

**CORRESPONDÊNCIA NO  
DESEMPENHO ENTRE ÁRVORES  
SELECIONADAS EM TESTE DE PROGÊNIES  
E SEUS CLONES EM *Eucalyptus* spp.**

**CRISTIANE APARECIDA FIORAVANTE REIS**

**2009**

**CRISTIANE APARECIDA FIORAVANTE REIS**

**CORRESPONDÊNCIA NO DESEMPENHO ENTRE  
ÁRVORES SELECIONADAS EM TESTE DE PROGÊNIES E SEUS  
CLONES EM *Eucalyptus* spp.**

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

Orientadora

Profa. Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves

**LAVRAS  
MINAS GERAIS – BRASIL  
2009**

**Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da  
Biblioteca Central da UFLA**

Reis, Cristiane Aparecida Fioravante.

Correspondência no desempenho entre árvores selecionadas em teste de progênies e seus clones em *Eucalyptus* spp. / Cristiane Aparecida Fioravante Reis. – Lavras : UFLA, 2009.

47 p. : il.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Lavras, 2009.

Orientador: Flávia Maria Avelar Gonçalves.

Bibliografia.

1. Melhoramento do *Eucalyptus*. 2. Índice de coincidência. 3. Interação genótipos x anos. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 583.766135

**CRISTIANE APARECIDA FIORAVANTE REIS**

**CORRESPONDÊNCIA NO DESEMPENHO ENTRE  
ÁRVORES SELECIONADAS EM TESTE DE PROGÊNIES E SEUS  
CLONES EM *Eucalyptus* spp.**

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

APROVADA em 20 de fevereiro de 2009.

Dr. Leonardo Novaes Rosse

VERACEL S.A.

Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho

UFLA

Profa. Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves  
UFLA  
(Orientadora)

LAVRAS  
MINAS GERAIS – BRASIL

A todos os pesquisadores que incansavelmente têm gerado conhecimento ao melhoramento florestal e que em muito contribuíram para o meu aprendizado.

## **DEDICO**

*“Deus nos fala por todas as vozes do Infinito. E fala, não em uma Bíblia escrita há séculos, mas em uma bíblia que se escreve todos os dias, com estes característicos majestosos, que se chamam oceanos, montanhas e astros do céu; por todas as harmonias, doces e graves, que sobem do imo da Terra ou descem dos espaços etéreos. Fala ainda no santuário do ser, nas horas de silêncio e de meditação. Quando os ruídos discordantes da vida material se calam, então a voz interior, a grande voz desperta e se faz ouvir. Essa voz sai da profundidade da consciência e nos fala dos deveres, do progresso, da ascensão da criatura. Há em nós uma espécie de retiro íntimo, uma fonte profunda de onde podem jorrar ondas de vida, de amor, de virtude, de luz. Ali se manifesta esse reflexo, esse gérmen divino, escondido em toda Alma humana”.*

Léon Denis

## AGRADECIMENTOS

A Deus, “inteligência suprema, causa primária de todas as coisas”, pela oportunidade de contínuo crescimento.

À Universidade Federal de Lavras, ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas e à Capes, pela concessão da bolsa de estudos.

À querida orientadora Flávia Maria Avelar Gonçalves, pelos ensinamentos, amizade, atenção, companheirismo e confiança depositada em todos os momentos!

Ao estimado professor Magno Antonio Patto Ramalho, pelos ensinamentos, disponibilidade, inestimável contribuição e ajuda na execução deste trabalho!

À empresa Veracel S.A., pela gentil concessão dos dados utilizados neste trabalho e ao melhorista Leonardo Novaes Rosse, pelas valiosas sugestões e atenção em todos os momentos.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas: Elaine, João Bosco, João Cândido, César e à pesquisadora Ângela, pelos ensinamentos e pelo prazer da convivência.

Às funcionárias do Departamento de Biologia: Elaine, Helóiza, Magda, Rafaela, Zélia, Du e Dona Ironдина, por serem sempre tão prestativas e disponíveis.

A todos os amigos do Núcleo de Estudos em Genética, pelo prazer do convívio, em especial, a Flávia Fernandes e Flávia Mendes, pela amizade, companheirismo e pelas inesquecíveis sessões de estudos.

Aos amigos floresteiros: Anderson Souza, Fernanda Peruchi e Maria Carolina Botrel, pela amizade sempre tão sincera, mesmo estando a longas distâncias geográficas. Aos “senhores” floresteiros: Eduane, Evânia, Jean Morel e Isabel Carolina, pelo carinho, atenção e por serem sempre tão cativantes. A Gleyce Dutra, “amiga certa nas horas incertas”, pelo apoio e carinho em todas as circunstâncias.

À querida prima do coração, Ariana e à ex-colega de república Ana Luísa, pela amizade! A Rosana Massahud, minha amiga, irmã de coração e companheira de república, pela paciência, atenção nos momentos difíceis e pelos inesquecíveis “causos” que tanto me fizeram rir. “Amigo é coisa para se guardar debaixo de sete chaves, dentro do coração”!

A minha MÃE, Lavínia, pelo amor, apoio e dedicação incondicional a minha formação! Ao meu pai, Sebastião, o “leonino” mais difícil e amado da minha vida! Aos meus irmãos, Serginho e Luiz Wander, pelos exemplos de caráter e dignidade! A minha cunhada Beth, pessoa adorável e sempre tão atenciosa! Ao meu quarteto de sobrinhos: João Lucas, pela sensatez; Luciana, pela alegria contagiante de viver; Helena, pela serenidade e à pequena Gabriela, sempre tão divertida! Ao famoso “seu Rick”, amigo mais fiel, pelas inesquecíveis “cãominhadas”!

Aos amigos do iluminado Centro Espírita Augusto Silva, pelo imensurável apoio moral durante o último ano e por me acolherem em um momento tão especial...

A todos aqueles que, de algum modo, me deram a oportunidade de crescer, de ser alguém melhor... **A MINHA ETERNA GRATIDÃO!**

## SUMÁRIO

<b>RESUMO</b> .....	i
<b>ABSTRACT</b> .....	ii
<b>1 INTRODUÇÃO</b> .....	1
<b>2 REFERENCIAL TEÓRICO</b> .....	3
2.1 Melhoramento genético do <i>Eucalyptus</i> no Brasil.....	3
2.2 Controle genético de caracteres do <i>Eucalyptus</i> .....	6
2.3 Interação genótipos x ambientes.....	10
2.4 Utilização de modelos mistos na seleção.....	13
<b>3 MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	17
3.1 Teste de progênies.....	17
3.2 Testes clonais.....	20
3.3 Correspondência no desempenho entre árvores selecionadas no teste de progênies e seus clones.....	23
<b>4 RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	25
4.1 Teste de progênies.....	25
4.2 Testes clonais.....	33
4.3 Correspondência no desempenho entre árvores selecionadas no teste de progênies e seus clones.....	37
<b>5 CONCLUSÃO</b> .....	41
<b>6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	42



## RESUMO

REIS, Cristiane Aparecida Fioravante. **Correspondência no desempenho entre árvores selecionadas em teste de progênies e seus clones em *Eucalyptus* spp.** 2009. 47p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.<sup>1</sup>

O presente trabalho foi realizado com o objetivo de verificar a correspondência no desempenho entre árvores selecionadas em teste de progênies e seus respectivos clones no teste clonal. Para tanto, foram obtidas 45 progênies de irmãos germanos, por meio de cruzamentos controlados dentro da espécie de *Eucalyptus grandis* e entre indivíduos de *Eucalyptus grandis* e *Eucalyptus urophylla*, pela empresa Veracel S.A. Os experimentos do teste de progênies foram implantados em três locais da empresa situados nos municípios de Eunápolis e Itabela, Bahia. O delineamento experimental empregado foi o de blocos casualizados com quatro repetições, parcelas de seis plantas, espaçamento de 3x3 m e três testemunhas. Aos dois anos de idade, foram identificadas as 497 árvores de melhor desempenho em volume. Os clones oriundos dessas árvores e 14 testemunhas foram avaliados em experimentos conduzidos nas mesmas regiões, no delineamento de blocos casualizados, com 20 repetições e com parcelas de uma planta. A avaliação do desempenho em volume dos clones foi também realizada aos dois anos de idade. Foram estimados os componentes de variância e realizada a predição dos valores genotípicos, tanto no teste de progênies quanto nos testes clonais. Constatou-se que a estimativa da correlação genética das árvores selecionadas no teste de progênies e dos seus respectivos clones foi baixa, sendo que apenas sete por cento da variação genética entre os clones foi explicada pela variação entre as árvores. Confirmando esses resultados, a estimativa da coincidência entre as melhores árvores e os melhores clones, na média de diferentes intensidades de seleção, foi de 27%. Esses resultados evidenciam que a seleção das árvores no teste de progênies não deve ser muito drástica, no intuito de incrementar a chance de identificar os clones realmente superiores.

---

<sup>1</sup> Comitê orientador: Flávia Maria Avelar Gonçalves (orientadora), Magno Antonio Patto Ramalho (coorientador).

## ABSTRACT

REIS, Cristiane Aparecida Fioravante. **Correspondence of performance between selected trees of *Eucalyptus* spp in progeny tests and their clones.** 2009. 47p. Dissertation (Master's degrees in Genetics and plant breeding) – Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG.<sup>2</sup>

This work was carried out to verify the correspondence of performance between selected trees of *Eucalyptus* spp in progeny tests and their clones. Forty-five full sib progenies were obtained within *E. grandis* and between *E. grandis* and *E. urophylla* by Veracel S.A. Company. The experiments of progenies test were carried out in three places of the company in Eunápolis and Itabela county, Bahia, Brazil. The experimental design was randomized complete blocks with four replications, six plants per plot, spaced 3 x 3 m and three commercial clones as checks. The 497 better trees were selected in the progenies test at two years of age based on timber volume. The clones from these trees and 14 checks were evaluated at clonal tests carried out in same region, in randomized complete blocks design, with 20 replications and single tree plot. The volume of the clones was evaluated at two years of age. Genetic variance components were estimated and the genetic values of individuals were predicted in the progenies test and in the clonal tests. The results showed low of correlation between the performance of selected trees in progeny tests and their clones and only seven percent of the variation among clones was explained by the variation between the trees. Confirming these results, the coincidence index among the better trees and better clones, in the average of different selection intensities, was 27%. These results show that selection of trees in progeny tests should not be too drastic in order to increase the chance of identifying superior clones.

---

<sup>2</sup> Guiding committee: Flávia Maria Avelar Gonçalves (Advisor), Magno Antonio Patto Ramalho (Co-advisor).

## 1 INTRODUÇÃO

Um dos maiores avanços genéticos de que se tem conhecimento no Brasil ocorreu no melhoramento do gênero *Eucalyptus*. O mesmo teve como base a seleção massal, seguida de propagação vegetativa de indivíduos superiores. Este procedimento não só permitiu aumento expressivo na produtividade da madeira como também possibilitou a obtenção de plantios mais homogêneos, tornando muito mais eficiente e econômica a produção de celulose e de outros produtos no país (Bertolucci et al., 1993).

O progresso genético com a seleção clonal foi espetacular no início, principalmente porque as empresas dispunham de milhões de plantas oriundas de propagação sexuada e, evidentemente, aplicaram uma forte intensidade de seleção. Durante as duas décadas subsequentes, algumas estratégias foram adotadas, visando à melhoria da eficiência do processo, como a avaliação mais extensiva dos novos clones, uma vez que foi comprovado que a reamostragem da população não proporcionaria ganhos adicionais (Gonçalves et al., 2001). Assim, foram intensificados os trabalhos visando incrementar o sucesso com a seleção clonal.

Nesse contexto, o uso da hibridação interespecífica tem se constituído na forma mais rápida e eficiente de obter ganhos genéticos, com reflexos diretos e significativos no processo industrial (Assis & Máfia, 2007). A partir da avaliação das progênes de irmãos germanos são selecionadas as árvores de melhor desempenho que são clonadas para compor os testes clonais.

Uma informação importante é a correspondência do desempenho da árvore selecionada no teste de progênes e o clone dela derivado. Isto porque eles são avaliados em diferentes ambientes, locais e anos. Essa informação é fundamental para orientar os melhoristas com relação às estratégias que possam ser utilizadas para incrementar o sucesso com a seleção. Infelizmente, resultados

a respeito desta correspondência árvore selecionada/clone ainda são escassos. Em um dos estudos, Costa (2008) constatou que essa correspondência é baixa ( $\hat{r}_{gmc} = 0,12$ ).

Como é muito importante obter mais informações a esse respeito, foi realizado o presente trabalho, com o objetivo de verificar a correspondência entre árvores selecionadas em um teste de progênies e seus respectivos clones no teste clonal.

## 2 REFERENCIAL TEÓRICO

### 2.1 Melhoramento genético do *Eucalyptus* no Brasil

Os relatos existentes apontam que há aproximadamente um século as espécies de eucaliptos foram introduzidas no Brasil, pelo doutor Edmundo Navarro de Andrade, considerado o “pai da silvicultura brasileira”. Ele buscou, com as plantações de eucalipto, sanar as demandas por lenha, moirões, postes e dormentes da Companhia Paulista de Estradas de Ferro, que crescia vigorosa no início do século XX. Em um momento seguinte, o impressionante crescimento florestal dessas árvores passou a chamar a atenção do setor brasileiro de celulose e papel, que necessitava de fibras para atender à sua crescente demanda. Além deste, o setor siderúrgico tinha a necessidade de grandes e crescentes quantidades de carvão vegetal, já que o carvão mineral brasileiro era inadequado para essa finalidade (Foelkel, 2007).

No princípio, a produtividade média dos plantios estava em torno de 17-20 m<sup>3</sup>/ha/ano. Procurando incrementar essa produtividade, na década de 40 do século passado, o doutor Navarro de Andrade convidou Carlos Arnaldo Krug, chefe da Seção de Genética do Instituto de Campinas, para elaborar um programa de melhoramento genético de *Eucalyptus*. Seus principais objetivos eram melhorar a uniformidade das plantações; reduzir o número de falhas e o número de árvores dominadas nas plantações; melhorar a forma do tronco, as características dos ramos, o crescimento em altura e diâmetro das árvores; melhorar a capacidade de brotação e aumentar a produção por unidade de área. As principais estratégias do programa foram: seleção massal nos plantios comerciais, implantação de pomares de produção de sementes e hibridações interespecíficas (Ferreira & Santos, 1997).

A partir de 1960, sobretudo devido aos incentivos fiscais e à migração da cultura para outras regiões do Brasil, as empresas realizaram novas

introduções. Com esse material básico intensificaram-se os programas de seleção utilizando a seleção recorrente intrapopulacional massal ou com progênies de polinização livre (Castro, 1992; Ferreira & Santos, 1997; Pereira et al., 1997).

Na região costeira do estado do Espírito Santo, as plantações de eucalipto estabelecidas a partir de 1967 sofreram demasiadamente com a ocorrência do cancro. Esse fato despertou a atenção para o potencial de exploração de genótipos híbridos e alavancou os estudos de propagação vegetativa. Em 1979, foi estabelecida, pela Aracruz, a primeira plantação clonal no Brasil (Ferreira & Santos, 1997).

O progresso genético com a seleção clonal foi espetacular no início, principalmente porque as empresas dispunham de milhões de plantas oriundas de propagação sexuada e, evidentemente, aplicaram forte intensidade de seleção. Durante as duas décadas subsequentes, algumas estratégias foram adotadas, visando à melhoria da eficiência do processo, como a avaliação mais extensiva dos novos clones em áreas representativas das empresas e o desenvolvimento de estudos que mostravam a viabilidade da seleção precoce (Rezende et al., 1994; Marques Júnior et al., 1996; Pereira et al., 1997). Contudo, era esperado que a reamostragem da população não fosse proporcionar ganhos adicionais (Gonçalves et al., 2001). Assim, foram intensificados os trabalhos visando incrementar o sucesso com a seleção clonal. Um desses trabalhos foi a seleção recorrente recíproca, visando aproveitar a heterose, especialmente entre *E. grandis* x *E. urophylla*. Esses trabalhos de melhoramento, associados à melhoria do manejo, propiciaram que, em curtíssimo espaço de tempo, a produtividade brasileira apresentasse incremento superior a três vezes àquela obtida no início.

Mais recentemente, foram conduzidas algumas pesquisas, no intuito de obter informações a respeito do controle genético dos caracteres. Bison et al. (2006) verificaram que, para volume de madeira, a heterose foi igual a 38,7% e

que, para densidade, a heterose foi próxima de zero. Com essa informação e outras disponíveis na literatura, alguns melhoristas começaram a questionar o emprego da seleção recorrente recíproca. Foi proposta, então, a seleção recorrente intrapopulacional a partir de uma população sintética (Kerr et al., 2004). O que se deseja, no setor de celulose e papel, é obter uma população que inclua variabilidade e média alta para volume de madeira e caracteres de qualidade da madeira, como densidade e rendimento em celulose.

É importante mencionar que, em estudo recente conduzido no Congo, foram estimados os componentes de variância de 684 famílias de híbridos de *E. grandis* x *E. urophylla* (37.206 árvores), em diversas fases de desenvolvimento. A relação entre a variância de dominância e a variância aditiva foi próxima de 1,20. Os resultados encontrados evidenciam o efeito significativo da dominância no controle genético de caracteres de crescimento da espécie. Esse fato pode ser explicado pela reduzida base genética da população parental, obtida por seleção fenotípica, mas também pelo efeito de sobredominância nas populações híbridas, especialmente quando são plantadas em zonas marginais. Desse modo, os autores enfatizam que novos estudos são necessários, principalmente considerando maior número de parentais e de famílias (Bouvet et al., 2009).

Outro ponto a ser comentado é que o final de qualquer programa de melhoramento florestal envolve a seleção clonal. O sucesso do processo é função do número de clones avaliados e de sua origem. A questão da origem já foi comentada. O número de clones é fator decisivo. Quanto maior o número avaliado, maior a chance de identificar clones com desempenho superior ao dos existentes (Steel et al., 1997). Portanto, as avaliações, normalmente, envolvem algumas centenas de clones.

Como são centenas de clones, há alguns problemas experimentais a serem superados, tais como tamanho de parcela, número de repetições, delineamento, entre outros. Discussão detalhada a esse respeito é apresentada

por Andrade (2002). Mais recentemente, a ênfase tem sido o emprego do delineamento látice, com parcela de uma planta e o maior número possível de repetições.

Aliado a isso, não se pode esquecer dos aspectos relacionados à interação dos genótipos x ambientes, pois o que, normalmente, as empresas desejam é a obtenção de clones adaptados às suas áreas de plantios comerciais. Assim, é indispensável a avaliação no maior número possível de ambientes. Outro fato a ser considerado é a interação de genótipos x anos, ou seja, se existe ou não coincidência de comportamento entre as árvores selecionadas no teste de progênes e os seus respectivos clones no teste clonal. No entanto, relatos desse tipo de estudo são escassos na literatura.

Deve também ser ressaltado que a seleção de clones inicia-se com aspectos silviculturais, abrangendo características de enraizamento, resistência a doenças, adaptação aos fatores edafoclimáticos, forma do fuste e, de fundamental importância, as características de crescimento e, conseqüentemente, a produtividade de madeira. Depois de uma seleção preliminar, pelas características silviculturais, é indispensável a realização de análises tecnológicas que possibilitem a determinação de critérios de qualidade da madeira. Apenas depois desses estudos silviculturais e tecnológicos é que são identificados os clones para multiplicação e posterior plantio comercial (Gomide et al., 2004).

## **2.2 Controle genético de caracteres do *Eucalyptus***

Especialmente a partir de 1990, incrementaram-se os trabalhos visando à obtenção de informações a respeito do controle genético dos caracteres do *Eucalyptus*. Inicialmente, a ênfase foi direcionada aos caracteres de crescimento. Em estudos realizados constatou-se que a circunferência à altura do peito e a



altura eram características altamente correlacionadas entre si e, evidentemente, também correlacionadas com o volume (Volker et al., 1990; Paula et al., 2002).

Utilizando progênes de meios-irmãos, inúmeras estimativas de herdabilidade para seleção na média das progênes foram obtidas (Castro, 1992; Marques Júnior et al., 1996; Pereira et al., 1997). Em levantamento feito por Castro (1992), foram encontradas estimativas de herdabilidade para volume variando de 10% a 86%, com média de 48%. Estimativas também foram obtidas para a herdabilidade em indivíduos visando à seleção massal. Neste caso, as estimativas para volume variaram de 10% a 53%, com média de 29% (Resende, 2001). Posteriormente, outras estimativas de herdabilidade foram obtidas tanto no que se refere ao emprego de progênes de meios-irmãos quanto em irmãos germanos e também de clones.

Nestes trabalhos foram encontradas estimativas médias de herdabilidade no sentido amplo de 55% para circunferência à altura do peito e 73% para densidade básica, em progênes de clones autofecundados (Bison et al., 2004). Na avaliação de testes clonais, na região de Eunapólis (BA), foi observado valor médio de herdabilidade no sentido amplo de 96% para o caráter volume (Costa, 2008). Na avaliação de progênes de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis*, foram estimadas herdabilidades individuais no sentido restrito de 22% para diâmetro à altura do peito, 27% para altura e 21% para volume (Rocha et al., 2006).

Com o sucesso obtido para volume começou a ser incentivada a seleção para caracteres associados à qualidade da madeira. Aqui também houve a preocupação de se obter estimativas de parâmetros genéticos. Dentre elas, destacam-se as estimativas pioneiras obtidas por Demuner & Bertolucci (1993) que encontraram herdabilidade de 92,8% para densidade básica, 82,6% para teor de lignina, 79,1% para pentosanas, 85,6% para extrativos etanol/tolueno e 88,2% para extrativos DCM.

Em outros trabalhos realizados, foram observadas estimativas de herdabilidades, no sentido amplo, de 69% para diâmetro à altura do peito; 48% para altura comercial; 72% para volume cilíndrico; 67% para volume de celulose; 75% para porcentagem de casca; 86% para rendimento bruto da polpa e para rendimento depurado da polpa; 15% para viscosidade da polpa; 84% para teor de lignina; 84% para holocelulose; 83% para extrativos e 56% para densidade básica da madeira. Para a produção de carvão vegetal, foram também encontradas estimativas de herdabilidades de elevada magnitude: 83% para densidade básica; 80% para densidade seca; 80% para contração tangencial; 79% para contração radial; 75% para teor de lignina; 87% para largura das fibras e 87% para espessura da parede celular. Diante das estimativas obtidas, pode-se evidenciar que existe a possibilidade de avanços genéticos expressivos com a seleção, devido ao alto controle genético da maioria dos caracteres (Tolfo et al., 2005; Botrel et al., 2007).

Com o incentivo à realização da seleção recorrente recíproca, esforços foram direcionados na obtenção de estimativas de heterose e ou depressão por endogamia. Um dos trabalhos importantes nesse contexto foi o de Bison et al. (2006), que encontraram heterose de 38,7% para circunferência à altura do peito e de, aproximadamente, 0% para densidade básica da madeira para progênies de irmãos germanos.

Também Bison et al. (2004) estimaram a depressão por endogamia de clones comerciais autofecundados e encontraram depressão média de 17,5% para circunferência à altura do peito e de 4% para densidade básica da madeira.

Esses resultados mostraram que a heterose não é muito grande em *Eucalyptus* e que, talvez, a melhor opção fosse conduzir a seleção recorrente intrapopulacional. Para isso, foi sugerida a obtenção de populações sintéticas (Kerr et al., 2004).

É importante mencionar que Bouvet et al. (2009) realizaram um levantamento das estimativas de variância genética em *Pinus* e *Eucalyptus*. Em *Pinus*, em 15 dos 16 trabalhos encontrados, foi observado que a variância aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ) foi superior à variância de dominância ( $\hat{\sigma}_D^2$ ) para características de crescimento e de qualidade da madeira. Com *Eucalyptus*, o efeito de dominância foi mais pronunciado, sendo a relação  $\hat{\sigma}_D^2/\hat{\sigma}_A^2$  maior que 1 em oito dos 16 trabalhos. A relação, contudo, variou com o tipo de característica, sendo maior para características de crescimento e menor para qualidade da madeira. Segundo os autores, a preponderância da  $\hat{\sigma}_D^2$  sobre a  $\hat{\sigma}_A^2$  não parece ser correlacionada com os cruzamentos interespecíficos, uma vez que as estimativas de  $\hat{\sigma}_D^2/\hat{\sigma}_A^2$  no cruzamento de *E. globulus* x *E. nitens* ou *E. urophylla* x *E. grandis* não são maiores que aquelas obtidas para espécies puras. Comentam também que a  $\hat{\sigma}_D^2$  é particularmente expressiva em áreas marginais. Contudo, o número de resultados, além de pequeno para uma generalização, envolve, na maioria dos casos, um pequeno número de genitores.

Com relação a outros caracteres de importância em *Eucalyptus*, pode-se destacar que, em estudo com híbridos de *E. grandis* x *E. saligna*, a proporção da variância aditiva em relação à variância genética total foi de 100% para tolerância a doenças e forma do fuste, sendo, dessa forma, verificada herança do tipo aditiva para os caracteres (Verry, 2000). O mesmo autor relata herança também do tipo aditiva para tolerância ao frio e à seca.

Outro fato a ser destacado é que ganhos genéticos com o uso de híbridos dependem também da capacidade de enraizamento dos mesmos, uma vez que várias espécies de *Eucalyptus* mostram comportamento recalcitrante quando multiplicadas por propagação vegetativa. Assim, a análise de sua herança em

cruzamentos interespecíficos é importante para o uso mais eficiente dos híbridos.

Verryn (2000) relata que a maioria dos dados sugere herança de forma aditiva para esse caráter. Contudo, Potts & Dungey (2004) citam a dominância parcial em direção ao parental de maior capacidade de enraizamento em F<sub>1</sub> de *E. torelliana* x *E. citriodora*. Entretanto, Assis (2000) relata que, na maioria dos cruzamentos recíprocos, a capacidade de enraizamento tem se mostrado de efeito materno.

### **2.3 Interação genótipos x ambientes**

O caráter de um dado indivíduo é o conjunto de informações que o identifica e as diferentes manifestações de um dado caráter definem o fenótipo (Ramalho et al., 2008). O fenótipo, por sua vez, é influenciado pelo genótipo, que é a constituição genética de um indivíduo e pelo ambiente, que se refere a todos os demais fatores que afetam o fenótipo, exceto aqueles devido às causas genéticas (Falconer & Mackay, 1996). Nesse sentido, o ambiente pode ser um local, ano, sistema de manejo, época de plantio ou, até mesmo, a ação de todos esses fatores simultaneamente.

Quando vários genótipos são comparados em vários ambientes, surge um terceiro componente do fenótipo, isto é, a interação genótipos x ambientes. Essa interação corresponde ao comportamento não coincidente dos genótipos nos vários ambientes (Ramalho et al., 2008). Em termos genéticos, a interação ocorre quando a contribuição dos genes que controlam o caráter ou o nível de expressão dos mesmos difere entre os ambientes. Isso ocorre porque a expressão dos genes é influenciada e/ou regulada pelo ambiente (Kang, 1998).

A resposta relativa dos genótipos em relação às variações dos ambientes pode ser dividida em dois tipos: previsível e imprevisível (Allard & Bradshaw, 1964). O primeiro tipo inclui todos os fatores permanentes do ambiente, como as

características gerais do clima e tipo de solo, além das características do ambiente que variam de uma maneira sistemática, como o comprimento do dia. Inclui, ainda, os aspectos do ambiente que são determinados pelo homem, como data de plantio, densidade, método de preparo do solo e colheita, entre outros (Cruz & Carneiro, 2006). As variações previsíveis podem ser avaliadas individualmente ou de forma conjunta em relação à sua interação com os genótipos. Assim, estudos individualizados, tais como genótipos x épocas de plantio e genótipos x níveis de adubação, ou estudos envolvendo todos esses fatores podem ser aglutinados na interação dos genótipos x ambientes (Fehr, 1987).

O segundo tipo inclui as flutuações variáveis do ambiente, como quantidade e distribuição de chuvas, variações na temperatura, dentre outras (Cruz & Carneiro, 2006). Essas flutuações são as que mais contribuem para as interações dos genótipos x anos ou, mesmo, genótipos x locais, bem como para interações de ordens maiores como a interação tripla genótipos x locais x anos (Fehr, 1987).

Para a detecção da interação genótipos x ambientes, é preciso que diferentes genótipos sejam avaliados em dois ou mais ambientes contrastantes. Vale ressaltar que não basta apenas detectar a presença da interação; deve-se também considerar a sua natureza, que pode ser simples ou complexa. No primeiro caso, a classificação dos genótipos não se altera nos ambientes nos quais os mesmos são avaliados. No segundo, há falta ou reduzida correlação genética entre os comportamentos dos genótipos nos ambientes. Geralmente, quando essa correlação é baixa, ocorre mudança na classificação dos genótipos, isto é, há genótipos que apresentam desempenho superior em alguns ambientes, mas não em outros (Vencovsky & Barriga, 1992).

A interação genótipos x ambientes tem um importante papel no contexto do melhoramento genético vegetal, pois implica na identificação de cultivares

específicas aos ambientes de cultivo ou, então, que possuam ampla adaptação e com maior estabilidade possível. Desse modo, sabendo que a seleção, na maioria das vezes, é realizada com base no valor fenotípico e que a interação o afeta diretamente, percebe-se que a mesma tem reflexo imediato no trabalho dos melhoristas e, conseqüentemente, na recomendação de genótipos superiores, sendo, portanto, necessária a sua detecção.

É importante destacar que o *Eucalyptus* é cultivado no Brasil em diferentes condições ambientais, que envolvem variações de altitude, de latitude, nas condições físicas e de fertilidade do solo e também nas condições climáticas e de manejo. Nessa situação, é esperado que a interação dos genótipos x ambientes seja expressiva. Por essa razão, em inúmeros trabalhos ela foi estimada.

Avaliando teste de progênies de irmãos germanos implantado em três locais no estado de São Paulo, Pinto Júnior (2004) observou que as correlações genéticas do desempenho médio das progênies nos diferentes locais, dois a dois, foram de elevada magnitude (em média 72%), indicando que a interação genótipos x ambientes foi baixa.

Em estudo realizado na empresa Aracruz S.A., a partir de clones de *Eucalyptus*, observou-se significância da interação clones x locais. A razão entre as estimativas da variância da interação clones x locais ( $\hat{\sigma}_{cxl}^2$ ) e variância genética entre os clones ( $\hat{\sigma}_{gc}^2$ ) diferiram entre as idades de avaliação. Aos três anos, a  $\hat{\sigma}_{cxl}^2/\hat{\sigma}_{gc}^2$  foi de 60,70% e, aos seis anos, reduziu para 33,30%. Constatou-se também que as interações complexa e simples apresentaram participação semelhante na estimativa da  $\hat{\sigma}_{cxl}^2$  (Nunes et al., 2002).

Em progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus camaldulensis*, na região Noroeste do estado de Minas Gérias, foi também detectada presença de interação genótipos x locais nas quatro diferentes idades avaliadas. As relações entre as

estimativas da variância da interação progênies x locais e variância genética entre progênies foram inferiores a 17%, em todas as idades. Vale ressaltar que a contribuição da interação reduziu com a diminuição do tempo entre a avaliação e o momento do abate. Neste estudo, a participação da parte simples da interação foi sempre superior a 92% (Pereira et al., 1997). A partir desses estudos comentados e de outros encontrados na literatura (Mori et al., 1988; Santos et al., 1990; Costa, 2008), pode-se inferir que as interações genótipos x locais, detectadas no Brasil, têm sido de pequena magnitude e com predominância da interação do tipo simples.

Embora o *Eucalyptus* seja uma planta perene, a interação genótipos x anos também deve ser quantificada e, mais do que isso, verificada a sua implicação na seleção. Isso porque as melhores árvores do teste de progênies são selecionadas a partir de informações obtidas em alguns anos e os seus clones são cultivados em outros anos. Essa informação ainda é pouco explorada nessa espécie. Em um dos trabalhos a esse respeito, Costa (2008) observou que a correlação genética entre o desempenho dos indivíduos no teste de progênies e os mesmos no teste clonal foi de pequena magnitude ( $\hat{r}_g = 0,12$ ), o que se deve à interação genótipos x anos. Desse modo, infere-se que essa interação deve ser expressiva e necessita ser mais amplamente estimada.

#### **2.4 Utilização de modelos mistos na seleção**

Normalmente, nos programas de melhoramento genético, antes de se proceder às análises dos experimentos, os pesquisadores devem decidir quais fontes de variação do modelo estatístico são fixas (inferência é válida para os níveis em estudo) e quais são aleatórias (inferência é válida para toda a população em estudo). Um modelo estatístico será fixo, também denominado de modelo I, quando todos os parâmetros que constituem o modelo, com exceção do erro experimental, são de efeito fixo. O modelo será aleatório, modelo II,

quando todos os parâmetros constituintes do mesmo, com exceção da média, forem de efeito aleatório. Há, ainda, o modelo III ou modelo misto de seleção, quando estão envolvidos parâmetros de efeitos fixos e aleatórios, excetuando a média e o erro experimental (Eisenhart, 1947, citado por Ramalho et al., 2005).

O modelo I e o modelo II de seleção são análogos aos correspondentes modelos de análise de variância (ANAVA). Vale ressaltar que, na experimentação agrícola, a ANAVA, fundamentada no método dos quadrados mínimos (MQM), é, provavelmente, o procedimento estatístico de maior repercussão na pesquisa científica. O procedimento foi criado por Fisher em 1919, em consonância com as pesquisas realizadas na estação experimental de Rothamsted. Entretanto, o mesmo apresenta limitações para lidar com dados desbalanceados e com parentesco entre tratamentos.

Especialmente no caso do melhoramento animal, o desbalanceamento dos dados é muito grande. Esse fato dificultava o emprego do MQM, como já foi comentado. Por isso, em 1949, Henderson propôs o emprego dos modelos mistos, que se apresenta mais versátil para análise deste tipo de dado. Contudo, como as matrizes utilizadas eram muito grandes, o seu emprego ficou limitado devido a dificuldades analíticas. Com o advento das facilidades computacionais, a sua utilização tornou-se prática rotineira nos programas de melhoramento animal.

Nos últimos anos, os modelos mistos passaram a ser utilizados também no melhoramento vegetal (Resende et al., 1996a; Resende et al., 1996b; Resende, 2002; Nunes, 2006; Piepho et al., 2008). Especialmente no melhoramento florestal, sua utilização se intensificou devido ao desbalanceamento dos dados e, sobretudo, pela possibilidade de selecionar os indivíduos no teste de progênies, envolvendo todos os parâmetros do modelo, o que proporcionou maior eficiência no processo seletivo (Resende, 2002).



O procedimento mais amplamente utilizado para a predição de valores genéticos é o BLUP (Melhor Predição Linear não Viciada) e fundamenta-se no seguinte modelo de análise (Resende, 2007):

$$y = X\beta + Z\tau + \varepsilon,$$

com as seguintes distribuições e estruturas de médias e variâncias:

$$\begin{aligned} \tau &\sim N(0, G) & E(y) &= X\beta \\ \varepsilon &\sim N(0, R) & \text{Var}(y) &= V = ZGZ' + R \end{aligned}$$

em que:

y: vetor conhecido de observações;

$\beta$ : vetor paramétrico de efeitos fixos, com matriz de incidência X;

$\tau$ : vetor paramétrico de efeitos aleatórios, com matriz de incidência Z;

$\varepsilon$ : vetor desconhecido de erros;

G: matriz de variância-covariância dos efeitos aleatórios;

R: matriz de variância-covariância dos erros aleatórios;

0: vetor nulo.

Assumindo G e R como conhecidas, a simultânea estimação de efeitos fixos e a predição dos efeitos aleatórios podem ser obtidas por meio das equações de modelo misto (método BLUP) dadas por:

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

Quando G e R não são conhecidas, os componentes de variância associados aos efeitos aleatórios podem ser estimados de forma eficiente pelo método de Máxima Verossimilhança Restrita (REML) (Patterson & Thompson, 1971). Exceto por uma constante, a função de verossimilhança residual (em termos de seus log) a ser maximizada é dada por:

$$L = -\frac{1}{2} \left( \log |X'V^{-1}X| + \log |V| + v \log \sigma_{\varepsilon}^2 + y'Py / \sigma_{\varepsilon}^2 \right)$$

$$L = -\frac{1}{2}(\log |C^*| + \log |R| + \log |G| + v \log \sigma_\epsilon^2 + y' P y / \sigma_\epsilon^2)$$

em que:  $V = R + ZGZ'$ ;  $P = V^{-1} - V^{-1}X(X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}$ .

$v = N - r(x)$ : graus de liberdade para efeitos aleatórios, em que N é número total de dados e  $r(x)$  é o rank da matriz X.

$C^*$ = matriz dos coeficientes das equações de modelo misto.

Sendo geral, o modelo descrito abrange vários modelos peculiares a cada situação.

Os diferentes empregos do BLUP no melhoramento genético têm se apresentado em algumas situações na literatura (Resende et al., 1996a; Resende et al., 1996b; Resende, 2002; Garcia et al., 2005; Nunes, 2006; Rocha et al., 2006; Rocha et al., 2007; Piepho et al., 2008; Bruzi, 2008). Uma das vantagens do BLUP é permitir estimar a interação de genótipos x ambientes, quando os genótipos não são os mesmos nos diferentes ambientes, o que não é possível pelo MQM.

### 3 MATERIAL E MÉTODOS

O material experimental foi gentilmente cedido pela empresa florestal Veracel S.A. O trabalho foi realizado em duas etapas. A primeira constituída por um teste de progênies implantado em três locais e a segunda, por testes clonais oriundos das árvores selecionadas no teste de progênies.

#### 3.1 Teste de progênies

O teste de progênies foi avaliado em três locais da Veracel S.A situados nos municípios de Eunápolis e Itabela, Bahia, cujas coordenadas geográficas e alguns dados climáticos são apresentados na Tabela 1. As progênies de irmãos germanos utilizadas foram obtidas de cruzamentos controlados dentro da espécie de *Eucalyptus grandis* e entre indivíduos de *Eucalyptus grandis* e *Eucalyptus urophylla*. O número de progênies avaliadas, em cada experimento, variou em virtude da quantidade de mudas disponíveis (Tabela 1).

O experimento conduzido no local Talismã, a partir de agora denominado como experimento A, foi implantado em uma área cujo solo tem textura média/argilosa e relevo plano. O experimento instalado no local Jequitibá II, chamado de experimento B, possui solo de textura média e relevo plano a suavemente ondulado. O implantado no local Gameleira, experimento C, apresenta solo de textura média e relevo plano.

Os experimentos foram implantados no delineamento experimental de blocos casualizados com quatro repetições, parcelas constituídas de seis plantas e espaçamento de 3x3 m. Foram utilizados como testemunhas três clones comerciais da empresa. Os tratos silviculturais utilizados foram os mesmos empregados para os plantios comerciais.

TABELA 1 Caracterização geográfica e número de progênies utilizadas nos experimentos do teste de progênies de irmãos germanos, implantados pela empresa Veracel S.A., situados nos municípios de Eunápolis e Itabela, BA.

	Experimentos		
	Talismã (A)	Jequitibá II (B)	Gameleira (C)
Latitude (S)	16°20'50"	16°16'19"	16°40'02"
Longitude (W)	39°35'57"	39°45'45"	39°34'55"
Precipitação (mm)	1200	1000	1300
Progênies	43	41	39

No ano de 2005, aos dois anos de idade, foram coletados dados de circunferência à altura do peito, em centímetros e altura, em metros, de todos os indivíduos nos três locais e, a partir dessas variáveis, estimou-se o volume, em metros cúbicos. Essa variável foi utilizada na avaliação genética, no intuito de selecionar as árvores com melhor desempenho em cada local.

A avaliação genética do teste de progênies foi feita por meio do procedimento de modelos mistos REML/BLUP. Para tanto, foi utilizado o programa computacional Seleção Genética Computadorizada ou SELEGEN (Resende, 2007b). Deve-se mencionar que, nas análises, foram desconsideradas as testemunhas.

Na avaliação por local do teste de progênies, foi utilizada a rotina do SELEGEN que considera o delineamento experimental de blocos completos, com várias plantas por parcela e uma única medição. As análises foram realizadas de acordo com o seguinte modelo estatístico (Resende, 2007b):

$$y = Xr + Zg + Wp + e,$$

em que:

y: vetor de dados,

r: vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

g: vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como aleatórios);  
p: vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios);  
e: vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Por meio dessas análises, foram estimados os componentes de variância para cada local e realizada a predição dos valores genotípicos dos indivíduos.

As estimativas dos limites inferiores (LI) e superiores (LS) dos intervalos de confiança para as herdabilidade na média de progênes, nas análises por local, foram obtidas de acordo com as expressões apresentadas por Knapp et al. (1985). Nesse caso, foi adotado um coeficiente de confiança de 95% de probabilidade.

Na análise conjunta do teste de progênes foi utilizada rotina que considera várias plantas por parcela, no delineamento de blocos completos, em vários locais e uma medição. O modelo estatístico utilizado foi (Resende, 2007b):

$$y = Xr + Zg + Wp + Ti + e ,$$

em que:

y: vetor de dados,

r: é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

g: vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como aleatórios);

p: vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios);

i: vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios);

e: vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Deve-se mencionar que, na análise de modelos mistos com dados desbalanceados, os efeitos aleatórios do modelo são testados pelo teste da razão da verossimilhança (LRT). Para tanto, um quadro similar ao da análise de variância foi elaborado, denominado de análise de deviance (Resende, 2007a).

As correlações genéticas entre os desempenhos das progênies nos vários locais, dois a dois, foram obtidas por meio do seguinte estimador (Ramalho et al., 2005):

$$r_{g_{xy}} = \frac{COV_{g_{xy}}}{\sqrt{\sigma_{g_x}^2 \cdot \sigma_{g_y}^2}},$$

em que:

$COV_{g_{xy}}$  : covariância genética entre o desempenho das progênies nos locais x e y;

$\sigma_{g_x}^2$  e  $\sigma_{g_y}^2$  : variâncias genéticas das progênies nos locais x e y, respectivamente.

### 3.2 Testes clonais

Para implantação dos testes clonais foram utilizadas as 497 árvores de melhor performance dos experimentos do teste de progênies. Desse modo, as 105 árvores selecionadas no local A do teste de progênies foram clonadas e deram origem ao teste clonal F. As 204 com melhor desempenho no local B originaram o teste clonal D, sendo o mesmo dividido em dois experimentos. As 188 melhores do local C deram origem ao teste clonal E, também dividido em dois experimentos (Tabela 2).

Os testes clonais D e E foram implantados no Projeto Jambeiro IV, em área cujo solo apresenta textura arenosa/argilosa e relevo plano. No Projeto Cajá, foi implantado o teste clonal F que possui textura arenosa/média/argilosa e relevo plano. Ambos os projetos estão também localizados nos municípios de Eunápolis e Itabela, Bahia.

TABELA 2 Caracterização geográfica e número de clones avaliados nos testes clonais, implantados pela empresa Veracel S.A., situados nos municípios de Eunápolis e Itabela, BA.

	Testes clonais		
	Jambeiro IV (D)	Jambeiro IV (E)	Cajá (F)
Latitude (S)	16°45'04"	16°45'04"	16°41'12"
Longitude (W)	39°15'49"	39°15'49"	39°19'47"
Altitude (m)	62,70	62,70	91,10
Precipitação (mm)	1.300	1.300	1.300
Clones	204	188	105

Os cinco experimentos foram implantados no delineamento experimental de blocos casualizados com 20 repetições, com parcelas de uma planta, tendo cada planta ocupado área de 7,5 m<sup>2</sup>. Foram utilizados como testemunhas 14 clones comerciais da empresa. Os tratos silviculturais utilizados foram idênticos àqueles empregados nos plantios comerciais.

No ano de 2008, aos dois anos de idade, foram feitas mensurações de circunferência à altura do peito, em centímetros, e altura, em metros, em todos os testes clonais. Posteriormente, foi estimado o volume médio para cada clone, em metros cúbicos, no intuito de selecionar os melhores para os testes clonais ampliados.

As avaliações dos testes clonais foram também realizadas por meio do programa computacional SELEGEN. Como os testes clonais D e E deram origem a dois experimentos cada, para se obter os componentes de variância e os valores preditos foram feitas análises em grupos de experimentos.

Neste caso, foi utilizada rotina que considera a avaliação de clones em várias repetições, com uma observação por parcela, plantados em um único local e com uma medição, sendo as análises realizadas de acordo com o modelo estatístico (Resende, 2007b):

$$y = Xt + Zg + Wb + e ,$$

em que:

y: vetor de dados;

t: vetor dos efeitos de experimento (assumidos como fixos) somados à média geral;

g: vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios);

b: vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios);

e: vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Para análise do teste clonal F, composto por um único experimento, foi utilizada rotina que consiste na avaliação de clones em várias repetições em blocos completos, uma observação por parcela, plantados em um único local e uma medição. As análises foram realizadas considerando o seguinte modelo estatístico (Resende, 2007b):

$$y = Xr + Zg + e,$$

em que:

y: vetor de dados;

r: vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

g: vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios);

e: vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

As estimativas dos limites inferiores (LI) e superiores (LS) dos intervalos de confiança para as herdabilidades na média de clones foram também obtidas por meio das expressões apresentadas por Knapp et al. (1985). Nas estimativas, foi utilizado coeficiente de confiança, a 95% de probabilidade.



### 3.3 Correspondência no desempenho entre árvores selecionadas no teste de progênies e seus clones

No intuito de avaliar a correspondência entre o desempenho das árvores selecionadas no teste de progênies e de seus clones foram utilizadas duas estratégias:

a) Estimativas das correlações genéticas entre o desempenho das árvores selecionadas no teste de progênies e dos seus respectivos clones nos testes clonais. Para isso foi utilizado o seguinte estimador (Ramalho et al., 2005):

$$r_{gac} = \frac{COV_{gac}}{\sqrt{\sigma_{ga}^2 \cdot \sigma_{gc}^2}},$$

em que:

$COV_{gac}$  : covariância genética entre o desempenho das árvores selecionadas no teste de progênies e dos seus clones;

$\sigma_{ga}^2$  : variância genética das árvores selecionadas para o teste clonal;

$\sigma_{gc}^2$  : variância genética dos clones no teste clonal, excluindo as testemunhas.

b) Estimativas dos índices de coincidência, isto é, a proporção de árvores superiores/inferiores no teste de progênies com o mesmo comportamento no teste clonal, desconsiderando o efeito do acaso. Foram consideradas para as análises intensidades de seleção de 5%, 10%, 15%, 20% e 25%. Para tanto, utilizou-se a expressão de Hamblin & Zimmermann (1986):

$$IC = \frac{A - C}{M - C} \cdot 100$$

em que:

C: número de árvores ou clones selecionados nos dois ambientes, devido ao acaso. Assume-se que, entre o número de árvores ou clones selecionados, uma

proporção igual à intensidade de seleção coincida por acaso. Assim, se, de 100 árvores, decidiu-se selecionar 10% (ou 10 indivíduos), 10% destes 10 (ou 1), irão coincidir devido ao acaso;

A: número de árvores ou clones selecionados comuns aos dois ambientes;

M: número de árvores ou clones selecionados em um dos ambientes.

## 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 Teste de progênies

As estimativas das acurácias seletivas dos experimentos são apresentadas na Tabela 3. Os valores estimados foram todos superiores a 86%. Essas estimativas são importantes porque elas refletem a correlação entre o valor genotípico verdadeiro do material genético e aquele estimado ou predito a partir das informações dos experimentos de campo. É importante destacar que, normalmente, o que se busca nos processos de seleção em programas de melhoramento são valores de acurácia acima de 70% (Resende, 2007a). As estimativas encontradas indicam que as precisões experimentais podem ser consideradas de altas a muito altas, utilizando os critérios apresentados por Resende & Duarte (2007).

O desempenho médio, em volume, variou entre os experimentos. O local C foi o de melhor desempenho. Nesse local, o volume médio foi 63,60% superior ao obtido no local B, de pior performance (Tabela 3). Deve-se destacar que, nos dois locais, não existem evidências de diferenças em fertilidade do solo. No entanto, o local C apresenta maior precipitação média anual em relação ao B.

Os resultados das análises de deviances para o caráter volume, em  $m^3$ /planta, aos dois anos de idade são apresentados na Tabela 3. Pode-se observar a existência de efeitos significativos de progênies nos três locais e também na análise conjunta dos locais. A significância foi comprovada por meio do teste da razão da verossimilhança (LRT), a 1% de probabilidade. Assim, pode-se inferir que existe variabilidade genética entre as progênies e que há possibilidades de obtenção de ganhos genéticos para o caráter por meio da seleção nesses experimentos.

TABELA 3 Análises de deviances para o caráter volume, em m<sup>3</sup>/planta, do teste de progênies de irmãos germanos implantado em três locais da empresa Veracel S.A., situados nos municípios de Eunápolis e Itabela, BA.

Efeito	Experimentos							
	A		B		C		Conjunta	
	Deviance	LRT <sup>1</sup>	Deviance	LRT <sup>1</sup>	Deviance	LRT <sup>1</sup>	Deviance	LRT <sup>1</sup>
Progênies <sup>+</sup>	- 4.590,93	34,34 <sup>**</sup>	- 4.926,43	27,25 <sup>**</sup>	- 4.202,57	44,53 <sup>**</sup>	- 13.609,23	51,81 <sup>**</sup>
Parcela <sup>+</sup>	- 4.624,24	1,03 <sup>NS</sup>	- 4.952,42	1,26 <sup>NS</sup>	- 4.245,23	1,87 <sup>NS</sup>	- 13.656,48	4,56 <sup>NS</sup>
Progênies x Locais	-	-	-	-	-	-	- 13.657,43	3,61 <sup>NS</sup>
Resíduo	-	-	-	-	-	-	-	-
Modelo Completo	- 4.625,27	-	-4.953,68	-	- 4.247,10	-	- 13.661,04	-
Acurácia (%)	88,10		86,97		91,00		91,19	
Média	0,0743		0,0492		0,0805		0,0672	

<sup>1</sup> Teste da razão da verossimilhança, com distribuição com 1 grau de liberdade;

<sup>\*\*</sup> Significativo, a 1% de probabilidade, pelo teste de  $\chi^2$ ;

<sup>+</sup> Deviance do modelo ajustado sem os referidos efeitos.

A variabilidade entre as progênies pode também ser constatada por meio das distribuições de frequências das estimativas dos valores genotípicos preditos ( $\mu+g$ ) para o caráter volume (Figura 1). Verifica-se que, para o local A, as estimativas variaram de 0,0428 a 0,1150. Observa-se que, em média, 11,60% dos indivíduos apresentaram desempenho superior à média das testemunhas. No local B, as estimativas ficaram entre 0,0307 e 0,0772 e, aproximadamente 18,60% tiveram desempenho superior à média das testemunhas. No local C, a variação foi de 0,0335 a 0,1413. Neste caso, o número de indivíduos com desempenho superior ao das testemunhas foi 22,30%.

Na distribuição de frequências, levando em consideração todos os locais, a estimativa do indivíduo de pior desempenho foi de 0,0324 e o de melhor, 0,1139 (Figura 1). Nota-se que em torno de 22,20% dos indivíduos apresentaram desempenho superior à média das testemunhas. Considerando que as testemunhas são alguns dos melhores clones, esses resultados evidenciam a possibilidade de selecionar árvores no teste de progênies que possam originar clones que substituam com vantagens os pré-existentes.

As estimativas dos componentes de variância dos experimentos para o caráter volume são apresentadas na Tabela 4. A maior estimativa de variância genética foi obtida no local C e a menor, no local B. Vale salientar que essa variância genética é entre progênies de irmãos germanos e explora  $\frac{1}{2}\sigma_A^2 + \frac{1}{4}\sigma_D^2$ . Sobretudo a variância aditiva tem utilidade para programa de seleção recorrente, que não é o caso na presente situação. Na seleção dos indivíduos, toda a variância genética é disponibilizada e, portanto, a variância genética explorada é pelo menos o dobro da estimada.

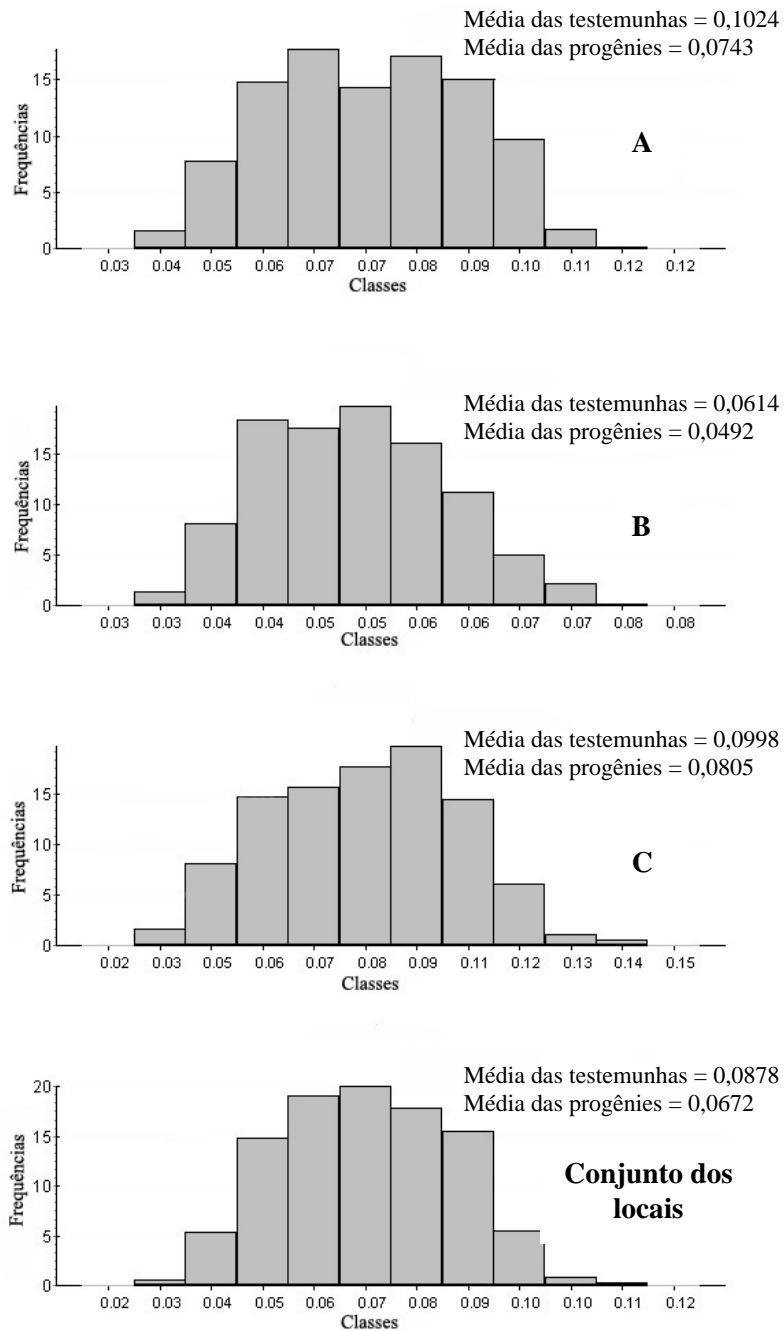


FIGURA 1 Distribuições de frequências das estimativas dos valores genotípicos preditos ( $\mu+g$ ) para o caráter volume, em  $m^3/planta$ , obtidas na avaliação de progênies de irmãos-germanos da empresa Veracel S.A., nos municípios de Eunápolis e Itabela, BA.

TABELA 4 Estimativas dos componentes de variância para volume ( $m^3/planta \times 10^6$ ) por experimento e para a análise conjunta dos experimentos, obtidas na avaliação de progênies de irmãos-germanos da empresa Veracel S.A., situados nos municípios de Eunápolis e Itabela, BA.

Parâmetros	Experimentos			
	A	B	C	Conjunta
$\hat{\sigma}_g^2$	204,00	79,00	351,00	190,00
$\hat{\sigma}_{f_w}^2$	1.197,00	496,00	1.383,00	1.032,00
$\hat{\sigma}_{g_w}^2$	833,00	339,00	1.113,00	768,00
$\hat{\sigma}_w^2$	364,00	157,00	270,00	264,00
$\hat{h}_{mp}^2$ (%)	77,63 (61,92 - 85,97)*	75,65 (58,34 - 85,03)*	82,81 (69,90 - 89,47)*	-
$\hat{\sigma}_{int}^2$	-	-	-	25,00

$\hat{\sigma}_g^2$ : variância genética entre progênies de irmãos germanos;  $\hat{\sigma}_{f_w}^2$ : variância fenotípica dentro de parcela;  $\hat{\sigma}_{g_w}^2$ : variância genética dentro de parcela;  $\hat{\sigma}_w^2$ : variância ambiental dentro de parcela;  $\hat{h}_{mp}^2$ : herdabilidade da média de progênies,  $\hat{\sigma}_{int}^2$ : variância da interação genótipos x ambientes e \* intervalo de confiança da herdabilidade da média de progênies.

A estimativa do componente de variância dentro foi bem superior à obtida para a variância genética entre progênies. Vale mencionar que a variância dentro é uma variância fenotípica e contém a variância genética dentro de progênies ( $\sigma_{G_w}^2 = 1/2 \sigma_A^2 + 3/4 \sigma_D^2$ ) e a variância ambiental ( $\sigma_w^2$ ). Uma boa estimativa da variância ambiental dentro da parcela pode ser obtida por meio da estimativa da variância entre plantas dentro das parcelas contendo os clones (testemunhas). Pois, nesse caso, ela é toda ambiental.

Observa-se que a estimativa da variância genética dentro, na média dos três locais (768,00), foi bem superior à estimativa da variância ambiental dentro das parcelas (Tabela 4). Mais uma vez, isso evidencia boa precisão experimental.

As estimativas da herdabilidade para a seleção entre médias de progênies foram superiores a 75% e as estimativas do intervalo de confiança mostram que elas são diferentes de zero, a 95% de probabilidade. Infelizmente, é difícil comparar essas estimativas com as existentes na literatura. Para os trabalhos conduzidos no Brasil, foram obtidas principalmente estimativas com progênies de meios-irmãos. É interessante mencionar que, para essa estimativa ser no sentido restrito, tem-se que considerar ausência de dominância no controle do caráter. Estimativas para a ocorrência de dominância para volume no gênero *Eucalyptus* não são muitas. Há relatos de que ela possa ser expressiva (Bouvet et al., 2009). Por outro lado, informações para *E. globulus*, na Europa, tem sugerido que o vigor híbrido é pequeno. No Brasil, a informação disponível é de Bison et al. (2006), que mostra ocorrer dominância, porém, não em grande magnitude. No entanto, mesmo não sendo expressiva, ela irá inflacionar as estimativas de herdabilidade.

Em levantamento feito por Castro (1992), envolvendo avaliação de progênies de meios-irmãos, foram encontradas estimativas de herdabilidade variando de 10% a 86%, com média de 48% para volume. Mais recentemente, na avaliação de progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla*, aos 58 meses de idade, foram encontradas estimativas de herdabilidade de, em média, 76% (Rocha et al., 2006). No entanto, deve-se mencionar que o parâmetro herdabilidade é uma propriedade não somente do caráter, mas também da população e das circunstâncias de ambiente a que os indivíduos estão sujeitos. Considerando-se que o valor da herdabilidade depende da magnitude de todos os componentes de variância, uma alteração em qualquer um deles afetará o seu valor (Falconer & Mackay, 1996).

É oportuno salientar, novamente, que a estimativa de herdabilidade entre progênies é útil em programas de seleção recorrente, sendo a seleção efetuada predominantemente entre progênies. Na presente situação, o objetivo é a seleção clonal, portanto, essa herdabilidade tem pouco



significado. Tal estimativa evidencia apenas, que há variação genética e que foi boa a precisão experimental na avaliação das progênies.

Na análise de deviance conjunta, o efeito da interação progênies x locais não foi significativo. Essa não significância foi obtida pelo teste da razão da verossimilhança, a 1% de probabilidade (Tabela 3). A estimativa da variância da interação progênies x locais, como era esperado, foi de baixa magnitude, correspondendo a apenas 14% da variância genética entre progênies (Tabela 4).

As estimativas das correlações genéticas entre o desempenho dos indivíduos nos vários locais, dois a dois, são apresentadas na Tabela 5. Os valores estimados foram de elevada magnitude, variando de 0,82 a 1,00. Tal fato indica boa associação entre o desempenho das progênies nos diferentes locais e comprova a ausência de interação progênies x locais.

TABELA 5 Estimativas das correlações genéticas entre os locais, dois a dois, obtidas na avaliação de progênies de irmãos-germanos da empresa Veracel S.A., situados nos municípios de Eunápolis e Itabela, BA.

	Experimentos		
	A/B	A/C	B/C
Correlação genética	1,0000	0,9680	0,8290

Conforme já mencionado, a seleção das melhores árvores para compor os testes clonais foi realizada por local. No intuito de averiguar a eficiência desta seleção foi feito um ranqueamento conjunto dos indivíduos dos três locais e um outro para cada local. A porcentagem de coincidência entre as árvores selecionadas por um ranqueamento e pelo outro são apresentadas na Tabela 6. Observa-se que, das 105 árvores selecionadas, a partir do ranqueamento feito no local A, 95 delas foram também selecionadas pelo ranqueamento considerando os três locais. A coincidência,

neste caso, foi de 90,50%. No local B, houve somente 69,10% de coincidência. Isso era esperado, pois o seu desempenho médio em volume foi menor do que nos outros locais. Considerando os três locais, a coincidência foi de, aproximadamente, 79%. Esse fato reforça o efeito não significativo da interação progênies x locais.

TABELA 6 Porcentagens de coincidências entre as árvores selecionadas pelo ranqueamento considerando cada experimento e os três experimentos, obtidas na avaliação de progênies de irmãos-germanos da empresa Veracel S.A., situados nos municípios de Eunápolis e Itabela, BA.

	Experimentos						Três locais	PC <sup>3</sup>
	A	PC <sup>3</sup>	B	PC <sup>3</sup>	C	PC <sup>3</sup>		
AST <sup>1</sup>	95	90,50	141	69,10	155	82,50	391	78,70
ASE <sup>2</sup>	105	100,00	204	100,00	188	100,00	497	100,00

<sup>1</sup> Árvores selecionadas pelo ranqueamento considerando todos os experimentos;

<sup>2</sup> Árvores selecionadas pelo ranqueamento de cada experimento;

<sup>3</sup> Porcentagem de coincidência entre árvores selecionadas para cada experimento e considerando todos os experimentos.

Embora tenham ocorrido diferenças de desempenho entre os locais, como já mencionado, eles se situam relativamente próximos geograficamente e a principal diferença é com relação à precipitação. A interação progênies x locais, em *Eucalyptus*, em experimentos conduzidos nas áreas experimentais das empresas no Brasil, tem sido pouco expressiva (Mori et al., 1988; Santos et al., 1990; Pereira et al., 1997). Vale ressaltar que, em outros experimentos conduzidos pela Veracel S.A., Costa (2008) observou interação progênies x locais de pequena magnitude, com maior contribuição da parte simples. Como a interação progênies x locais, tem sido de pequena magnitude, essa é uma condição favorável para as empresas. Pois elas podem identificar clones para os seus diferentes “sites” com facilidade.

No intuito de selecionar as melhores árvores para comporem os testes clonais foram selecionadas 497 árvores das 2.382 avaliadas. As estimativas dos ganhos genéticos em porcentagem dos valores genotípicos preditos, para cada local, são apresentadas na Tabela 7. As estimativas do ganho percentual, em média, foram superiores a 63%, comprovando a existência de variação entre e dentro das progênies.

TABELA 7 Estimativas do ganho com a seleção para o caráter volume, em m<sup>3</sup>/planta, obtidas na avaliação de progênies de irmãos-germanos da empresa Veracel S.A., situados nos municípios de Eunápolis e Itabela, BA.

Locais	Número total de árvores	Número de árvores selecionadas	Média da população original	Média da população selecionada	Ganho de seleção (%)
A	829	105	0,0743	0,1261	69,70
B	768	204	0,0492	0,0790	60,60
C	785	188	0,0805	0,1276	58,50

#### 4.2 Testes clonais

As 497 árvores selecionadas na etapa anterior originaram clones que foram avaliados em três experimentos distintos, denominados de D, E e F. Os desempenhos médios dos clones foram semelhantes nos experimentos. Os clones do experimento F apresentaram o melhor desempenho, porém, este foi somente 17% superior ao teste clonal D, de pior performance (Tabela 8). Acredita-se que a semelhança no desempenho médio dos experimentos pode estar associada ao fato de os mesmos estarem situados muito próximos geograficamente e apresentarem condições climáticas, fertilidade do solo e latitudes parecidas, ou seja, condições ambientais semelhantes. Além do mais, a amostra de clones utilizada em cada experimento representava o grupo todo.

As estimativas das acurácias seletivas variaram de 86% a 98% (Tabela 8), indicando que a precisão experimental pode ser considerada de

alta a muito alta, de acordo com critério apresentado por Resende & Duarte (2007).

Observa-se também que as estimativas das variâncias do erro de predição (*PEV*) dos testes clonais são de baixa magnitude. Segundo Resende (2007a), na classe dos estimadores/preditores não viciados a precisão é dada pelo parâmetro *PEV*, sendo essa diretamente relacionada à acurácia. Assim, quanto menor o valor da *PEV*, maior a acurácia. Esse fato explica os altos valores de acurácia encontrados. Os desvios padrões dos erros de predições (*SEP*) também apresentaram baixos valores, evidenciando, assim, alta precisão e situação favorável para seleção (Tabela 8).

Os efeitos de clones foram significativos pelo teste da razão da verossimilhança (LRT), a 1% de probabilidade. Dessa maneira, pode-se inferir que existe variabilidade entre os clones e que há possibilidades de ganhos com a seleção em todos os experimentos (Tabela 8).

A existência de variabilidade genética entre os clones pode ser melhor visualizada por meio das distribuições das frequências de seus valores genotípicos preditos (Figura 2). As estimativas encontradas no teste clonal D variaram de 0,0150 a 0,1154. Nota-se que em torno de 21,60% dos clones apresentaram desempenho superior à média das testemunhas nesse experimento. No teste clonal E, a menor estimativa encontrada foi 0,0156 e a maior 0,1181, sendo que 17,50% dos clones tiveram desempenho superior à média das testemunhas. Para o teste clonal F, 31,40% dos clones superaram em desempenho a média das testemunhas, com variação no desempenho de 0,0163 a 0,1217. A partir desses resultados, infere-se que é possível selecionar clones com maior potencial de crescimento que possam substituir os clones comerciais pré-existentis.

TABELA 8 Análises de deviances para o caráter volume, em m<sup>3</sup>/planta, dos testes clonais implantados pela empresa Veracel S.A., nos municípios de Eunápolis e Itabela, BA.

Efeito	Testes clonais							
	D		E		F		Grupo de experimentos	
	Deviance	LRT <sup>1</sup>	Deviance	LRT <sup>1</sup>	Deviance	LRT <sup>1</sup>	Deviance	LRT <sup>1</sup>
Clones <sup>+</sup>	- 24.433,73	2.735,26**	- 22.100,89	2.385,05**	- 10.489,08	1.092,46**	-57.185,75	6.153,30**
Parcela <sup>+</sup>	- 27.143,81	25,18**	- 24.444,81	41,13**	-	-	-63.318,00	21,14**
Resíduo	-	-	-	-	-	-	-	-
Modelo completo	- 27.168,99	-	- 24.485,94	-	- 11.581,54	-	-63.339,14	-
Acurácia (%)	86,54		86,18		98,07		93,57	
<i>PEV</i>	0,000099		0,000100		0,000016		0,000050	
<i>SEP</i>	0,009954		0,010014		0,004044		0,007057	
Média geral	0,0609		0,0626		0,0711		0,0636	

<sup>+</sup> Deviance do modelo ajustado sem os referidos efeitos; <sup>1</sup> Teste da razão da verossimilhança, com distribuição com 1 grau de liberdade;

\*\* Significativo, a 1% de probabilidade, pelo teste de  $\chi^2$ ;

*PEV* : variância do erro de predição dos valores genotípicos e *SEP* : desvio padrão do valor genotípico predito.

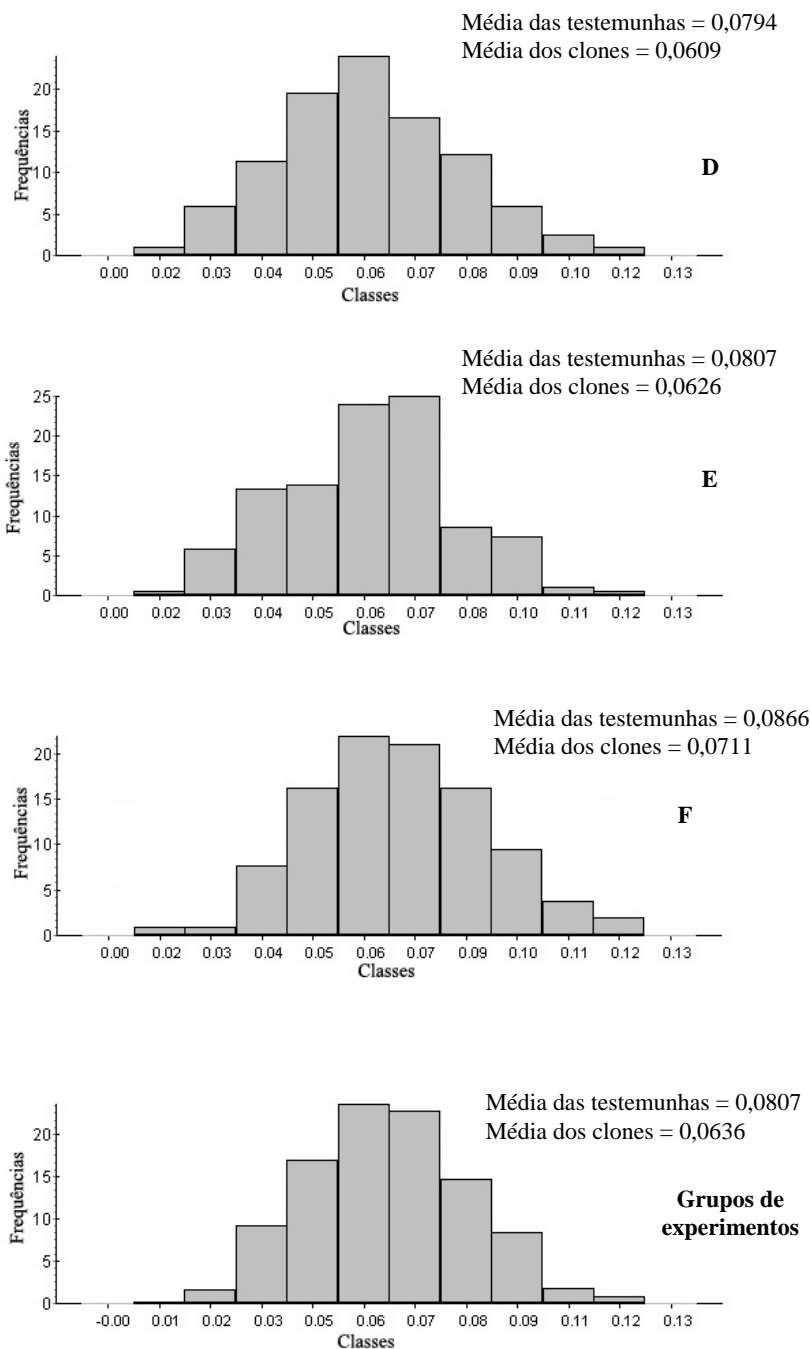


FIGURA 2 Distribuições de frequências das estimativas dos valores genotípicos preditos ( $\mu+g$ ) para o caráter volume, em  $m^3/planta$ , obtidas na avaliação dos testes clonais da empresa Veracel S.A., nos municípios de Eunápolis e Itabela, BA.

As estimativas da herdabilidade na média de clones foram todas superiores a 74% e as estimativas do intervalo de confiança mostram que elas são diferentes de zero, a 95% de probabilidade (Tabela 9). As altas estimativas encontradas evidenciam condição muito favorável à seleção. Isto ocorre porque existe variância genética e o erro experimental, como já mencionado, é baixo.

Na análise de variância combinada (valores não apresentados), constatou-se que a interação testemunhas x experimentos foi significativa. Contudo, a soma de quadrados da interação explicou apenas 23% da variação total nas análises envolvendo apenas as testemunhas. Como ocorreu nos experimentos com as progênies, a interação genótipos x ambientes foi relativamente pequena. Dessa forma, o desempenho dos clones pode ser extrapolado para outras condições de cultivo da empresa.

TABELA 9 Estimativas dos componentes de variância para volume ( $\text{m}^3/\text{planta} \times 10^6$ ) por experimento e para a análise agrupada, obtidas na avaliação dos testes clonais da empresa Veracel S.A., nos municípios de Eunápolis e Itabela, BA.

Parâmetros	Experimentos			
	D	E	F	Grupos de experimentos
$\hat{\sigma}_g^2$	395,00	390,00	429,00	400,00
$\hat{\sigma}_e^2$	265,00	270,00	340,00	284,00
$\hat{h}_{mc}^2$ (%)	74,90 (69,15 - 79,18)*	74,27 (68,16 - 78,83)*	96,18 (94,88 - 97,06)*	87,55 (85,85 - 89,00)*

$\hat{\sigma}_g^2$ : variância genética entre clones;  $\hat{\sigma}_e^2$ : variância residual;  $\hat{h}_{mc}^2$ : herdabilidade para a seleção clonal e \* intervalo de confiança da herdabilidade para a seleção clonal.

### 4.3 Correspondência no desempenho entre árvores selecionadas no teste de progênies e seus clones

O que interessa realmente neste trabalho é verificar se ocorreu boa coincidência no desempenho das árvores selecionadas no teste de progênies

e dos clones correspondentes. Uma estratégia para se obter essa informação é a estimativa da correlação genética entre o valor da árvore no teste de progênie e a média do clone oriundo dela.

Inicialmente, foram obtidas as estimativas por experimento de avaliação de clones, pois, nesse caso, as árvores selecionadas tiveram origem em um mesmo local. Os valores obtidos foram todos de pequena magnitude, inferiores a 0,3525. O coeficiente de determinação genético máximo foi 0,1242, ou seja, o desempenho das árvores naquele local explicou apenas 12,42% da variação no desempenho dos clones (Tabela 10).

Foi também obtida a estimativa da correlação genética entre o valor da árvore no teste de progênie e a média do clone oriundo dela, levando em consideração todos os experimentos. A estimativa encontrada foi também de baixa magnitude e igual a 0,2695. Neste caso, o coeficiente de determinação foi de 0,0730. Assim, de modo geral, o desempenho das árvores explicou apenas 7,30% da variação no desempenho dos clones. Em experimentos semelhantes, também conduzidos pela Veracel S.A., na região de Eunápolis (BA), Costa (2008) encontrou uma estimativa de correlação genética de magnitude ainda mais baixa ( $\hat{r}_{g_{mc}} = 0,12$ ) quando comparada àquelas estimativas encontradas no presente estudo. Esses resultados indicam que a eficiência da seleção das árvores no teste de progênie foi baixa. Isso pode ter ocorrido porque o BLUP não necessariamente possui herdabilidade igual a 1,0 ou, então, o que é mais provável, a interação dos genótipos x anos, que não tem como ser detectada durante a seleção dessas árvores, é alta.



TABELA 10 Estimativas dos parâmetros genéticos para volume ( $\text{m}^3/\text{planta} \times 10^6$ ) para as árvores selecionadas no teste de progênies e seus respectivos clones nos testes clonais da empresa Veracel S.A., nos municípios de Eunápolis e Itabela, BA.

Parâmetros	Experimentos			
	Clones avaliados no experimento D	Clones avaliados no experimento E	Clones avaliados no experimento F	Clones avaliados em todos os experimentos
$\hat{COV}_{g_{ac}}$	29,50	66,00	0,00	28,50
$\hat{\sigma}_{g_a}^2$	36,00	90,00	3,00	28,00
$\hat{\sigma}_{g_c}^2$	395,00	390,00	429,00	400,00
$\hat{r}_{g_{ac}}$	0,2475	0,3525	0,0000	0,2695
$\hat{r}^2$	0,0610	0,1242	0,0000	0,0730

$\hat{COV}_{g_{ac}}$  : covariância genética entre o desempenho das árvores selecionadas no teste de progênies e dos seus clones;  $\hat{\sigma}_{g_a}^2$  : variância genética das árvores selecionadas para o teste clonal;  $\hat{\sigma}_{g_c}^2$  : variância genética dos clones no teste clonal, excluindo as testemunhas;  $\hat{r}_{g_{ac}}$  : correlação genética entre o desempenho das árvores selecionadas no teste de progênies e dos seus respectivos clones nos testes clonais e  $\hat{r}^2$  : coeficiente de determinação.

Outro procedimento para avaliar a eficiência da seleção das árvores é por meio da estimativa do índice de coincidência. Ele avalia a proporção de árvores superiores/inferiores no teste de progênies que seriam também selecionadas no teste clonal, desconsiderando o efeito do acaso (Hamblin & Zimmermann, 1986). Para estimar o índice de coincidência, foi simulada a seleção aplicando intensidades de seleção de 5%, 10%, 15%, 20% e 25% sobre o número total de árvores selecionadas para os testes clonais.

Observa-se que as estimativas do índice de coincidência foram semelhantes até a intensidade de seleção de 15% para as melhores árvores e clones. Com incremento do número de clones selecionados, o índice de coincidência aumentou. Porém, os valores ainda foram inferiores a 35%, mostrando que a coincidência entre o desempenho das árvores selecionadas e dos seus clones foi pequena (Tabela 11). As baixas estimativas encontradas

reforçam a presença da interação genótipos x anos. Desse modo, para atenuar esse efeito da interação, a opção seria efetuar uma seleção mais branda das árvores no teste de progênies, como efetuado nesse trabalho, para incrementar a chance de identificar os clones com melhor performance.

TABELA 11 Estimativas do índice de coincidência (IC) entre as melhores/piiores árvores do teste de progênies e os melhores/piiores clones no teste clonal da empresa Veracel S.A., nos municípios de Eunápolis e Itabela, BA.

		Intensidade de seleção					
		5%	10%	15%	20%	25%	Média
Melhores	IC (%)	22,70	23,80	22,20	31,80	34,30	27,00
Piores	IC (%)	0,00	9,50	14,30	17,70	29,50	14,20

## **5 CONCLUSÃO**

A estimativa da correlação genética das árvores selecionadas no teste de progênies e dos seus respectivos clones foi baixa, sendo que apenas sete por cento da variação genética entre os clones foi explicada pela variação entre as árvores. Confirmando esses resultados, a estimativa da coincidência entre as melhores árvores e os melhores clones, na média de diferentes intensidades de seleção, foi de 27%. Esses resultados evidenciam que a seleção das árvores nos testes de progênies não deve ser muito drástica para incrementar a chance de identificar os clones realmente superiores.

## 6 REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype-by-environment interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 4, n. 5, p. 503-508, Sept./Oct. 1964.

ANDRADE, H. B. **Eficiência dos experimentos com clones na cultura do eucalipto**. 2002. 162 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

ASSIS, T. F. de. Production and use of *Eucalyptus* hybrids for industrial purposes. In: HYBRID BREEDING AND GENETICS OF FOREST TREES, 2000, Noosa. **Proceedings...** Brisbane: Department of Primary Industries, 2000. p. 63-74.

ASSIS, T. F.; MÁFIA, R. G. Híbridação e clonagem. In: BORÉM, A. **Biotecnologia florestal**. Viçosa: UFV, 2007. Cap.5, p.93-121.

BERTOLUCCI, F. L. G.; REZENDE, G. D. S. P. PENCHEL, R. M. Produção e utilização de híbridos de eucalipto. **Silvicultura**, São Paulo, v. 7, n. 51, p.12-16, 1993.

BISON, O.; AGUIAR, A. M.; REZENDE, G. D. S.; RAMALHO, M. A. P. Inbreeding depression in *Eucalyptus* clones. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 4, p.459-464, 2004.

BISON, O.; RAMALHO, M. A. P.; REZENDE, G. D. S.; AGUIAR, A. M.; RESENDE, M. D. V. Comparison between open progenies and hybrids performance in *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla*. **Silvae Genetiva**, Frankfurt, v. 55, n. 4/5, p.192-196, 2006.

BOTREL, M. C. G.; SILVA, J. R. M. da; TRUGILHO, P. F.; ROSADO, S. C. da S.; FERNANDES, B. R. Ganho genético em propriedades físicas e mecânicas de clones de *Eucalyptus*. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 76, p. 13-19, dez. 2007.

BOUVET, J. M.; SAYA, A.; VIGNERON, Ph. Trends in additive, dominance and environmental effects with age for growth traits in *Eucalyptus* hybrid populations. **Euphytica**, Netherlands, n. 165, p.35–54, 2009.

BRUZI, A. T. **Aplicações da análise de modelos mistos em programa de seleção recorrente do feijoeiro comum**. 2008. 73p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

CASTRO, N. H. C. de. **Número de repetições e eficiência da seleção em progênies de meios irmãos de *Eucalyptus camaldulensis***. 1992. 121 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

COSTA, R. R. G. F. **Performance dos indivíduos nos testes de progênies e os respectivos clones de eucalipto**. 2008. 66 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2006. v. 2, 585p.

DEMUNER, B. J.; BERTOLUCCI, F. de L. G. Seleção florestal: uma nova abordagem a partir de estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para características da madeira e polpa de eucalipto. In: CONGRESSO ANUAL DE CELULOSE E PAPEL, 26., 1993, São Paulo. **Proceedings...** São Paulo: ABTCP, 1993. p. 411-423.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. London: Longman Malaysia, 1996. 463 p.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**. New York: Macmillan, 1987. 487 p.

FERREIRA, M.; SANTOS, P. E. T. dos. Melhoramento genético florestal dos *Eucalyptus* no Brasil – breve histórico e perspectivas. In: CONFERENCE ON SILVICULTURE AND IMPROVEMENT OF EUCALYPT, 1997, Salvador. **Proceedings...** Salvador: IUFRO, 1997. p. 14-34.

FOELKEL, C. As plantações de florestas no Brasil. In: BORÉM, A. (Ed.). **Biotecnologia florestal**. Viçosa: UFV, 2007. p. 13-24.

GARCIA, C. H.; NOGUEIRA, M. C. S. Utilização da metodologia REML/BLUP na seleção de clones de eucalipto. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 68, p.107-112, ago. 2005.

GOMIDE, J. L.; FANTUZZI, NETO, H.; LEITE, H. G. Estratégia de análise da qualidade de madeira de *Eucalyptus sp.* para produção de celulose. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 28, n. 3, p. 443-450, 2004.

GONÇALVES, F. M. A.; REZENDE, G. D. S. P.; BERTOLUCCI, F. de L. G.; RAMALHO, M. A. P. Progresso genético por meio da seleção de clones de eucalipto em plantios comerciais. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 25, n. 3, p. 295-301, jul./set. 2001.

HAMBLIN, J. E.; ZIMMERMANN, M. J. de O. Breeding common bean for yield in mixtures. **Plant Breeding Reviews**, New York, v. 4, n. 8, p. 245-272, Aug. 1986.

KANG, S. K. Using genotype-by-environment interaction for crop cultivar development. **Advances in Agronomy**, New York, v. 62, p.199-252, 1998.

KNAPP, S. J.; STROUP, W. W.; ROSS, W. M. Exact confidence intervals for heritability on a progenie mean basis. **Crop Science**, Madison, v. 25, n.1, p. 192-194, Jan./ Feb. 1985.

KERR, R. J.; DIETERS, M. J.; TIER, B. Simulation of the comparative gains from four different hybrid tree breeding strategies. **Canadian Journal of Forest Research**, Ottawa, v. 34, n.1, p. 209-220, Jan. 2004.

MARQUES JÚNIOR, O. G.; ANDRADE, H. B.; RAMALHO, M. A. P. Assessment of the early selection efficiency in *Eucalyptus cloeziana* F. Muell. in the northwest of Minas Gerais State, Brasil. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 45, n. 5/6, p.359-361, 1996.

MORI, E. S.; KAGEYAMA, P. Y.; FERREIRA, M. Variação genética e interação progênes x locais em *Eucalyptus urophylla*. **Revista IPEF**, Piracicaba, n. 39, p. 53-63, ago. 1988.

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

NUNES, J. A. R. **Incorporação da informação de parentesco no método genealógico pelo enfoque de modelos mistos**. 2006. 113 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, London, v. 58, p. 545-554, 1971.

PAULA, R. C. de.; PIRES, I. E.; BORGES, R. de C. G.; CRUZ, C. D. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 2, p. 159-165, fev. 2002.

PEREIRA, A. B.; MARQUES JÚNIOR, O. G.; RAMALHO, M. A. P.; ALTHOFF, P. Eficiência da seleção precoce em famílias de meios-irmãos de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh., na região noroeste do Estado de Minas Gerais. **Revista Cerne**, Lavras, UFLA, v.3, n. 1, 1997.

PIEPHO, H. P.; MÖHRING, J.; MELCHINGER, A. E.; BÜCHSE, A. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, Netherlands, n.161, p. 209–228, 2008.

PINTO JÚNIOR, J. E. **REML/BLUP para a análise de múltiplos experimentos no melhoramento genético de *Eucalyptus grandis* W. HILL EX MAIDEN**. 2004. 133 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR.

POTTS, B. M.; DUNGEY, H. S. Interspecific hybridization of *Eucalyptus*: key issues for breeders and geneticists. **New Forests**, Netherlands, n. 27, p. 115–138, 2004.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 2.ed. Lavras: UFLA, 2005. 322 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, M. J.; PINTO, C. A. B. P. **Genética na agropecuária**. 4.ed. Lavras: UFLA, 2008. 463 p.

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

RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística**: no melhoramento de plantas perenes. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

RESENDE, M. D. V. **matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 561p.

RESENDE, M. D. V. **Software Selegen – REML/ BLUP**: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b. 359p.

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

RESENDE, M. D. V. de.; PRATES, D. F.; YAMADA, C. K.; JESUS, A. de. Estimaco de componentes genticos pelo mtodo da verossimilhana restrita (REML) e melhor predico linear no viesada (BLUP) em *Pinus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n.32/33, p.23-42, Jan./Dez. 1996a.

RESENDE, M. D. V. de.; PRATES, D. F.; JESUS, A. de.; YAMADA, C. K. Melhor predico linear no viciada (BLUP) de valores genticos no melhoramento de *Pinus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n.32/33, p.3-22, Jan./Dez. 1996b.

REZENDE, G. D. S. P.; BERTOLUCCI, F. L. G.; RAMALHO, M. A. P. Eficincia da seleo precoce na recomendao de clones avaliados no Norte do Esprito Santo e Sul da Bahia. **Revista Cerne**, Lavras, v. 1, n. 1, p. 45-50, 1994.

ROCHA, M. das G. B.; PIRES, I. E.; ROCHA, R. B.; XAVIER, A.; CRUZ, C. D. Avaliao gentica de prognies de meio-irmos de *Eucalyptus grandis* por meio dos procedimentos REML/BLUP e da ANOVA. **Revista Scientia Florestalis**, Piracicaba, n. 71, p. 99-107, ago. 2006.

ROCHA, M. das G. B.; PIRES, I. E.; ROCHA, R. B.; XAVIER, A.; CRUZ, C. D. Seleo de genitores de *Eucalyptus grandis* e de *Eucalyptus urophylla* para produo de hbridos interespecficos utilizando REML/ BLUP e informao de divergncia gentica. **Revista rvore**, Viosa, v.31, n.6, p.977-987, 2007.

SANTOS, P. E. T.; MORI, E. S.; MORAES, M. L. T. Potencial para programas de melhoramento, estimativas de parmetros genticos e interao prognies x locais em populaes de *Eucalyptus urophylla*. **Revista IPEF**, Piracicaba, n. 43/44, p. 11-19, jan./dez. 1990.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H.; DICKEY, D. A. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. 3. ed. New York: Mc Graw-Hill Book Company, 1997. 666 p.

TOLFO, A. L. T.; PAULA, R. C. DE; BONINE, C. A. V.; BASSA, A.; VALLE, C. F. DO. Parmetros genticos para caracteres de crescimento, de produo e tecnolgicos da madeira em clones de *Eucalyptus* spp. **Scientia Florestalis**, Piracicaba, n. 67, p.101-110, abr. 2005.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Gentica biomtrica no fitomelhoramento**. Ribeiro Preto: Sociedade Brasileira de Gentica, 1992. 486p.



VERRYN, S. D. *Eucalyptus* hybrid breeding in South Africa. In: HYBRID BREEDING AND GENETICS OF FOREST TREES, 2000, Noosa. **Proceedings...** Brisbane: Department of Primary Industries, 2000. p. 191-199.

VOLKER, P. W.; DEAN, C. A.; TIBBITS, W. N.; RAVENWOOD, I. C. Genetic parameters and gains expected from selection in *Eucalyptus globulus* in Tasmania. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 39, n. 1, p. 18-28, 1990.