).

Clones	A	B	C	D	E	F	CV(%)	Média Z	Ri (%)
7	2,76	2,88	4,96	3,76	3,76	4,43	23	3,76	31,33
11	4,4	4,5	2,56	3,78	2,14	3,68	27	3,51	26,11
47	3,89	1,68	2,77	4,43	3,54	3,56	29	3,31	24,72

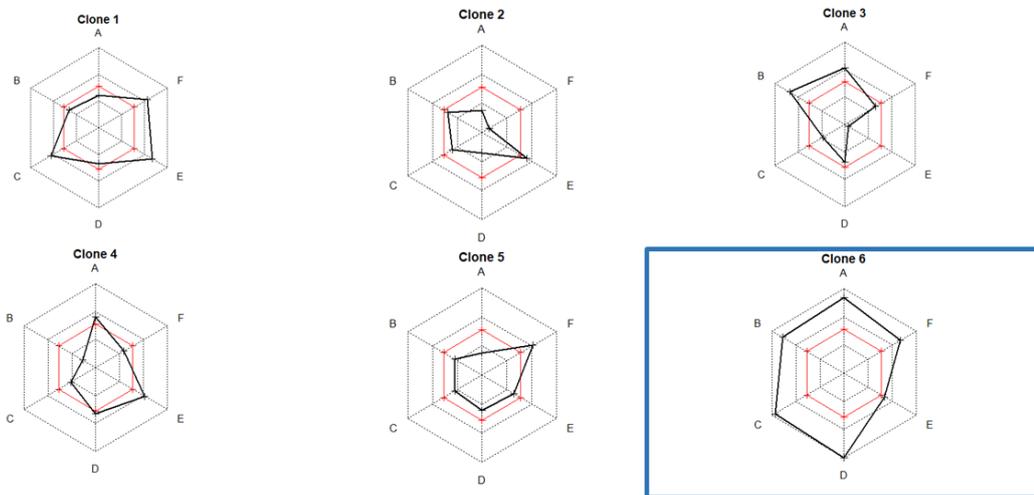
Tabela 19 - Estimativa dos valores médios padronizados (Z) em cada um dos ambientes avaliados (A a F), coeficiente de variação (CV%) das estimativas Z, média geral de Z e o risco da recomendação do clone (Ri%) pela metodologia de Nunes et al. (2005) obtidas para composto de tamanho vinte com seleção efetuada no experimento Monoclonal (conclusão).

Clones	A	B	C	D	E	F	CV(%)	Média Z	Ri (%)
24	1,92	2,55	2,86	3,42	2,98	4,37	28	3,02	57,27
18	3,51	3,26	4,86	2,99	2,03	2,72	29	3,23	43
8	3,35	3,62	3,49	3,32	2,87	2,56	13	3,2	30,16
59	3,53	5,2	2,01	3,96	2,39	2,35	38	3,24	37,5
30	3,83	3,23	3,64	1,54	2,22	4,23	33	3,11	20,88
13	3,45	2,1	2,86	2,79	1,82	4,43	32	2,91	53,16
20	2,97	2,16	2,16	3,3	2,73	3,66	21	2,83	55,66
25	3,1	2,39	3,06	3,24	2,94	2,72	11	2,91	44,72
16	2,94	3,34	2,79	2,82	2,02	3	16	2,82	58,72
12	3,82	3,41	1,38	3,34	3,63	2,11	33	2,95	19,38
14	1,66	2,77	3,68	3,52	2,95	1,91	30	2,75	51,61
2	1,92	3	3,1	2,27	3,36	2,75	20	2,73	38,55
1	2,64	2,91	3,05	0,78	5,9	1,61	62	2,81	44,11
4	4,33	2,82	2,75	0,63	1,8	3,67	49	2,67	44,44
36	0,41	0,49	2,99	3,25	3,21	3,04	62	2,23	21,61
9	2,88	3,38	1,86	3,55	3,28	0,97	39	2,65	31,72
6	1,81	3,02	1,43	2,34	4,84	1,7	50	2,52	40,44
CC	3,88	4,31	4,76	3,97	2,61	3,54	19	3,84	14,5

A análise gráfica do método de Nunes et al. (2005) permite visualizar o que foi comentado a partir das estimativas apresentadas nas tabelas de 12 a 19. Apenas como exemplo foi apresentado os gráficos obtidos com o composto de tamanho 5 com seleção em STP. Neste caso estão apresentados seis gráficos, sendo 5 dos monoclonos e o sexto do CC (Figura 8).

Na figura a linha vermelha representa a área média padronizada (Z_{ij}) somada a uma constante, que neste caso foi 2, como já mencionado. Já a linha preta representa a estimativa de Z em cada um dos ambientes avaliados, representados pelas letras de A a F. Observa-se que o único tratamento que apresentou comportamento “bola-cheia” foi o CC, ou seja, risco nulo. Esse padrão se repete para os demais tamanhos de compostos, com exceção dos compostos de tamanho 15 e 20 com seleção nos Monoclonos em que o risco de recomendação do CC foi diferente de zero. Contudo, nessa condição nenhum dos monoclonos avaliados apresentou Ri (%) igual a zero.

Figura 8 - Gráficos gerados para cada clone e o composto clonal pela metodologia de Nunes et al. (2005). Os clones de um a cinco representam os cinco primeiros monoclonos e o clone seis o CC, com seleção no experimento de STP.



Fonte: Do autor (2020).

4.2 Resultados referentes a simulação de diferentes combinações clonais

Devido ao grande número de informações e, como elas foram semelhantes no que se refere ao comportamento considerando os diferentes tamanhos dos compostos, optou-se pela apresentação dos resultados considerando inicialmente apenas o composto de tamanho 10. Também para simplificar a maior parte dos comentários, o foco será no desempenho do composto e do clone com melhor desempenho. Em um único caso foi incluído também o clone com pior desempenho.

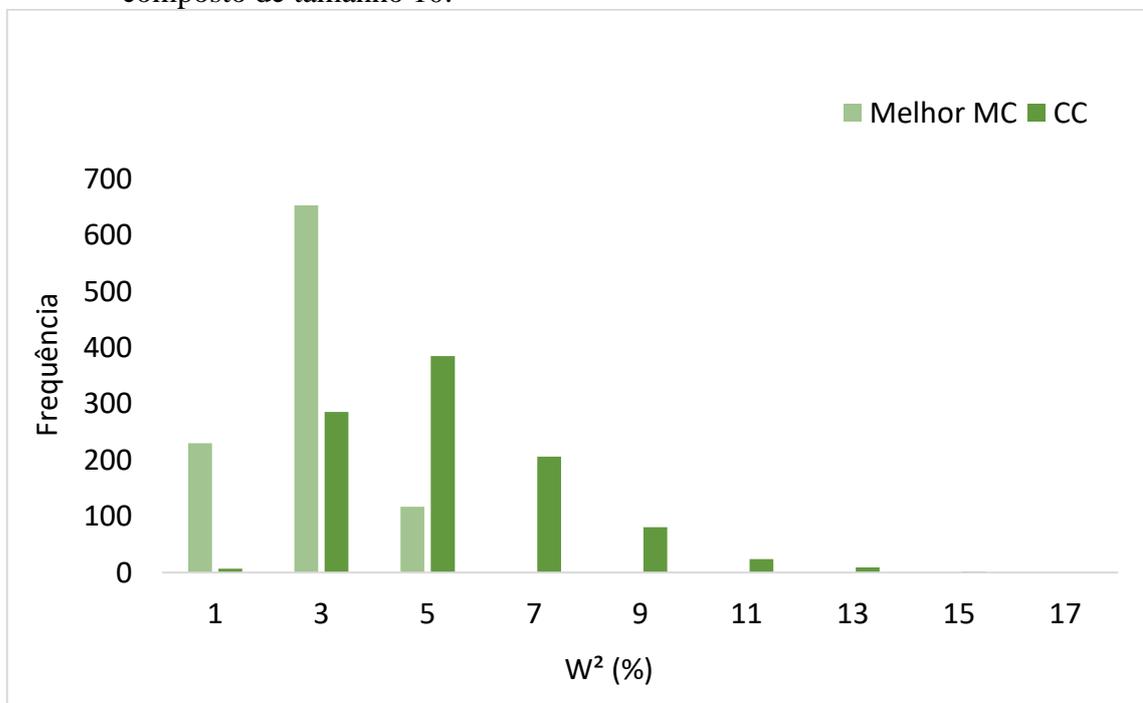
Com relação à Ecovalência (W^2), ou seja, contribuição de cada tratamento para a interação, verifica-se que considerando a avaliação de dez clones mais no CC, se todos os tratamentos tivessem a mesma contribuição, cada um explicaria 9.09% da interação. Veja que em apenas 116 oportunidades das mil simulações o CC apresentou percentual superior a 9%, indicando que sua contribuição para a interação GA foi na maioria dos casos abaixo da média (Figura 9). O melhor MC não ficou em nenhuma situação abaixo da média.

No b da regressão linear, além do melhor monoclonos e o composto clonal, também foi incluído o comportamento do pior monoclonos. Veja na figura 10 que a amplitude da variação das estimativas de b foi muito grande. As estimativas de b do pior clone nunca foram acima da unidade. Por outro lado, para o melhor MC a maioria das estimativas foram, como era esperado,

acima de 1, mostrando que ele foi responsivo. Comportamento semelhante foi constatado para o composto clonal (Figura 10).

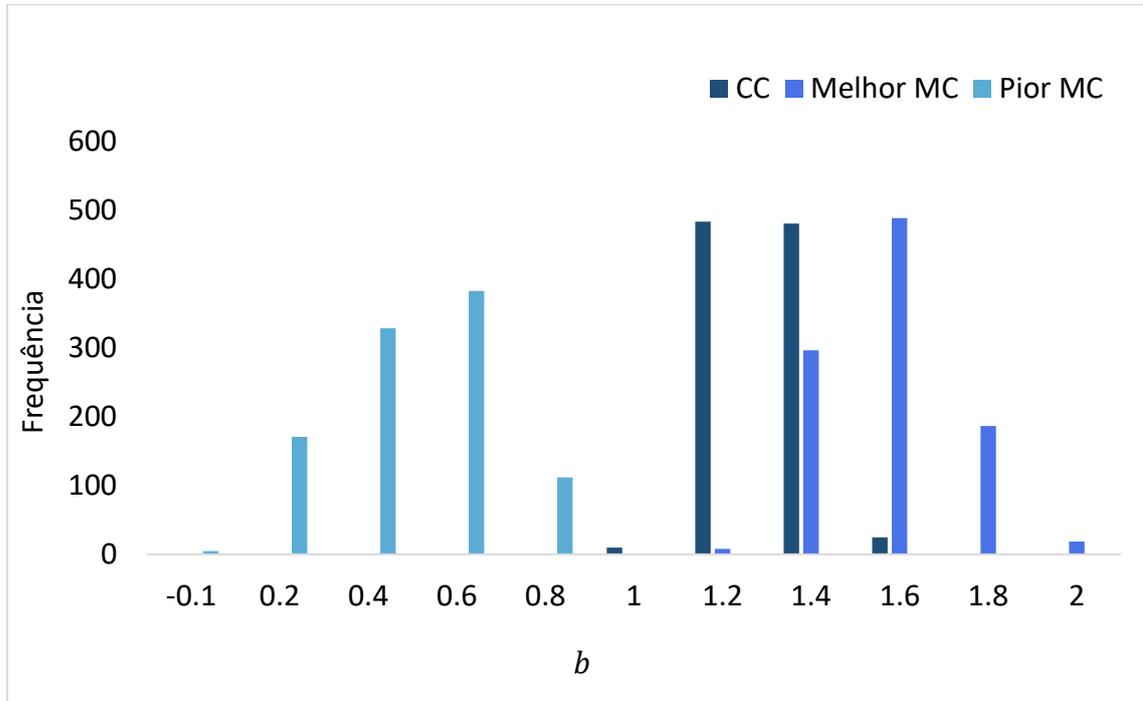
O risco da recomendação dos clones, indicou que todas as estimativas para o melhor MC apresentaram IC sempre acima de 100%. Comportamento semelhante foi observado no composto clonal, que em 94% das oportunidades o IC também foi superior a 100, indicando que tanto no melhor MC como o CC o risco da recomendação, mantida essas condições, é nulo. (Figura 11).

Figura 9 - Distribuição de frequência das estimativas de Ecovalência (W^2) para o melhor monoclonal (MC) e o composto clonal (CC). Dados obtidos nas mil simulações com composto de tamanho 10.



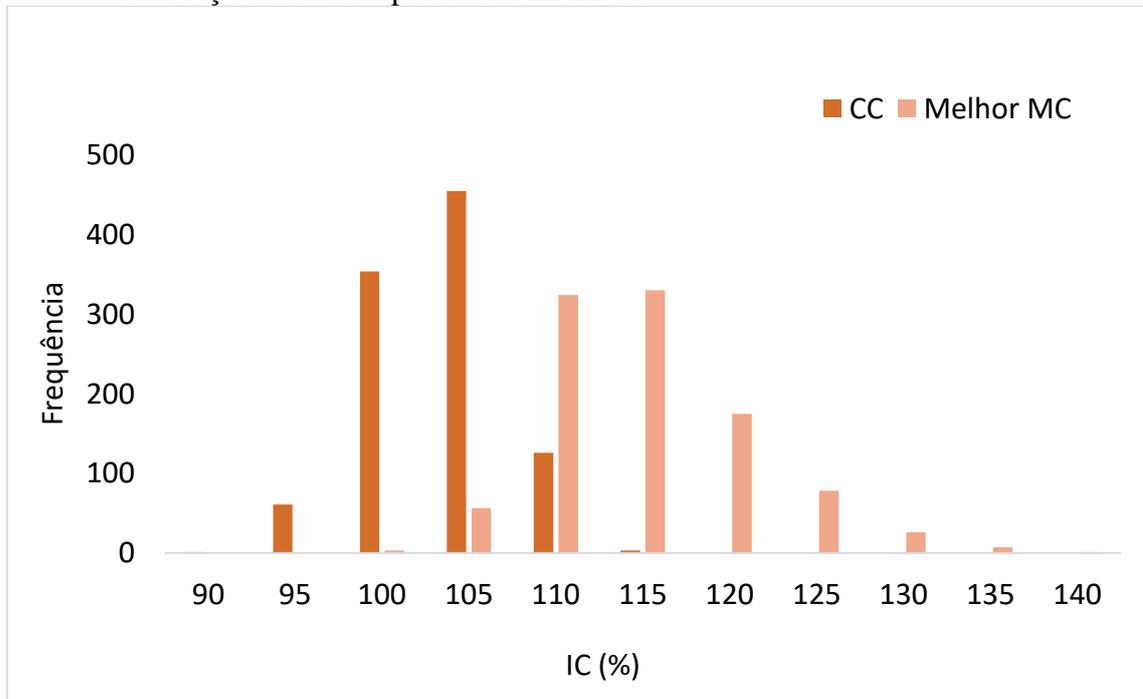
Fonte: Do autor (2020).

Figura 10 - Distribuição de frequência das estimativas do componente da Regressão Linear (b) para o clone de melhor desempenho (Melhor MC), pior monoclonal (Pior MC) e o composto clonal (CC). Dados obtidos nas mil simulações com composto de tamanho 10.



Fonte: Do autor (2020).

Figura 11 - Distribuição de frequência das estimativas de Índice de Confiabilidade (IC) para o melhor monoclonal (MC) e o composto clonal (CC). Dados obtidos nas mil simulações com composto de tamanho 10.



Fonte: Do autor (2020).

Procurou-se também fazer uma análise das simulações envolvendo todos os tamanhos de compostos tendo como referência a porcentagem em relação a um determinado padrão (Tabela 20). Em praticamente todas as simulações a média do CC sempre foi maior que a média dos monoclonos envolvidos no composto. Também se constatou que a interação praticamente em todos os casos foi significativa independentemente do tamanho do composto.

Tabela 20 - Porcentagem de vezes da ocorrência de cada evento (E), para os diferentes tamanhos de compostos considerando os dados de mil simulações.

Número de clones no CC	E1 ¹	E2	E3	E4	E5	E6	E7
5	93.9	98.9	26.3	22.3	15.5	49.3	75.1
10	99.3	100	13.9	18.4	4.6	58.4	87.5
15	100	100	6.5	11.3	1.2	67.2	95.7
20	100	100	3.3	5.9	0.2	74.5	97.4

¹E1: Porcentagem de vezes que a média do CC foi maior que a média das médias dos MC's. E2: Porcentagem de vezes que a interação GA foi significativa. E3: Porcentagem de vezes que o CC contribuiu menos para a interação GA pela metodologia da Ecovalência. E4: Porcentagem de vezes que o CC teve o R² (coeficiente de determinação) maior que os demais MC's. E5: Porcentagem de vezes que o CC teve estimativa de *b* da Regressão Linear superior a todos os demais. E6: Porcentagem de vezes que o CC teve o índice de Annichiarico superior a 100%. E7: Porcentagem de vezes que o CC foi "bola cheia", ou seja, não apresentou média inferior a nenhum dos monoclonos avaliados.

A contribuição do CC para a interação foi, na maioria das situações maior do que os monoclonos e essa tendência cresceu com o aumento do número de clones no composto. A tendência das estimativas do coeficiente de determinação do CC, que mede o ajuste da curva de regressão, foi muito semelhante ao observado para o W², exceto nos maiores compostos nos quais o ajustamento foi pior.

Na estimativa de *b* da regressão de Eberhart e Russel o objetivo foi verificar o quanto o *b* foi mais responsivo que todos os demais monoclonos. As porcentagens não são altas, mas veja que com um composto clonal de tamanho 5, em 15.5% das simulações o CC apresentou maior estimativa de *b* que todos os MC's. Essa porcentagem, contudo, cai com o aumento de clones no composto, sendo praticamente nulo quando o número de clones no CC foi 20.

Veja que o comportamento das estimativas do IC são muito semelhantes as estimativas do somatório de Z. Ambos os valores avaliam o risco. Veja contudo, que o somatório de Z foi sempre de magnitude ligeiramente maior que o IC. Observe, por exemplo, que o CC de tamanho 5, a porcentagem de vezes da estimativa de Z ter ficado sempre acima de média foi de 75.1% e é crescente com o aumento do número de clones no composto. Com 20 clones em 97,4% das mil simulações, o composto nunca ficou abaixo da média ($\sum Z$) em nenhum dos seis ambientes avaliados.

5 DISCUSSÃO

A avaliação do desempenho de compostos clonais em relação a monoclonos não é fácil. Isto porque é praticamente impossível, avaliando um número grande de clones colocar em um único experimento CC e MC, como foi realizado por Martins et al. (2014). Nesse caso, como o número de clones era grande a opção foi conduzir dois experimentos contíguos de avaliação dos mesmos 60 clones, um em *single tree plot* (STP) e o outro com parcela de 30 plantas monoclonais. Como a acurácia dos experimentos em cada um dos seis locais foram altas e muito semelhantes para STP e monoclonos, pode-se inferir que a precisão experimental foi semelhante (REZENDE et al., 2019).

O primeiro fato positivo é que, a seleção efetuada em monoclonos ou em composto clonal apresentaram resultados muito semelhantes. Essa é uma condição favorável porque as empresas conduzem a avaliação inicial dos clones em STP e podem utilizar dessa recomendação para fazer compostos ou, utilizá-la para a recomendação de monoclonos, o que já é frequentemente realizado. Um fato que também comprova esse resultado é o que o desempenho médio dos clones, embora tivesse variação entre os locais, na média dos vários ambientes foi muito alta ($r=0,85$) (Tabela 3). Infelizmente não foi encontrado nenhum relato na literatura em que essa informação tenha sido obtida, no modo com que esse trabalho foi feito. Contudo, relatos que experimentos de STP classificam os clones de modo semelhante aos experimentos monoclonais (ANDRADE et al., 2006).

Nos experimentos de avaliação de clones na área florestal, o emprego de STP é frequente (SANTOS et al., 2016; NUNES et al., 2018; REZENDE et al., 2019). Porém alguns críticos, não melhoristas, argumentam que as plantas vizinhas a um determinado clone podem influenciar no seu desempenho de forma positiva ou negativa. Contudo, tomando como exemplo esse experimento com 60 clones, existe grande possibilidade de que cada clone tenha como vizinho todos os demais tratamentos, justamente devido ao grande número de repetições. Por isso, cada clone teria 240 (8x30) possibilidades de ter qualquer um dos demais como vizinhos. Pesquisa conduzida por Santos et al. (2020) usando esse mesmo conjunto de dados, mostrou que a estimativa da regressão entre o comportamento de um determinado clone e os seus vizinhos nas 30 repetições foi praticamente nula, isto é, não se constatou efeito da média dos vizinhos no desempenho dos diferentes clones presentes no STP.

Os seis locais de avaliação representam a maioria das áreas plantadas com eucalipto da empresa. Esses ambientes diferem em altitude, em relevo, fertilidade do solo e evidentemente em condições climáticas (Tabela 1). Como era esperado, a média geral dos experimentos foram

muito diferentes, refletindo a variação ambiental. Esse fato associado a ampla variação genética observada entre os clones possibilitou que a interação clones x ambientes fosse expressiva, condição essa indispensável para se realizar o que se propunha com a pesquisa.

Nesse estudo, duas estratégias diferentes foram adotadas: no primeiro caso, a partir dos dados de campo considerou-se diferentes números de clones para constituir o CC com a seleção efetuada em função do desempenho dos clones no STP ou nos Monoclones, e na segunda estratégia, foram simulados para diferentes tamanhos do CC, mil situações a partir dos dados do experimento de Monoclones, e as respectivas médias dos mesmos clones no experimento de STP e foram obtidas diferentes estimativas de parâmetros relacionados à adaptabilidade e estabilidade. É evidente que a primeira estratégia é a mais apropriada porque reflete o que é adotado pelas empresas. Por essa razão, a maior parte da discussão será focada na primeira estratégia e quando for pertinente, discutir também o caso das simulações.

Na literatura existem uma infinidade de metodologias para o estudo da adaptabilidade e estabilidade de cultivares avaliadas em diferentes ambientes (RESENDE et al., 2014; RAMALHO et al., 2012a; CRUZ et al., 2004). Contudo, nesse trabalho optou-se por utilizar metodologias mais utilizadas no passado e que são de mais fácil interpretação e mais apropriadas para o que se pretendia na pesquisa.

As estimativas de Ecovalência (W^2), foram para o composto clonal, quase sempre superior a maioria dos monoclonos (Tabela 4). Ela estima a contribuição percentual de um determinado genótipo/clone para a interação (WRICKE, 1996). Infere-se que como as estimativas do CC foram, na maioria das vezes maiores do que dos monoclonos, a sua contribuição para a interação foi grande. Em princípio poder-se-ia argumentar que é uma situação desfavorável. No entanto, por meio de uma análise mais detalhada dos resultados, essa é uma situação em que a interação é favorável para o melhorista. Isso porque, a maioria dos monoclonos tiveram média abaixo do CC, independentemente do tamanho do mesmo (Tabela 2). Assim, o CC aproveitou melhor o estímulo ambiental do que os monoclonos envolvidos. Esse fato é que colaborou para que sua contribuição para a interação fosse maior. Segundo Becker (1981), a Ecovalência mede a estabilidade agrônômica, isto é, o comportamento do genótipo acompanha a média do ambiente, e, portanto, se um determinado genótipo/clone responde melhor que os demais ao estímulo ambiental. Nesse caso, como o seu comportamento acompanha a média do ambiente, a sua contribuição para a interação é pequena, o que evidentemente não é o que os melhoristas almejam.

As estimativas de b , coeficiente de regressão linear dos clones pela metodologia de Eberhart e Russel (1966), em resposta a variação média do ambiente mostraram que para o CC

na maioria dos casos, inclusive nas simulações, foi em valor absoluto, superior a unidade (EBERHART E RUSSEL, 1966). Segundo as propriedades dessa metodologia, o genótipo ideal é aquele com coeficiente de regressão igual a unidade ($b=1$), isto é, acompanha a variação na média do ambiente. Portanto, essa metodologia também está de acordo com o conceito agrônomo de estabilidade. Contudo, o que se deseja, como já enfatizado é que o genótipo responda melhor ao estímulo ambiental do que os demais em avaliação, o que ocorreu com o CC (CRUZ et al., 2004). Considerando o composto de tamanho 5, o CC apresentou estimativa de b em uma direção diferente da maioria dos monoclonos envolvidos. Isso contribuiu para que a estimativa do coeficiente de determinação R^2 , fosse quase sempre de pequena magnitude. Ou seja, o CC não se ajustou bem a reta de regressão como os monoclonos, pelas razões já mencionadas, o que está de acordo com o que foi comentado para a Ecovalência.

Os melhoristas evidentemente não possuem condições de prever o que irá ocorrer, especialmente no cultivo de plantas perenes, nos anos seguintes após a recomendação de um clone por exemplo. Quando é realizada a avaliação dos clones em vários ambientes espera-se que as diferentes condições ambientais possam representar bem o que é esperado para os próximos anos. Se isso ocorrer, a estimativa do Índice de Confiança (IC), que estima o risco na escolha de um determinado genótipo (ANNICHIARICO, 1992) é fundamental para os melhoristas. As estimativas de IC para o CC foram todas superiores a 100% independentemente do tamanho do composto formado. Ao mesmo tempo a maioria dos monoclonos que constituíram o respectivo composto apresentaram IC inferior a 100% (Tabela 4). Mesmo nas estimativas de IC, quando se utilizou a simulação, em várias ocasiões ela foi superior a 100%. A porcentagem dos casos com IC maior que 100%, foi crescente com o incremento do número de clones no composto. Com 20 clones no CC, por exemplo, a porcentagem das mil simulações com IC acima de 100% foi superior a 74% (Tabela 20).

Resultado semelhante foi apontado pela metodologia de Nunes et al. (2005). O composto clonal apresentou risco zero de recomendação em praticamente todas as oportunidades, isso porque não houve estimativa inferior à média do valor padronizado (Z), em nenhum dos ambientes avaliados, exceto quando a seleção ocorreu nos Monoclonos com CC de tamanhos 15 e 20 (Tabela 18). É evidente que, com muitos clones no composto, é provável que estejam envolvidos clones bons e ruins. Como esses mesmos clones formam o composto, é possível que em determinados ambientes, alguns CC's apresentem desempenho abaixo da média padronizada. Essa metodologia permite uma análise gráfica que possibilita visualizar didaticamente o que acontece com o comportamento do CC, e comparar com os monoclonos individualmente. Os gráficos são conhecidos como “bola-cheia” ou “bola-murcha”, em razão

do formato que gera quando um clone é acima da média (Z) em todos os ambientes ou abaixo da média (Z) em alguns ambientes. Em praticamente todas as situações os compostos apresentaram comportamento “bola-cheia”. Na simulação com mil oportunidades, com um composto de tamanho 5, 75.1% dos sorteios indicaram comportamento “bola-cheia” para o CC. Com 20 clones, 98% dos compostos formados foram acima de média em todos os ambientes.

Um dos objetivos dessa pesquisa foi o de identificar o número ideal de clones que irão constituir o composto. A decisão não é muito fácil. Se for considerar a média do CC, por exemplo, quando se considerou a situação de clones selecionados no STP ou nos experimentos de Monoclones, quanto menor o número de clones no CC, maior a média (Tabela 2). Esse resultado era esperado considerando que sempre estarão presentes no CC os melhores clones.

Considerando que existe sempre a possibilidade futura de algum clone no CC não repetir o desempenho do passado, evidentemente, sua performance irá refletir na média do CC. Quanto menor o número de clones no composto maior a redução na média, e conseqüentemente no prejuízo. Com cinco clones no CC o efeito poderá afetar a média em até 20%. Já com 20 clones, a performance de apenas um clone sendo abaixo do esperado a redução seria de no máximo 5%. Nesse contexto o emprego do CC com dez clones é a melhor opção. A média do CC é alta, e o efeito abaixo do esperado no futuro de um clone não possuir bom desempenho tem redução de no máximo 10%.

Como já foi mencionado, os clones com baixa performance no futuro devem ser retirados nos próximos plantios, operação denominada de “purificação” do composto. Com dez clones no CC, a eliminação de um deles ainda deixa o composto com um bom número de clones.

Um outro fato que deve ser bem explorado com o emprego de CC é que a performance de cada clone pode ser observada nas diferentes regiões de cultivo. Se alguns deles se destacam, eles podem ser posteriormente recomendados como monoclonos. Nessa nova situação, com maior possibilidade de sucesso devido a ampliação dos ambientes que eles foram avaliados.

6 CONCLUSÕES

O modo de se identificar os clones que irão constituir o composto independe se oriundos de experimentos monoclonais ou de STP.

O emprego de composto clonal mostrou-se mais eficiente que o de monoclonos na mitigação dos efeitos da interação clones x ambientes.

Evidenciou-se, em muitas situações que a contribuição do composto clonal para a interação foi alta. Contudo, sempre associado a alta produtividade de madeira, indicando que os compostos clonais aproveitaram melhor as diferenças nos estímulos ambientais (dos diferentes locais) que a maioria dos monoclonos que entraram na sua composição.

As estimativas de risco na recomendação dos compostos clonais foram, na maioria das situações, inferior à dos diferentes monoclonos utilizados nas comparações.

Em princípio o composto clonal com dez clones mostrou-se bem efetivo em mitigar a interação.

REFERÊNCIAS

- ANDRADE, H. B. et al. Alternativas para atenuar a diferença de estande nos experimentos de avaliação de clones de *Eucalyptus urophylla*. **Revista Árvore**, v. 30, n. 1, p. 11-18, 2006.
- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding 1. **Crop science**, v. 4, n. 5, p. 503-508, 1964.
- ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Breeding**, v. 46, p. 269-269, 1992.
- ASSIS, T. F. Melhoria para produtividade e qualidade de celulose de fibra curta. In: RESENDE, M.D.V. (Ed.) **Workshop sobre Melhoria de Espécies Florestais e Palmáceas no Brasil**. Curitiba: Embrapa Florestas, 2001. p. 193-214.
- ASSIS, T. F.; MAFIA, R. G. Hibridação e Clonagem. In: BOREM, A. **Biotecnologia Florestal**. Viçosa, 2007. 387p.
- BECKER, H. C.; LEON, J. Stability analysis in plant breeding. **Plant breeding**, v. 101, n. 1, p. 1-23, 1988.
- BISON, O. **Melhoria de eucalipto visando à obtenção de clones para a indústria de celulose**. 2004. 169 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoria de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2004.
- BRUZI, A. T. et al. Homeostasis of common bean populations with different genetic structures. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 7, n. 2, p. 111-116, 2007.
- BOTELHO, F. B. S. et al. Multiline as a strategy to reduce damage caused by *Colletotrichum lindemuthianum* in common bean. **Journal of Phytopathology**, v. 159, n. 3, p. 175-180, 2011.
- BORÉM, A.; MIRANDA, V. M. **Melhoria de Plantas**. 6 ed. Viçosa, MG: UFV, 2013. 523 p.
- BOYDEN, S.; BINKLEY, D.; STAPE, J. L. Competition among Eucalyptus trees depends on genetic variation and resource supply. **Ecology**, v. 89, n. 10, p. 2850-2859, 2008.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoria genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. 480 p.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoria de plantas**. Viçosa: UFV, v. 2, 2003.
- COUTO, L.; MÜLLER, M. D. Florestas energéticas no Brasil. In: CORTEZ, L. A. B.; LORA, E. S.; GÓMEZ, E. O. **Biomassa para energia**. São Paulo: UNICAMP, 2008. 736p. Cap. 4, p. 93-111.

DE ASSIS, T. F.; ABAD, J. I. M.; AGUIAR, A. M. Melhoramento genético do eucalipto. **Informe Agropecuário**, v. 18, p. 32-51, 1996.

EBERHART, S.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties 1. **Crop science**, v. 6, n. 1, p. 36-40, 1966.

FERREIRA, M.; SANTOS, P. E. T. dos. Melhoramento genético florestal de *Eucalyptus* no Brasil: breve histórico e perspectivas. In: IUFRO Conference on Silviculture and Improvement of *Eucalyptus*, 1997, Salvador. **Proceedings...** Colombo: EMBRAPA - Centro Nacional de Pesquisa de Florestas, v. 1, p. 14-34, 1997.

FERREIRA, R. A. D. C. **Implicações do número de anos na recomendação de cultivares de feijoeiro**. 2014. 66 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2014.

FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. **Australian journal of agricultural research**, v. 14, n. 6, p. 742-754, 1963.

FORRESTER, D. I.; SMITH, R. G. B. Faster growth of *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus pilularis* in mixed-species stands than monocultures. **Forest ecology and management**, v. 286, p. 81-86, 2012.

GONÇALVES, F. M A. et al. Importância das interações cultivares x locais e cultivares x anos na avaliação de milho na safrinha. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 34, n. 7, p. 1175-1181, 1999.

IBÁ - Indústria Brasileira de Árvores. **Anuário Estatístico da Indústria Brasileira de Árvores: ano base 2014**. Brasília, DF: IBA, 2015. 97p.

KENENI, G. et al. Genetic vulnerability of modern crop cultivars: causes, mechanism and remedies. **International Journal of Plant Research**, v. 2, n. 3, p. 69-79, 2012.

LIN, C.; BINNS, M. R.; LEFKOVITCH, L. P. Stability Analysis: Where Do We Stand? 1. **Crop science**, v. 26, n. 5, p. 894-900, 1986.

LOUWAARS, N. P. Plant breeding and diversity: A troubled relationship? **Euphytica**, v. 214, n. 7, p. 114, 2018.

MARTINS, G. S. et al. Performance of *Eucalyptus* Clones in Auto and Allocompetition. **Silvae Genetica**, v. 63, n. 1-6, p. 9-14, 2014.

NUNES, J. A. R.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B. Graphical method in studies of adaptability and stability of cultivars. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v. 48, p. 182-183, 2005.

NUNES, G. H. de S.; REZENDE, G. D. S. P.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos. Implicações da interação genótipos x ambientes na seleção de clones de eucalipto. **Cerne**, v. 8, n. 1, p. 49-58, 2002.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A.; DOS SANTOS, P. S. J. Interações genótipos x épocas de sementeira, anos e locais na avaliação de cultivares de feijão nas regiões Sul e Alto Paranaíba em Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 22, n. 2, p. 176-181, 1998.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. 1.ed. Lavras: UFLA, 2012a. 522 p.

RESENDE, M. D. V. de. Melhoramento de espécies perenes. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 357-421.

REZENDE, G. D. S. P.; DE RESENDE, M. D. V.; DE ASSIS, T. F. Eucalyptus breeding for clonal forestry. In: **Challenges and Opportunities for the World's Forests in the 21st Century**. Springer, Dordrecht, 2014. p. 393-424.

REZENDE, G. D. S. P. et al. Clonal composites: An alternative to improve the sustainability of production in eucalypt forests. **Forest Ecology and Management**, v. 449, p. 117445, 2019.

ROCHA, R. B. et al. Avaliação do método centroide para estudo de adaptabilidade ao ambiente de clones de *Eucalyptus grandis*. **Ciência Florestal**, v. 15, n. 3, p. 255-266, 2005.

SANTOS, G. A. dos. **Interação genótipos x ambientes para produtividade de híbridos multi-espécies de eucalipto no Rio Grande do Sul**. 2012. 128 p. Tese (Doutorado em Ciências Florestais) – Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2012.

SILVA, P. H. M.; BARRICHELO, L. E. G., Progressos recentes na área florestal. In: PATERNIANI, E. (Ed.) **Ciência, agricultura e sociedade**. Brasília: Embrapa, 2006, p. 439-456.

SOARES, A. A. V. et al. Increasing stand structural heterogeneity reduces productivity in Brazilian Eucalyptus monoclonal stands. **Forest Ecology and Management**, v. 373, p. 26-32, 2016.

SOUZA, T. S. et al. Seleção de clones de eucalipto com maior estabilidade na produtividade em celulose. **Revista Árvore**, v. 44, e440103, 2020.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H.; DICKEY, D. A. **Principles and procedures of statistics: A biological approach**. McGraw-Hill, 1997.

TEAM, R. **Core. R: a language and environment for statistical computing**. Version 3.1.0. R Foundation for Statistical Computing, Vienna; 2015. 2018.

VAN EEUWIJK, Fred A.; BUSTOS-KORTS, Daniela V.; MALOSETTI, Marcos. What should students in plant breeding know about the statistical aspects of genotype× environment interactions?. **Crop Science**, v. 56, n. 5, p. 2119-2140, 2016.

VELLEND, M. The consequences of genetic diversity in competitive communities. **Ecology**, v. 87, n. 2, p. 304-311, 2006.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 416 p.

VENCOVSKY, R.; RAMALHO, M. A. P. Contribuição do melhoramento genético de plantas no Brasil. In: PATERNIANI, E. (ed.). **Agricultura brasileira e pesquisa agropecuária**. Brasília: EMBRAPA, 2000. p. 57-89.

_____. Contribuições do melhoramento genético no Brasil. **Ciência, Agricultura e Sociedade**, v. 1, p. 41-74, 2006.

YATES, F.; COCHRAN, WILLIAM G. The analysis of groups of experiments. **The Journal of Agricultural Science**, v. 28, n. 4, p. 556-580, 1938.

WRICKE, G. Zur Berechnung der Ökovalenz bei Sommerweizen und Hafe R. **Zeitschrift für Pflanzenzüchtung**, v. 52, p. 127-138, 1964.

APÊNDICE

```

# Data: 12/12/2019
# Desenvolvedor: Vinícius Quintão Carneiro
# Local: Universidade Federal de Lavras - UFLA
# Auxílio: Ana Flávia
# Procedimento: Análise Conjunta
# Editado em 28/02/2020
# Editado em 29/02/2020
# Limpar variáveis
rm(list=ls());list()
rm(list=ls());ls()
# Pacotes
#install.packages('splancs')
#install.packages('fmsb')
# Diretório
getwd()
#diretorio<-'C:\\UFLA\\PARCERIAS\\Ana_Flavia'
diretorio<-'G:\\Meu Drive\\UFLA\\PARCERIAS\\Ana_Flavia'
setwd(diretorio)
getwd()
list.files(diretorio,full.names = TRUE)
source(file = "annichiarico_funcao_nova.R")
source(file = "rikBCBM.txt")
source(file = 'wricke_funcao.R')
source(file = 'EeR_funcao.R')
# leitura dos dados
# Monoclone
dados <- read.table(file = "dados_monoclone.txt", header = FALSE, sep = ' ', dec = '.')
dados
nl <-dim(dados)[1]
nc <-dim(dados)[2]
n_amb<-nc-1
n_amb
n_gen<-nl
n_gen
n_rep<-30
n_rep
medias_ambientes_mono<-colMeans((dados[,2:nc]))
# Leitura de dados
# Composto clonal
dados_cc <- read.table(file = "dados_cc.txt", header = FALSE, sep = ' ', dec = '.')
dim(dados_cc)
medias_ambientes_cc<-colMeans((dados_cc[,2:nc]))
# Parâmetros ANOVA
QMR = 425.10
#Parametros annichiarico
valor_z<-0.6745
# Gerador de sequência

```

```

contador_sig_GA = 0
contador_sig_G = 0
contador_ns_GA_sig_G = 0
contador_max_cc<-0
contador_comparacao_mono_cc_medias<-0
contador_min_wricke_cc<-0
contador_EeR_r2_b1<-0
contador_EeR_r2<-0
contador_EeR_b1<-0
contador_ann_100<-0
contador_bola_cheia<-0
# Parâmetros da simulação
n_gen_sel<-5 # Número de clones selecionados (5, 10, 15, 20)
n_gen_analisados<-n_gen_sel+1
n_simulacoes<-1000
matriz_correlacoes_media_wricke<-matrix(0,n_simulacoes,1)
sequencia<- seq(1,n_gen_analisados,1)
coluna_posicoes<-matrix(t(sequencia),n_gen_analisados,1)
coluna_freq<-matrix(0,n_gen_analisados,1)
matriz_freq_clones<-cbind(coluna_posicoes,coluna_freq)
colnames(matriz_freq_clones)<-c('Posicoes','Percentual')
matriz_freq_clones
matriz_freq_clones_ann<-matriz_freq_clones
# Simulação
for (i in 1:n_simulacoes) {
tratamentos <- seq(1,n_gen,1)
tratamentos
trat_sel<-sample(tratamentos,size = n_gen_sel,replace = FALSE)
trat_sel<-sort(trat_sel)
#Amostragem dos tratamentos do monoclonal
dados_sel<-dados[trat_sel,]
print('Iteração')
print(i)
#print(dados_sel)
#Amostragem dos tratamentos do composto clonal
dados_sel_cc<-dados_cc[trat_sel,]
#print(dados_sel_cc)
#print(dim(dados_sel_cc))
cc <- colMeans(dados_sel_cc[,2:nc])
#print(cc)
id_cc = n_gen+1
vetor_cc<-c(id_cc,cc)
#print(vetor_cc)
dados_sel<-rbind(dados_sel,vetor_cc)
print('-----')
print('DADOS')
print('-----')
print(dados_sel)
print('-----')
print('MÉDIAS DOS CLONES')

```

```

print('-----')
medias_clones<-as.matrix(rowMeans(dados_sel[,2:nc]))
medias_clones<-cbind(dados_sel[,1],medias_clones)
colnames(medias_clones)<-c('Clones', 'Médias')
print(medias_clones)
medias_clones_ordenada<-medias_clones[order(medias_clones[,2], decreasing=TRUE),]
posicao_media_cc<-which(medias_clones_ordenada == 61)
matriz_freq_clones[posicao_media_cc,2]<-matriz_freq_clones[posicao_media_cc,2]+1
print('-----')
print('MÉDIAS DOS CLONES RANK')
print('-----')
print(medias_clones_ordenada)

medias_monoclonos<-mean(medias_clones[1:n_gen_sel,2])
medias_mono_cc_comparacao<-
as.matrix(c(medias_monoclonos,medias_clones[n_gen_analisados,2]))
rownames(medias_mono_cc_comparacao)<-c('Monoclone', 'Composto Clonal')
colnames(medias_mono_cc_comparacao)<-c('Médias')
print('-----')
print('COMPARAÇÃO DE MÉDIAS ENTRE MONOCLONE E COMPOSTO CLONAL')
print('-----')
print(medias_mono_cc_comparacao)
if(medias_mono_cc_comparacao[1,1]<medias_mono_cc_comparacao[2,1]){contador_compa
racao_mono_cc_medias<- contador_comparacao_mono_cc_medias+1}

# ANOVA CONJUNTA MÉDIAS
# Total
total_geral<-sum(dados_sel[,2:nc])
#print(total_geral)

#Genótipo
total_genotipos<-rowSums(dados_sel[,2:nc])
soma_quad_total_gen<-sum(total_genotipos**2)
#print(soma_quad_total_gen)
QMG<-(n_rep/(n_amb*(n_gen_analisados-1)))*(soma_quad_total_gen-
((total_geral**2)/n_gen_analisados))
print('-----')
print('ANOVA CONJUNTA')
print('-----')
print('QMG')
print(QMG)

#Ambiente
total_ambientes<-colSums(dados_sel[,2:nc])
soma_quad_total_amb<-sum(total_ambientes**2)
#print(soma_quad_total_amb)
QMA<-(n_rep/(n_gen_analisados*(n_amb-1)))*(soma_quad_total_amb-
((total_geral**2)/n_amb))
print('QMA')
print(QMA)

```

```

#G,A
soma_quad_gxa<-sum(dados_sel[,2:nc]**2)
#print(soma_quad_gxa)
QMG_A<-(n_rep/(n_gen_analisados*n_amb-1))*(soma_quad_gxa-
((total_geral**2)/(n_amb*n_gen_analisados)))
#print(QMG_A)

#QMGA
SQGA = QMG_A*(n_gen_analisados*n_amb-1) - QMG*(n_gen_analisados-1) -
QMA*(n_amb-1)
QMGA = SQGA/((n_gen_analisados-1)*(n_amb-1))
print('QMGA')
print(QMGA)

F_GA = QMGA/QMR
#print(F_GA)
p_valor_GA = pf(q=F_GA,df1 = (n_gen_analisados-1)*(n_amb-1), df2 = (n_amb*(n_rep-
1)*(n_gen_analisados-1)),lower.tail = FALSE)
print('p-valor Interacao')
print(p_valor_GA)

F_G = QMG/QMR
#print(F_G)
p_valor_G = pf(q=F_G,df1 = (n_gen_analisados-1), df2 = (n_amb*(n_rep-
1)*(n_gen_analisados-1)),lower.tail = FALSE)
print('p-valor Genotipo')
print(p_valor_G)

# Métodos de Adaptabilidade e Estabilidade
if (p_valor_GA<0.05){
contador_sig_GA = contador_sig_GA + 1

#Annichiarico
resultados_annichiarico<-
adaptabilidade_annichiarico(dados_sel[1:n_gen_analisados,],valor_z)
print('-----')
print('Resultado Annichiarico')
print('-----')
colnames(resultados_annichiarico)<-c('Clones','Annichiarico')
print(resultados_annichiarico)

resultados_annichiarico_ordenado<-
resultados_annichiarico[order(resultados_annichiarico[,2], decreasing=TRUE),]
posicao_annichiarico_cc<-which(resultados_annichiarico_ordenado == 61)
matriz_freq_clones_ann[posicao_annichiarico_cc,2]<-
matriz_freq_clones_ann[posicao_annichiarico_cc,2]+1
print('-----')
print('ANNICHARIICO DOS CLONES RANK')
print('-----')

```

```

print(resultados_annichiarico_ordenado)

  if(resultados_annichiarico[n_gen_analisados,2]>=100){ contador_ann_100<-
contador_ann_100+1 } else{ }

# Bola Cheia
resultados_bola_cheia <- rikBCBM(dados_sel)
resultados_bola_cheia<-cbind(dados_sel[,1],resultados_bola_cheia)
colnames(resultados_bola_cheia)[1]<-'Clones'
print('-----')
print('Resultado Bola Cheia')
print('-----')
print(resultados_bola_cheia)
if
(resultados_bola_cheia$Área[n_gen_analisados]>resultados_bola_cheia$Área.Med[n_gen_an
alisados]){
  contador_bola_cheia<-contador_bola_cheia+1 } else{ }

# Wricke
resultados_wricke<-estabilidade_wricke(dados_sel)
print('-----')
print('Resultado Wricke')
print('-----')
print(resultados_wricke)
nl_wricke<-dim(resultados_wricke)[1]
nc_wricke<-dim(resultados_wricke)[2]

matriz_media_wricke<-cbind(medias_clones,resultados_wricke[,nc_wricke])
colnames(matriz_media_wricke)[3]<-c('Ecovalencia(%)')
print('-----')
print('Matriz de Média Geral e Ecovalência(%)')
print('-----')
print(matriz_media_wricke)

matriz_correlacoes_media_wricke[i]<-
cor(matriz_media_wricke[,2],matriz_media_wricke[,3])
print('-----')
print('Correlação entre Média e Ecovalência (%)')
print('-----')
print(matriz_correlacoes_media_wricke[i])

if (min(resultados_wricke[,nc_wricke])==resultados_wricke[nl_wricke,nc_wricke]){
  contador_min_wricke_cc<-contador_min_wricke_cc+1 } else{ }

# Eberhart e Russell

```

```

resultados_EeR<-eberhart_russell(dados_sel,QMR,(n_amb*(n_rep-1)*(n_gen_analisados-
1)))
print('-----')
print('Resultado Eberhart e Russell')
print('-----')
print(resultados_EeR)

if(max(resultados_EeR[,2])==resultados_EeR[n_gen_analisados,2]&&max(resultados_EeR[,
4])==resultados_EeR[n_gen_analisados,4]){
contador_EeR_r2_b1<-contador_EeR_r2_b1+1 } else if
(max(resultados_EeR[,2])==resultados_EeR[n_gen_analisados,2]){ contador_EeR_r2<-
contador_EeR_r2+1 } else if
(max(resultados_EeR[,4])==resultados_EeR[n_gen_analisados,4]){
contador_EeR_b1<-contador_EeR_b1+1 } else{ }}

if (p_valor_G<0.05){contador_sig_G = contador_sig_G + 1}

if (p_valor_GA>=0.05 && p_valor_G<0.05){
contador_ns_GA_sig_G = contador_ns_GA_sig_G + 1
medias_genotipos<-rowSums(dados_sel[,2:nc])
print('-----')
print('Médias Genótipos')
print('-----')
print(medias_genotipos)

if (max(medias_genotipos)==medias_genotipos[n_gen_analisados]){
#print(medias_genotipos[n_gen_analisados])
contador_max_cc<-contador_max_cc+1 } else{
#print(max(medias_genotipos))}

}

print('-----')

}

percentual_cc_melhor_mono<- (contador_comparacao_mono_cc_medias/n_simulacoes)*100
print('Percentual de Simulações com Média do Composto Clonal Melhor que a média das
médias do monoclonal')
percentual_cc_melhor_mono

percentual_sig_GA <- (contador_sig_GA/n_simulacoes)*100
print('Percentual de Simulações com Interação GxA significativa')
percentual_sig_GA

```

```

percentual_sig_G<-(contador_sig_G/n_simulacoes)*100
print('Percentual de Simulações com Efeito de Genótipo Significativo')
percentual_sig_G

contador_ns_GA_sig_G<-(contador_ns_GA_sig_G/n_simulacoes)*100
print('Percentual de Simulações com Interação GxA não siginificativo e Efeito de Genótipo Significativo')
contador_ns_GA_sig_G

contador_max_cc<-(contador_max_cc/n_simulacoes)*100
print('Percentual de Vezes Que O Composto Clonal Foi Melhor Que Os Demais Clones Em Média')
contador_max_cc

contador_min_wricke_cc<-(contador_min_wricke_cc/n_simulacoes)*100
print('Percentual de Vezes Que O Composto Clonal Contribuiu Menos Para a Interação GxA Pela Ecovalência')
contador_min_wricke_cc

#print('Correlações entre Média e Ecovalência(%) dos Clones')
#matriz_correlacoes_media_wricke

print('correlação média entre Média e Ecovalência(%) dos Clones')
media_correlacoes_media_wricke<-mean(matriz_correlacoes_media_wricke)
print(media_correlacoes_media_wricke)

contador_EeR_r2_b1<-(contador_EeR_r2_b1/n_simulacoes)*100
print('Percentual de Vezes Que O Composto Clonal foi o melhor pelo Eberhart e Russell pelo R2 e B1')
print(contador_EeR_r2_b1)

contador_EeR_r2<-(contador_EeR_r2/n_simulacoes)*100
print('Percentual de Vezes Que O Composto Clonal foi o melhor pelo Eberhart e Russell pelo R2')
print(contador_EeR_r2)

contador_EeR_b1<-(contador_EeR_b1/n_simulacoes)*100
print('Percentual de Vezes Que O Composto Clonal foi o melhor pelo Eberhart e Russell pelo B1')
print(contador_EeR_b1)

#print(matriz_freq_clones)
matriz_freq_clones[,2]<-(matriz_freq_clones[,2]/n_simulacoes)*100
print('Matriz de Porcentagem de Vezes Que o Composto Clonal Ficou Rankeado em Relação à Média')
print(matriz_freq_clones)

#matriz_freq_clones_ann
matriz_freq_clones_ann[,2]<-(matriz_freq_clones_ann[,2]/n_simulacoes)*100

```

```
print('Matriz de Porcentagem de Vezes Que o Composto Clonal Ficou Rankeado em Relação
ao Annichiarico')
print(matriz_freq_clones_ann)
```

```
contador_ann_100_perc<-(contador_ann_100/n_simulacoes)*100
print('Percentual de Vezes Que O Índice de Confiança (Annichiarico) do Composto Clonal foi
maior que 100')
print(contador_ann_100_perc)
```

```
contador_bola_cheia_perc<-(contador_bola_cheia/n_simulacoes)*100
print('Percentual de vezes Que a área do Bola Cheia do Composto Clonal foi maior que a área
média')
print(contador_bola_cheia_perc)
```

Tabela 1A: Correlação entre plantio monoclonal e composto clonal para ARA:

Clones	MC	CC	Soma
7	35,12	50,94	86,06
11	41,18	47,96	89,14
47	39,29	49,28	88,57
24	32	36,28	68,28
18	37,89	51,71	89,6
8	37,3	42,31	79,61
59	37,98	51,79	89,77
30	39,06	40,55	79,61
13	37,68	37,49	75,17
20	35,9	42,8	78,7
25	36,36	27,12	63,48
16	35,77	38,65	74,42
12	39,05	48	87,05
14	31,03	33,3	64,33
2	31,98	42,89	74,87
1	34,66	30,23	64,89
4	40,94	32,42	73,36
36	26,38	29,93	56,31
9	35,57	24,67	60,24
6	31,6	26,94	58,54
22	32,29	32,17	64,46
56	36,07	43,17	79,24
17	39,17	35,54	74,71
19	30,26	23,79	54,05
57	30,09	35,86	65,95
21	30,88	30,18	61,06
60	30,36	28,85	59,21
46	30,92	25,63	56,55
15	33,79	29,88	63,67

48	29,06	32,9	61,96
10	26,45	21,71	48,16
23	35,9	37,8	73,7
52	26,55	18,19	44,74
43	25,32	12,44	37,76
39	33,05	22,45	55,5
55	29,41	32,11	61,52
35	24,9	14,83	39,73
27	18,52	21,07	39,59
31	25,91	23,27	49,18
42	31,52	34,99	66,51
26	24,82	18,34	43,16
5	34,4	44,69	79,09
51	27,04	17,79	44,83
37	28,24	28,76	57
58	30,41	12,97	43,38
3	30,2	30,43	60,63
54	31,25	35,34	66,59
38	19,76	16,68	36,44
33	22,88	26,42	49,3
40	21,63	17,4	39,03
44	29,82	20,39	50,21
53	20,74	12,38	33,12
45	31,63	26,06	57,69
32	19,96	17,29	37,25
29	24,26	31,9	56,16
50	16,38	10,27	26,65
49	24,55	28,97	53,52
41	25,77	31,15	56,92
34	13,73	5,47	19,2
28	13,71	11,32	25,03

V1 (mono)	V2 (cc)	V1+V2	COV	CORRELAÇÃO
44,5070	129,6812	295,4322	59,6116	0.7979

Tabela 2A: Correlação entre plantio monoclonal e composto clonal para BA:

Clones	MC	CC	Soma
7	57,82	76,61	134,43
11	68,48	67,64	136,12
47	49,88	72,23	122,11
24	55,61	55,94	111,55
18	60,28	66,14	126,42
8	62,66	66,96	129,62
59	73,1	88,11	161,21

30	60,1	61,76	121,86
13	52,68	63,93	116,61
20	53,07	67,69	120,76
25	54,58	42,63	97,21
16	60,86	70,14	131
12	61,33	90,57	151,9
14	57,07	72,93	130
2	58,59	79,43	138,02
1	57,99	55,24	113,23
4	57,41	68,74	126,15
36	42,04	41,85	83,89
9	61,07	71,68	132,75
6	58,74	63,8	122,54
22	50,65	45,94	96,59
56	59,82	68,81	128,63
17	53,87	63,02	116,89
19	51,59	41,58	93,17
57	46,19	50,44	96,63
21	50,45	74,17	124,62
60	50,11	49,21	99,32
46	42,22	49,52	91,74
15	64,65	63,8	128,45
48	45,73	46,97	92,7
10	40,45	31,66	72,11
23	53,84	56,32	110,16
52	32,48	22,48	54,96
43	35,79	40,87	76,66
39	53,35	38,03	91,38
55	41,23	37,11	78,34
35	35,3	29,27	64,57
27	24,08	40,1	64,18
31	43,28	49,65	92,93
42	54,51	62,19	116,7
26	41,41	26,71	68,12
5	52,67	59,94	112,61
51	42,73	60,6	103,33
37	40,89	50,47	91,36
58	37,35	36,9	74,25
3	55,54	76,83	132,37
54	45,61	51,79	97,4
38	35,72	26,28	62
33	38,9	48,52	87,42
40	33	38,8	71,8
44	48,62	47,01	95,63
53	25,01	18,81	43,82
45	46,97	41,87	88,84

32	25,23	27,03	52,26
29	36,93	40,8	77,73
50	20,59	19,65	40,24
49	35,03	38,31	73,34
41	34,22	25,27	59,49
34	24,66	20,87	45,53
28	15,11	16,37	31,48

V1 (mono)	V2 (cc)	V1+V2	COV	CORRELAÇÃO
158,9334012	338,011039	894,8416037	195,6327721	0,85835673

Tabela 3A: Correlação entre plantio monoclonal e composto clonal para VL:

Clones	MC	CC	Soma
7	70,97	81,75	152,72
11	52,83	90,14	142,97
47	54,4	86,07	140,47
24	55,06	80,52	135,58
18	70,17	71,4	141,57
8	59,84	69,11	128,95
59	48,65	50,52	99,17
30	61,01	101,46	162,47
13	55,07	52,55	107,62
20	49,82	68,36	118,18
25	56,58	60,51	117,09
16	54,56	65,84	120,4
12	43,89	44,69	88,58
14	61,3	54,04	115,34
2	56,87	74,66	131,53
1	56,54	84,49	141,03
4	54,28	73,08	127,36
36	56,06	67,85	123,91
9	47,56	66,25	113,81
6	44,29	45,62	89,91
22	50,18	90,45	140,63
56	46	74,46	120,46
17	46,85	52,44	99,29
19	50,72	57,51	108,23
57	48,56	60,53	109,09
21	59,19	91,98	151,17
60	41,52	70,98	112,5
46	52,25	85,68	137,93
15	50,58	57,47	108,05
48	46,1	54,75	100,85

10	52,14	73,39	125,53
23	44,86	59,95	104,81
52	51,08	53,61	104,69
43	55,65	49,08	104,73
39	39,64	50,52	90,16
55	39,78	70,63	110,41
35	45,1	62	107,1
27	46,58	77,36	123,94
31	46,71	33,95	80,66
42	52,94	61,27	114,21
26	46,33	78,4	124,73
5	35,87	61,03	96,9
51	46,25	47,77	94,02
37	40,24	51,93	92,17
58	66,58	47,62	114,2
3	48,76	60,37	109,13
54	39,17	41,09	80,26
38	45,8	68,73	114,53
33	42,72	56,23	98,95
40	47,3	61,07	108,37
44	40,29	58,94	99,23
53	45,43	38,21	83,64
45	37,01	45,4	82,41
32	51,64	57,68	109,32
29	34,92	58,61	93,53
50	45,17	43,22	88,39
49	35,21	36,75	71,96
41	36,37	28,93	65,3
34	37,6	39,3	76,9
28	45,02	70,18	115,2

V1 (mono)	V2 (cc)	V1+V2	COV	CORRELAÇÃO
67,05720124	248,9747118	442,6186007	62,23845478	0,489843906

Tabela 4A: Correlação entre plantio monoclonal e composto clonal para CU:

Clones	MC	CC	Soma
7	62,35	93,39	155,74
11	62,46	87,49	149,95
47	68,04	89,83	157,87
24	59,43	88,3	147,73
18	55,79	65,27	121,06
8	58,58	81,4	139,98
59	64,04	77,82	141,86

30	43,35	58,28	101,63
13	54,06	64,05	118,11
20	58,37	52,34	110,71
25	57,85	35,52	93,37
16	54,3	55,04	109,34
12	58,73	44,36	103,09
14	60,28	50,06	110,34
2	49,66	111,72	161,38
1	36,89	38,03	74,92
4	35,65	54,29	89,94
36	58	43,54	101,54
9	60,57	46,55	107,12
6	50,21	44,38	94,59
22	57,08	86,21	143,29
56	50,05	60,91	110,96
17	50,11	56,66	106,77
19	55,1	48,86	103,96
57	48,03	52,66	100,69
21	51,15	70,69	121,84
60	51,67	61,49	113,16
46	49,88	39,55	89,43
15	57,13	48,03	105,16
48	48,5	64,82	113,32
10	59,52	68,71	128,23
23	62,27	86,5	148,77
52	47,05	52,61	99,66
43	50,45	52,64	103,09
39	54,01	32,8	86,81
55	50,61	70,07	120,68
35	55,47	71,04	126,51
27	61,57	92,04	153,61
31	53,64	31,94	85,58
42	45,19	22,02	67,21
26	46,9	42,25	89,15
5	31,88	20,83	52,71
51	39,06	26,84	65,9
37	54,04	58,76	112,8
58	36,71	30,54	67,25
3	46,78	46	92,78
54	41,47	37,63	79,1
38	52,53	57,66	110,19
33	45,38	47,54	92,92
40	50,86	67,59	118,45
44	39,52	46,05	85,57
53	48,28	51,24	99,52
45	37,15	16,79	53,94

32	46,01	39,61	85,62
29	31,15	12,12	43,27
50	36,34	16,54	52,88
49	44,64	48,42	93,06
41	41,34	21,92	63,26
34	36,92	26,34	63,26
28	32,85	28,42	61,27

V1 (mono)	V2 (cc)	V1+V2	COV	CORRELAÇÃO
80,38785254	481,8618373	834,6676898	133,93885	0,692068886

Tabela 5A: Correlação entre plantio monoclonal e composto clonal para ES:

Clones	MC	CC	Soma
7	49,42	33,21	82,63
11	38,15	47,85	86
47	47,95	52,7	100,65
24	43,99	48	91,99
18	37,42	31,43	68,85
8	43,24	48,74	91,98
59	39,94	47,45	87,39
30	38,74	38,55	77,29
13	35,9	37,74	73,64
20	42,24	38,37	80,61
25	43,72	45,94	89,66
16	37,31	43,3	80,61
12	48,52	38,99	87,51
14	43,83	30,57	74,4
2	46,69	48,71	95,4
1	64,34	34,53	98,87
4	35,78	35,82	71,6
36	45,59	36,93	82,52
9	46,09	46,91	93
6	56,97	43,07	100,04
22	29,14	36,36	65,5
56	43,91	36,79	80,7
17	38,95	39,97	78,92
19	44,4	46,56	90,96
57	39,49	45,99	85,48
21	32,42	40,79	73,21
60	36,74	34,29	71,03
46	36,65	42,54	79,19
15	42,37	44,21	86,58
48	42,72	40,45	83,17
10	42,04	46,51	88,55

23	32,3	41,57	73,87
52	46,02	31,34	77,36
43	45,24	45,61	90,85
39	40,28	45,16	85,44
55	40,14	47,88	88,02
35	46,82	45,94	92,76
27	53,92	44,98	98,9
31	36,83	38,27	75,1
42	36,94	39,79	76,73
26	30,47	39,56	70,03
5	32,46	29,94	62,4
51	41,23	39,86	81,09
37	36,22	41,63	77,85
58	43,27	41,17	84,44
3	44,7	48,99	93,69
54	33,34	35,05	68,39
38	33,39	41,17	74,56
33	35,67	34,23	69,9
40	39,47	41,25	80,72
44	28,81	47,61	76,42
53	36,63	38,36	74,99
45	30,04	39	69,04
32	28,89	36,59	65,48
29	25,87	36,27	62,14
50	36,49	39,43	75,92
49	33,2	31,16	64,36
41	30,32	32,08	62,4
34	29,96	30,25	60,21
28	29,41	43,24	72,65

V1 (mono)	V2 (cc)	V1+V2	COV	CORRELAÇÃO
53,89775082	32,24835692	108,9132707	11,19385514	0,273048506

Tabela 6A: Correlação entre plantio monoclonal e composto clonal para CBO:

Clones	MC	CC	Soma
7	88,64	115,26	203,9
11	80,33	93,52	173,85
47	78,95	71,79	150,74
24	87,95	90,63	178,58
18	69,74	82,96	152,7
8	67,97	65,47	133,44
59	65,55	68,83	134,38
30	86,43	97,84	184,27
13	88,57	98,18	186,75

20	80,08	91,72	171,8
25	69,73	73,3	143,03
16	72,74	77,16	149,9
12	63	45,04	108,04
14	60,72	57,73	118,45
2	69,99	82,64	152,63
1	57,41	68,5	125,91
4	80,18	83,42	163,6
36	73,28	70,55	143,83
9	50,3	74,65	124,95
6	58,4	65,77	124,17
22	79,84	86,47	166,31
56	63,36	66,97	130,33
17	65,46	58,73	124,19
19	56,88	64,41	121,29
57	70,7	79,6	150,3
21	58,32	83,06	141,38
60	71,83	89,2	161,03
46	70,19	76,78	146,97
15	33,02	37,87	70,89
48	64,09	59,45	123,54
10	55,22	67,23	122,45
23	46,61	42,67	89,28
52	72,21	69,43	141,64
43	62,64	76,46	139,1
39	53,52	57,03	110,55
55	71,78	81,66	153,44
35	61,7	49,57	111,27
27	60,07	85,28	145,35
31	53,49	47,72	101,21
42	38	41,5	79,5
26	66,86	78,84	145,7
5	67,69	67,07	134,76
51	57,98	54,75	112,73
37	53,33	64,3	117,63
58	37,84	29,64	67,48
3	24,75	18,42	43,17
54	59,5	56,66	116,16
38	61,21	74,25	135,46
33	55,15	60,95	116,1
40	45,69	48,32	94,01
44	46,85	39,41	86,26
53	45,71	34,54	80,25
45	37,91	51,1	89,01
32	46,76	50,78	97,54
29	62,45	76,02	138,47

50	57,93	60,54	118,47
49	39,67	32,17	71,84
41	43,42	44,29	87,71
34	51	42,87	93,87
28	50,65	59,04	109,69

V1 (mono)	V2 (cc)	V1+V2	COV	CORRELAÇÃO
204,9807012	373,8180525	1064,523825	238,8148266	0,877352064