

VARIAÇÃO DIMENSIONAL DA MADEIRA DE CLONES DE *EUCALYPTUS* CULTIVADOS EM DIFERENTES ESPAÇAMENTOS

Valter Silveira¹, Sebastião Carlos da Silva Rosado², Paulo Fernando Trugilho², Dulcinéia de Carvalho² e Sheila Carvalho Martins³

RESUMO: Os objetivos deste trabalho foram: avaliar o efeito do espaçamento sobre a variação dimensional da madeira, representada pelas contrações totais, assim como estimar os parâmetros genéticos e fenotípicos de 12 clones híbridos naturais do gênero *Eucalyptus*, além de avaliar a interação clone x espaçamento. Para tanto, foram instalados 3 experimentos em dois locais de estudo. Os clones foram selecionados em plantios comerciais da Companhia Mineira de Metais (CMM-AGRO), localizados no município de Vazante-MG, Brasil. Estes clones foram divididos em dois grupos. Os clones 1 ao 6 foram plantados na fazenda Bom Sucesso, município de Vazante, e os clones 7 ao 12 na fazenda Riacho, localizada no município de Paracatu-MG, Brasil. Em cada local utilizaram-se 3 espaçamentos (6,0 x 2,0; 6,0 x 3,0 e 6,0 x 4,0 m), sendo cada um considerado como um experimento distinto. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, com 3 repetições e 6 tratamentos (clones). O tamanho da parcela foi de 288 m². Aos 74 meses de idade, foi abatido uma árvore por parcela e retirado um torete a 1,3 m, ou seja, no DAP, para a confecção dos corpos-de-prova. Avaliaram-se as contrações totais nos planos radial, tangencial e longitudinal, assim como a contração volumétrica total. Os resultados encontrados, oriundos da análise conjunta, mostraram que o efeito espaçamento foi não significativo para quase todas as contrações totais avaliadas, com exceção da contração tangencial dos clones 1 ao 6 e contração longitudinal dos clones 7 ao 12. Os 2 grupos de clones apresentaram comportamento diferenciado quanto à interação clone x espaçamento. Os clones 1 ao 6 apresentaram interação clone x espaçamento apenas para a contração longitudinal e os clones 7 ao 12 apresentaram interação significativa para as contrações tangencial, longitudinal e volumétrica. Todos os grupos de clones apresentaram variabilidade genética para as contrações avaliadas.

PALAVRAS-CHAVE: *Eucalyptus*, contração total, espaçamento e interação clone x ambiente.

¹ Estudante de mestrado em Engenharia Florestal da UFLA. Lavras-MG. E-mail: silveira@floresta.ufpr.br

² Prof. do Departamento de Ciências Florestais da UFLA – CP. 37 – 37200-000 – Lavras, MG.

³ Estudante de graduação em Eng. Florestal da UFLA, CP 37, CEP 37200-000 - Lavras, MG.

TOTAL SHRINKAGE OF *EUCALYPTUS* WOOD CLONES CULTIVATED IN DIFFERENT SPACINGS

ABSTRACT: The objectives of this work were: to evaluate the effect of spacing upon total shrinkage of wood as well as estimate the genetic and phenotypic parameters of 12 natural hybrid clones of the genus *Eucalyptus*, in addition to evaluate the clone x spacing interaction. The this end, three experiments have been set up in two sites. The clones were divided into two groups. Clones 1 through 6 have been planted on the Bom Sucesso farm, town of Vazante-MG, Brazil and clones 7 through 12 on the Riacho farm, situated in the town of Paracatu-MG, Brazil. In each site, three spacings (6,0 x 2,0; 6,0 x 3,0; 6,0 x 4,0 m) were utilized, each being regarded as a distinct experiment. The experiment design was in randomized blocks, with three replications and 6 treatments (clones). Plot size was of 288 m². At 74 months old, a 1,3 m log was removed, that is, at the BHD for making the proof-bodies. The total shrinkage was evaluated at the radial, tangential and longitudinal planes, as well the total volumetric shrinkage. The results found, from the joint analysis, showed that the spacing effect was not significant for the radial, longitudinal and volumetric shrinkage. Both groups of clones presented distinguished behavior as to the clone x spacing interaction. Clones 1 through 6 presented clone x spacing interaction to longitudinal shrinkage and clones 7 through 12 presented interaction to the tangential, longitudinal and volumetric shrinkages. All groups of clones presented genetic variability for the evaluated shrinkages.

KEY WORDS: *Eucalyptus*, total shrinkage, spacing and interactions clones x environments.

1. INTRODUÇÃO

No Brasil, o gênero *Eucalyptus* vem sendo melhorado para atender a vários usos. Porém, algumas características como a contração total da madeira, aspecto estético e trabalhabilidade não estão sendo devidamente valorizadas pelos programas de melhoramento florestal. Durante muito tempo, a seleção dos genótipos superiores dentro desses programas foi baseada, principalmente, nos valores fenotípicos das características de crescimento, mais especificamente preocupava-se com atributos como a produtividade volumétrica e, posteriormente, com a densidade básica. Isto, contudo, não assegurou a qualidade da árvore selecionada para fornecer matéria-prima adequada para a serraria. Neste contexto, a definição de outras características, tais como a contração total

da madeira, torna-se de grande importância para que estas sejam adicionadas nos programas de melhoramento florestal, possibilitando, dessa forma, uma correção na rota desses programas e conseqüente seleção de genótipos realmente superiores para atender esse mais novo enfoque.

Segundo Stamm (1964), a contração da madeira ocorre quando há uma redução no seu teor de umidade. Todo material higroscópico, como a madeira e outros materiais celulósicos, inicialmente em estado de completa saturação por água, apresenta uma contração à medida que vai perdendo essa umidade. A contração atinge valores mais expressivos abaixo da umidade de saturação das fibras. Essa contração pode tornar-se um problema sério, pois normalmente é acompanhada por empenamentos e rachaduras nas peças serradas.

Portanto, sendo a contração um dos principais problemas relacionados com a utilização da madeira serrada do eucalipto, cabe ao melhorista conduzir trabalhos para avaliar sua magnitude, quantificar os efeitos do espaçamento e da interação genótipo x espaçamento sobre a mesma e fornecer subsídios que possibilitem adotar procedimentos para sua minimização. Assim sendo, os objetivos deste trabalho foram: avaliar o efeito do espaçamento sobre a variação dimensional, representada pela contração total da madeira, assim como estimar os parâmetros genéticos e fenotípicos de 12 clones híbridos naturais do gênero *Eucalyptus*, além de avaliar a interação clone x espaçamento.

2. MATERIAL E MÉTODOS

No presente trabalho foram utilizados 12 clones híbridos naturais do gênero *Eucalyptus*. Estes clones foram divididos em dois grupos: clones 1 ao 6 e clones 7 ao 12.

Os experimentos para os clones 1 ao 6 foram instalados na fazenda Bom Sucesso, localizada no município de Vazante-MG, e para os clones 7 ao 12, na fazenda Riacho, localizada no município de Paracatu-MG. Estas fazendas são propriedades da Companhia Mineira de Metais (CMM-AGRO), pertencentes ao grupo Votorantim. A latitude destas fazendas é 17°36'09''Sul, longitude de 46°42'02''a Oeste de Greenwich, e altitude de 550 m. O clima das áreas é Aw segundo a classificação de Köppen; clima tropical úmido de savana, com inverno seco e verão chuvoso (Antunes, 1986). A temperatura média anual é de 24 °C e precipitação média anual de 1450 mm.

Em cada local foram instalados três experimentos, cada um referente aos espaçamentos 6,0 x 2,0; 6,0 x 3,0 e 6,0 x 4,0 m. O plantio foi realizado com mudas enraizadas pelo viveiro da CMM-AGRO. O delineamento experimental utilizado em cada local foi em blocos casualizados, com 3 repetições e 6 tratamentos (clones). O tamanho da parcela foi de 288 m² e o número de plantas variou de acordo com o espaçamento, sendo 24, 16 e 12 plantas para o 6,0 x 2,0; 6,0 x 3,0 e 6,0 x 4,0 m, respectivamente.

Os experimentos foram avaliados aos 74 meses após as suas instalações. Por não existir variação genética entre plantas dentro de parcelas, foi amostrada apenas uma árvore no centro da mesma.

Para a confecção dos corpos-de-prova, retirou-se um torete de aproximadamente 20 cm, a 1,3 m de altura, ou seja, no DAP. Este material foi conduzido para o Laboratório de Tecnologia da Madeira da Universidade Federal de Lavras, para então serem retirados os corpos-de-prova. A dimensão de cada amostra foi de 2,5 x 2,5 x 10,0 cm, nos sentidos radial, tangencial e longitudinal, respectivamente, conforme Galvão e Jankowsky (1985).

Após preparados, os corpos-de-prova foram mantidos em água sob vácuo em um dissecador até atingirem a completa saturação.

As medições das dimensões lineares nos sentidos radial, tangencial e longitudinal foram determinadas diretamente nos corpos-de-prova, em pontos previamente demarcados, através de um paquímetro digital com precisão de ± 0,02 mm. O peso foi determinado em balança com precisão de

uma casa decimal. As medidas nos sentidos radial, tangencial, longitudinal e do peso foram obtidas nos corpos sob duas condições de umidade: saturados e secos em estufa a uma temperatura de 105 ± 3 °C durante 48 horas.

Os volumes saturados dos corpos-de-prova foram calculados pelo método de imersão, baseado na variação do peso do líquido. Este método baseia-se no princípio de Arquimedes, em que a perda aparente de peso de um corpo imerso em um líquido é igual ao peso do líquido deslocado. Verifica-se que o empuxo sofrido pela amostra de madeira é igual ao produto de seu volume pela densidade do líquido. Admitindo-se para água uma densidade de $1,0 \text{ g/cm}^3$, conclui-se que a diferença de peso indicado na balança corresponde ao volume da amostra. Neste método, o volume saturado ou volume verde foi obtido pela variação de peso, ocasionada pela imersão da amostra na água. Os volumes dos corpos-de-prova, após secagem, também foram calculados por esse método, com apenas uma exceção, pois o líquido utilizado foi o mercúrio. A utilização do mercúrio tem como vantagem a não absorção deste metal pela madeira. Na utilização do mercúrio, deve-se ter o cuidado de monitorar constantemente a sua temperatura para que se possa fazer a correção do seu peso específico.

A contração total nas três direções estruturais e a volumétrica da madeira foi calculada como porcentagem da variação em relação à dimensão inicial, conforme Galvão e Jankowsky (1985).

A análise de variância para cada espaçamento e para a análise conjunta foram efetuadas conforme Cruz e Regazzi (1994),

segundo os modelos $Y_{im} = \mu + C_i + B_m + \varepsilon_{im}$ e $Y_{ijm} = \mu + C_i + E_j + (B/E)_{jm} + CE_{ij} + \varepsilon_{ijm}$, respectivamente, em que Y_{ijm} : contrações mensuradas no i-ésimo clone, μ : média geral; C_i : efeito do i-ésimo clone (i: 1,2,...,c); E_j : efeito do j-ésimo espaçamento (j: 1,2,...,e); $(B/E)_{jm}$: efeito do m-ésimo bloco dentro do j-ésimo espaçamento (m: 1,2,...,r); CE_{ij} : efeito da interação do i-ésimo clone com o j-ésimo espaçamento; ε_{ijm} : erro aleatório. Os efeitos de clone (C), espaçamento (E) e interação clone x espaçamento (CE) foram considerados como fixos e os efeitos de bloco (B) e erro experimental (ε) como aleatório.

As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos foram realizadas através das esperanças dos quadrados médios, conforme Cruz (1997).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Um crescimento satisfatório das árvores deve ser alcançado para se obter madeira de dimensões mais adequadas para serraria. Neste sentido, espaçamentos mais amplos podem ser mais adequados. Sendo assim, os efeitos proporcionados pelo aumento do espaçamento sobre as variações dimensionais da madeira e sua interação com os clones devem ser avaliados e considerados para que seja possível obter madeira com melhor qualidade e proporcionar maiores ganhos genéticos com a seleção.

Os resultados apresentados a seguir abordam estes efeitos para dois conjuntos de clones, numerados de 1 ao 6 e 7 ao 12.

3.1. Análise de variância separada para os clones 1 ao 6, em cada espaçamento da fazenda Bom Sucesso

A análise de variância separada para cada espaçamento no presente estudo é de grande importância, pois além de permitir a verificação da existência de variabilidade genética entre os clones testados e das discrepâncias entre as variâncias residuais, possibilitam também estimar os parâmetros

genéticos e fenotípicos. Os resultados provenientes desta análise são apresentados nas Tabelas 1, 2,3 e 4.

A variância causada pelo ambiente pode ter uma grande variedade de causas, e sua natureza depende muito do caráter e do organismo estudado. Esta variância, segundo Falconer (1987), é uma fonte de erro que reduz a precisão nos estudos genéticos, cabendo ao melhorista reduzi-la ao mínimo

Tabela 1

Resumo das análises de variância para os clones 1 ao 6, nos diferentes espaçamentos da fazenda Bom Sucesso, e estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos para a contração tangencial.

Summary of variance analysis of 1-6 clones in various spacings and estimates of genetic and fenotypic parameters for tangencial contraction, in Bom Sucesso Farm.

Fonte de Variação	Grau de Liberdade	Quadrado Médio da Contração Tangencial (CT)		
		6,0 X 2,0	6,0 X 3,0	6,0 X 4,0
Blocos	2	0,34318	0,43507	0,56288
Clones	5	2,93975**	9,15766**	5,74387*
Resíduo	10	0,19049	0,34199	1,64597
Média (%)		9,59	10,61	10,18
CV _e (%)		4,55	5,51	12,60
ϕ_F		0,97992	3,05255	1,91462
σ_e^2		0,06350	0,11400	0,54866
ϕ_c		0,91642	2,93856	1,36600
h ² (%)		93,52	96,27	71,34
CV _c (%)		9,98	16,15	11,48
CV _c /CV _e		2,19	2,93	0,91
Ganho (%)		8,25	18,35	12,37

* e ** Significativo a 5 e 1 % de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

CV_e : coeficiente de variação experimental, ϕ_F : componente quadrático fenotípico, σ_e^2 : variância ambiental, ϕ_c : componente quadrático genotípico, h² : coeficiente de determinação genotípico, CV_c : coeficiente de variação genética, CV_c/CV_e : índice de variação, Ganho : ganho genético esperado com a seleção (intensidade de seleção 1 em 6).

Tabela 2

Resumo das análises de variância para os clones 1 ao 6, nos diferentes espaçamentos da fazenda Bom Sucesso, e estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos para a contração radial.

Summary of variance analysis of 1-6 clones in various spacings and estimates of genetic and phenotypic parameters for radial contraction, in Bom Sucesso Farm.

Fonte de Variação	Grau de Liberdade	Quadrado Médio da Contração Radial (CR)		
		6,0 X 2,0	6,0 X 3,0	6,0 X 4,0
Blocos	2	0,69603	0,13023	2,69601
Clones	5	4,77744**	2,45979*	6,58237*
Resíduo	10	0,27057	0,64301	1,43716
Média (%)		5,83	5,02	5,10
CV _e (%)		8,93	15,99	23,50
ϕ_F		1,59248	0,81993	2,19412
σ_e^2		0,09019	0,21434	0,47905
ϕ_c		1,50229	0,60559	1,71507
h ² (%)		94,34	73,86	78,17
CV _c (%)		21,04	15,52	25,67
CV _c /CV _e		2,36	0,97	1,09
Ganho (%)		18,41	10,05	23,3

* e ** Significativo a 5 e 1 % de probabilidade, respectivamente, pelo teste F. A simbologia é a mesma descrita na Tabela 1.

pelo manejo ou delineamento apropriado do experimento. Uma forma de verificar a precisão do experimento é através do coeficiente de variação experimental. Neste estudo, verificou-se que este coeficiente variou de acordo com o caráter estudado, conforme observa-se nas Tabelas 1, 2, 3 e 4.

As contrações totais apresentaram coeficientes de variação experimental que variaram de baixo a médio, segundo a classificação de Gomes (1990). Estes coeficientes atestam a eficiência da coleta de dados, como também do delineamento

experimental utilizado. A contração radial foi a característica que apresentou maior coeficiente de variação, seguida pela contração longitudinal, volumétrica e tangencial. Observa-se, nas Tabelas 1, 2, 3 e 4, que estes coeficientes tenderam a ser maiores com o aumento do espaçamento.

As contrações tangencial, radial e volumétrica apresentaram em todos espaçamentos, variação genética entre clones significativa pelo teste F. A contração longitudinal revelou significância apenas no espaçamento 6,0 x 3,0 m.

Tabela 3

Resumo das análises de variância para os clones 1 ao 6, nos diferentes espaçamentos da fazenda Bom Sucesso, e estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos para a contração longitudinal.

Summary of variance analysis of 1-6 clones in various spacings and estimates of genetic and phenotypic parameters for longitudinal contraction, in Bom Sucesso Farm.

Fonte de Variação	Grau de Liberdade	Quadrado Médio da Contração Longitudinal (CL)		
		6,0 X 2,0	6,0 X 3,0	6,0 X 4,0
Blocos	2	0,00696	0,00011	0,00228
Clones	5	0,00502 ^{ns}	0,02702 ^{**}	0,00641 ^{ns}
Resíduo	10	0,00167	0,00171	0,00218
Média (%)		0,301	0,311	0,289
CV _e (%)		13,60	13,28	16,18
ϕ_F		0,00167	0,00901	0,00214
σ_e^2		0,00056	0,00057	0,00073
ϕ_c		0,00112	0,00844	0,00141
h ² (%)		66,73	93,67	65,99
CV _c (%)		11,12	29,49	13,01
CV _c /CV _e		0,82	2,22	0,80
Ganho (%)		10,55	23,59	12,33

^{ns} e ^{**} Não significativo e significativo a 1 % de probabilidade, respectivamente, pelo teste F. A simbologia é a mesma descrita na Tabela 1.

O conhecimento da variabilidade genética dos caracteres de interesse do melhorista é importante para obter informações sobre o ganho genético com a seleção. Este conhecimento pode ser adquirido por meio de estudos que quantificam a variância fenotípica/genotípica e herdabilidade de uma população ou que quantificam os componentes quadráticos fenotípicos/genotípicos e o coeficiente de determinação genotípico para um conjunto de genótipos de interesse específico. Nesse sentido, cabe aqui ressaltar que devido ao pequeno número de clones avaliados, os

resultados obtidos com este trabalho deverão ser analisados com ponderação para que, desta maneira, extrapolações para outras populações não provoquem maiores danos. Apesar do pequeno número de clones avaliados, este trabalho tem como princípio básico fornecer subsídios importantíssimos para futuros trabalhos baseados nas tendências aqui constatadas.

As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos foram obtidas a partir das esperanças dos quadrados médios das análises de variâncias e os resultados são apresentados nas Tabelas 1, 2, 3 e 4.

Tabela 4

Resumo das análises de variância para os clones 1 ao 6, nos diferentes espaçamentos da fazenda Bom Sucesso, e estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos para a contração volumétrica.

Summary of variance analysis of 1-6 clones in various spacings and estimates of genetic and phenotypic parameters for volumetric contraction, in Bom Sucesso Farm.

Fonte de Variação	Grau de Liberdade	Quadrado Médio da Contração Volumétrica (CV)		
		6,0 X 2,0	6,0 X 3,0	6,0 X 4,0
Blocos	2	0,00761	0,20582	0,22761
Clones	5	18,5282**	31,8795**	22,2433*
Resíduo	10	0,67904	0,35909	4,52170
Média (%)		16,15	16,64	16,09
CV _e (%)		5,10	3,60	13,22
ϕ_F		6,17607	10,63	7,42
σ_e^2		0,22635	0,11970	1,51
ϕ_c		5,94972	10,5068	5,91
h ² (%)		96,33	98,87	79,67
CV _c (%)		15,11	19,49	15,11
CV _c /CV _e		2,96	5,41	1,14
Ganho (%)		9,52	17,27	15,72

* e ** Significativo a 5 e 1 % de probabilidade, respectivamente, pelo teste F. A simbologia é a mesma descrita na Tabela 1.

A princípio, todos os parâmetros genéticos e fenotípicos foram influenciados pelo espaçamento. Porém, com exceção da variância ambiental, nenhum outro apresentou tendências com o aumento do espaçamento. A variância residual aumentou com a ampliação do espaçamento em todas as contrações. Este fato também foi constatado para o coeficiente de variação experimental das contrações tangencial e radial.

As contrações tangencial, longitudinal e volumétrica apresentaram, no espaçamento 6,0 x 3,0, maiores coeficientes de

determinação genotípico, maiores coeficientes de variação genética e maior razão entre coeficientes de variação genética e experimental e, conseqüentemente, maiores ganhos genéticos. Já a contração radial apresentou resultados diferenciados para cada componente quadrático. O maior ganho genético encontrado para a contração radial foi atingido no espaçamento 6,0 x 4,0.

Os maiores coeficientes de determinação genotípico encontrados foram 98,87; 96,27; 94,34 e 93,67 % para as contrações volumétrica, longitudinal, radial e tangencial, respectivamente. As estimativas encontradas

para estes clones mostram que estas características possuem um alto controle genético e são passíveis de melhoramento.

A relação entre o coeficiente de variação genética e experimental é, segundo Vencovsky (1978), um importante indicador das possibilidades de sucesso na obtenção de ganhos genéticos através da seleção, mostrando que a situação é favorável para a obtenção de ganhos quando os valores dessa relação tendem a ser iguais ou superiores a 1,0. Muitos autores, como Patiño-Valera (1986), Silva (1990) e Paula (1995), têm aplicado esta relação em espécies florestais para identificação das condições mais favoráveis para a seleção dentro dos experimentos. As relações aqui encontradas evidenciam que no espaçamento 6,0 x 3,0 m das contrações tangencial, longitudinal e volumétrica, o componente quadrático genotípico teve maior participação no componente quadrático fenotípico. Portanto, os maiores valores do coeficiente de determinação genotípico e dos ganhos genéticos obtidos com a seleção nesse espaçamento se devem à menor influência do ambiente sobre os clones. A contração radial apresentou maior relação no espaçamento 6,0 x 2,0 m.

Para todas características, os maiores ganhos genéticos foram obtidos onde o espaçamento apresentou maior coeficiente de variação genética. Os maiores valores foram obtidos para as contrações longitudinal, radial, tangencial e volumétrica com 23,59; 23,3; 18,35 e 17,27 %, respectivamente.

3.2. Análise de variância conjunta para os clones 1 ao 6, envolvendo os espaçamentos

Kageyama (1983) salienta que a análise de variância conjunta para espaçamento permite a estimação da variância da interação de progênies por espaçamento, a qual estaria confundida com a variância devida a tratamentos na análise separada. Se os espaçamentos abrangidos pelo ensaio representam de fato um ambiente adequado à espécie e as famílias, a variância genética devido a tratamentos, sem a devida interação com o espaçamento, seria a mais indicada para expressar de fato a quantidade de variação disponível ao melhoramento.

Após verificar que os quadrados médios residuais das análises separadas para cada espaçamento foram homogêneos, realizou-se a análise de variância conjunta, envolvendo os 3 espaçamentos, cujos resultados são apresentados na Tabela 5.

Os coeficientes de variação experimental apresentaram baixos valores para as contrações tangencial e volumétrica e valores médios para a contração radial e longitudinal.

As médias encontradas para as contrações tangencial, radial, longitudinal e volumétrica foram de 10,13; 5,31; 0,30 e 16,29 %, respectivamente.

Foram detectadas variações genéticas entre clones pelo teste F, a 1 % de probabilidade, para todas características, fato esse que garante ganhos com a seleção.

Tabela 5

Resumo das análises de variância conjunta para os clones 1 ao 6 da fazenda Bom Sucesso e estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos para as contrações: tangencial (CT), radial (CR), longitudinal (CL) e volumétrica (CV).

Summary of total variance analysis for 6 clones and genetic parameters estimation for tangential, radial, longitudinal and volumetric contraction, in Bom Sucesso Farm.

Fonte de Variação	Grau de Liberdade	Quadrados Médios			
		CT	CR	CL	CV
Blocos/Espaçamentos	6	0,44705	1,17409	0,00312	2,78356
Espaçamentos (E)	2	4,72942 *	3,56337 ^{ns}	0,00236 ^{ns}	1,62425 ^{ns}
Clones (C)	5	15,2937 **	12,1469 **	0,02885 **	67,7709 **
Clones x Espaçamentos	10	1,27379 ^{ns}	0,83637 ^{ns}	0,00480*	2,44009 ^{ns}
Resíduo	30	0,72616	0,78358	0,00186	1,85328
Média (%)		10,13	5,31	0,300	16,29
CV _e (%)		8,41	16,66	14,35	8,36
ϕ_F		1,69930	1,34965	0,00321	7,53010
ϕ_{CE}		0,182545	0,017594	0,00098	0,195606
σ_e^2		0,72616	0,78358	0,00186	1,85328
ϕ_c		1,61862	1,26259	0,00300	7,32418
h ² (%)		95,25	93,55	93,57	97,27
CV _c (%)		12,56	21,15	18,24	16,61
CV _c /CV _e		1,49	1,27	1,27	1,99
Ganho (%)		13,03	14,95	18,03	12,53

^{ns}, * e ** Não significativo e significativo a 5 e 1 % de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

CV_e : coeficiente de variação experimental, ϕ_F : componente quadrático fenotípico, ϕ_{CE} : componente quadrático da interação clone x espaçamento, σ_e^2 : variância ambiental, ϕ_c : componente quadrático genotípico, h² : coeficiente de determinação genotípico, CV_c : coeficiente de variação genética, CV_c/CV_e : índice de variação, Ganho : ganho genético esperado com a seleção (intensidade de seleção 1 em 6).

O efeito de espaçamentos foi não significativo para quase todas as contrações avaliadas. A única exceção foi a contração tangencial, conforme apresentado na Tabela 5. Apesar do espaçamento ter influenciado a contração tangencial, podemos observar, nas médias da Tabela 1, que a magnitude desta influência não proporcionará maiores problemas à madeira. Levando-se em consideração

este acontecimento, o aumento do espaçamento necessário para a obtenção de maiores diâmetros não interferirá nestas características avaliadas, o que é muito benéfico para o melhoramento florestal, pois, em termos de contração total, o aumento do espaçamento não influenciará na qualidade da madeira.

A interação clone x espaçamento foi não significativa para as contrações tangencial,

radial e volumétrica, evidenciando que não existe um comportamento diferenciado dos clones perante os 3 espaçamentos. Isto quer dizer que o clone superior em um determinado espaçamento também será em outro, facilitando a seleção e a recomendação de clones superiores. A contração longitudinal apresentou significância para a interação clone x espaçamento. Segundo Panshin e De Zeeuw (1980), a contração longitudinal ocorre no sentido das fibras e é praticamente desprezível para a maioria dos usos da madeira devido aos pequenos valores que assumem. Sendo assim, este tipo de interação não será muito importante em um programa de melhoramento florestal.

Segundo Shelbourne (1972), se a relação entre a variância da interação genótipo x ambiente e variância genotípica apresentarem valor superior a 0,5, esta interação resultará em sérias implicações sobre o potencial de ganho de seleção. Neste caso, a relação para a contração longitudinal foi de 0,33, não proporcionando maiores problemas.

Os resultados das estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, que foram obtidas a partir das esperanças dos quadrados médios da análise de variância conjunta, são apresentadas na TABELA 5.

Os altos valores dos coeficientes de determinação genotípico, encontrados em todas as características, indicam um alto controle genético na expressão dos caracteres.

As estimativas dos ganhos genéticos com a seleção para todas as características da análise de variância conjunta mostraram que estes ganhos serão maiores quando a seleção for realizada separadamente em cada

espaçamentos. Este fato revela que uma análise conjunta para os espaçamentos provocará perdas expressivas nos ganhos genéticos de todas as contrações. Apesar de menores, estes ganhos observados seguiram a mesma tendência das análises separadas, ou seja, foram maiores para a contração longitudinal, seguida pela radial, tangencial e volumétrica.

3.3. Análise de variância separada para os clones 7 ao 12, em cada espaçamento da fazenda Riacho

Os resultados das análises de variâncias, para cada espaçamento da fazenda Riacho, são apresentados nas Tabelas 6, 7, 8 e 9.

Estes clones apresentaram coeficientes de variação experimental baixos para as contrações tangencial e volumétrica e de baixo a médio para as contrações radial e longitudinal. Estes são valores que atestam a eficiência do delineamento experimental e da coleta de dados, assim como ocorreu para os clones 1 ao 6. As contrações tangencial e volumétrica revelaram tendências de diminuir o coeficiente de variação experimental com o aumento do espaçamento, ao contrário do ocorrido para os clones 1 ao 6. A contração radial manteve-se com o mesmo comportamento, ou seja, foi maior com o aumento do espaçamento. A contração longitudinal não apresentou tendências.

Outro comportamento semelhante aos clones 1 ao 6 foi quanto ao efeito de clones. As contrações tangencial, radial e volumétrica apresentaram variações genéticas entre clones em todos os espaçamentos. Já a contração longitudinal não apresentou variações no espaçamento 6,0 x 3,0 m.

Tabela 6

Resumo das análises de variância para os clones 7 ao 12, nos diferentes espaçamentos da fazenda Riacho, e estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos para a contração tangencial.

Summary of total variance analysis for clones 7-12 and genetic parameters estimation for tangential contraction in Riacho Farm.

Fonte de Variação	Grau de Liberdade	Quadrado Médio da Contração Tangencial (CT)		
		6,0 X 2,0	6,0 X 3,0	6,0 X 4,0
Blocos	2	0,22062	0,65221	1,00577
Clones	5	5,81414**	8,73284**	9,00856**
Resíduo	10	0,93715	0,51938	0,13312
Média (%)		10,63	11,11	11,07
CV _e (%)		9,11	6,49	3,30
ϕ_F		1,93805	2,91	3,00285
σ_e^2		0,31238	0,17313	0,04437
ϕ_c		1,62567	2,73782	2,95848
h ² (%)		83,88	94,05	98,52
CV _c (%)		12,00	14,89	15,54
CV _c /CV _e		1,32	2,30	4,71
Ganho (%)		10,74	19,21	16,41

** Significativo a 1 % de probabilidade pelo teste F. A simbologia é a mesma descrita na Tabela 1.

As médias de todas as contrações foram bastante semelhantes nos 3 espaçamentos, indicando, a princípio, que as contrações não foram influenciadas pelo espaçamento.

As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos foram obtidas a partir das esperanças dos quadrados médios das análises de variâncias e os resultados são apresentados nas Tabelas 6, 7, 8 e 9.

Os parâmetros genéticos e fenotípicos de todas as contrações apresentaram tendências diversas à medida que aumentou o

espaçamento. Se for considerado apenas o ganho genético, que é o objetivo principal de um programa de melhoramento florestal, pode-se constatar que as contrações tangencial, radial e volumétrica apresentaram maiores ganhos no espaçamento 6,0 x 3,0 m e a contração longitudinal no espaçamento 6,0 x 4,0 m. Os maiores ganhos destes clones foram semelhantes aos dos clones 1 ao 6, sendo de 26,98; 24,02; 19,21 e 18,73 % para as contrações radial, longitudinal, tangencial e volumétrica, respectivamente.

Tabela 7

Resumo das análises de variância para os clones 7 ao 12, nos diferentes espaçamentos da fazenda Riacho, e estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos para a contração radial.

Summary of total variance analysis for clones 7-12 and genetic parameters estimation for radial contraction, in Riacho Farm.

Fonte de Variação	Grau de Liberdade	Quadrado Médio da Contração Radial (CR)		
		6,0 X 2,0	6,0 X 3,0	6,0 X 4,0
Blocos	2	0,89454	0,42600	0,28048
Clones	5	1,19696*	3,19570**	2,07706*
Resíduo	10	0,21429	0,24308	0,37669
Média (%)		5,67	5,70	5,40
CV _e (%)		8,16	8,65	11,37
ϕ_F		0,39900	1,06523	0,69
σ_e^2		0,07143	0,08103	0,12556
ϕ_c		0,32756	0,98421	0,56679
h ² (%)		82,10	92,39	81,86
CV _c (%)		10,09	17,41	13,95
CV _c /CV _e		1,24	2,01	1,23
Ganho (%)		14,05	26,98	16,45

* e ** Significativo a 5 e 1 % de probabilidade, respectivamente, pelo teste F. A simbologia é a mesma descrita na Tabela 1.

Tabela 8

Resumo das análises de variância para os clones 7 ao 12, nos diferentes espaçamentos da fazenda Riacho, e estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos para a contração longitudinal.

Summary of total variance analysis for clones 7-12 and genetic parameters estimation for longitudinal contraction in Riacho Farm.

Fonte de Variação	Grau de Liberdade	Quadrado Médio da Contração Longitudinal (CL)		
		6,0 X 2,0	6,0 X 3,0	6,0 X 4,0
Blocos	2	0,00158	0,00090	0,000603
Clones	5	0,00263**	0,01080 ^{ns}	0,00855**
Resíduo	10	0,00043	0,00374	0,00111
Média (%)		0,317	0,356	0,344
CV _e (%)		6,54	17,18	9,70
ϕ_F		0,00088	0,00360	0,00285
σ_e^2		0,00014	0,00125	0,00037
ϕ_c		0,00073	0,00235	0,00248
h ² (%)		83,62	65,38	87,01
CV _c (%)		8,53	13,63	14,50
CV _c /CV _e		1,31	0,79	1,50
Ganho (%)		7,12	17,67	24,02

^{ns} e ** Não significativo e significativo a 1 % de probabilidade, respectivamente, pelo teste F. A simbologia é a mesma descrita na Tabela 1.

Tabela 9

Resumo das análises de variância para os clones 7 ao 12, nos diferentes espaçamentos da fazenda Riacho, e estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos para a contração volumétrica.

Summary of total variance analysis for clones 7-12 and genetic parameters estimation for volumetric contraction in Riacho Farm.

Fonte de Variação	Grau de Liberdade	Quadrado Médio da Contração Volumétrica (CV)		
		6,0 X 2,0	6,0 X 3,0	6,0 X 4,0
Blocos	2	0,48498	1,43600	0,91563
Clones	5	8,26457**	23,2244**	16,4120**
Resíduo	10	0,83752	0,33770	0,28984
Média (%)		16,80	17,30	16,61
CV _e (%)		5,45	3,36	3,24
ϕ_F		2,75486	7,74146	5,47067
σ_e^2		0,27917	0,11257	0,09661
ϕ_c		2,47568	7,62889	5,37406
h ² (%)		89,87	98,55	98,23
CV _c (%)		9,36	15,97	13,95
CV _c /CV _e		1,72	4,75	4,31
Ganho (%)		9,02	18,73	16,71

** Significativo a 1 % de probabilidade, pelo teste F. A simbologia é a mesma descrita na Tabela 1.

3.4. Análise de variância conjunta para os clones 7 ao 12, envolvendo os espaçamentos

Levando em consideração que os quadrados médios residuais das análises de variâncias separadas para cada espaçamento foram homogêneos, realizou-se a análise de variância conjunta, incluindo todos os espaçamentos. Os resultados desta análise podem ser observados na Tabela 10.

Os coeficientes de variação experimental apresentaram valores baixos para as contrações tangencial, radial e volumétrica e médio para a contração longitudinal.

Foram detectadas diferenças significativas entre clones, pelo teste F, a 1% de probabilidade para todas características. A existência de variação significativa entre clones indica que há possibilidade de melhoramento desses caracteres e obtenção de ganhos genéticos com a seleção.

O efeito de espaçamentos foi não significativo para as contrações tangencial, radial e volumétrica, já para a contração longitudinal este efeito foi significativo. Este fato reforça ainda mais que estas características sofreram pouca influência do ambiente.

Tabela 10

Resumo das análises de variância conjunta dos clones 7 ao 12 da fazenda Riacho e estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos para as contrações: tangencial (CT), radial (CR), longitudinal (CL) e volumétrica (CV).

Summary of total variance analysis for clones 7-12 and genetic parameters estimation for for tangential, radial, longitudinal and volumetric contraction in Riacho Farm.

Fonte de Variação	Grau de Liberdade	Quadrados Médios			
		CT	CR	CL	CV
Blocos/Espaçamentos	6	0,62620	0,53367	0,00103	0,94552
Espaçamentos (E)	2	1,30926 ^{ns}	0,50295 ^{ns}	0,00697 ^{**}	2,27037 ^{ns}
Clones (C)	5	20,5972 ^{**}	5,60428 ^{**}	0,01297 ^{**}	44,9558 ^{**}
Clones x Espaçamentos	10	1,47920*	0,43273 ^{ns}	0,00450*	1,47258 ^{**}
Resíduo	30	0,52988	0,27802	0,00176	0,48835
Média (%)		10,94	5,59	0,339	16,91
CV _e (%)		6,66	9,43	12,38	4,13
ϕ_F		2,28857	0,62270	0,00144	4,99509
ϕ_{CE}		0,316439	0,051567	0,000914	0,328077
σ_e^2		0,52988	0,27802	0,00176	0,48835
ϕ_c		2,22970	0,59181	0,00125	4,94083
h ² (%)		97,43	95,04	86,43	98,91
CV _c (%)		13,65	13,76	10,42	13,15
CV _c /CV _e		2,05	1,46	0,84	3,18
Ganho (%)		16,26	21,08	18,54	15,22

^{ns}, * e ** Não significativo e significativo a 5 e 1 % de probabilidade, respectivamente, pelo teste F. A simbologia é a mesma descrita na Tabela 5.

A interação clone x espaçamento foi significativa para as contrações tangenciais, longitudinais e volumétricas, indicando um comportamento diferenciado dos clones diante os espaçamentos. A razão entre o componente quadrático da interação clone x espaçamento e o componente quadrático genotípico foi 0,142; 0,731 e 0,066 para as contrações tangencial, longitudinal e volumétrica, respectivamente. Segundo a regra de Shelbourne (1972), apenas a contração longitudinal poderá trazer problemas ao ganho genético.

Segundo Cruz e Regazzi (1994), a existência da interação está associada a dois fatores. O primeiro, denominado simples, é proporcionado pela diferença de variabilidade entre genótipos nos ambientes, e o segundo, denominado complexo, é dado pela falta de correlação entre genótipos. Apenas quando atribuída a esta última causa é que a interação proporcionará dificuldades no melhoramento. A interação complexa indica a inconsistência da superioridade de genótipos com a variação ambiental, tornando mais difícil a seleção e/ou a recomendação dos mesmos. Diante deste

fato, se a interação for significativa, o melhorista precisa adotar critérios para a interpretação dos dados, pois é especialmente importante saber se a interação resultou da alteração na ordem de méritos dos genótipos de um ambiente para outro ou se houve uma simples alteração na magnitude das diferenças entre os genótipos. Assim, a decomposição do quadrado médio da interação foi realizada através do método proposto por Cruz e Castoldi (1991). Verificou-se que a interação clone x espaçamento para a contração volumétrica foi predominantemente de natureza simples, porque a parte complexa foi responsável no máximo por 10,32 % desta interação (Tabela 11). A contração longitudinal apresentou partes complexas expressivas para todos

pares de espaçamentos, chegando a ser responsável, no mínimo, por 59,21 % da interação clone x espaçamento. A contração tangencial revelou apenas um par de espaçamentos com parte complexa expressiva. Este par foi o 6x2/6x3 com 55,79 % da interação. Dentro destas contrações, a que trará maiores problemas à seleção entre os clones considerados é a longitudinal. Diante destas interações, foi aplicado o teste de Tukey ($P < 0.05$) em cada espaçamento para as 3 contrações, conforme Figura 1.

Apesar do pequeno número de clones, os altos valores de coeficiente de determinação genotípico encontrados em todas as características, assim como ocorreu para os clones 1 ao 6, sugerem que as contrações totais apresentam um alto controle genético.

Tabela 11

Estimativa dos componentes quadráticos das análises conjuntas dos espaçamentos dois a dois e decomposição do componente quadrático da interação clone x espaçamento em partes simples e complexas.

Quadratic component estimate of 2 x 2 specing decomposition of the quadratic component interaction of clones specing in simple and complex parts.

Contração Longitudinal						
Espaçamento	ϕ_c	ϕ_{CE}	$(\phi_{CE}/\phi_c) \times 100$	Simples	Complexa (C)	$(C/\phi_{CE}) \times 100$
6x2/6x3	0,001062	0,000966	90,96	0,000394	0,000572	59,21
6x2/6x4	0,000907	0,000800	88,20	0,000183	0,000617	77,13
6x3/6x4	0,002226	0,000381	17,11	0,000154	0,000227	59,58
Contração Tangencial						
6x2/6x3	1,863633	0,636223	34,14	0,281274	0,354949	55,79
6x2/6x4	2,232235	0,119683	5,36	0,089284	0,030399	25,40
6x3/6x4	2,751447	0,193411	7,03	0,131693	0,061718	31,91
Contração Volumétrica						
6x2/6x3	4,717290	0,670001	14,20	0,628796	0,041205	6,15
6x2/6x4	3,850367	0,149009	3,87	0,141231	0,007778	5,22
6x3/6x4	6,418865	0,165224	2,57	0,148173	0,017051	10,32

ϕ_c : componente quadrático genotípico, ϕ_{CE} : componente quadrático da interação clone x espaçamento.

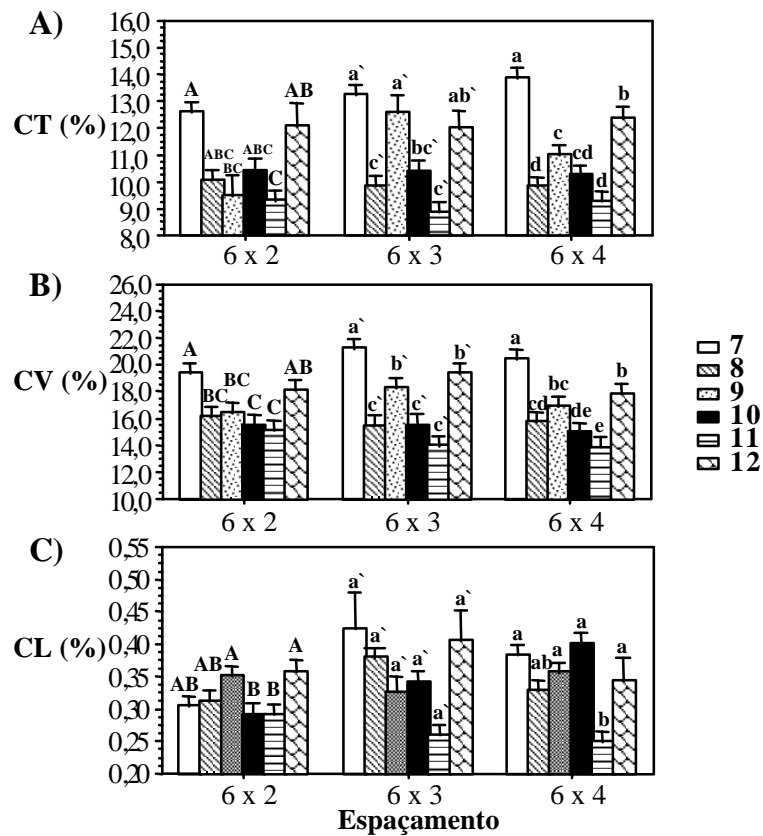


Figura 1
Efeito da interação clones x espaçamento para as contrações A) Tangencial (CT); B) Volumétrica (CV) e C) Longitudinal (CL). Dentro de cada espaçamento, clones seguidos pelas mesmas letras não diferem entre si pelo teste de Tukey ($P < 0,05$).

Clones x spacing interaction effect for tangential, volumetric and longitudinal contractions. Clones with the same letter do not differ according to Tukey test ($P < 0,05$).

As estimativas de ganhos genéticos com a seleção para todas as características da análise de variância conjunta mostraram que estes ganhos serão maiores quando a seleção for realizada separadamente em cada espaçamentos.

4. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos no presente trabalho mostraram que aos 74 meses de idade, os dois grupos de clones híbridos naturais do gênero *Eucalyptus* apresentaram

comportamentos distintos quanto às mudanças dos espaçamentos e também quanto aos valores estimados dos parâmetros genéticos e fenotípicos. Desta forma, as conclusões por grupo de clones são:

Grupo de clones 1 ao 6

O espaçamento influenciou apenas a contração tangencial.

A contração longitudinal foi a única contração que apresentou interação clone x espaçamento significativa.

Verificaram-se variações significativas entre clones em todas as contrações totais estudadas.

Os valores dos coeficientes de determinação genotípico para as contrações tangencial, radial, longitudinal e volumétrica foram de 95,3; 93,6; 93,6 e 97,3 %, respectivamente. Estes valores sugerem um alto controle genético na expressão destas características.

Os ganhos genéticos previstos na seleção (1 em 6) para as contrações tangencial, radial, longitudinal e volumétrica foram altos e da ordem de 13,0; 15,0; 18,0 e 12,5 %, respectivamente.

Grupo de clones 7 ao 12

O espaçamento influenciou apenas a contração longitudinal.

Houve interação clone x espaçamento para as contrações tangencial, longitudinal e volumétrica. Entretanto, a decomposição das interações mostrou que a contração volumétrica apresentou interação predominantemente do tipo simples e a contração longitudinal apresentou interação do tipo complexa. A contração tangencial revelou apenas um par de espaçamentos (6,0

x 2,0/6,0 x 3,0) com parte complexa expressiva.

Verificaram-se variações significativas entre clones em todas as contrações totais estudadas.

Os valores dos coeficientes de determinação genotípico para as contrações tangencial, radial, longitudinal e volumétrica foram de 97,4; 95,0; 86,4 e 98,9 %, respectivamente. Estes valores sugerem um alto controle genético na expressão destas características.

Os ganhos genéticos previstos na seleção (1 em 6) para as contrações tangencial, radial, longitudinal e volumétrica foram altos e da ordem de 16,3; 21,1; 18,5 e 15,2 %, respectivamente.

5. AGRADECIMENTO

À Companhia Mineira de Metais (CMM-AGRO) pelo apoio e dados gentilmente cedidos para a realização deste trabalho.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ANTUNES, F. Z. Caracterização climática do Estado de Minas Gerais: climatologia agrícola. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v.12, n. 138, p.9-13, jun. 1986.
- CRUZ, C. D. **Programa genes** : aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 1997. 442p.
- CRUZ, C. D.; CASTOLDI, F. L. Decomposição da interação genótipo x ambiente em partes simples e complexa. **Revista Ceres**, Viçosa, v.38, n.219, p.422-430, set/out. 1991.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1994. 390p.

- FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de SILVA, M. A.; SILVA, J. C. Viçosa: UFV, 1987. 279p. Tradução de: Introduction to quantitative genetics.
- GALVÃO, A. P. M.; JANKOWSKY, I. P. **Secagem racional da madeira**. São Paulo: Nobel, 1985. 111p.
- GOMES, F. P. **Curso de estatística experimental**. 13.ed. Piracicaba: USP, 1990. 466p.
- KAGEYAMA, P. Y. **Seleção precoce a diferentes idades em progênies de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden**. Piracicaba: ESALQ, 1983. 147p. (Tese Livre Docência).
- PANSHIN, A. J.; DE ZEEUW, C. **Textbook of wood technology**. 4.ed. New York: Mac Graw-Hill, 1980. 722p.
- PATÍÑO-VALERA, F. **Variação genética em progênies de *Eucalyptus saligna* SMITH e sua interação com o espaçamento**. Piracicaba: ESALQ, 1986. 211p. (Dissertação - Mestrado em Engenharia Florestal).
- PAULA, C. de. **Variabilidade genética para densidade básica da madeira e para características de crescimento e de eficiência nutricional em famílias de meio-irmãos de *Eucalyptus camaldulensis***. Viçosa: UFV, 1995. 126p. (Tese - Mestrado em Ciência Florestal).
- SHELBOURNE, C. J. A. Genotype environment interaction: its study and its implications in forest tree improvement. In: **IUFRO GENETICS SABRAO JOINT SYMPOSIA**. Tokyo, 1972. 28p.
- SILVA, J. F. da. **Variabilidade genética em progênies de *Eucalyptus camaldulensis* DEHNH. e sua interação com espaçamentos**. Viçosa: UFV, 1990. 110p. (Tese - Mestrado em Ciência Florestal).
- STAMM, A. J. **Wood and cellulose science**. New York: The Ronald Press, 1964. 269p.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, E.P. (ed.) **Melhoramento de milho no Brasil**. Piracicaba: Fundação Cargill, 1978. p.122-199.