



GABRIELA BRIGATTI CHAVES

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR AMBIENTES EM CLONES
DE *Eucalyptus spp.* NA TRANSIÇÃO ENTRE OS BIOMAS
CERRADO E AMAZÔNIA**

**LAVRAS-MG
2021**

GABRIELA BRIGATTI CHAVES

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR AMBIENTES EM CLONES DE *Eucalyptus spp.*
NA TRANSIÇÃO ENTRE OS BIOMAS CERRADO E AMAZÔNIA**

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

Prof. Dr. Evandro Novaes
Orientador

Dra. Aline Cristina Miranda Fernandes
Coorientadora

**LAVRAS-MG
2021**

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

Chaves, Gabriela Brigatti.

Interação genótipos por ambientes em clones de *Eucalyptus*
spp. na transição entre os biomas Cerrado e Amazônia / Gabriela
Brigatti Chaves. - 2021.

56 p.

Orientador(a): Evandro Novaes.

Coorientador(a): Aline Cristina Miranda Fernandes.

Dissertação (mestrado profissional) - Universidade Federal de
Lavras, 2021.

Bibliografia.

1. GGE biplot. 2. Interação GxA. 3. eucalipto. I. Novaes,
Evandro. II. Fernandes, Aline Cristina Miranda. III. Título.

GABRIELA BRIGATTI CHAVES

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR AMBIENTES EM CLONES DE *Eucalyptus spp.*
NA TRANSIÇÃO ENTRE OS BIOMAS CERRADO E AMAZÔNIA**

**GENOTYPE BY ENVIRONMENT INTERACTION OF *Eucalyptus spp.* CLONES
IN THE REGION BETWEEN CERRADO AND AMAZON BIOMES**

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

APROVADA em 26 de agosto de 2021.

Prof. Dr. Tiago de Souza Marçal UFLA
Dr. Aurélio Mendes Aguiar Suzano S.A.

Prof. Dr. Evandro Novaes
Orientador

Dra. Aline Cristina Miranda Fernandes
Coorientadora

**LAVRAS, MG
2021**

Dedico às pessoas mais importantes da
minha vida, pelo amor incondicional:
Raul, Rosiley, Guilherme e Kevin.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente agradeço aos meus pais Raul e Rosiley pelo suporte, por me encorajarem sempre e por serem minhas maiores inspirações. Ao meu irmão Guilherme pelo amor, amizade e parceria. À toda minha família pelo carinho e compreensão. Tenho muita sorte de ter o apoio de vocês na minha caminhada.

Ao Kevin pelo amor, companheirismo e carinho. Thank you for being so understanding, supportive, and for always being by my side.

À minha inseparável amiguinha Amanda Vergani pela parceria, risadas, conversas e amizade incondicional. Obrigada por tudo, não teria conseguido sem você!

À Suzano pela oportunidade de realizar esse trabalho, suporte e acolhimento, em especial Leandro, Donizete e Izabel. Aos colegas da Gerência de Genética e Melhoramento Florestal, principalmente às minhas grandes amigas Carol e Isa que alegram meus dias.

Aos colegas Aline e Aurélio pelas contribuições no trabalho, ensinamentos e conhecimentos transmitidos durante essa fase.

À Universidade Federal de Lavras, particularmente ao Departamento de Biologia, ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, e aos professores do mestrado profissional.

Ao Professor Evandro Novaes pelas sugestões, paciência e orientação no desenvolvimento desse trabalho.

Aos meus colegas do mestrado profissional pelos aprendizados e por tornarem essa jornada mais divertida.

Muito obrigada!

RESUMO

O eucalipto (*Eucalyptus* spp.) é atualmente o gênero florestal mais plantado no Brasil. O aumento da produtividade do eucalipto se deu em virtude principalmente da obtenção de genótipos superiores através do melhoramento genético, desenvolvimento da clonagem e melhorias no manejo. A interação de genótipos com ambientes (GxA) é um grande desafio para os melhoristas, pois torna imprevisível o comportamento dos genótipos em diferentes ambientes, dificultando a seleção e recomendação de materiais genéticos superiores. O objetivo desse trabalho foi estimar os efeitos da interação GxA, estabilidade, adaptabilidade e parâmetros genéticos de 50 clones avaliados em uma rede com 8 testes clonais na região de fronteira dos estados do Maranhão, Pará e Tocantins. Os ensaios foram implantados nos anos de 2016 e 2017 seguindo o delineamento de blocos completos casualizados com seis repetições, 80 tratamentos (clones) e parcelas lineares de cinco plantas. Foram utilizados dados de incremento médio anual (IMA, $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$) aos 3 anos de idade e por meio da metodologia de modelos mistos via procedimento REML/BLUP foram realizadas as análises individuais (por experimento) e conjuntas (todos experimentos) para estimar os efeitos genotípicos, ambientais e de interação GxA. A partir dessas estimativas, foram realizadas análises de adaptabilidade, estabilidade e estratificação ambiental por meio do método GGE biplot. O efeito genotípico contribuiu com 37,5% da variância observada e o efeito da interação GxA com 33,0%, na análise conjunta. Decompondo a interação, foi possível observar que houve predominância da interação de natureza complexa (61,4%), indicando a seleção de materiais genéticos superiores específicos para cada ambiente como uma melhor estratégia para capitalizar os ganhos com a seleção. A produtividade encontrada nos experimentos localizados no bioma Amazônia foi maior que do Cerrado. Foi observado grande potencial de ganho com seleção em todos os ambientes. Em todas as análises realizadas os genótipos G34 e G05 se mostraram superiores, mas também foi possível identificar clones específicos para alguns ambientes.

Palavras chave: Eucalipto, GGE Biplot, Interação GxA, Estabilidade, Adaptabilidade

ABSTRACT

Eucalypts (*Eucalyptus* spp.) is currently the most planted forest genus in Brazil. The increase in *Eucalyptus* productivity is mainly due to the selection of superior genotypes through genetic improvement and silviculture. The genotype x environment (GxE) interaction is a significant challenge for tree improvement programs, as it makes the growth of genotypes in different environments unpredictable and the selection and deployment of superior genetic materials difficult. The objective of this work was to estimate the effects of GxE interaction, stability, adaptability, and genetic parameters of 50 clones evaluated in a network consisting of eight clonal trials established in Maranhão, Pará and Tocantins states in Brazil. The trials were planted in 2016 and 2017 in a randomized complete block design with six replicates, 80 treatments (clones) and linear plots of five plants. The analyzed variable was three years-old mean annual increment (MAI, $\text{m}^3.\text{ha}^{-1}.\text{year}^{-1}$). Using mixed model methodology via REML/BLUP procedure, individual (per experiment) and joint analysis (of all experiments) were performed to estimate genotypic, environmental and GxE interaction effects. From these estimates, adaptability, stability and environmental stratification analysis were performed using the GGE biplot method. The genotypic effect contributed with 37.5% of the observed variance and the effect of the GxE interaction with 33.0%, in the joint analysis. Decomposing the interaction, it was possible to observe a predominance of complex interaction (61.4%), indicating the selection of superior genetic materials specific for each environment as a better strategy to capitalize gains with selection. Trials planted in the Amazon biome presented higher productivity. It was observed great potential for gain with selection in all environments, with genotypes G34 and G05 being superior. However, it was also possible to identify specific clones.

Keywords: *Eucalyptus*, GGE Biplot, GxE interaction, stability, adaptability

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Descrição geográfica e edáfica dos sítios experimentais.....	21
Tabela 2 – Descrição climática dos sítios experimentais.	22
Tabela 3 – Descrição dos genótipos avaliados.	23
Tabela 4 – Resumo dos resultados médios obtidos nos oito ensaios com 50 genótipos avaliados aos 3 anos de idade.	31
Tabela 5 – Resumo da sobrevivência por material genético em cada ambiente.	32
Tabela 6 – Resumo das análises de variância individuais por experimento para variável IMA ($\text{m}^3.\text{ha}^{-1}.\text{ano}^{-1}$) aos 3 anos de idade.	34
Tabela 7 – Estimativa de componentes de variância e parâmetros genéticos para variável IMA ($\text{m}^3.\text{ha}^{-1}.\text{ano}^{-1}$) aos 3 anos de idade, em cada experimento.	35
Tabela 8 – Resumo da análise de variância conjunta para variável IMA ($\text{m}^3.\text{ha}^{-1}.\text{ano}^{-1}$) aos 3 anos de idade.....	36
Tabela 9 – Estimativa de componentes de variância e parâmetros genéticos da análise conjunta para variável IMA ($\text{m}^3.\text{ha}^{-1}.\text{ano}^{-1}$) aos 3 anos de idade.....	37
Tabela 10 – Decomposição da interação genótipos x ambientes em parte simples e complexa e correlação genética entre os ambientes realizada par a par.	38
Tabela 11 – Simulação de ganho em IMA ($\text{m}^3.\text{ha}^{-1}.\text{ano}^{-1}$) por ambiente com 10% de intensidade de seleção (5 melhores genótipos).....	44

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 – Localização dos sítios experimentais na região de fronteira entre os estados do Tocantins, Maranhão e Pará.....	22
Figura 2 – <i>Heatmap</i> da performance média em IMA ($\text{m}^3.\text{ha}^{-1}.\text{ano}^{-1}$) aos 3 anos de idade dos 50 genótipos ao longo dos 8 ambientes testados.	30
Figura 3 – BLUP_g da variável IMA aos 3 anos de idade.....	40
Figura 4 – BLUP_{g+ge} da variável IMA aos 3 anos de idade para os 50 genótipos em cada ambiente.....	43
Figura 5 – GGE biplot tipo ‘quem-vence-onde’ baseado em dados de IMA aos 3 anos de idade. Valor singular simetricamente particionado nos autovetores de genótipos e do ambiente ($SVP = 3$).	46
Figura 6 – GGE biplot tipo ‘média × estabilidade’ baseado em dados de IMA aos 3 anos de idade. Particionamento do valor singular com foco no genótipo ($SVP = 1$).....	47
Figura 7 – GGE biplot tipo ‘discriminação × representatividade’ baseado em dados de IMA aos 3 anos de idade. Valor singular simetricamente particionado nos autovetores de genótipos e do ambiente ($SVP = 3$).	48
Figura 8 – GGE biplot tipo ‘ranqueamento de genótipos’ baseado em dados de IMA aos 3 anos. Particionamento do valor singular com foco no genótipo ($SVP = 1$).	50

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	11
2	REFERENCIAL TEÓRICO	13
2.1	Importância da eucaliptocultura	13
2.2	Melhoramento Genético do Eucalipto.....	14
2.3	Interação genótipos x ambientes (GxA)	17
2.4	Métodos estatísticos para análise da interação GxA	19
3	MATERIAL E MÉTODOS	21
3.1	Localização e caracterização dos ambientes	21
3.2	Delineamento e material genético	23
3.3	Coleta de dados.....	25
3.4	Metodologia das análises.....	25
3.4.1	Análise individual	25
3.4.2	Análise conjunta	26
3.4.3	Estimativa dos efeitos genotípicos (BLUP)	27
3.4.4	Estimativa de parâmetros genéticos	27
3.4.5	Decomposição da interação genótipos x ambientes.....	28
3.4.6	GGE (<i>Genotype plus Genotype by Environment</i>) Biplot	28
3.4.7	Ferramenta computacional	29
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	30
4.1	Análise descritiva.....	30
4.2	Análises individuais.....	34
4.3	Análise conjunta	36
4.4	Decomposição da interação GxA e correlação genética entre ambientes	38
4.5	BLUP (<i>Best Linear Unbiased Prediction</i>).....	39
4.6	GGE (<i>Genotype plus Genotype by Environment</i>) Biplots.....	45
5	CONCLUSÕES	51
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	52

1 INTRODUÇÃO

O setor florestal brasileiro destaca-se por sua importância econômica, social e ambiental. Responsável pela produção de madeira serrada, papel, celulose, painéis de madeira, pisos laminados e carvão vegetal, o setor florestal registrou uma receita bruta total de R\$ 97,4 bilhões em 2019, o que representou 1,2% do PIB nacional com um saldo na balança comercial de US\$ 10,3 bilhões (IBÁ, 2020). Ao todo, o setor emprega aproximadamente 3,75 milhões de pessoas, além de beneficiar mais de 6,9 milhões de brasileiros com seus programas e projetos sociais, que tem como objetivo desenvolver e melhorar a qualidade de vida das comunidades onde atua (IBÁ, 2020). Além disso, em 2019 o setor contabilizou 5,9 milhões de hectares de áreas de conservação de florestas nativas. Estima-se que essa área de conservação somada aos 9 milhões de hectares com florestas plantadas no Brasil possuem potencial de estocar cerca de 4,48 bilhões de toneladas de CO₂ equivalente (IBÁ, 2020). Todos esses pontos aliados à adoção de tecnologias de ponta, permitem a obtenção de altas produtividades, tornando o setor florestal brasileiro uma referência mundial.

O eucalipto é a cultura florestal mais importante do Brasil, sendo responsável por 77% dos 9 milhões de hectares de florestas plantadas no país (IBÁ, 2020). Introduzido no final do século XIX, seu sucesso foi devido principalmente à sua ampla adaptação nos climas e solos brasileiros, e seu rápido crescimento. Entretanto, nos últimos anos, a produtividade dos plantios manteve-se relativamente estável, apesar dos investimentos em melhoramento genético, pesquisas e desenvolvimento não terem parado. Isso se deve ao aumento da ocorrência de problemas fitossanitários, surgimento de novas pragas, expansão das áreas de plantio para novas regiões com condições de clima e solo menos favoráveis e irregularidade do regime de chuvas. Tendo em vista esses desafios, é imprescindível a seleção de materiais genéticos mais rústicos, estáveis e adaptados a essa nova realidade imposta pela expansão das fronteiras florestais no país.

A interação de genótipos x ambientes (GxA) é a resposta diferencial de genótipos frente às variações ambientais. O efeito da interação GxA é o principal desafio dos melhoristas, pois torna imprevisível o comportamento dos genótipos em diferentes ambientes, dificultando a seleção e recomendação de materiais genéticos superiores. Faz-se necessário então que toda experimentação dos genótipos seja realizada nas condições onde potencialmente serão plantados. No entanto, para os programas de melhoramento que

desenvolvem genótipos para plantios que abrangem áreas muito extensas e diversas, a avaliação em todas as condições edafoclimáticas disponíveis para plantios comerciais é inviável. Desta forma, as redes experimentais dos programas de melhoramento devem ser conduzidas em ambientes representativos de suas áreas de plantio, que podem ser estratificadas. Muitas vezes essa estratificação, ou agrupamento de ambientes, ocorre com base em parâmetros climáticos, edáficos e ecofisiológicos. Apesar destas informações subsidiarem o estabelecimento da rede experimental, a estratificação baseada no estudo da interação GxA é mais efetiva, já que envolve a resposta dos genótipos à variação ambiental.

Apesar de representar um grande desafio, a interação GxA pode ser aproveitada e trazer ganhos ao programa de melhoramento. Existem duas estratégias principais para a recomendação de cultivares diante da interação GxA. Uma é a identificação de genótipos plásticos e estáveis, que se desenvolvem bem em diferentes condições ambientais, e outra envolve a seleção de genótipos específicos e adaptados para determinadas condições. A estratificação ambiental é uma das maneiras de se aproveitar os efeitos da interação GxA, através do agrupamento de locais com interação GxA predominantemente simples ou não significativa. Existem vários métodos para se estudar a interação GxA e, atualmente, o GGE (*Genotype plus Genotype by Environment*) biplot tem sido muito utilizado nos testes multi-ambientais devido à facilidade de interpretação (CAIRES, 2019).

A condução de um programa de melhoramento genético de espécies florestais exige muitos recursos e os ciclos de melhoramento são muito longos, podendo chegar a 15 anos. Desta forma, o estudo da interação GxA e a estratificação dos ambientes de melhoramento é fundamental para melhorar a eficiência, aumentar os ganhos genéticos ao longo das gerações e selecionar clones com alta produtividade e adaptação aos locais em que serão recomendados. Vista a importância que o efeito da interação GxA possui para seleção de novos materiais genéticos, o presente trabalho tem como objetivo estimar os efeitos da interação GxA, a estabilidade, adaptabilidade e os parâmetros genéticos em clones de eucalipto avaliados na região de fronteira dos estados do Maranhão, Pará e Tocantins. Desta forma, espera-se otimizar a alocação da rede experimental na região através da estratificação ambiental, aumentando a eficiência do programa de melhoramento. Além disso, espera-se identificar os genótipos mais estáveis e os mais adaptados a cada sítio avaliado.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Importância da eucaliptocultura

Nativo da Austrália e ilhas vizinhas, o eucalipto (gêneros *Eucalyptus* e *Corymbia*) é atualmente a maior fonte de produtos madeireiros e derivados de florestas plantadas em regiões tropicais e subtropicais. Os eucaliptos oferecem diversos produtos como celulose, papel, carvão vegetal, painéis de madeira, madeira serrada, móveis de madeira e produtos não madeireiros como óleos essenciais e mel. O *Eucalyptus* é o maior gênero da família Myrtaceae, com mais de 900 espécies (BROOKER; KLEINIG, 2006) e ocorre naturalmente numa ampla gama de climas e sítios (BOLAND et al., 2006). Em seu local de origem são encontrados desde regiões tropicais (latitude 3° S) até temperadas (latitude 43° S), desde regiões muito úmidas até extremamente secas e desde o nível do mar até acima de 1600 metros de altitude (FLORES et al., 2016).

Algumas espécies de *Eucalyptus* foram introduzidas no Brasil no final do século XIX com finalidade paisagística. No entanto, foi Edmundo Navarro de Andrade quem começou os estudos com a cultura na busca de espécies e procedências mais adaptadas e com interesse comercial. Ele foi contratado pela Companhia Paulista de Estradas de Ferro do Estado de São Paulo em 1903 para ser responsável pelo Horto Florestal de Jundiaí, com a missão de encontrar a espécie florestal que melhor se desenvolvesse para fornecimento de carvão, combustível para as locomotivas, e madeira para os dormentes das ferrovias (MARTINI, 2004). Em 1904 começaram os primeiros estudos de Edmundo Navarro de Andrade no Horto de Jundiaí, comparando o crescimento de espécies florestais nativas e exóticas (FOELKEL, 2005). Sua experimentação foi relevante por demonstrar o potencial de desenvolvimento do gênero *Eucalyptus*. Os resultados positivos alcançados, o encorajaram a estabelecer a primeira grande coleção de espécies de eucalipto no Horto Florestal de Rio Claro (PINTO JÚNIOR et al., 2013). Navarro de Andrade (1939) relatou os resultados dessa experimentação em Rio Claro, citando as espécies *Eucalyptus grandis*, *E. saligna*, *E. tereticornis*, entre aquelas de maior potencial produtivo para a região.

Atualmente, o *Eucalyptus* é o gênero de árvores mais plantado no Brasil em virtude principalmente de sua alta produtividade, rápido crescimento, adaptabilidade em diferentes solos e climas, e uso múltiplo da madeira. Dos 9,0 milhões de hectares ocupados por florestas plantadas no país em 2019, 6,97 milhões de hectares (77%) são plantios de eucalipto, sendo

que as maiores áreas estão localizadas nos estados de Minas Gerais, Mato Grosso do Sul e São Paulo. O segmento de papel e celulose é o de maior destaque, sendo que 36% da área plantada com árvores no Brasil pertencem às empresas desse segmento, seguido por proprietários independentes (29%) e depois pelo segmento de siderurgia e carvão vegetal, com 12% da área plantada (IBÁ, 2020).

Os plantios brasileiros de eucalipto são os mais produtivos do mundo, atingindo uma produtividade média de 35,3 m³/ha.ano em 2019 (IBÁ, 2020). Os plantios seminais de eucalipto da década de 1970 com uma produtividade de 17 m³/ha.ano (ASSIS; ABAD; AGUIAR, 2015) foram substituídos por plantios clonais com produtividades superando 50 m³/ha.ano em determinadas regiões. A produção em celulose também obteve ganhos expressivos, de 5,8 ton/ha.ano para mais de 11 ton/ha.ano (RAMALHO et al., 2012). O sucesso e produtividade observados nas florestas plantadas brasileiras se deve, principalmente, ao aprimoramento das técnicas silviculturais (preparo de solo, fertilização, controle da mata-competição) e de sua interação com o melhoramento genético.

2.2 Melhoramento Genético do Eucalipto

O melhoramento genético pode ser definido como a aplicação de técnicas de seleção e recombinação de indivíduos com características superiores visando o aumento da frequência de alelos favoráveis para os caracteres de interesse (PIRES et al., 2011). Segundo Bernardo (2002) é ciência, arte e gerenciamento de recursos para aperfeiçoamento das plantas visando o benefício da sociedade. O melhoramento genético florestal busca o aumento da produtividade das florestas plantadas, melhoria da qualidade da madeira de acordo com a finalidade do produto, adaptação às diversas condições edafoclimáticas, resistência às pragas e doenças, e manutenção da variabilidade para manutenção dos ganhos em longo prazo (PIRES et al, 2011). De acordo com Zobel e Talbert (2003), os programas de melhoramento genético florestal devem buscar definir as espécies e procedências adaptadas à área de plantio; selecionar árvores que possuam combinações das características desejadas; produzir propágulos em larga escala para fins de reflorestamento e manter uma população base adequada com variabilidade e média altas para garantir ganhos futuros nas gerações seguintes.

No Brasil, o melhoramento genético do eucalipto começou com a introdução de diversas espécies e procedências por Navarro de Andrade no início do século XX. A partir

de 1941 ele se juntou ao pesquisador Carlos Arnaldo Krug do Instituto Agrônomo de Campinas para então elaborarem o primeiro programa de melhoramento genético de eucalipto no Brasil (FERREIRA; SANTOS, 1997). Os objetivos das pesquisas eram aumentar a uniformidade dos plantios seminais, reduzir a mortalidade, aumentar a produção por área e melhorar a forma do fuste (FERREIRA, 1993; ASSIS; ABAD; AGUIAR, 2015). O programa de melhoramento era fundamentado na seleção de indivíduos superiores, condução de áreas para produção de sementes, hibridação interespecífica e a seleção de mudas nos viveiros (FERREIRA; SANTOS, 1997).

A partir da década de 1960 houve a instituição de incentivos fiscais ao reflorestamento pelo governo brasileiro, fato que ocasionou um grande impulso para o desenvolvimento do melhoramento genético de eucalipto no país (PIRES et al., 2011; ASSIS; ABAD; AGUIAR, 2015). Empresas que estavam realizando plantios para distintas finalidades e em diversas regiões do Brasil intensificaram seus programas de melhoramento investindo em novas introduções de espécies e procedências.

Até a década de 70, era usado principalmente o conceito de uso múltiplo no melhoramento genético de espécies florestais. Ainda não havia uma definição do padrão ideal de qualidade de madeira para cada uso específico, e a seleção de indivíduos superiores era baseada principalmente em crescimento, forma do fuste e vigor (HIGA et al., 1991). O uso generalizado do conceito de uso múltiplo começou a ser revisto quando pesquisas demonstraram que árvores de crescimento mais rápido nem sempre eram as que produziam madeira de melhor qualidade (HIGA et al., 1991).

Durante a década de 1970 o cancro do eucalipto causado pelo fungo *Chrysosporthe cubensis* causou grandes perdas nos plantios brasileiros (FONSECA et al., 2010). Foram identificados híbridos espontâneos e híbridos naturais manifestando resistência a essa doença (ASSIS; ABAD; AGUIAR, 2015), o que indicou a existência de variabilidade genética para a resistência à doença. Com isso, passou-se a buscar o desenvolvimento de uma técnica de propagação dos indivíduos resistentes. O cancro e a heterogeneidade dos plantios seminais impulsionaram o desenvolvimento da técnica da clonagem, que atualmente é considerada referência no controle de doenças do eucalipto (ALFENAS et al., 2009). Regiões mais quentes e úmidas são mais propensas à incidência de doenças, e sem o desenvolvimento da clonagem, a eucaliptocultura brasileira não obteria sucesso nessas áreas (ALFENAS et al., 2009).

Em 1979 foi plantada a primeira floresta de eucalipto clonado (FERREIRA; SANTOS, 1997), e a partir da década de 90 o procedimento da clonagem estava dominado tecnicamente (ASSIS; ABAD; AGUIAR, 2015). A clonagem trouxe ganhos excepcionais para os programas, permitindo a multiplicação das árvores superiores e resistentes às doenças, trazendo altos ganhos genéticos já na primeira geração de cruzamento (CAMPINHOS; IKEMORI, 1983; ALFENAS et al., 2009). Atualmente, os plantios florestais são gerados a partir de indivíduos derivados de híbridos interespecíficos (ASSIS; ABAD; AGUIAR, 2015), principalmente entre *Eucalyptus grandis* e *E. urophylla*. Os plantios de grandes áreas com os híbridos gerados foram possíveis apenas com o desenvolvimento da técnica de clonagem, pois precisam ser propagados assexuadamente, uma vez que ainda não existem linhagens endogâmicas para geração de florestas seminais híbridas uniformes e altamente produtivas.

Após a identificação das espécies e procedências mais adaptadas nos testes conduzidos de 1960 a 1980 (FONSECA et al., 2010), aumentaram-se os testes de progênes e o desenvolvimento dos programas de Seleção Recorrente Intrapopulacional (SRI). Nos programas de SRI, eram utilizadas desde áreas produtoras de sementes até pomares de sementes clonais com progênes testadas (ASSIS; ABAD; AGUIAR, 2015). A partir de 1990, quando foi constatado que híbridos entre espécies diferentes de eucalipto apresentam heterose para crescimento (ASSIS, 1996; 2000) e que a clonagem poderia ser usada comercialmente, foram implementados programas intensivos de hibridação (FONSECA et al., 2010). A hibridação associada à clonagem, para fixar e multiplicar materiais genéticos superiores, passou a ser o método utilizado na maioria dos programas no Brasil. Com isso, a partir dos anos 2000, começaram os programas de Seleção Recorrente Recíproca (SRR) entre populações de espécies divergentes, principalmente *E. grandis* x *E. urophylla* (ASSIS; ABAD; AGUIAR, 2015; FONSECA et al., 2010).

Atualmente, as estratégias de melhoramento florestal baseiam-se na seleção de genitores e combinação dos mesmos via cruzamentos controlados direcionados dentro dos programas de seleção, podendo ser SRR e SRI em população híbrida sintética, oriunda do cruzamento entre clones elites (FONSECA et al., 2010; ASSIS; ABAD; AGUIAR, 2015). A implantação de testes de progênes e testes clonais compõe a etapa básica do processo de melhoramento florestal. A condução de testes de progênes e testes clonais bem delineados elevam a acurácia das seleções, pois permitem uma melhor estimativa de valores genéticos e genotípicos, respectivamente. Desta forma é possível selecionar e recombinar genótipos

para dar continuidade aos ciclos de seleção recorrente, e selecionar e recomendar clones para plantio operacional (PIRES et al., 2011).

2.3 Interação genótipos x ambientes (GxA)

A interação genótipos x ambientes (GxA) pode ser definida como a resposta diferenciada de genótipos em relação à variação ambiental (CRUZ; REGAZZI, 1997). A manifestação do fenótipo é resultado da expressão do genótipo sob influência do ambiente. Considerando uma série de ambientes, além dos efeitos genéticos e ambientais, é possível detectar também o efeito proporcionado pela interação entre eles. Dependendo da característica de interesse trabalhada no programa de melhoramento, graus distintos de interação são observados. As características que mais sofrem o efeito do ambiente e da interação GxA são aquelas controladas por vários genes (poligênicas) (PIRES et al., 2011), e são justamente aquelas de maior interesse econômico, como produtividade.

A interação GxA pode ser classificada em dois tipos: simples e complexa. Segundo Zakir (2018), ela pode ser retratada através de diferenças na inclinação das retas de desempenho de genótipos em diferentes ambientes. Linhas não paralelas e que não se cruzam indicam que a classificação (*rankings*) da performance dos genótipos permanecem as mesmas ao longo dos ambientes. Nesse caso, a interação é dita simples, apenas com variação quantitativa do desempenho dos materiais (KANG, 1997). Linhas que se cruzam indicam que há alteração no ranking da performance, e a cultivar ótima vai ser sítio-específica (ZAKIR, 2018). Nessa situação, a interação é dita complexa (COSTA NETO, 2017), apresentando variação qualitativa do desempenho dos genótipos através dos ambientes (KANG, 1997), ou seja, troca de ordenamento.

A interação GxA faz surgir diversos desafios na condução do melhoramento genético, e o principal deles refere-se à identificação e recomendação de genótipos adaptados em condições específicas. Isso porque, com a interação, o melhor material genético em um local pode não o ser em outro. Da mesma forma, o melhoramento e os ganhos praticados em uma área não necessariamente serão transferidos caso o genótipo superior obtido seja plantado em outro ambiente (FALCONER, 1981). Ou seja, a interação dificulta a recomendação de cultivares com ampla adaptabilidade às diversas condições ambientais das áreas de plantio.

Squilassi (2003) afirma que a interação GxA é muito importante para os melhoristas pois a magnitude dos componentes da interação fornece informações sobre a região de adaptação de determinado genótipo. Uma boa compreensão da interação GxA pode contribuir para o aproveitamento de seus efeitos benéficos, como a seleção de genótipos sítio-específicos, e permitir procurar alternativas para minimizar seus efeitos indesejáveis (SQUILASSI, 2003). Segundo Pires et al. (2011), a seleção de genótipos específicos para cada local proporciona a maximização dos ganhos genéticos e o aproveitamento do aspecto positivo da interação GxA.

Na existência de uma interação de qualquer natureza entre genótipo e ambiente, um componente de variância adicional é originado. Essa variância em virtude da interação GxA, é incluída como componente da variância causada pelo ambiente quando se avalia apenas um local, uma vez que não pode ser estimada separadamente (FALCONER, 1981). Desta forma, faz-se necessária a avaliação de genótipos em diversos ambientes para que a variância da interação possa ser estimada.

A estratificação ambiental da região de plantio em sub-regiões mais homogêneas é recomendada para contornar os inconvenientes proporcionados pela interação GxA (CRUZ; REGAZZI, 1997). De acordo com Resende (1999), a estratificação dos locais de plantio é uma alternativa para minimizar os efeitos da interação GxA, definindo “zonas de melhoramento”, que não possuem interação significativa, ou que possuem interação simples, para condução de programas específicos por zona.

Devido aos efeitos da interação GxA, também se faz necessário considerar, além da produtividade, a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos, para que seja possível conduzir uma alocação adequada dos materiais genéticos ao longo dos ambientes. Segundo Vencovsky e Barriga (1992), o termo adaptabilidade é usado para indicar a capacidade dos genótipos em aproveitar de forma vantajosa o estímulo ambiental. Ou seja, a adaptabilidade é uma medida da resposta do genótipo à melhora do ambiente. Já o termo estabilidade corresponde a previsibilidade de comportamento em função do ambiente (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Ou seja, um genótipo estável é aquele que apresenta um desempenho constante em um gradiente de condições ambientais.

O genótipo de um indivíduo pode especificar diversas expressões fenotípicas que são chamadas de norma de reação, que pode ser definida como a expressão da variabilidade no fenótipo de indivíduos de genótipo idêntico (BRADSHAW, 1965). Desta forma, a norma de reação para um genótipo pode diferir daquela de outro genótipo. A detecção da interação

GxA nos ensaios multi-ambientais e o desejo dos melhoristas em lidar com essas interações de forma adequada, levou ao desenvolvimento de procedimentos de análises que são genericamente chamados de análises de estabilidade (YAN; KANG, 2003)

2.4 Métodos estatísticos para análise da interação GxA

Existem diversas metodologias de análise de adaptabilidade e estabilidade propostas para avaliação de genótipos plantados em diversos ambientes (CRUZ; REGAZZI, 1997). Segundo Cruz e Regazzi (1997) o número de ambientes disponíveis nos dados experimentais e a precisão demandada são fundamentais para escolha do melhor método de análise.

Como métodos comumente utilizados para estimar ou avaliar a interação GxA podemos citar o modelo proposto por de Eberhart e Russel (1966) que é baseado em uma regressão linear; a análise AMMI (*Additive Main Effect and Multiplicative Interaction*) que utiliza a análise de variância e a análise de componentes principais, para ajustar os efeitos principais (genótipos e ambientes) e os efeitos da interação GxA (GAUCH, 1988); o método sugerido por Annicchiarico (1992) que mede a estabilidade pela superioridade de cada genótipo em relação à média de cada ambiente; o método não paramétrico proposto por Lin e Binns (1988), que considera que um grau de superioridade geral do genótipo para dados de genótipos x local; um método que utiliza análise fatorial para combinar estabilidade e estratificação ambiental (MURAMAKI; CRUZ, 2004); e o GGE (*Genotype plus Genotype by Environment*) biplot, proposto por Yan et al. (2002)

O método do GGE biplot têm sido cada vez mais utilizado nas análises de testes multi-ambientais (YAN; TINKER, 2005), principalmente devido à sua facilidade de interpretação. A análise através do GGE biplot exhibe de maneira gráfica o efeito principal do genótipo e da interação GxA simultaneamente. Com o GGE biplot é possível avaliar visualmente a similaridade da expressão fenotípica entre genótipos e ambientes, possibilitando o agrupamento de ambientes e genótipos mais similares (YAN; TINKER, 2005), e ainda avaliar genótipos em ambientes individuais e entre ambientes. Além disso, o método permite a visualização de parâmetros como a performance média de genótipos, estabilidade e adaptabilidade, tanto geral quanto específica. Ao mesmo tempo, os ambientes podem ser visualmente avaliados e agrupados com base em sua capacidade de discriminar os genótipos e sua representatividade na rede experimental (YAN; TINKER, 2005).

Diversos autores estudaram a interação genótipos x ambientes em *Eucalyptus* (LAVORANTI et al., 2002; NUNES et al., 2002; ROCHA et al., 2005; PINTO JUNIOR et al., 2006; MIRANDA, 2012; ROSADO et al., 2012; SANTOS et al., 2013; SANTOS et al., 2015; SANTOS et al., 2016, SOUZA, 2016; CASTRO, 2018; NUNES, 2018; PUPIN et al., 2018; ARAÚJO et al., 2019; OLIVEIRA et al., 2020; FURLAN, et al., 2020; MUNHOZ et al., 2021) e *Corymbia* (SOUZA et al., 2020).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Localização e caracterização dos ambientes

A unidade florestal da Suzano no Maranhão (UNF-MA) possui hoje uma área de aproximadamente 230 mil hectares de plantio de eucalipto distribuídos pelos estados do Maranhão, Pará e Tocantins para atender à demanda da fábrica de papel e celulose de Imperatriz – MA. Nesse trabalho foram analisados os resultados de uma rede de testes clonais instalados em 2016 e 2017 em 8 ambientes distintos, em municípios do Maranhão (Açailândia, Bom Jesus das Selvas, Estreito e São Pedro da Água Branca), Pará (Dom Eliseu, Nova Esperança do Piriá e Ulianópolis) e Tocantins (Palmeiras do Tocantins).

A Tabela 1 apresenta a descrição geográfica e edáfica de cada um dos sítios em que os testes clonais foram instalados. Os testes compreendem áreas com altitudes de 102 a 463 metros, que representam bem as regiões com plantios operacionais da empresa.

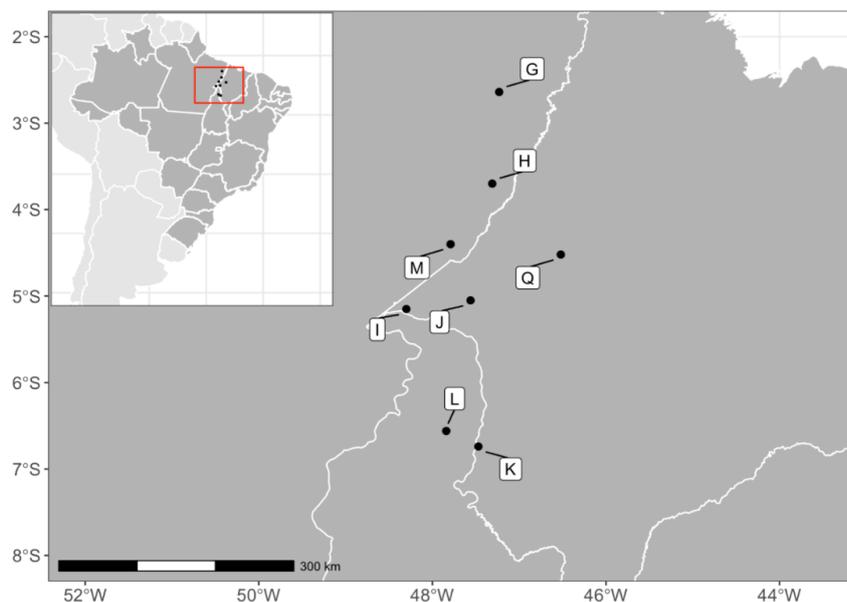
Tabela 1 – Descrição geográfica e edáfica dos sítios experimentais.

Sítio	Município	Latitude	Longitude	Altitude (m)	Solo	Bioma
G	NOVA ESPERANÇA DO PIRIÁ, PA	2°38'26.7"S	47°13'53.4"O	122	Cambissolo textura argilosa	Amazônia
H	ULIANÓPOLIS, PA	3°42'01.6"S	47°18'42.1"O	102	Argissolo textura média	Amazônia
I	S. PEDRO DA ÁGUA BRANCA, MA	5°08'52.1"S	48°17'50.3"O	126	Argissolo textura média	Amazônia
J	AÇAILÂNDIA, MA	5°03'00.0"S	47°33'43.2"O	395	Latossolo textura argilosa	Amazônia
K	ESTREITO, MA	6°44'16.3"S	47°28'07.0"O	201	Neossolo textura arenosa	Cerrado
L	PALMEIRAS DO TOCANTINS, TO	6°33'27.4"S	47°50'29.8"O	463	Neossolo textura arenosa	Cerrado
M	DOM ELISEU, PA	4°24'19.4"S	47°47'16.4"O	313	Latossolo textura argilosa	Amazônia
Q	BOM JESUS DAS SELVAS, MA	4°31'10.9"S	46°31'28.6"O	187	Argissolo textura média	Amazônia

Fonte: Da autora (2021).

A região dos ensaios abrange de modo geral a área entre as latitudes 2°S e 7°S e entre as longitudes 46° O e 49° O, na região de fronteira entre os estados do Pará, Maranhão e Tocantins (FIGURA 1), abrangendo os biomas da Amazônia e do Cerrado.

Figura 1 – Localização dos sítios experimentais na região de fronteira entre os estados do Tocantins, Maranhão e Pará.



Fonte: Da autora (2021).

A Tabela 2 apresenta a descrição climática de cada sítio. Os dados climáticos foram obtidos para o período de avaliação (2016- 2020) através de interpolação de dados de estações meteorológicas localizadas próximas às áreas de plantio dos ensaios. A taxa de precipitação anual média variou de 1085 a 2133 mm, e a deficiência hídrica média variou de 381 a 684 mm. O índice de aridez variou de 0,851 a 1,288 e representa a relação entre a precipitação e a evapotranspiração. Portanto, quanto menor o índice de aridez mais seco é o ambiente (UNESCO, 1979).

Tabela 2 – Descrição climática dos sítios experimentais.

Sítio	Clima	Tmin	Tmed	Tmax	RAD	UR	PPT	ETP	DEF	IA
G	Am	22,3	26,5	32,4	18,4	80,8	2133	1656	625	1,288
H	Am	21,2	25,3	31,1	17,7	80,2	1233	1450	563	0,851
I	Aw	22,6	26,4	31,4	16,7	77,4	1623	1636	684	0,992
J	Aw	19,6	23,9	29,2	17,5	77,6	1187	1238	445	0,959
K	Aw	21,0	26,2	33,3	18,4	74,2	1457	1513	514	0,963
L	Aw	22,0	25,8	30,8	16,7	80,0	1286	1142	388	1,126
M	Aw	21,6	25,7	31,6	17,4	80,8	1308	1216	381	1,076
Q	Aw	21,9	26,2	31,8	16,6	81,1	1085	1146	443	0,947

Tmin = temperatura mínima média (°C); Tmed = temperatura média (°C); Tmax = temperatura máxima média (°C); RAD = radiação solar (MJ/m²dia); UR = umidade relativa (%); PPT = precipitação média anual (mm); ETP = evapotranspiração potencial anual (mm); DEF = deficiência hídrica anual (mm); IA = índice de aridez.

Fonte: Da autora (2021).

De acordo com Alvares et al. (2013), o clima dos sítios G e H seguindo a classificação de Köppen é o tropical úmido (Am). Os outros seis sítios possuem clima tropical com inverno seco (Aw). Segundo os critérios de Köppen, esses dois climas tropicais são caracterizados por apresentarem temperatura do mês mais frio maior ou igual a 18°C e precipitação do mês mais seco abaixo de 60 mm, e juntos representam o clima de 53,3% do território brasileiro (ALVARES et al., 2013).

3.2 Delineamento e material genético

Os 8 testes clonais avaliados foram implantados seguindo o delineamento de blocos completos casualizados com 6 repetições, 80 tratamentos (clones) e parcelas lineares de cinco plantas. O espaçamento de plantio e tratos silviculturais foram realizados de acordo com as recomendações técnicas da empresa para cada sítio, respeitando as características edafoclimáticas de cada área.

Ao todo estão sendo avaliados 147 genótipos provenientes das três unidades florestais da época de implantação da rede experimental, sendo 50 comuns em todos os testes clonais e que fizeram parte das análises. Com relação às espécies testadas, 58% dos clones avaliados são híbridos de *Eucalyptus grandis* x *E. urophylla*, cinco são clones de *E. grandis*, sete de *E. urophylla*, seguidos por híbridos de *E. grandis* x *E. pellita*, híbridos de *E. grandis* x *E. brassiana*, híbridos de *E. robusta* x *E. grandis* e *E. platyphylla* em menores quantidades. A Tabela 3 abaixo apresenta o detalhe dos 50 genótipos avaliados com relação à espécie e unidade florestal de origem.

Tabela 3 – Descrição dos genótipos avaliados.

(continua)

Clone	Espécie	UNF de origem
G01	<i>E. urophylla</i>	MA
G02	<i>E. grandis</i> x <i>E. pellita</i>	BA
G03	<i>E. grandis</i> x <i>E. urophylla</i>	BA
G04	<i>E. grandis</i> x <i>E. pellita</i>	BA
G05	<i>E. grandis</i> x <i>E. urophylla</i>	BA
G06	<i>E. grandis</i> x <i>E. urophylla</i>	BA
G07	<i>E. grandis</i> x <i>E. urophylla</i>	BA
G08	<i>E. grandis</i> x <i>E. urophylla</i>	BA
G09	<i>E. grandis</i> x <i>E. pellita</i>	BA
G10	<i>E. grandis</i> x <i>E. pellita</i>	BA
G11	<i>E. robusta</i> x <i>E. grandis</i>	BA

(conclusão)

Clone	Espécie	UNF de origem
G12	<i>E. robusta x E. grandis</i>	BA
G13	<i>E. grandis x E. urophylla</i>	BA
G14	<i>E. grandis x E. urophylla</i>	BA
G15	<i>E. grandis x E. urophylla</i>	BA
G16	<i>E. grandis x E. urophylla</i>	BA
G17	<i>E. grandis x E. urophylla</i>	BA
G18	<i>E. grandis x E. urophylla</i>	BA
G19	<i>E. grandis x E. urophylla</i>	BA
G20	<i>E. grandis x E. urophylla</i>	BA
G21	<i>E. grandis x E. urophylla</i>	BA
G22	<i>E. grandis x E. urophylla</i>	MA
G23	<i>E. platyphylla</i>	MA
G24	<i>E. urophylla</i>	MA
G25	<i>E. grandis x E. urophylla</i>	MA
G26	<i>E. grandis x E. urophylla</i>	MA
G27	<i>E. grandis x E. urophylla</i>	MA
G28	<i>E. urophylla</i>	MA
G29	<i>E. urophylla</i>	MA
G30	<i>E. urophylla</i>	MA
G31	<i>E. urophylla</i>	MA
G32	<i>E. grandis x E. urophylla</i>	MA
G33	<i>E. urophylla</i>	MA
G34	<i>E. grandis x E. brassiana</i>	MA
G35	<i>E. grandis x E. brassiana</i>	MA
G36	<i>E. grandis</i>	SP
G37	<i>E. grandis x E. urophylla</i>	SP
G38	<i>E. grandis x E. urophylla</i>	SP
G39	<i>E. grandis</i>	SP
G40	<i>E. grandis x E. urophylla</i>	SP
G41	<i>E. grandis x E. urophylla</i>	SP
G42	<i>E. grandis x E. urophylla</i>	SP
G43	<i>E. grandis x E. urophylla</i>	SP
G44	<i>E. grandis</i>	SP
G45	<i>E. grandis</i>	SP
G46	<i>E. grandis x E. urophylla</i>	SP
G47	<i>E. grandis x E. urophylla</i>	SP
G48	<i>E. grandis x E. urophylla</i>	SP
G49	<i>E. grandis</i>	SP
G50	<i>E. grandis x E. urophylla</i>	MA

Fonte: Da autora (2021).

3.3 Coleta de dados

Os clones foram avaliados anualmente quanto ao diâmetro à altura do peito (DAP, cm), e altura total (ALT, m). O DAP de cada árvore foi medido utilizando fita diamétrica e as alturas das árvores foram obtidas de forma indireta com o auxílio de um hipsômetro. O volume individual (VOL, m³) foi estimado com base no DAP e ALT, seguindo o modelo de Schumacher e Hall (1933) ajustado para a UNF-MA com um coeficiente de determinação $R^2 = 0,9901$. Com o número de árvores por hectare (N, árv./ha), considerando a mortalidade e os espaçamentos de cada experimento, foi possível calcular o incremento médio anual (IMA, m³.ha⁻¹.ano⁻¹) através da seguinte fórmula:

$$IMA = \frac{VOL}{idade} \times N$$

O foco das análises foi o desempenho do caráter IMA (m³.ha⁻¹.ano⁻¹) aos 3 anos de idade, determinante para a seleção genotípica e objetivo prioritário do programa de melhoramento nas fases preliminares de teste clonal.

3.4 Metodologia das análises

3.4.1 Análise individual

Para verificar a pressuposição de homogeneidade de variâncias, foram realizadas análises individuais de cada experimento de acordo com o seguinte modelo misto:

$$y_{ij} = \mu + g_i + r_j + \varepsilon_{ijk}$$

Em que:

y_{ij} é a variável resposta do genótipo i , na repetição j ;

μ é a média geral,

g_i é o efeito do genótipo i (assumido como aleatório)

r_j é o efeito da repetição j (assumido como fixo)

$\varepsilon_{ijk} \sim N(0, \sigma^2)$ é o efeito aleatório do erro.

3.4.2 Análise conjunta

Para a análise conjunta dos dados foi utilizado o modelo linear misto com efeito de interação entre genótipos e ambientes, conforme:

$$y_{ijk} = \mu + g_i + a_j + (ga)_{ij} + r_{jk} + \varepsilon_{ijk}$$

Em que:

y_{ijk} é a variável resposta observada na repetição k do genótipo i no ambiente j ,

μ é a média geral;

g_i é o efeito do genótipo i (assumido como aleatório);

a_j é o efeito do ambiente j (assumido como fixo);

$(ga)_{ij}$ é o efeito da interação do genótipo i no ambiente j (assumido como aleatório);

r_{jk} é o efeito da repetição k dentro do ambiente j (assumido como fixo);

$\varepsilon_{ijk} \sim N(0, \sigma^2)$ é o efeito aleatório do erro.

O modelo acima pode ser reescrito da seguinte forma:

$$y = X\beta + Zu + \varepsilon$$

Em que:

Y é o vetor conhecido de observações;

β é o vetor de efeitos fixos, com matriz de incidência X ;

u é o vetor de efeitos aleatórios, com matriz de incidência Z ;

ε é o vetor desconhecido de erros.

Os vetores β e u foram estimados a partir da equação:

$$\begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

Onde G é a matriz de variância-covariância dos efeitos aleatórios; e R é a matriz de variância-covariância dos erros. Os componentes de variância estimados em G e R foram obtidos por REML (*restricted maximum likelihood* – máxima verossimilhança restrita).

3.4.3 Estimativa dos efeitos genotípicos (BLUP – *Best linear unbiased prediction*)

Os efeitos genotípicos foram estimados de acordo com a seguinte fórmula:

$$\hat{g}_i = h^2_{mg}(\bar{y}_i - \bar{y}_{..})$$

Em que h^2_{mg} é o efeito de encolhimento (*shrinkage effect*) do genótipo.

O BLUP do genótipo i é então dado por:

$$BLUP_g = \mu + \hat{g}_i$$

Os limites superiores e inferiores do $BLUP_g$ são calculados da seguinte maneira:

$$(\hat{g}_i + \mu) \pm CI$$

Sendo CI o intervalo de confiança: $CI = t \times \sqrt{((1 - Ac) \times \sigma^2_g)}$

Em que t é o valor do teste t de Student a 5% de probabilidade de erro; Ac é a acurácia da seleção e σ^2_g é a variância genotípica, ambas explicadas no próximo item.

O efeito genotípico da interação do genótipo i no ambiente j ($BLUP_{ge}$), considerando dados balanceados, foi estimado de acordo com:

$$\hat{g}_{ij} = h^2_{gm}(\bar{y}_i - \bar{y}_{..}) + h^2_{ga}(\bar{y}_{ij} - \bar{y}_i - \bar{y}_j + \bar{y}_{..})$$

Em que h^2_{ga} é o efeito de encolhimento (*shrinkage effect*) da interação GxA.

O BLUP do genótipo i no ambiente j é então dado por:

$$BLUP_{g+ge} = \bar{y}_{.j} + \hat{g}_{ij}$$

3.4.4 Estimativa de parâmetros genéticos

Os parâmetros genéticos da análise conjunta foram estimados de acordo com as seguintes equações:

$$\text{Herdabilidade no sentido amplo: } h^2_g = \frac{\hat{\sigma}^2_g}{\hat{\sigma}^2_g + \hat{\sigma}^2_{ga} + \hat{\sigma}^2_e}$$

$$\text{Herdabilidade em nível de média: } h^2_{gm} = \frac{\hat{\sigma}^2_g}{\left(\hat{\sigma}^2_g + \frac{\hat{\sigma}^2_{ga}}{a} + \frac{\hat{\sigma}^2_e}{ab}\right)}$$

$$\text{Coeficiente de determinação dos efeitos da interação: } r^2_{ga} = \frac{\hat{\sigma}^2_{ga}}{\hat{\sigma}^2_g + \hat{\sigma}^2_{ga} + \hat{\sigma}^2_e}$$

$$\text{Correlação genótipos x ambiente: } r_{ga} = \frac{\hat{\sigma}^2_g}{\hat{\sigma}^2_g + \hat{\sigma}^2_{ga}}$$

Acurácia de seleção: $Ac = \sqrt{h^2_{gm}}$

Coefficiente de variação genotípico: $CV_g = (\sqrt{\hat{\sigma}^2_g}/\mu) \times 100$

Coefficiente de variação residual: $CV_r = (\sqrt{\hat{\sigma}^2_e}/\mu) \times 100$

Em que:

μ é a média geral;

a é o número de ambientes;

b é o número de blocos / repetições;

$\hat{\sigma}^2_g$ é a variância genotípica;

$\hat{\sigma}^2_{ga}$ é a variância da interação genótipo x ambiente;

$\hat{\sigma}^2_e$ é a variância residual.

3.4.5 Decomposição da interação genótipos x ambientes

A decomposição da interação em parte simples e complexa foi realizada de acordo com o procedimento estatístico sugerido por Cruz e Castoldi (1991). O procedimento é realizado através da partição do quadrado médio da interação genótipos x ambientes par a par, sendo que a parte complexa é expressa por:

$$C = \sqrt{(1-r)^3 Q_1 Q_2}$$

E a parte simples é expressa por:

$$S = QM_{ga} - C$$

Em que: r é o coeficiente de correlação entre as médias genotípicas nos dois ambientes; Q_1 e Q_2 os quadrados médios de genótipos no ambiente 1 e 2, respectivamente; e QM_{ga} é o quadrado médio da interação dos genótipos em relação ao ambiente 1 e 2.

3.4.6 GGE (*Genotype plus Genotype by Environment*) Biplot

Os GGE biplots são baseados na decomposição de valores singulares da matriz dos valores fenotípicos de experimentos multi-ambientais (YAN et al., 2000). Esses biplots mostram os efeitos de genótipos e os efeitos da interação genótipos x ambientes simultaneamente, sendo que o cosseno do ângulo entre dois ambientes corresponde à

correlação genética entre eles. Essa propriedade torna esse procedimento mais eficiente comparado à outras metodologias baseadas em biplot que não a exibem (YAN et al., 2007; YAN, 2001). O modelo GGE biplot pode ser descrito através da seguinte equação utilizada no pacote `metan` (OLIVOTO; LÚCIO, 2020):

$$\phi_{ij} = \hat{Y}_{ij} - \mu - \beta_j = \sum_{k=1}^p \xi_{ik}^* \eta_{jk}^*$$

Onde ϕ_{ij} é o efeito da interação do genótipo i no ambiente j ; \hat{Y}_{ij} é o desempenho médio do genótipo i no ambiente j , μ é a média geral; β_j é o efeito principal do ambiente j ; $\xi_{ik}^* = \lambda_k^\alpha \xi_{ik}$; $\eta_{jk}^* = \lambda_k^{1-\alpha} \eta_{jk}$, sendo λ_k o k -ésimo autovalor ($k = 1, \dots, p$), com $p \leq \min(e, g)$; α é o fator de partição de valor singular para o componente principal (PC) k ; ξ_{ik}^* e η_{jk}^* são os escores para o genótipo i e ambiente j , respectivamente.

Foram plotados 4 biplots diferentes utilizando os dados em escala original (*scaling* = 0) e método de centralização para a média dos ambientes (*centering* = 2). Para os GGE biplot do tipo ‘quem-vence-onde’ e ‘discriminação x representatividade’ o valor singular foi simetricamente particionado nos autovetores de genótipo e do ambiente (*SVP* = 3). Já para os GGE biplot do tipo ‘média x estabilidade’ e ‘ranqueamento de genótipos’ o valor singular foi inteiramente particionado nos autovetores do genótipo (*SVP* = 1).

3.4.7 Ferramenta computacional

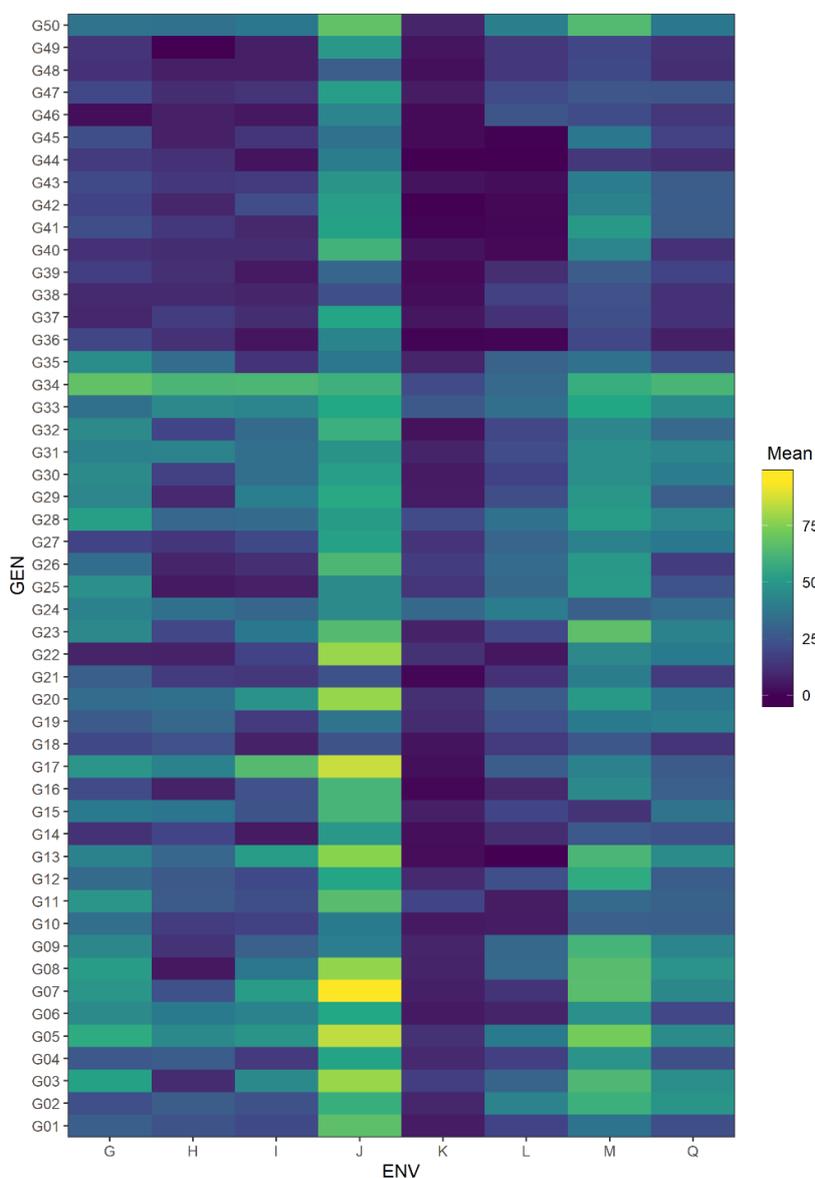
Todas as análises mencionadas acima assim como as plotagens de todos os gráficos foram realizadas no software R (R CORE TEAM, 2020) com o pacote `metan` (OLIVOTO; LÚCIO, 2020). Alguns elementos gráficos foram personalizados por meio do pacote `ggplot2` (WICHAM, 2016), pacote utilizado dentro do `metan`.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análise descritiva

As análises foram todas realizadas para a variável incremento médio anual (IMA, $\text{m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$) avaliada aos 3 anos de idade em 50 genótipos plantados em 8 ambientes nos estados do Maranhão, Pará e Tocantins. A Figura 2 apresenta um *heatmap* das médias em cada ambiente.

Figura 2 – *Heatmap* da performance média em IMA ($\text{m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$) aos 3 anos de idade dos 50 genótipos ao longo dos 8 ambientes testados.



Fonte: Da autora (2021).

Na Figura 2 pode-se observar que o pior ambiente foi o K, apresentando média de 7,96 m³.ha⁻¹.ano⁻¹ e o melhor foi o ambiente J com média de 54,63 m³.ha⁻¹.ano⁻¹. Esses resultados vão de acordo com o observado nos plantios comerciais. O sítio K está localizado no bioma do Cerrado com acentuado déficit hídrico, numa área com solo arenoso, enquanto o sítio J já está no bioma da Amazônia, com menor déficit hídrico e num latossolo argiloso. O clone G34 apresentou o melhor IMA em 3 ambientes (G, H e Q), enquanto os clones G17, G07, G24, G02 e G05 foram os melhores no ambiente I, J, K, L e M, respectivamente.

Avaliando a média dos clones em todos os ambientes, o pior genótipo foi o G44 com média de 12,2 m³.ha⁻¹.ano⁻¹ e o melhor genótipo o G34 com 53,6 m³.ha⁻¹.ano⁻¹. O G44 foi selecionado no estado de São Paulo e é um clone de *E. grandis*, espécie que ocorre naturalmente nos climas Cfa, Cwa e Cwb e que possui como principal exigência climática a temperatura média anual entre 15 e 22 °C (FLORES et al., 2016). O clone G34 é um híbrido de *E. grandis* e *E. brassiana*, foi selecionado no Maranhão, e atualmente é o clone operacional mais plantado na unidade. O *E. brassiana* é uma espécie tropical bem adaptada às condições da região. Essa espécie ocorre naturalmente entre latitudes 7°S e 18°S, principalmente nos climas Aw e Am e exige temperatura média anual entre 21 e 27 °C (FLORES et al., 2016).

A Tabela 4 apresenta um resumo dos resultados médios obtidos em termos de sobrevivência (SOB, %), diâmetro à altura do peito (DAP, cm), altura total (ALT, m), volume individual (VOL, m³) e IMA para cada um dos sítios.

Tabela 4 – Resumo dos resultados médios obtidos nos oito ensaios com 50 genótipos avaliados aos 3 anos de idade.

Sítio	SOB	DAP	ALT	VOL	IMA
G	89,3	12,3	16,7	0,103	31,79
H	63,2	12,3	14,6	0,090	21,15
I	78,3	11,4	16,0	0,088	24,47
J	96,1	13,8	20,9	0,155	54,63
K	43,7	10,6	13,2	0,059	7,96
L	61,1	12,6	16,0	0,096	19,01
M	96,7	13,2	18,0	0,122	42,50
Q	85,5	12,9	18,8	0,126	29,49
Geral	76,2	12,6	17,2	0,110	28,88

SOB = sobrevivência (%); DAP = diâmetro à altura do peito (cm); ALT = altura total (m); VOL = volume individual (m³); IMA = incremento médio anual (m³.ha⁻¹.ano⁻¹).

Fonte: Da autora (2021).

As médias gerais para as características de crescimento e produtividade foram: DAP de 12,6 cm; ALT de 17,2 m; VOL de 0,110 m³ e IMA de 28,9 m³.ha⁻¹.ano⁻¹. Furlan et al. (2020) encontraram valores de 14,4 cm, 18,7 m e 0,169 m³ para DAP, ALT e VOL, respectivamente, avaliando dois testes clonais aos 6 anos de idade no Maranhão. Os valores superiores encontrados podem ser explicados pela diferença na idade de avaliação.

Analisando apenas os testes do bioma Cerrado que possuem neossolo arenoso, a média de IMA foi 138,7% mais alta no sítio L quando comparado ao sítio K, apesar da sobrevivência ter sido 40% maior. Apesar da precipitação anual média no sítio K (1457 mm) ter sido maior que a do sítio L (1286 mm), a deficiência hídrica foi maior (514 mm no sítio K e 388 mm no sítio L) e índice de aridez também (0,963 em K e 1,126 em L).

As temperaturas média e máxima também foram maiores no sítio K, que sugere um maior estresse térmico. Observando os testes localizados no bioma amazônico, percebe-se uma tendência de a produtividade aumentar conforme a altitude aumenta. O sítio J que apresentou a melhor média de IMA (54,63 m³.ha⁻¹.ano⁻¹) é o que está na maior altitude (365 m), enquanto que o pior local desse bioma (sítio H - 21,15 m³.ha⁻¹.ano⁻¹) está a 102 metros de altitude, a menor entre os ambientes. O único local que fugiu dessa tendência foi o G, que mesmo a uma altitude mais baixa (122 m) foi o terceiro mais produtivo. No entanto, esse foi o sítio que teve a maior precipitação média anual, com 2133 mm.

A sobrevivência média nos experimentos foi de 76,2%, variando de 43,7% no sítio K (Estreito, MA) a 96,7% no sítio M (Dom Eliseu, PA). Os dois sítios localizados no bioma do cerrado e que possuem neossolo de textura arenosa (K e L) foram os que apresentaram as piores taxas de sobrevivência. O local com a maior produtividade foi o J, apresentando os maiores valores de IMA e consequentemente os maiores valores de VOL, DAP e ALT.

A Tabela 5 mostra o resultado de sobrevivência por material genético em cada local avaliado. Os dados estão ordenados de maior para menor sobrevivência geral de cada clone.

Tabela 5 – Resumo da sobrevivência (%) por material genético em cada ambiente.

(continua)

Clone	UNF	G	H	I	J	K	L	M	Q	Total
G34	MA	100	87	100	100	100	90	100	100	97
G33	MA	90	79	100	100	100	100	100	93	95
G24	MA	100	77	100	100	97	100	96	89	95
G28	MA	100	63	97	100	86	100	100	100	93
G18	BA	100	93	100	100	47	97	100	100	92
G19	BA	100	100	90	100	73	70	100	100	91

(conclusão)

Clone	UNF	G	H	I	J	K	L	M	Q	Total
G05	BA	100	93	100	100	67	79	100	86	91
G20	BA	97	93	97	100	60	83	100	90	90
G47	SP	100	93	93	100	43	80	100	97	88
G02	BA	100	90	100	100	47	96	93	77	88
G31	MA	93	76	90	100	53	93	100	93	87
G11	BA	100	70	87	100	97	43	97	97	86
G15	BA	100	90	97	100	53	66	79	97	85
G04	BA	97	90	87	100	63	68	100	73	85
G12	BA	100	79	93	100	77	57	100	73	85
G50	MA	97	83	86	96	33	86	100	97	85
G17	BA	100	79	93	100	10	100	100	97	84
G27	MA	90	70	67	100	63	86	100	86	83
G35	MA	100	77	73	100	43	97	100	69	82
G09	BA	100	38	80	100	50	90	100	96	82
G01	MA	97	97	87	100	33	53	97	90	82
G06	BA	100	90	100	100	37	30	100	83	80
G03	BA	93	20	79	90	80	90	97	93	80
G26	MA	93	27	60	100	93	100	100	63	79
G32	MA	100	50	93	100	23	70	100	93	78
G08	BA	100	10	97	100	47	83	100	83	77
G07	BA	93	53	100	100	37	28	100	100	76
G25	MA	100	23	41	90	77	100	100	79	76
G30	MA	90	43	92	100	37	68	97	79	75
G29	MA	93	30	97	100	33	77	93	75	74
G43	SP	100	63	83	93	30	17	100	97	73
G10	BA	97	37	89	100	34	37	96	93	73
G13	BA	97	77	93	100	13	0	100	93	72
G23	MA	72	30	93	100	37	66	100	76	72
G14	BA	96	93	37	90	10	40	100	90	69
G40	SP	96	77	83	100	27	10	100	62	69
G22	MA	70	47	67	100	50	23	100	97	69
G39	SP	83	57	47	87	20	47	100	93	66
G46	SP	33	77	27	100	17	80	97	89	65
G16	BA	83	17	85	96	7	45	100	90	64
G21	BA	97	70	73	70	7	31	100	63	64
G37	SP	57	67	30	96	43	46	77	90	63
G41	SP	83	60	57	100	3	4	100	93	63
G49	SP	50	0	70	100	45	57	97	73	61
G42	SP	80	47	83	86	0	7	97	83	60
G44	SP	87	70	33	100	0	0	90	82	57
G45	SP	73	27	80	93	23	3	93	63	57
G48	SP	57	60	30	73	23	55	80	70	56
G36	SP	83	60	27	100	3	7	89	50	51
G38	SP	43	57	43	43	27	53	67	63	49

Fonte: Da autora (2021).

Verifica-se que os 4 melhores genótipos em termos de sobrevivência geral, que apresentam média acima de 92%, são clones selecionados e plantados na região da experimentação. Já os 9 piores clones, com taxas de sobrevivência média menor que 64%, são todos oriundos de seleções realizadas na UNF-SP. Isso demonstra uma inadaptabilidade maior dos clones de SP para as condições extremas da UNF-MA, e ajuda a explicar os níveis de sobrevivência encontrados nessa rede de testes, que é menor que 80% em metade dos locais.

4.2 Análises individuais

Pelas análises de variâncias individuais para os 8 ambientes é possível constatar que existem diferenças significativas ao nível de 1% de probabilidade entre os genótipos em todos os experimentos (TABELA 6).

Tabela 6 – Resumo das análises de variância individuais por experimento para variável IMA ($\text{m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$) aos 3 anos de idade.

FV	GL	Quadrados Médios							
		G	H	I	J	K	L	M	Q
Genótipo	49	1436,5**	1070,7**	1582,6**	1676,7**	293,3**	914,5**	1454,7**	977,6**
Bloco	5	111,64 ^{ns}	75,81 ^{ns}	223,07**	294,36 ^{ns}	99,25**	66,89 ^{ns}	135,49 ^{ns}	202,15*
Resíduo	245	73,26	78,87	64,36	149,90	23,10	69,80	67,34	83,74

FV = fonte de variação; GL = grau de liberdade, ns = não significativo; * significativo ao nível de 5% de probabilidade; ** significativo ao nível de 1% de probabilidade.

Fonte: Da autora (2021).

Avaliando as estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos presentes na Tabela 7, o maior valor de variância genotípica (σ^2_g) foi encontrado no sítio J (254,46) e o menor no sítio K (45,04). As herdabilidades em nível de média de clones (h^2_{mg}) variaram de 0,911 a 0,959 e as acurácias seletivas encontradas foram de 0,954 (sítio J) a 0,979 (sítio I). Esses valores podem ser classificados como muito altos (acima de 0,90) em todos os locais, de acordo com proposto por Resende e Duarte (2007). Isso indica possibilidade de sucesso na seleção de clones superiores em todos os ambientes. Oliveira et al (2020) encontraram valores de h^2_{mg} similares (0,92 a 0,97) avaliando IMA aos 4 anos de 109 clones de eucalipto em 3 ambientes no estado do Goiás. Em um estudo que avaliou 804

clones de eucalipto em 3 locais no estado do Rio Grande do Sul foram obtidas acurácias semelhantes para variável IMA aos 3 anos, variando de 0,94 a 0,97 (CASTRO et al., 2018).

Tabela 7 – Estimativa de componentes de variância e parâmetros genéticos para variável IMA ($m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$) aos 3 anos de idade, em cada experimento.

Parâmetro	G	H	I	J	K	L	M	Q
σ^2_f	300,47	244,17	317,40	404,36	68,14	210,60	298,57	232,71
σ^2_g	227,20	165,30	253,04	254,46	45,04	140,79	231,23	148,97
σ^2_e	73,26	78,87	64,36	149,90	23,10	69,80	67,34	83,74
h^2_g	0,756	0,677	0,797	0,629	0,661	0,669	0,774	0,640
Ac	0,974	0,962	0,979	0,954	0,960	0,961	0,977	0,956
h^2_{mg}	0,949	0,926	0,959	0,911	0,921	0,924	0,954	0,914
CV_e	26,93	41,99	32,78	22,41	60,35	43,95	19,31	31,03
CV_g	47,42	60,79	65,00	29,20	84,26	62,42	35,78	41,39
CV_r	1,76	1,45	1,98	1,30	1,40	1,42	1,85	1,33
Média	31,79	21,15	24,47	54,63	7,96	19,01	42,50	29,49

σ^2_f = variância fenotípica; σ^2_g = variância genotípica; σ^2_e = variância residual; h^2_g = herdabilidade no sentido amplo; Ac = acurácia seletiva; h^2_{mg} = herdabilidade em nível de média genotípica; CV_e = coeficiente de variação experimental em porcentagem; CV_g = coeficiente de variação genotípica em porcentagem; CV_r = coeficiente de variação relativa.

Fonte: Da autora (2021).

Os coeficientes de variação ambiental para a variável IMA (CV_e) variaram de 19,3% (sítio M – Dom Eliseu, PA) a 60,4% (sítio K – Estreito, MA). De acordo com Garcia (1989), pode-se considerar o coeficiente de variação dos sítios G, J, M e Q como médios (de 12,1 a 32,6%), do H e I como altos (de 32,6 a 42,9%) e do K e L como muito altos (acima de 42,9%). Os dois sítios classificados como muito altos, são os localizados no bioma Cerrado e que apresentaram as maiores taxas de mortalidade. Para a variável IMA já é esperado que o CV_e seja mais alto, dado que o caráter é calculado indiretamente através do DAP e altura, acumulando a variação dessas duas medições (ROSADO et al., 2012).

Os coeficientes de variação genotípica variaram de 35,8% (sítio M) a 84,3% (sítio K), e os coeficientes de variação relativa variaram de 1,3 (sítio J) a 1,98 (sítio I). Como o CV_r resultou em valores maiores que 1 para todos experimentos, é possível concluir que para todos os experimentos a variação genética foi maior que a variação ambiental, o que indica situação favorável à obtenção de ganhos com a seleção (VENCOVSKY, 1978; CRUZ; REGAZZI, 1997).

A relação entre o maior e menor quadrado médio do resíduo individual foi de 6,49 e, segundo proposto por Pimentel-Gomes (2000), valores menores que 7 podem ser considerados como indicadores de variâncias residuais homogêneas. Desta forma, realizou-se a análise de variância conjunta entre todos os experimentos.

4.3 Análise conjunta

Foi realizada análise de variância conjunta dos dados de produtividade (IMA) de 50 genótipos de eucalipto avaliados aos 3 anos de idade em 8 ambientes com 6 repetições, e os resultados são apresentados na Tabela 8.

Tabela 8 – Resumo da análise de variância conjunta para variável IMA ($\text{m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$) aos 3 anos de idade.

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	F-calculado	Pr(>F)
Ambiente	7	441439,44	63062,78	826,55	$< 10^{-200}$
Bloco(Ambiente)	40	6043,31	151,08	1,98	$2,72 \cdot 10^{-04}$
Genótipo	49	258239,19	5270,19	69,07	$< 10^{-200}$
Genótipo:Ambiente	343	202683,79	590,91	7,74	$4,80 \cdot 10^{-198}$
Resíduo	1960	149541,67	76,30	-	-

Fonte: Da autora (2021).

Na análise de variância conjunta (TABELA 8) foram detectados efeitos significativos ao nível de 1% de probabilidade para genótipos, ambientes e interação genótipos x ambientes. Desta forma é possível proceder com análises de adaptabilidade e estabilidade para explorar melhor os efeitos dessa interação, pois os resultados indicam que os genótipos apresentaram respostas diferenciadas à variação existente ao longo dos ambientes.

A Tabela 9 apresenta as estimativas de variância e parâmetros genéticos da análise conjunta. Foram encontrados valores de 259,55 para variância fenotípica, 97,5 para variância genotípica, 85,8 para variância da interação GxA e 76,3 de variância residual. É possível observar que no total, o efeito de genótipos contribuiu com 37,5% da variância fenotípica total e o efeito da interação GxA com 33%. Similarmente, em um estudo comparando 121 clones de eucalipto aos 3 anos em 9 ambientes distintos, a proporção da variância fenotípica referente ao efeito de genótipos e da interação GxA foi de 40% e 24%, respectivamente (NUNES et al., 2002).

Tabela 9 – Estimativa de componentes de variância e parâmetros genéticos da análise conjunta para variável IMA ($\text{m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$) aos 3 anos de idade.

Parâmetros	IMA
Variância fenotípica (σ^2_f)	259,55
Variância genotípica (σ^2_g)	97,50
Variância da interação GxA (σ^2_{ga})	85,80
Variância residual (σ^2_e)	76,30
Herdabilidade no sentido amplo (h^2_g)	0,376
Coefficiente de determinação da interação GxA (r^2_{ga})	0,330
Herdabilidade em nível de média genotípica (h^2_{mg})	0,888
Acurácia de seleção (A_c)	0,942
Correlação genótipos x ambiente (r_{ga})	0,529
Coefficiente de variação genotípica (CV_g)	34,19
Coefficiente de variação experimental (CV_e)	30,25
Coefficiente de variação relativa (CV_r)	1,13

Fonte: Da autora (2021).

É possível observar na Tabela 9 que a herdabilidade no sentido amplo (h^2_g) obtida foi baixa (0,376). Valores baixos de h^2_g são comuns para variáveis quantitativas que são controladas por muitos genes e possuem alta influência do ambiente em sua expressão (BORÉM; MIRANDA, 2013). A herdabilidade em nível de médias genotípicas (h^2_{mg}) foi de 0,888, valor mais baixo que os encontrados nas análises individuais (TABELA 7). Isso pode ser atribuído ao efeito da interação GxA que torna mais difícil a seleção de genótipos superiores comuns em todos os ambientes. A acurácia com a seleção obtida na análise conjunta foi de 0,942, valor considerado muito alto e que indica uma boa precisão experimental (RESENDE; DUARTE, 2007). Furlan et al. (2020) encontraram valores de mesma proporção para h^2_{mg} (0,868) e acurácia (0,932) para variável volume individual na análise conjunta de dois testes clonais com 130 genótipos no município de Grajaú – MA.

O coeficiente de variação genotípica (CV_g) encontrado foi de 34,19% e o residual (CV_e) de 30,25%. A relação entre os coeficientes de variação genotípico e residual (CV_r) mostra que existe mais variação entre genótipos do que variação residual, o que é muito positivo para a seleção, ainda mais aliado à alta acurácia seletiva obtida. A correlação genótipo x ambiente foi de 52,9%. Esse valor é similar ao 50% e 49% encontrado por Nunes et al. (2016) e Castro et al. (2018), respectivamente, e inferior ao obtido por Furlan et al. (2020) que avaliou 130 clones, porém em apenas dois locais.

4.4 Decomposição da interação GxA e correlação genética entre ambientes

Dado o efeito significativo da interação GxA, o seu estudo é fundamental para a melhor seleção genotípica. A Tabela 10 apresenta as porcentagens da variância da interação genótipos x ambientes que é de natureza simples e complexa entre os pares de ambientes, de acordo com a metodologia proposta por Cruz e Castoldi (1992).

Tabela 10 – Decomposição da interação genótipos x ambientes em parte simples e complexa e correlação genética entre os ambientes par-a-par.

Ambientes	Simple	Complexa	Correlação de Pearson
G x H	35,8%	64,2%	0,566
G x I	52,3%	47,7%	0,771
G x J	26,1%	73,9%	0,448
G x K	57,6%	42,4%	0,501
G x L	31,1%	68,9%	0,478
G x M	38,9%	61,1%	0,626
G x Q	45,3%	54,7%	0,666
H x I	42,7%	57,3%	0,636
H x J	17,6%	82,4%	0,274
H x K	47,8%	52,2%	0,463
H x L	22,5%	77,5%	0,394
H x M	18,1%	81,9%	0,306
H x Q	31,2%	68,8%	0,524
I x J	44,6%	55,4%	0,692
I x K	50,5%	49,5%	0,372
I x L	26,4%	73,6%	0,389
I x M	43,4%	56,6%	0,677
I x Q	54,9%	45,1%	0,747
J x K	43,0%	57,0%	0,239
J x L	14,9%	85,1%	0,190
J x M	36,7%	63,3%	0,594
J x Q	37,7%	62,3%	0,546
K x L	58,5%	41,5%	0,635
K x M	45,8%	54,2%	0,334
K x Q	50,9%	49,1%	0,530
L x M	27,5%	72,5%	0,423
L x Q	29,3%	70,7%	0,499
M x Q	51,0%	49,0%	0,724

Fonte: Da autora (2021).

Na decomposição da interação GxA (TABELA 10) observa-se que a maior parte da interação GxA é de natureza complexa (61,4%), ou seja, quando ocorre troca de ordenamento dos melhores genótipos entre os ambientes. Devido à grande heterogeneidade edafoclimática da região, a presença maior desse tipo de interação representa boa oportunidade de selecionar genótipos específicos para cada site. Apenas para 7 pares de ambientes a interação do tipo simples predominou, para os outros 21 pares houve predominância da interação complexa. Munhoz et al. (2021), Oliveira et al. (2020) e Nunes et al. (2002) também encontraram predominância de interação complexa em eucalipto.

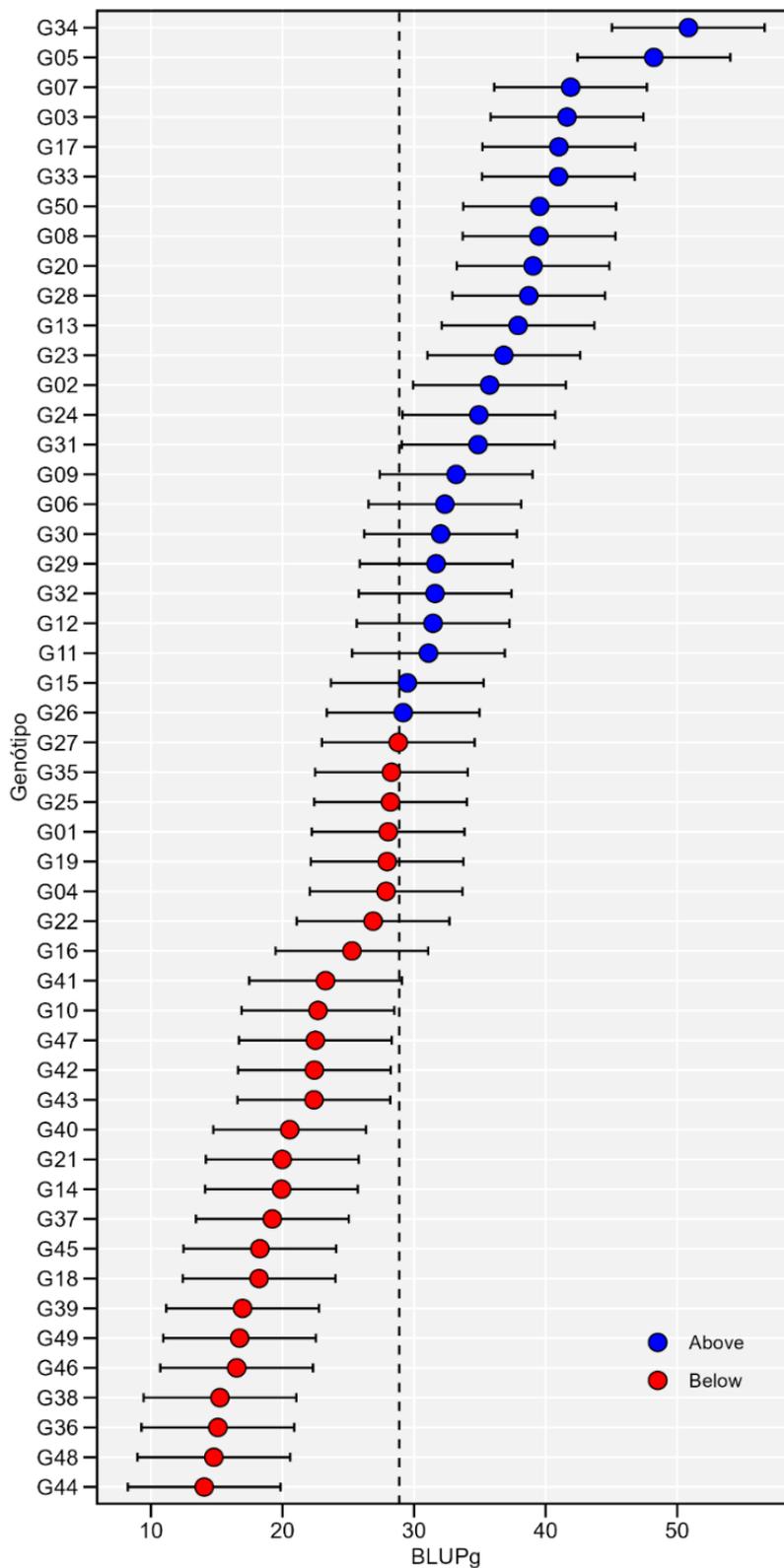
O par de ambientes que apresentou a maior porcentagem de interação simples foi o K-L (58,5%), sendo que os dois sítios estão no bioma cerrado, em solo arenoso, diferentes de todos os outros sítios. Analisando todos os outros pares de ambientes formados com o sítio L, podemos observar que só existe predominância de interação complexa, com média de 74,7% e correlação média de 0,395. A menor correlação genética entre ambientes foi observada entre os sítios J e L (0,190), que apresentaram a maior porcentagem de interação do tipo complexa (85,1%). Essa menor correlação pode ser explicada pelas características ambientais tão distintas: sítio J no bioma amazônico com latossolo de textura argilosa e o sítio L no cerrado com neossolo de textura arenosa. Por outro lado, a maior correlação genética foi observada entre G e I, com 0,771 e maior parte da interação classificada como de natureza simples (52,3%). Apesar de estarem distantes e possuírem diferentes classificações climáticas, os ambientes G e I estão no bioma amazônico em altitudes muito similares (122 e 126 metros, respectivamente), apresentaram praticamente as mesmas temperaturas médias (26,5°C e 26,4°C, respectivamente) e valores de evapotranspiração potencial muito próximos (1656 e 1636 mm, respectivamente).

O sítio J apresentou predominância de interação do tipo complexa com todos os pares de ambientes com média de 68,5% e correlação de 0,426. Esse local acaba se diferenciando demais pela alta produtividade, possuindo uma média de IMA 28,5% superior ao segundo melhor local (M) e sendo quase 7 vezes mais produtivo que o sítio K.

4.5 BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*)

A Figura 3 apresenta os valores genotípicos de IMA aos 3 anos preditos para os 50 genótipos na análise conjunta dos 8 ambientes ($BLUP_g = \mu + \hat{g}_i$). Usando modelos mistos, essas são as estimativas que mais se aproximam do verdadeiro valor genotípico.

Figura 3 – BLUP_g da variável IMA (m³.ha⁻¹.ano⁻¹) aos 3 anos de idade. Círculos azuis e vermelhos representam os genótipos que apresentaram BLUP acima e abaixo da média geral, respectivamente. As barras de erro representam o intervalo de confiança de 95% para a predição.



Fonte: Da autora (2021).

A média geral ($28,9 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$) está representada pela linha pontilhada (FIGURA 3). Os BLUPs genotípicos variaram de $14,0$ (G44) a $50,8 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$ (G34). Além do melhor clone G34, o G05 também se destacou apresentando BLUPs de $48,2 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$. Em seguida, os melhores genótipos foram G07, G03 e G17, com IMA predito de $41,9$, $41,6$ e $41,0 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$, respectivamente. Os 7 piores clones (G39, G49, G46, G38, G26, G48, G44), que apresentaram valores genotípicos preditos de IMA abaixo de $17 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$, são todos clones oriundos de seleções realizadas na unidade florestal de São Paulo.

Dentre os genótipos de SP, o melhor posicionado é o G41 com $23,3 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$, em 33º lugar no rank e abaixo da média geral. Fica evidente que os materiais genéticos selecionados em São Paulo não são adaptados para as condições encontradas na unidade do Maranhão. Os clones selecionados na unidade da Bahia geralmente se adaptam bem na UNF-MA, sendo que atualmente alguns desses clones fazem parte da recomendação clonal operacional. Esses resultados confirmam o que é observado na prática. Dos cinco maiores valores genotípicos preditos pela análise conjunta, quatro são de clones selecionados na UNF-BA (G05, G07, G03, G17).

A Figura 4 apresenta os valores genotípicos preditos para cada local, considerando os efeitos genotípicos e da interação GxA ($\text{BLUP}_{g+ge} = \bar{y}_{.j} + \hat{g}_{ij}$). É possível observar que o ambiente K possui só um genótipo acima de média geral de todos os ambientes, ao passo que no ambiente J a maioria está acima. Os genótipos estão ordenados de acordo com o BLUP genotípico de forma que fica evidente a troca de ordenamento entre os locais, confirmando o resultado encontrado de 61,4% da interação ser do tipo complexa.

Os cinco genótipos com os maiores valores genotípicos preditos considerando os efeitos da interação no sítio G foram: G34 ($66,3 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$), G05 ($57,0 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$), G03 ($53,1 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$), G28 ($51,5 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$) e G08 ($50,8 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$) (FIGURA 4). Comparando com o ordenamento dos valores genotípicos preditos livres do efeito da interação GxA, esses genótipos ficam entre os 10 melhores, em 1º, 2º, 4º, 10º e 8º, respectivamente.

No ambiente H, os cinco primeiros genótipos são G34 ($60,3 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$), G05 ($44,1 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$), G33 ($42,6 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$), G31 ($40,2 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$) e G17 ($40,1 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$) (FIGURA 4), enquanto que o ordenamento desses clones na Figura 3 é, respectivamente, 1º, 2º, 6º, 15º e 5º. Algo que chama atenção é o G03 que está muito bem posicionado considerando BLUP genotípico (4º), mas quando levado em consideração o efeito da interação passa para o 33º lugar no rank do ambiente H. Neste sítio, o clone G03 teve uma

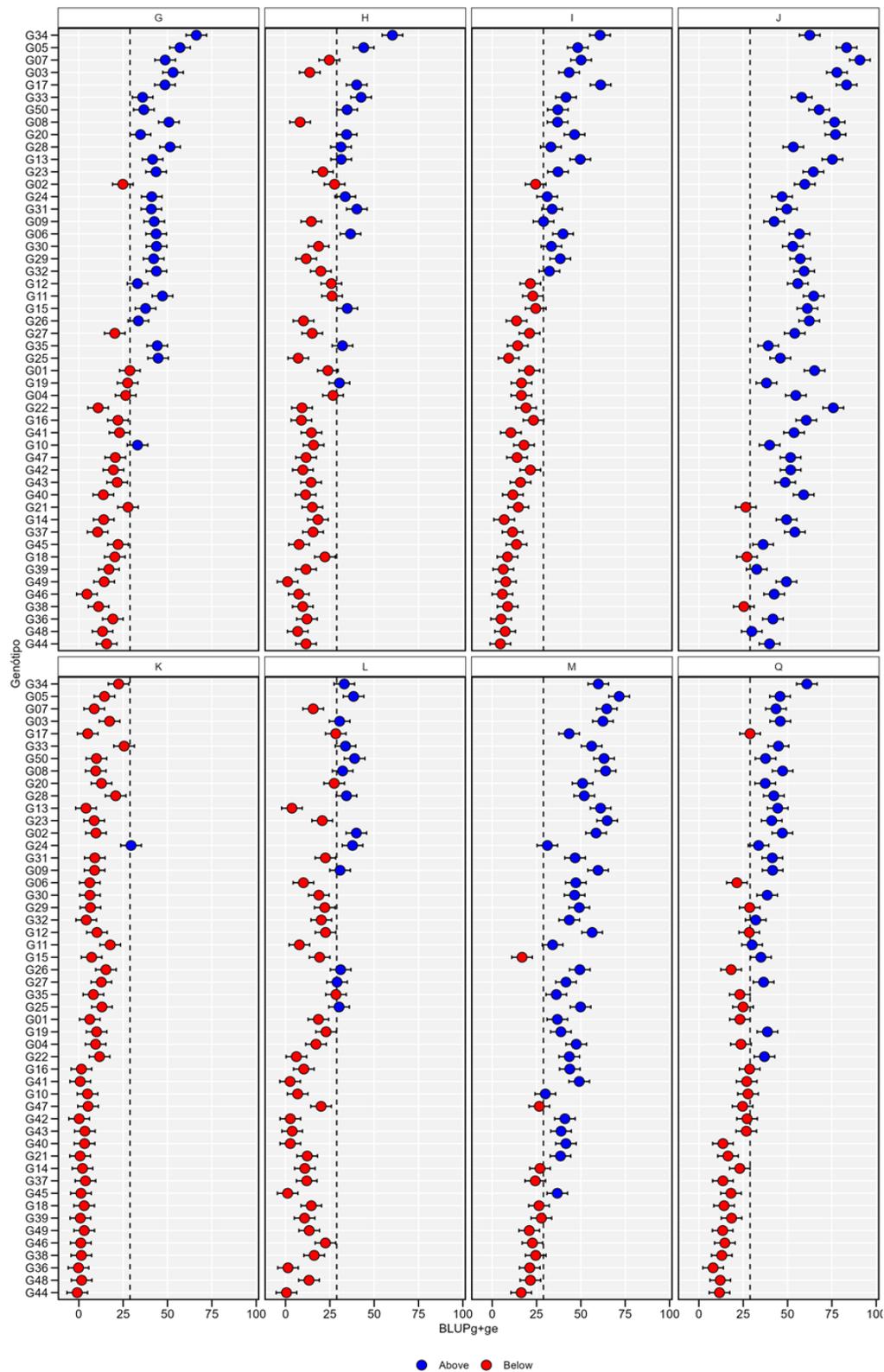
taxa de sobrevivência muito baixa (20%). Ao avaliar as características do ambiente H, pode-se sugerir que esse genótipo não é adaptado para condições mais áridas e altitudes mais baixas, visto que é o lugar que apresenta o menor índice de aridez (0,851) e altitude (102 m).

Avaliando o sítio I na Figura 4, é possível observar uma grande correspondência do ordenamento do $BLUP_{g+ge}$ com o ordenamento do $BLUP_g$ livre da interação (correlação de postos de Spearman 93,5%). Esse resultado corrobora com a média da correlação genética entre pares de ambientes que foi a maior no ambiente I (0,612). Os melhores genótipos são G17 ($61,1 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$), G34 ($60,8 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$), G07 ($50,1 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$), G13 ($49,7 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$) e G05 ($48,2 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$). Esses mesmos genótipos encontram-se, respectivamente, nas posições 5°, 1°, 3°, 11° e 2° no $BLUP_g$ (FIGURA 3).

Os melhores genótipos no ambiente J apresentam valores de altíssima magnitude, considerando o que é observado na região e a média dos testes, que foi de $28,8 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$. Os cinco melhores clones foram G07 ($90,8 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$), G17 ($83,3 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$), G05 ($83,3 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$), G03 ($77,8 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$) e G20 ($77,0 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$), estando ordenados como 3°, 5°, 2°, 4° e 9° para os valores genotípicos preditos sem efeito da interação. Esses resultados revelam o potencial de crescimento da cultura do eucalipto em regiões contempladas pelo bioma amazônico, e a amplitude de ganho que ainda se pode alcançar selecionando genótipos superiores. Outro resultado interessante é que esses cinco clones que se destacaram são todos oriundos da Bahia. Fica evidente que existe potencial dos materiais selecionados na BA se adaptarem no MA, e mostra a importância da troca de germoplasma que já ocorre entre as UNFs da Suzano. O G34 que é o primeiro colocado no rank do $BLUP_g$, fica em 13° no ambiente J. Isso mostra a importância da seleção e recomendação de clones específicos para cada local, para que possa ser possível aproveitar os efeitos da interação e capitalizar os ganhos nos ambientes mais promissores.

O clone G24, que está em 14ª posição considerando o $BLUP_g$, foi o único que ficou acima da média geral no ambiente K. Ele é um clone selecionado na região, da espécie *E. urophylla*, que em sua região de origem em Timor-Leste e Indonésia ocorre predominantemente no clima Aw. O *E. urophylla* é uma espécie que precisa de temperaturas médias anuais entre 16 e 27° e precipitação média anual entre 1000 e 2000 mm, todas condições presentes no sítio K. O segundo colocado nesse ambiente (G33) também é um clone de *E. urophylla* selecionado na região, e é conhecido por tolerar condições de déficit hídrico. Os cinco primeiros genótipos do sítio K foram G24 ($29,5 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$), G33 ($25,5 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$), G34 ($22,4 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$), G28 ($20,8 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$) e G11 ($17,7 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$).

Figura 4 – $BLUP_{g+ge}$ da variável IMA ($m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$) aos 3 anos de idade para os 50 genótipos em cada ambiente. Círculos azuis e vermelhos representam os valores acima e abaixo da média geral, respectivamente. As barras de erro representam o intervalo de confiança de 95% para a predição



Fonte: Da autora (2021).

No ambiente L os cinco primeiros genótipos foram G02 (39,9 m³.ha⁻¹.ano⁻¹), G50 (39,0 m³.ha⁻¹.ano⁻¹), G05 (38,4 m³.ha⁻¹.ano⁻¹), G24 (37,8 m³.ha⁻¹.ano⁻¹) e G28 (34,4 m³.ha⁻¹.ano⁻¹). Em relação ao ordenamento livre da interação, esses genótipos estão em 13º, 7º, 2º, 14º e 10º, respectivamente. Novamente a importância de selecionar genótipos específicos fica evidenciada através dos resultados. O clone G07, 3º colocado quando não se considera a interação GxA, fica na 30ª posição com 15,6 m³.ha⁻¹.ano⁻¹ com o efeito da interação neste ambiente L. Essa produtividade é quase 60% abaixo do 3º colocado no ambiente L. Esse clone é de *E. grandis*, espécie que geralmente não é adaptada para regiões com acentuado déficit hídrico e ocorre predominantemente no clima Cfa (FLORES, et al., 2016).

A classificação genotípica no ambiente M corresponde a: G05 (71,6 m³.ha⁻¹.ano⁻¹), G23 (64,8 m³.ha⁻¹.ano⁻¹), G07 (64,6 m³.ha⁻¹.ano⁻¹), G08 (64,0 m³.ha⁻¹.ano⁻¹) e G50 (63,1 m³.ha⁻¹.ano⁻¹), e estão ordenados como 2º, 12º, 3º, 8º, 7º para os valores genotípicos preditos sem efeito da interação. Já no ambiente Q temos o G34 (60,9 m³.ha⁻¹.ano⁻¹), G08 (47,2 m³.ha⁻¹.ano⁻¹), G02 (47,1 m³.ha⁻¹.ano⁻¹), G03 (45,9 m³.ha⁻¹.ano⁻¹) e G05 (45,8 m³.ha⁻¹.ano⁻¹) entre os cinco melhores. Porém, no ranqueamento geral (BLUP_g) esses clones ocupam as posições 1, 8, 13, 4, e 2, respectivamente.

O clone G05, selecionado na Bahia, ficou entre os cinco melhores em sete dos oito experimentos, provando ser um clone produtivo e estável para a região avaliada, pois mesmo no pior ambiente (K) ele ficou em 8º em termos de BLUP_{g+ge}. Outro clone de destaque foi o G34, selecionado na própria UNF, que apareceu nos 5 melhores cinco vezes.

Fazendo uma simulação de ganho em IMA selecionando os 5 melhores em cada ambiente de acordo com os resultados sem (BLUP_g) e com efeito da interação (BLUP_{g+ge}), é possível observar que o potencial é muito alto (TABELA 11).

Tabela 11 – Simulação de ganho em IMA (m³.ha⁻¹.ano⁻¹) por ambiente com 10% de intensidade de seleção, considerando os cinco melhores genótipos na média de todos os experimentos (BLUP_g) e dentro do ambiente, considerando efeito da interação (BLUP_{g+ge}).

Ambiente	BLUP dos selecionados na média geral	Ganho	BLUP dos selecionados dentro do ambiente	Ganho
G	54,7	72%	55,7	75%
H	36,6	73%	45,5	115%
I	52,7	115%	54,0	121%
J	79,5	46%	82,4	51%
K	13,6	71%	23,2	191%
L	29,2	54%	37,9	99%
M	60,4	42%	65,6	54%
Q	45,0	53%	49,4	67%
Média	46,5	61%	51,7	79%

Fonte: Da autora (2021).

O ganho em relação à média de cada ambiente variou de 42% (M) a 115% (I) sem considerar o efeito da interação, e de 51% (J) a 191% (K) considerando a interação GxA. Apesar de ambas as simulações apresentarem ganhos significativos, quando olhamos para o sítio K fica evidente que o efeito da interação tem grande impacto no ganho com a seleção. A magnitude desse efeito pode ser explicada pela baixa sobrevivência, mas mostra que para esses locais mais desafiadores do bioma Cerrado, com solos mais pobres, e período de estiagem acentuado, é fundamental a seleção de materiais específicos e adaptados. Como esperado, para todos os locais o ganho foi maior ao selecionar os cinco melhores genótipos em cada ambiente, com uma média de 79%, comparado com 61% ao desprezar os efeitos da interação GxA. Furlan (2018) também reportou ganho com a seleção próximo a 50% para produção em volume de madeira em testes clonais de eucalipto no estado do Maranhão.

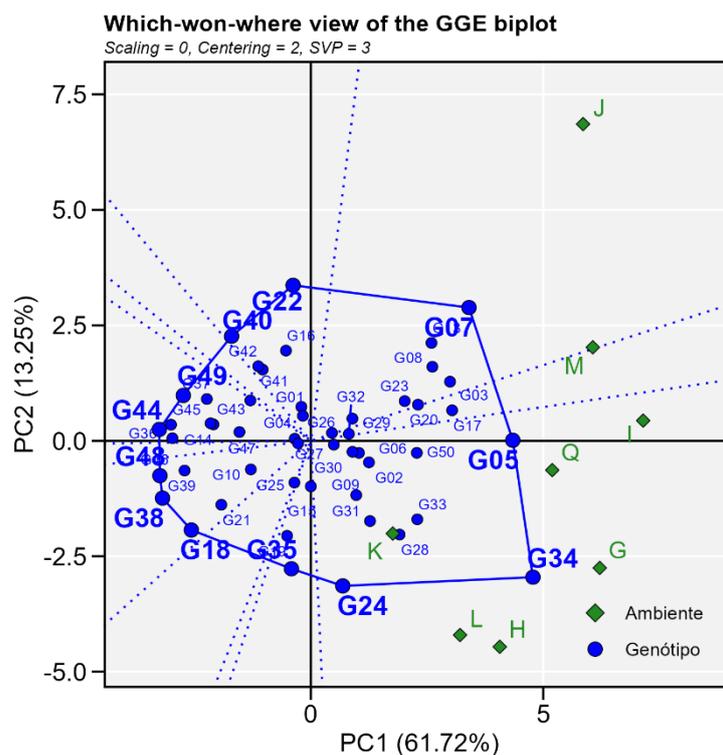
4.6 GGE (*Genotype plus Genotype by Environment*) Biplots

Foram obtidos os primeiros componentes principais (PC1 e PC2), derivados da decomposição dos valores singulares dos efeitos de genótipos (G) + efeitos da interação (GE). Os primeiros componentes explicaram 74,97% da variação total dos componentes G + GE, sendo que quanto maior a porcentagem do primeiro componente principal, mais os genótipos variaram em relação aos ambientes. Os quatro GGE biplots apresentados a seguir são baseados nos dados de IMA aos 3 anos de idade dos 50 clones de eucalipto testados em 8 ambientes. Os dados de todos os biplots estão em escala original (*scaling* = 0) e centralizados para a média dos ambientes (*centering* = 2).

A Figura 5 apresenta o GGE biplot tipo ‘quem vence-onde’, que pode ser utilizado para indicar os melhores genótipos com base em desempenho e para estratificar os ambientes. Nesse gráfico um polígono é desenhado unindo os genótipos que estão mais distantes da origem de forma que todos os outros genótipos estejam contemplados dentro dessa área. Os genótipos que estão nos vértices são os que possuem os vetores mais longos, o que indica uma medida de capacidade de resposta aos ambientes em suas respectivas direções. Desta forma, todos os outros genótipos que não estão nos vértices são menos responsivos; e os que estão localizados próximos da origem (média geral) não respondem aos ambientes, mantendo suas classificações em todos os ambientes. Aqueles que estão plotados na direção oposta à um ambiente, são os menos produtivos. Quanto mais próximo

um genótipo está da região de algum ambiente, melhor seu desempenho naquele site. Conseqüentemente, quando mais distante, pior o desempenho no ambiente.

Figura 5 – GGE biplot tipo ‘quem-vence-onde’ baseado em dados de IMA aos 3 anos de idade. Valor singular simetricamente particionado nos autovetores de genótipos e do ambiente ($SVP = 3$).



Fonte: Da autora (2021).

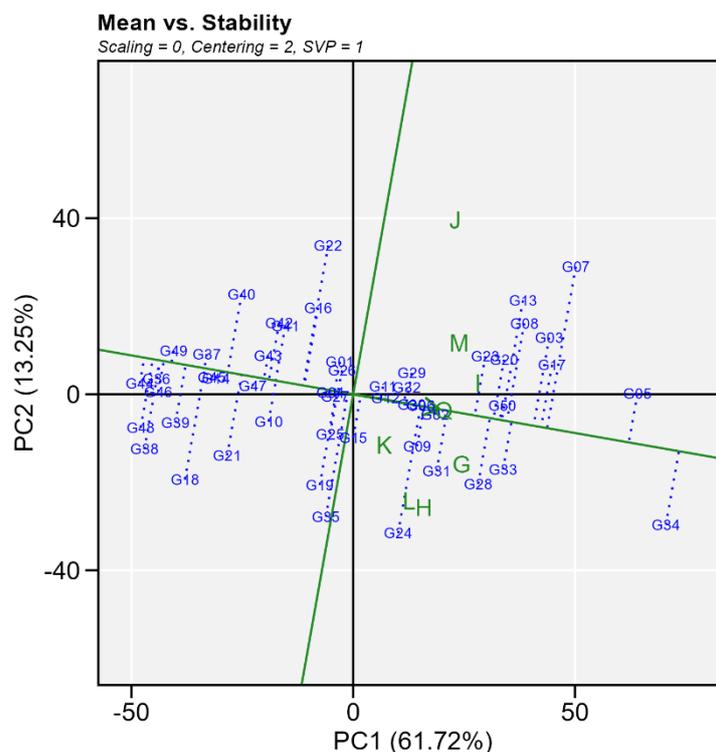
Os genótipos G34 e G05 podem ser destacados como vencedores na maioria dos locais, o G24 é o vencedor no ambiente K, e o G07 nos ambientes J e M. Já os genótipos que possuem vértice longo e estão mais à esquerda do eixo vertical que passa pela origem, são os de pior desempenho (G44, G48, G38 e G49). Esses resultados corroboram o obtido na análise utilizando modelos mistos, visto que os mesmos clones aparecem como os melhores e piores para esse conjunto de ambientes.

Na Figura 5, é possível avaliar o agrupamento visual dos ambientes, pois as linhas pontilhadas dividem os experimentos em mega-ambientes. Por meio desta metodologia, a estratificação ambiental seria feita em apenas dois grupos para se explicar aproximadamente a mesma magnitude da interação GxA: um com os sítios J e M e outro grupo com todos os outros sítios. Avaliando as características desses ambientes presentes na Tabela 1, observa-se que ambos os ambientes estão no bioma amazônico e estão acima de 300 m de altitude,

característica ambiental que favorece a produtividade do *Eucalyptus* na região. Esse resultado é muito importante, pois na classificação ambiental atual, esses dois experimentos já estão agrupados num mesmo macroambiente, comprovando que a altitude é um fator decisivo no agrupamento de locais na região. No entanto, o segundo mega-ambiente formado agrupa ambientes bem distintos e que interagem bastante (G, H, I, K, L, Q), mostrando que o resultado dessa estratificação deve ser interpretado com cautela. Desta forma, a tomada de decisão deve ser baseada em mais de um método e não somente no GGE biplot.

O GGE biplot presente na Figura 6 é do tipo ‘média x estabilidade’, e através dele é possível identificar genótipos produtivos e de ampla adaptação.

Figura 6 – GGE biplot tipo ‘média × estabilidade’ baseado em dados de IMA aos 3 anos de idade. Particionamento do valor singular com foco no genótipo ($SVP = 1$).



Fonte: Da autora (2021).

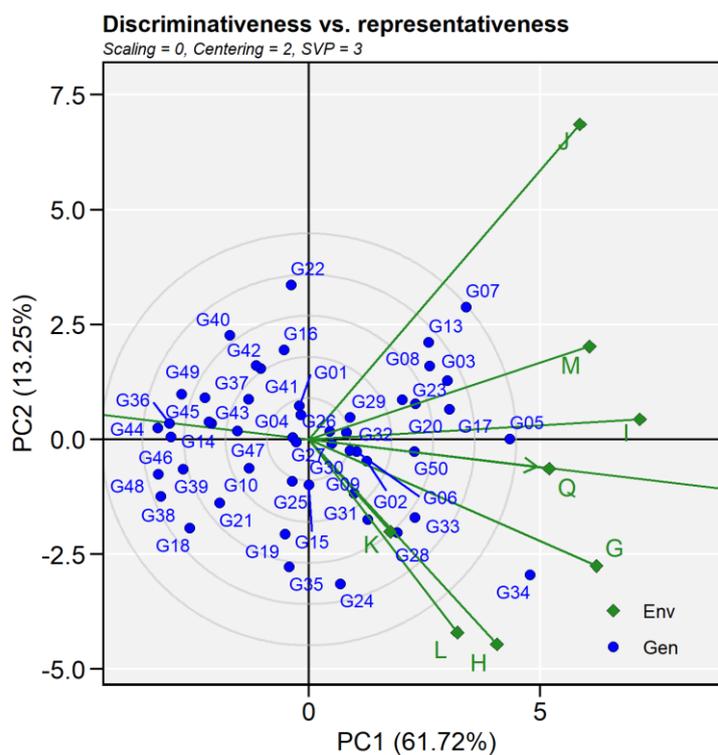
A linha horizontal verde representa o eixo do ambiente médio, ou seja, os ambientes que estão acima da linha verde são mais produtivos que aqueles que estão abaixo desse eixo. A linha vertical verde representa a média geral, ou seja, genótipos que estão à esquerda desse eixo são genótipos inferiores à média e os que estão à direita são superiores à média, de forma que quanto mais para direita um genótipo estiver, mais produtivo ele é. Os vetores pontilhados em relação ao eixo médio indicam a estabilidade dos genótipos. Quanto mais

longo o vetor, independente da direção, menos estável o genótipo é, pois ele está mais distante do eixo do ambiente médio. Genótipos próximos ao eixo horizontal verde representam aqueles que não capitalizam os efeitos da interação GxA, mas também não são penalizados por ela (COSTA-NETO, 2017).

Por meio dessa análise é possível novamente identificar os genótipos G34 e G05 se destacando como os mais produtivos. No entanto, em termos de estabilidade, o G05 é superior ao G34 (FIGURA 6). O clone G07 apesar de apresentar produtividade alta, é um dos genótipos mais instáveis, enquanto o G50 também possui média alta, mas é muito mais estável que o G07. Além do G50, os clones G02, G06 e G30 podem ser destacados pela alta estabilidade e produtividade. Por combinarem média baixa e alta instabilidade, os genótipos G18 (origem Bahia), G38, e G40 (origem São Paulo) podem ser considerados desfavoráveis e descartados do programa de melhoramento da UNF-MA.

Na Figura 7 temos o GGE biplot do tipo ‘discriminação x representatividade’, cujo foco são as diferenças entre os ambientes.

Figura 7 – GGE biplot tipo ‘discriminação × representatividade’ baseado em dados de IMA aos 3 anos de idade. Valor singular simetricamente particionado nos autovetores de genótipos e do ambiente ($SVP = 3$).



Fonte: Da autora (2021).

O eixo horizontal verde com a seta é o eixo do ambiente médio, e a seta indica a direção que os genótipos devem estar para serem mais produtivos. O vetor dos ambientes em relação à origem é proporcional ao desvio padrão do caractere em avaliação. Ou seja, quanto maior o desvio padrão do IMA no ambiente, maior o vetor. Isso quer dizer que o comprimento do vetor representa seu poder discriminante, ou seja, o quanto esse ambiente consegue diferenciar genótipos que são efetivamente superiores. Desta forma, pode-se observar na Figura 7, que o ambiente mais discriminante é o J, seguido do I e G.

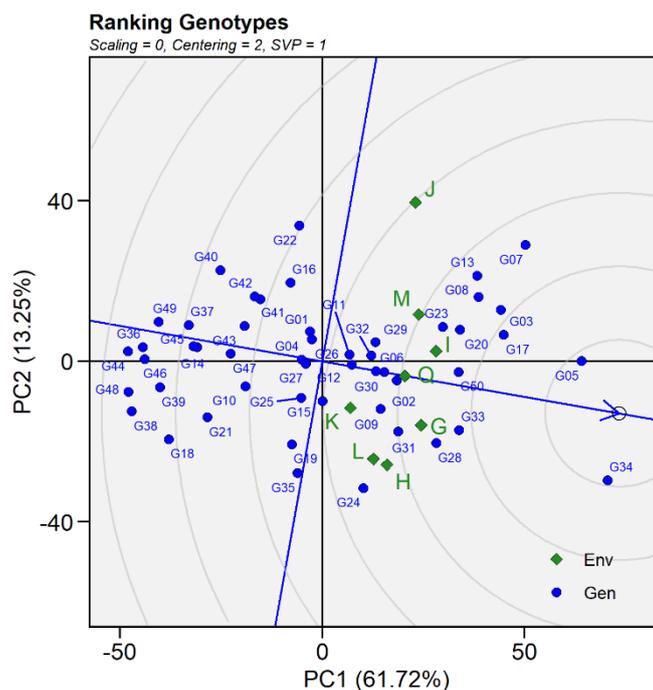
A distância entre um ambiente e o eixo médio é a representatividade do ambiente em relação à média, de forma que quanto mais próximo o vetor estiver da média, mais representativo ele é. Na Figura 7 é possível observar que o ambiente Q é o mais representativo, pois ele está praticamente em cima do eixo médio. No entanto o ambiente Q possui um dos menores poderes discriminantes (comprimento do vetor), sendo melhor apenas que o K nesse sentido. Isso significa que apesar de ele representar bem a média dos ambientes avaliados, ele não consegue discriminar bem os melhores dos piores genótipos, e desta forma não seria uma boa escolha para um ambiente teste da região.

Para escolher um ambiente teste, ele deve possuir um alto poder discriminante e ser bem representativo da região avaliada. Neste sentido a melhor opção entre os ambientes avaliados seria o sítio I. Esse fato ainda é corroborado com o fato desse ambiente ser o que apresenta melhor correlação genética média entre os pares de ambientes, com uma média de 0,612 (TABELA 10). No entanto, como o efeito da interação GxA é tão significativa e todos os resultados anteriores indicam a seleção de genótipos específicos como uma melhor estratégia, é preferível testar os genótipos em locais onde eles podem expressar seu potencial. Desta forma, as informações extraídas desse gráfico podem ser utilizadas em conjunto com a estratificação dos ambientes (FIGURA 5). Como exemplo, o sítio J é o que está mais distante da média, mas o que tem o vetor mais comprido. Esse ambiente consegue discriminar bem entre os melhores e piores genótipos, mas não necessariamente vão ser os mesmos melhores e piores em todos os ambientes, pois ele não é tão representativo. Quando comparado com o ambiente M, que faz parte do mesmo mega-ambiente que o J (FIGURA 5), ele passa ser a melhor escolha para um ambiente teste dentro desse estrato.

O biplot denominado ‘ranqueamento de genótipos’ (FIGURA 8) tem como objetivo ordenar os melhores genótipos com base em um genótipo ideal denominado ideótipo, que possui ampla adaptação, ou seja, combina estabilidade e produtividade. O centro dos círculos concêntricos representa esse ideótipo, então quanto mais próximo um genótipo estiver desse

centro, mais ideal ele é para esse conjunto de ambientes. Os círculos concêntricos são traçados apenas com a finalidade de facilitar a visualização do ordenamento e da distância que os genótipos estão desse ideótipo.

Figura 8 – GGE biplot tipo ‘ranqueamento de genótipos’ baseado em dados de IMA aos 3 anos. Particionamento do valor singular com foco no genótipo ($SVP = 1$).



Fonte: Da autora (2021).

Desta forma, verifica-se na Figura 8 que os genótipos G05 e G34 são os genótipos “ideais” para esse conjunto de dados, seguidos pelo G17, G03, G33 e G50. Os mais desfavoráveis são os genótipos G48, G44, G38, G36 e G46 todos selecionados em São Paulo. Esses resultados são similares aos obtidos com os BLUPs analisados no item anterior (FIGURA 4), mas como essa análise contabiliza a estabilidade, o desempenho do G34 foi penalizado por sua maior instabilidade comparado com o G05.

5 CONCLUSÕES

Na análise conjunta de 50 clones de eucalipto testados em oito ambientes, o efeito genotípico contribuiu com 37,5% da variância observada e o efeito da interação GxA com 33%. Isso demonstra a necessidade de avaliações genotípicas em ensaios multi-ambientais que contemplem ampla gama de locais com condições edafoclimáticas representativas das regiões de cultivo.

Existe predominância de padrões de interação GxA de natureza complexa em eucalipto na região de transição entre os biomas Cerrado e Amazônia. Esse resultado indica que a seleção de genótipos superiores deve ser realizada independente para cada local, para capitalizar os ganhos nesses ambientes tão distintos. Porém, em um contexto de instabilidades e variações climáticas, atenção também deve ser dada à estabilidade dos clones, uma vez que as condições climáticas dos futuros plantios podem ser muito distintas das condições em que os clones foram avaliados.

Há possibilidade de selecionar genótipos com ampla adaptação capazes de aproveitar a interação GxA, e também genótipos com adaptação específica, sobretudo para os ambientes da região presente no bioma do Cerrado.

O experimento de Açailândia - MA (J) foi o que apresentou maior capacidade de discriminação entre melhores e piores genótipos. Já o mais representativo, que mais se aproximou da média dos oito locais, foi o experimento em Bom Jesus das Selvas - MA (Q).

Desconsiderando os efeitos da interação GxA, o genótipo G34 é o melhor para todos os locais. Isso justifica o fato de ser atualmente o clone mais plantado da UNF-MA, com áreas distribuídas por diversos ambientes, tanto no bioma Amazônia, quanto no Cerrado. Outro destaque é o clone G05 que possui média alta e se apresentou mais estável que o G34.

Entre os clones testados nessa rede experimental, aqueles selecionados na Bahia desenvolverem-se bem principalmente nas áreas de altitudes maiores no bioma amazônico. Por outro lado, os clones oriundos de São Paulo não tiveram bom desempenho.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALFENAS, A. C. et al. **Clonagem e Doenças do Eucalipto**. 2. ed. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2009.
- ALVARES, C. A. et al. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v. 22, n. 6, p. 711-728, 2013.
- ANDRADE, E. N. de. **O eucalipto**. São Paulo: Chácara e Quintais, 1939. 124 p.
- ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfafa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Breeding**, New Jersey, v. 46, p. 269-278, 1992.
- ARAÚJO, M. J. de et al. Adaptability and stability of eucalypt clones at different ages across environmental gradients in Brazil. **Forest Ecology and Management**, v. 454, p. 117631, 2019.
- ASSIS, T. F.; ABAD, J. I. M.; AGUIAR, A. M. Melhoramento Genético do Eucalipto. In: Schumacher, M. V. & Viera, M. (Ed). **Silvicultura do Eucalipto no Brasil**. Santa Maria - RS: Editora UFSM, 2015.
- ASSIS, T.F. Melhoramento genético do eucalipto. **Informe agropecuário**. Belo Horizonte, v. 18, n. 185, p. 63-71, 1996.
- ASSIS, T.F. Production and use of *Eucalyptus* hybrids for industrial purposes. QFRI/CRC-SPF Symposium, Noosa, In: DUNGEY, H.S.; DIETERS, M.J.; NIKLES, D.G. comp. **Proceedings of Hybrid Breeding and Genetics of Forest trees**, 2000. p. 63-74.
- BATES, D. M. et al. Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4. **Journal of Statistical Software**, v. 67, n.1, 2015.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Minnesota: Stemma, 2002, 369 p.
- BOLAND, D. J. et al. **Forest Trees of Australia**. 5th. ed. Camberra: CSIRO Publishing, 2006.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2013. 523 p.
- BRADSHAW, A. D. Evolutionary significance of phenotypic plasticity in plants. **Advances in Genetics**, v. 13, p. 115-155, 1965.
- BROOKER, M. I. H.; KLEINIG, D. A. **Field Guide to Eucalypts - Volume 1 South-eastern Australia**. 3rd. ed. Melbourne: Bloomings Books, 2006.
- CAIRES, A. M. **Interação “genótipo x ambiente” em sorgo sob a perspectiva da estratificação ambiental**. 2019. 121 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de plantas) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2019.
- CAMPINHOS JR., E.; IKEMORI, Y. K. Produção massal de *Eucalyptus* spp através da estaquia. **Silvicultura**, n. 32, p. 770-775, 1983.

COSTA NETO, G. M. F. **Integrando covariáveis ambientais e mapas temáticos na análise da interação “genótipo x ambiente” em arroz de terras altas**. 2017. 125 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2017.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 2ª ed. rev. Viçosa: Editora UFV, 1997. 390 p.

CRUZ, C.D.; CASTOLDI, F.L. **Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexa**. Revista Ceres, v.38, n.219, p.422-430, 1991.

EBERHART, R.; RUSSEL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v. 6, n. 1, p. 36-40, 1966.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: Imprensa Universitária/UFV. 1981. 279 p.

FERREIRA, M. A contribuição do Setor de Sementes do IPEF/LCF para a silvicultura intensiva brasileira. **IPEF**, Piracicaba, n.46, p.08-31, 1993.

FERREIRA, M.; SANTOS, P.E.T. Melhoramento genético florestal dos Eucaliptos no Brasil: breve histórico e perspectivas. In: IUFRO CONFERENCE ON SILVICULTURE AND IMPROVEMENT OF EUCALYPTS, Salvador, 1997. **Proceedings**. Colombo: Embrapa/CNPF, 1997. v.1, p.14-34.

FLORES, T. B. et al. **Eucalyptus no Brasil: zoneamento climático e guia para identificação**. Piracicaba: IPEF, 2016, 448 p.

FOELKEL, C.E.B. Eucaliptos no Brasil: história de pioneirismo. **Visão Agrícola**, v. 4, p. 66-69, 2005.

FONSECA, S. M. et al. **Manual prático de melhoramento genético do eucalipto**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2010.

FURLAN, R. A. **Seleção de clones de eucalipto para tolerância à seca no nordeste do Brasil**. 2018. 97 f. Tese (Doutorado em Ciência Florestal) – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Botucatu, 2018.

FURLAN, R. A; MORAES, C. B.; TAMBARUSSI, E. V. Genetic parameters of *Eucalyptus* spp. clones in northeastern Brazil. **Floresta**, v. 50, n. 2 p. 1267-1278, 2020.

GAUCH, H. G. Model selection and validation for yield trials with interaction. **Biometrics**, v. 44, p. 705–715, 1988.

GARCIA, C. H. **Tabelas para classificação do coeficiente de variação**. Piracicaba: IPEF, 1989. 12p. (Circular Técnica, 171).

HIGA, A. R.; RESENDE, M. D. V.; SOUZA, S. M. Programas de melhoramento genético de *Eucalyptus* no Brasil. In: Simpósio Internacional: O desafio das Florestas Neotropicais. **Anais...** Curitiba: UFPR/IUFRO, p. 86-100, 1991.

INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES. Relatório 2020: ano base 2019. 2020. Disponível em: < <https://www.iba.org/datafiles/publicacoes/relatorios/iba-relatorioanual2019.pdf>>. Acesso em: 30 mai. 2021.

KANG, M. S. Using genotype by environment interaction for crop cultivar. **Advances in Agronomy**, v. 62, p. 199, 1997.

LAVORANTI, O. J.; DIAS, C. T. S.; VENCOVSKY, R. Estudo da adaptabilidade e estabilidade fenotípica de progênies de *Eucalyptus grandis* via metodologia AMMI. **Boletim de Pesquisa Florestal**, n. 44, p. 107-124, 2002.

LIN, C. S.; BINNS, M. R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 68, p. 193-198, 1988.

MARTINI, A. J. **O plantador de eucaliptos: a questão da preservação florestal no Brasil e o resgate documental do legado de Edmundo Navarro de Andrade**. 2004. 320 p. Dissertação (Mestrado em História Social) - Faculdade de Filosofia, História e Ciências Humanas, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2004.

MIRANDA, A. C. **Produtividade, estabilidade e adaptabilidade em progênies de *Eucalyptus grandis***. 2012. 56 p. Dissertação (Mestrado em Ciência Florestal) – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Faculdade de Ciências Agrônomicas, Botucatu, 2012.

MUNHOZ, L. V. et al. Genetic control of productivity and genotypes by environments interaction for *Eucalyptus dorrigoensis* in southern Brazil. **Cerne**, v. 27, 2021.

NUNES, A. C. P. et al. Estabelecimento de zonas de melhoramento para clones de eucalipto no Rio Grande do Sul. **Scientia Forestalis**, v. 44, n. 111, p. 563–574, 2016.

NUNES, G. H. S. et al. Implicações da interação genótipo x ambientes na seleção de clones de eucalipto. **Cerne**, v. 8, n. 1, p. 49-58, 2002.

OLIVEIRA, R. S. et al. Evaluation of genetic parameters and clonal selection of *Eucalyptus* in the Cerrado region. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 20, n. 3, 2020.

OLIVOTO, T; LÚCIO, A. D. `metan`: An R package for multi-environment trial analysis. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 11: p. 783–789, 2020.

OLIVOTO, T. et al. Mean performance and stability in multi-environment trials I: Combining features of AMMI and BLUP techniques. **Agronomy Journal**, v. 111(6), p. 2949–2960, 2019.

PINTO JÚNIOR, J. E. et al. **Melhoramento genético de espécies arbóreas na Embrapa Florestas: uma visão histórica**. Colombo-PR: Embrapa Florestas (Documentos 259), 2013, 111 p.

PINTO JÚNIOR, J. E. et al. Avaliação simultânea de produtividade, adaptabilidade e estabilidade genotípica de *Eucalyptus grandis* em distintos ambientes do estado de São Paulo. **Boletim de Pesquisa Florestal**, n. 53, p. 79-108, 2006.

PIMENTEL-GOMES, F.P. **Curso de estatística experimental**. 11.ed. São Paulo: Nobel, 2000. 466 p.

PIRES, I. E. et al. **Genética Florestal**. Viçosa, MG: Arka, 2011. 318 p.

PUPIN, S. et al. Genotype x Environment interaction, stability, and adaptability in progenies of *Eucalyptus urophylla* S. T. BLAKE using the AMMI model. **Silvae Genetica**. Warsaw: De Gruyter Poland Sp Zoo, v. 67, n. 1, p. 51-56, 2018.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>, 2020.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Genética na Agropecuária**. 5 ed. Lavras: Editora UFLA, 2012.

RESENDE, M. D. V. **Predição de valores genéticos, componentes de variância, delineamentos de cruzamento e estrutura de populações no melhoramento florestal**. 1999. 434 p. Tese (Doutorado em Genética) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 1999.

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

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

ROSADO, A. M. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 7, p. 964- 971, 2012.

SANTOS, G. A. et al. Adaptabilidade de híbridos multiespécies de *Eucalyptus* ao Estado do Rio Grande do Sul. **Revista Árvore**, v. 37, n. 4, p. 759-769, 2013.

SANTOS, G. A. et al. Interação genótipos x ambientes para produtividade de clones de *Eucalyptus* L'hér. no estado do Rio Grande do Sul. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 39, n. 1, p. 81-91, 2015.

SANTOS, G. A. et al. Genetic control and genotype-by-environment interaction of wood weight in eucalyptus clones in the state of Rio Grande do Sul, Brazil. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 40, n. 5, p. 867-876, 2016.

SCHUMACHER, F. X.; HALL, F. S. Logarithmic expression of timber-tree volume. **Journal of Agricultural Research, Washington**, v. 47, n. 9, p.719-734, 1933.

SOUZA, B. M. de et al. Genotype-by-environment interaction in *Corymbia citriodora* (Hook.) K.D. Hill, & L.A.S. Johnson progeny test in Luiz Antonio, Brazil. **Forest Ecology and Management**, v. 460, p. 117855, 2020.

SOUZA, T. S. **Desempenho de clones de eucalipto em função de condições ambientais**. 2016. 65 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2016.

SQUILASSI, M. G. **Interação de genótipos com ambientes**. Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracajú, 2003. 47 p.

UNESCO. Map of the world distribution of arid regions. MAB Tech. Note 7. Paris: UNESCO, 1979.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In PATERNIANI, E. (Coord). **Melhoramento de milho no Brasil**. Piracicaba: Fundação Cargill, 1978. p. 122.– 201

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

WRIGHT, K.; LAFFONT, J. gge: Genotype Plus Genotype-by-Environment Biplots. R package version 1.4., 2018.

WICKHAM, H. **GGPLOT2: elegance graphics for data analysis**. 2nd ed. New York: Springer-Verlag, 2016. 259 p.

YAN, W. GGE Biplot. A windows application for graphical analysis of multienvironment trial data and other types two-way data. **Agronomy Journal**, Madison, v. 96, p. 1111-1118, 2001.

YAN, W.; TINKER, N. A. An Integrated Biplot Analysis System for Displaying, Interpreting, and Exploring Genotype x Environment Interaction. **Crop Science**, v. 45, p. 1004-1016, 2005.

YAN, W.; KANG, M. S. **GGE Biplot Analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists**. Boca Raton: CRC Press, 2003. 271 p.

YAN, W.; KANG, M. S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P. L. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science**, Madison, v. 47, n. 2, p. 643-653, 2007.

ZAKIR, M. Review on Genotype X Environment Interaction in Plant Breeding and Agronomic Stability of Crops. **Journal of Biology, Agronomy and Healthcare**, v. 8, n. 12, p. 14–21, 2018.

ZOBEL, B.; TALBERT, J. **Applied forest tree improvement**. New York: J. Wiley & Sons, 1984. 505 p.