



AMANDA ROBERTA VERGANI

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR AMBIENTES E
ESTRATIFICAÇÃO DE REGIÕES PARA AVALIAÇÃO DE
CLONES DE EUCALIPTO**

LAVRAS - MG

2021

AMANDA ROBERTA VERGANI

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR AMBIENTES E ESTRATIFICAÇÃO DE REGIÕES
PARA AVALIAÇÃO DE CLONES DE EUCALIPTO**

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

Prof. Dr. Evandro Novaes

Orientador

Dr. Odair Bison

Coorientador

Lavras – MG

2021

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

Vergani, Amanda Roberta.

Interação Genótipos por Ambientes e Estratificação de Regiões
para Avaliação de Clones de Eucalipto / Amanda Roberta Vergani. -
2021.

42 p.

Orientador(a): Evandro Novaes.

Coorientador(a): Odair Bison.

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

Bibliografia.

1. Teste clonal. 2. Interação G x A. 3. Componentes de
variância. I. Novaes, Evandro. II. Bison, Odair. III. Título.

AMANDA ROBERTA VERGANI

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR AMBIENTES E ESTRATIFICAÇÃO DE REGIÕES
PARA AVALIAÇÃO DE CLONES DE EUCALIPTO
GENOTYPE X ENVIRONMENT INTERACTION AND REGIONAL
STRATIFICATION FOR EVALUATION OF EUCALYPTUS CLONES**

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

APROVADA em 26 de Agosto de 2021.

Dr. Evandro Vagner Tambarussi

Dr. Vinicius Quintão Carneiro

Prof. Dr. Evandro Novaes

Orientador

Dr. Odair Bison

Coorientador

Lavras – MG

2021

“De todos os meios que conduzem à sorte, os mais seguros são a perseverança e o trabalho”

(Louis Reybaud)

Aos meus pais e minhas irmãs, que sempre foram minha base e minha maior motivação.

Dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus, que foi quem permitiu que essa conquista fosse possível;

À minha família pelo apoio e compreensão durante os estudos e por me ensinarem desde sempre a dar valor à educação;

Ao meu namorado, Gabriel Nunes Pettenazzi, pelo companheirismo, atenção e carinho.

À minha grande amiga Gabriela Brigatti Chaves por ser minha parceira nas viagens, nos estudos e nas conversas leves e produtivas que me ensinaram muito;

À Dexco, pela oportunidade de realizar esse trabalho, em especial a meu colega Odair Bison, pelo incentivo, pela paciência e por todos os ensinamentos passados ao longo de todo esse processo;

À Universidade Federal de Lavras (UFLA) pela oportunidade de realizar esse curso;

Aos professores do Mestrado Profissional em Genética e Melhoramento de Plantas da UFLA pelos conhecimentos transmitidos durante o curso;

Ao meu orientador Evandro Novaes pelo apoio com as análises, sugestões e orientação para o desenvolvimento desse trabalho;

Aos meus colegas de turma, que muito contribuíram com meus conhecimentos, por meio do compartilhamento de suas vivências com o melhoramento de diversas culturas agrícolas.

MUITO OBRIGADA!

RESUMO

A interação de genótipos com ambientes pode alterar a classificação dos clones em locais diferentes, dificultando a seleção e a recomendação de cultivares. Sendo assim, é importante estratificar os ambientes para direcionar a experimentação e a recomendação de clones. O objetivo do trabalho foi avaliar a atual estratificação dos ambientes utilizada pela Dexco, visando a possibilidade de redução do número de ambientes necessários para uma adequada avaliação de clones gerados no programa de melhoramento de *Eucalyptus* da empresa. Foram analisados dados de 73 testes clonais do programa de melhoramento da Dexco. Esses experimentos continham um total de 1433 clones e estavam localizados em 26 fazendas, em 15 municípios, nos Estados de São Paulo e Minas Gerais, distribuídos em 10 regiões. Os experimentos foram instalados entre os anos de 2000 e 2016, no delineamento de blocos completos casualizados, com seis repetições e dois tipos de parcelas, sendo estas lineares de cinco plantas, ou quadradas de cinco linhas por cinco plantas, onde foram mensuradas as nove plantas centrais. A idade de avaliação variou de 2,8 a 6,1 anos, quando foram medidos o DAP (diâmetro à altura do peito) e a altura das árvores. O volume por árvore foi posteriormente calculado e dividido pela idade de avaliação, para possibilitar a comparação por meio de análise conjunta. As estimativas dos componentes de variância e as predições dos valores genotípicos foram realizadas pelo procedimento REML/BLUP, com o uso do software livre R. A estratificação dos ambientes foi realizada por meio da correlação de Spearman, dendrograma a partir da análise de agrupamento via UPGMA e análise de componentes principais. Houve semelhança no ranqueamento dos clones para seis regiões e para outras duas entre si, podendo haver a formação de dois grupos de ambientes, o que poderá levar a uma redução de 10 para quatro regiões para recomendação de clones e redução do número de regiões para avaliação dos clones no programa de melhoramento da empresa.

Palavras-chave: Teste clonal. Interação G x A. Componentes de variância.

ABSTRACT

The genotype x environment interaction can change the classification of genotypes in different locations, bringing difficulties to breeding programs and cultivar recommendation. Therefore, it is necessary to group the environments to rationalize the experimentation for clonal recommendation. The objective of this study was to stratify the environments of Dexco company, to group environments with similar genotypic responses, allowing a reduction of environments for experimentation in the *Eucalyptus* breeding program. Data from 73 clonal tests of Dexco breeding program were analyzed. These experiments contained a total of 1433 clones and were planted in 26 farms, in 15 different cities, in the States of São Paulo and Minas Gerais, distributed in 10 regions. The experiments were planted between 2000 and 2016, in a complete randomized block design, with six replicates and two types of plots, which were lines with five plants, or square with five rows by five plants, where only the nine central plants were measured. The evaluation age ranged from 2.8 to 6.1 years, when DBH (diameter at breast height) and tree height were measured. The volume per tree was subsequently calculated and divided by the age of measurement, to allow the comparison of all experiments through joint analysis. The genetic parameters and the predictions of genotypic values were obtained by the REML / BLUP procedure, using the R software. Stratification of the environments was performed using Spearman's correlation, dendrogram via cluster analysis with UPGMA and principal component analysis. There was similarity in the results for the ranking of clones for six regions and for two others, forming, therefore, two groups of environments. This could lead to a reduction from 10 to four environments for recommendation of clones and consequently a reduction of the number of regions to evaluate genotypes in the company's breeding program.

Keywords: Clonal tests. G x E interaction. Variance components.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Localização das regiões que compõem a rede experimental analisada, nos Estados de São Paulo e Minas Gerais	20
Figura 2 - Distribuição de pluviosidade ao longo do ano para os municípios dos Estados de São Paulo e Minas Gerais, onde os experimentos foram instalados.	23
Figura 3 - Matriz de coincidência de clones entre os pares de regiões avaliadas.....	25
Figura 4 - Matriz de correlação de Spearman com histogramas e gráficos de dispersão do valor genotípico (BLUP) dos clones entre as regiões, par-a-par.....	32
Figura 5 - Dendrograma baseado no complemento da correlação de Spearman como medida de distância entre as regiões.....	33
Figura 6 - Gráfico de componentes principais com base no complemento da matriz de correlação de Spearman da produtividade corrigida (BLUP) dos clones nas diferentes regiões.	35
Figura 7 - Valores genotípicos (BLUPs) da produtividade (IMA) dos clones mais comuns nas dez diferentes regiões.....	36

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Ano de plantio, espaçamento, localização, altitude, ordem do solo, pluviosidade média, temperatura máxima média anual e temperatura mínima média anual dos 73 experimentos (continua).....	21
Tabela 1 - Ano de plantio, espaçamento, localização, altitude, ordem do solo, pluviosidade média, temperatura máxima média anual e temperatura mínima média anual dos 73 experimentos (conclusão).	22
Tabela 2 - Parâmetros genéticos e ambientais relacionados ao Incremento Médio Anual (IMA, em $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$), obtidos por meio de análise dentro de cada região, para os 73 experimentos, agrupados em 10 regiões.	28
Tabela 3 - Parâmetros genéticos e ambientais relacionados ao Incremento Médio Anual (IMA, em $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$), obtidos por meio de análise conjunta das 10 regiões.	30

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	12
2. REFERENCIAL TEÓRICO	13
2.1 A cultura do eucalipto.....	13
2.2 O melhoramento do eucalipto.....	13
2.3 Interação genótipos x ambientes.....	15
3. MATERIAL E MÉTODOS	20
3.1 Ambientes avaliados	20
3.2 Delineamento experimental	24
3.3 Coleta de dados	24
3.4 Análises realizadas.....	25
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	28
5. CONCLUSÕES	37
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	38

1. INTRODUÇÃO

O *Eucalyptus* é um gênero originário da Austrália, que possui centenas de espécies em seu local de origem. Muitas dessas espécies apresentam boa adaptação às diferentes condições ambientais do Brasil e devido às características de sua madeira, podem ser usadas para diversos fins. Atualmente, esse é o gênero de maior importância para a produção florestal brasileira, bem como em outros países tropicais ao redor do mundo (CASTRO et al., 2016).

Devido à grande importância comercial do eucalipto, ao longo dos anos o interesse e os investimentos no melhoramento genético desse gênero se intensificaram, permitindo o desenvolvimento de técnicas de avaliação e seleção de clones com boa produtividade. Esses avanços levaram o Brasil a patamares de produtividade florestal que figuram entre os maiores do mundo (SOUZA et al., 2017).

As empresas florestais, no geral, apresentam extensas áreas de plantio, que conseqüentemente possuem condições ambientais diversificadas, o que leva a respostas diferenciadas e desempenhos inconsistentes dos materiais genéticos. Esse fato se dá devido à interação genótipos x ambientes, que exerce grande influência na expressão fenotípica dos caracteres avaliados, o que pode levar a mudanças no ranqueamento dos clones em diferentes locais (BINKLEY et al., 2017).

Para que seja possível o entendimento dessa interação é importante o estudo de sua magnitude e natureza, possibilitando maior confiabilidade na recomendação de clones para um local ou um grupo de locais semelhantes. Para otimizar a experimentação quando a interação é significativa, é fundamental a estratificação dos ambientes para testes e recomendação dos materiais genéticos.

A estratificação de ambientes utilizando-se dados experimentais se apoia na avaliação da interação genótipos x ambientes, por meio do agrupamento de locais que apresentam maior correlação genética e, portanto, menor interação. Essa estratificação permite o agrupamento de ambientes que apresentam respostas semelhantes no ranqueamento dos genótipos, possibilitando um melhor planejamento para alocação dos experimentos, de forma a se abranger as variações existentes nos ambientes da empresa. Com a avaliação dos clones em ambientes que apresentam respostas distintas, a recomendação dos materiais a serem utilizados em plantios comerciais é realizada com mais segurança e pode ser feita de forma a direcionar clones com bom desempenho em locais específicos, sendo otimizada a produtividade dos plantios florestais.

Com a existência de uma rede experimental de qualidade, com dados de avaliação de clones em diversos ambientes, é possível estudar o comportamento dos genótipos em uma ampla faixa de condições ambientais, permitindo identificar os materiais genéticos mais promissores para as diversas condições avaliadas.

Devido ao grande número de ambientes e a dificuldade de se testar todos os genótipos em cada um deles, é comum um desbalanceamento genético entre eles, além da perda de parcelas. Esses fatores dificultam a análise da interação de genótipos x ambientes. Nesses casos, o procedimento mais recomendado para predição de valores genéticos é o BLUP (*Best linear unbiased prediction*). Esse procedimento, associado à metodologia REML (*Maximum Restricted Likelihood*) para estimativa dos componentes da variância fenotípica, apresenta alta acurácia para estimação dos valores genéticos (LEITE, 2011).

Um modelo que considere todos os ambientes de forma simultânea na análise é o mais adequado, para a seleção dos genótipos. Com essa análise uma maneira simples de recomendar cultivares se dá pela produtividade média nos diversos ambientes. Entretanto, uma metodologia mais completa pode permitir inferências adicionais, como a seleção de genótipos específicos para cada local, seleção de genótipos estáveis entre os locais, seleção de genótipos responsivos à melhoria do ambiente e seleção para vários atributos simultaneamente (ROSADO et al., 2012).

Diante disso, esse trabalho teve como objetivo avaliar a atual estratificação dos ambientes utilizada pela Dexco, visando a possibilidade de redução do número de ambientes necessários para uma adequada avaliação dos genótipos do programa de melhoramento da empresa, buscando redução de tempo e custos com a experimentação e uma adequada eficiência de seleção genotípica.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 A cultura do eucalipto

As florestas plantadas no Brasil fornecem diversos produtos aos mercados interno e externo, como celulose, papel, painéis de madeira, madeira sólida, carvão vegetal e biomassa para geração de energia. Apesar de ocupar cerca de 1% do território nacional, totalizando 9 milhões de hectares de plantios, o setor florestal contribui com 1,2% do PIB Nacional e gera cerca de 1,3 milhões de empregos diretos. Além disso, o setor de florestas plantadas contribui com a construção de uma economia mais verde, por meio da conservação de outros 5,9 milhões de hectares (IBÁ, 2020).

O gênero *Eucalyptus*, que representa 77% do total de florestas plantadas no país (IBÁ, 2020), tem origem na Austrália e possui centenas de espécies. A introdução do *Eucalyptus* no Brasil ocorreu por volta do ano de 1904, com o plantio de diversas espécies e procedências na região de Jundiaí - SP. O objetivo desses plantios era suprir a demanda de madeira para uso em ferrovias (CASTRO et al., 2016).

Em 1941, Edmundo Navarro de Andrade convidou Carlos Arnaldo Krug, do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), para iniciar um programa de melhoramento no Brasil. Com esse objetivo, foram iniciados testes de procedências para encontrar genótipos com possibilidade de serem plantados nas condições brasileiras. Com a implementação da lei de incentivos fiscais para o reflorestamento, houve uma aceleração desse trabalho, com a seleção de árvores superiores e o início de publicações científicas (CASTRO et al., 2016).

Atualmente, com o aprimoramento das práticas de melhoramento genético, o desenvolvimento de novas tecnologias na silvicultura e o clima favorável à eucaliptocultura, o Brasil tem apresentado as maiores produtividades florestais do mundo para este gênero. As florestas de eucalipto possuem produtividade média de 35,3 m³.ha⁻¹.ano⁻¹(IBÁ, 2020), com potencial para atingirem patamares ainda mais elevados.

2.2 O melhoramento do eucalipto

O aumento na área plantada de eucalipto, a partir dos anos de 1960, gerou a necessidade do desenvolvimento de tecnologias mais modernas para seu cultivo. Nesse contexto, iniciaram-se diversos programas de melhoramento genético do eucalipto no Brasil. Na década de 70, o

melhoramento florestal brasileiro experimentou um grande salto de ganho genético, com o domínio da técnica de clonagem por estaquia nesse gênero (ASSIS; ABAD; AGUIAR, 2015).

O primeiro programa de melhoramento genético de eucalipto no Brasil surgiu da necessidade de se aumentar a produtividade das florestas implantadas pela Companhia Paulista de Estradas de Ferro, por intermédio de Edmundo Navarro de Andrade. A demanda pelo desenvolvimento da área de melhoramento genético continuou alta, com o aumento das áreas de plantio de eucalipto e o surgimento de doenças tais como o cancro, causado por *Cryphonectria cubensis* (Bruner) Hodges. Para controle dessa doença, por exemplo, foram realizados os primeiros cruzamentos interespecíficos, com o objetivo de incorporar a maior resistência e rusticidade do *E. urophylla* no *E. grandis*, que era a espécie mais utilizada e de maior crescimento. A necessidade de propagação das árvores híbridas interespecíficas, que são geradas por polinização controlada e que requer bastante mão-de-obra, fez surgir a silvicultura intensiva clonal (OLIVEIRA, 2018).

Os programas de melhoramento genético do eucalipto no Brasil iniciaram-se com a utilização da Seleção Recorrente Intrapopulacional (SRI), nas áreas de produção de sementes ou pomares clonais de sementes (ASSIS; ABAD; AGUIAR, 2015). Após a chegada de doenças como o cancro, a constatação da manifestação da heterose para crescimento e da possibilidade de utilização da clonagem, passou-se a utilizar a técnica de hibridação associada à clonagem para fixação dos ganhos obtidos (ASSIS; ABAD; AGUIAR, 2015). A propagação clonal permite a exploração das variâncias aditivas e não aditivas de um material superior selecionado, levando a plantios uniformes e produtivos (MARCO DE LIMA et al., 2019).

Atualmente, os métodos mais comuns de melhoramento do eucalipto são compostos por programas de Seleção Recorrente Recíproca (SRR) entre populações divergentes e de Seleção Recorrente Intrapopulacional em População Sintética (SRIPS), obtida pelo cruzamento dos clones elite, sendo incorporados os novos clones selecionados a cada geração (ASSIS; ABAD; AGUIAR, 2015).

A SRR foi estabelecida para a utilização no melhoramento do híbrido interpopulacional, para aproveitamento das capacidades de combinação geral e específica. Com esse método, são avaliados os genótipos de duas populações em cruzamentos recíprocos e, posteriormente, recombinados os que apresentarem melhor capacidade de combinação de cada uma das populações (RESENDE; HIGA, 1990). A utilização da SRR é recomendada em programas de melhoramento de eucalipto, pois os caracteres de crescimento, responsáveis pelo volume de madeira, possuem efeito de dominância e, portanto, exibem heterose quando materiais

divergentes são cruzados. Os caracteres de qualidade da madeira, como densidade básica, rendimento de celulose e os de tolerância à seca e resistência às doenças apresentam herança aditiva e devem estar contemplados nas populações base para a SRR (RESENDE; ASSIS, 2008).

A estratégia da SRIPS é a obtenção de progênies de híbridos multiespécies, por meio do cruzamento dos clones comerciais com outros clones, visando a sintetização das características de interesse em um único material. Nos testes de progênies são selecionados novos clones, que serão posteriormente avaliados em uma ou duas fases de testes clonais, antes de serem recomendados para plantio comercial. No ciclo seguinte, os melhores clones comerciais serão intercruzados com clones de outros programas e outras gerações, visando a combinação das características de interesse em um único híbrido, para plantio comercial. Dessa forma, a cada ciclo de seleção recorrente a população é melhorada, com o objetivo de gerar ganhos de forma contínua (OLIVEIRA, 2018).

Atualmente, os principais desafios nos programas de melhoramento estão relacionados ao aumento da produtividade, a adaptação aos estresses bióticos e abióticos e a melhoria da qualidade da madeira para os diversos produtos florestais (ASSIS; ABAD; AGUIAR, 2015). Como o gênero *Eucalyptus* possui grande quantidade de espécies, há uma grande variabilidade intra e interespecífica para a resistência a doenças. Com isso, é possível a seleção de materiais resistentes em populações de espécies puras e o desenvolvimento de híbridos interespecíficos com essas características (ASSIS; ABAD; AGUIAR, 2015).

Além do melhoramento convencional, estão sendo estabelecidas diferentes combinações de ferramentas para o aumento da frequência de alelos favoráveis, como por exemplo, o uso de marcadores moleculares, que tem auxiliado no entendimento do comportamento dos genótipos, permitindo previsões genótípicas com alta confiabilidade em cada ciclo de seleção, reduzindo o tempo gasto nos programas de melhoramento (CASTRO et al., 2016).

2.3 Interação genótipos x ambientes

Nos programas de melhoramento genético, após a seleção das árvores superiores, essas são clonadas e multiplicadas, mais comumente com o uso da técnica de miniestaquia. Os clones já multiplicados são avaliados em vários ambientes, antes da seleção final e multiplicação para exploração comercial. Como os ambientes de avaliação são diversificados, espera-se que ocorra

variação ambiental e interação entre clones e ambientes, e que essa interação tenha um papel importante no fenótipo avaliado (NUNES et al., 2002).

A interação genótipos x ambientes é caracterizada quando o comportamento das raças, linhagens ou cultivares não é consistente nos diferentes ambientes, sendo a resposta de cada genótipo específica e diferente de outros genótipos frente às alterações do ambiente. (RAMALHO et al., 2012). Essa resposta diferenciada entre os locais está relacionada à interação dos genótipos com os fatores bióticos e abióticos do ambiente onde ele foi plantado, sendo esses estímulos ambientais controláveis ou não, além da ocorrência de pragas e doenças, que podem influenciar no desempenho dos materiais (NUNES et al., 2016). As causas da interação têm sido atribuídas a fatores fisiológicos e bioquímicos que ocorrem em cada genótipo, desencadeadas em função das variações ambientais (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

Essa interação é composta em fontes de variação de duas naturezas, sendo a primeira denominada de parte simples, que é devido às magnitudes das diferenças de variabilidade entre genótipos e a segunda é denominada de parte complexa, que causa alterações no ranqueamento dos clones em diferentes ambientes (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004). A quantificação dos fatores que compõem essa interação é muito importante, pois permite conhecer o grau de dificuldade no momento da seleção ou recomendação de cultivares. Quando há predominância da parte simples, a seleção é facilitada, pois a classificação genotípica dos materiais não é alterada, podendo a seleção ser realizada na média dos ambientes. Quando a parte complexa é mais expressiva, a decisão é dificultada, pois nesse caso é fundamental a recomendação de genótipos bem adaptados a locais específicos (NUNES et al., 2002).

A interação de genótipos x ambientes pode ser explorada nos programas de melhoramento, sendo recomendados os materiais mais adaptados para cada local específico, o que poderia levar a um aumento de produtividade florestal (NUNES et al., 2002). Se a interação for predominantemente complexa, a estratificação dos ambientes é necessária para a seleção e é realizada por meio da divisão dos ambientes em regiões, de forma a se obter maiores ganhos com a seleção (DVORAK et al., 2008).

Para a exploração da interação entre genótipos e ambientes, Resende e Barbosa (2005) recomendam a estratificação dos locais de plantio, definindo “zonas de melhoramento”. Dentro dessas zonas, a interação será desprezível e entre elas, significativa. Com isso, para cada região estratificada (zona), o melhorista deverá conduzir um programa de melhoramento específico, sendo necessário o estabelecimento de testes clonais em cada uma dessas zonas para seleção de

clones específicos para os plantios comerciais. O estabelecimento dessas unidades de produção, aliados às análises de adaptabilidade e estabilidade são fatores cruciais para o sucesso de um programa de melhoramento florestal, permitindo um estudo detalhado do comportamento dos genótipos nos diferentes ambientes avaliados (NUNES et al., 2016).

Baixos valores de correlação entre os ambientes indicam a presença de interação genótipos x ambientes do tipo complexa, o que demandaria nesse caso a estratificação dos ambientes avaliados, com possibilidade de recomendação de clones específicos para os diferentes ambientes, com objetivo de maximizar os ganhos genéticos esperados (SANTOS et al., 2015). A ocorrência de baixos valores de correlação evidencia a necessidade de avaliação dos genótipos em vários ambientes, para que se tenha maior segurança na recomendação dos materiais mais adequados (SILVA et al., 2011).

Quando a correlação genética entre dois ambientes for igual ou superior a 0,70, a experimentação em cada local separadamente traz ganhos em eficiência inferiores a 10%. Quando se possui três ou mais locais, a utilização de três ao invés de dois é recomendada apenas quando a correlação for inferior a 0,50 (estimada entre três ou mais locais), e o uso de quatro locais ou mais traz vantagens quando a correlação for menor que 0,30 (RESENDE; BARBOSA, 2005).

Baixos valores de correlação entre locais foram encontrados por Santos et al. (2015), Oliveira (2018) e Castro et al. (2018), em pesquisas realizadas com eucalipto. Portanto, nesses trabalhos houve a possibilidade de ganhos com estudos da interação genótipos x ambientes e da criação de “zonas de melhoramento” para recomendação específica de clones mais adaptados a cada local, otimizando os ganhos genéticos.

Estudos realizados com outras culturas, como feijão-caupi (TORRES et al., 2015), meloeiro (SILVA et al., 2011) e cana-de-açúcar (LEITE, 2011), também mostraram grande influência da interação genótipos x ambientes no desempenho dos genótipos, com predominância da interação do tipo complexa, com relação à simples. Esse mesmo resultado foi encontrado para análises de dados da cultura do eucalipto realizados por Nunes et al. (2002) e Oliveira (2018).

Na área florestal, devido ao ciclo longo da cultura e às extensas e heterogêneas áreas abrangidas pelos plantios, deve-se adotar uma estratégia de melhoramento embasada na experimentação para estimativa da magnitude das interações de genótipos com ambientes. Isso é importante em função da grande responsabilidade de se selecionar cultivares em extensas

áreas de plantio e devido ao alto custo relacionado ao desenvolvimento de novas cultivares em espécies perenes.

Devido ao alto custo de experimentação e dificuldades operacionais relacionadas à produção de mudas por estaquia, nem sempre é possível incluir todos os clones de interesse em todos os locais, o que pode levar a um desbalanceamento genético dos experimentos que compõem o grupo de dados para as análises da interação genótipos x ambientes.

A metodologia atualmente disponível e mais recomendada para a seleção nos casos de desbalanceamento é baseada no valor genético predito, obtido após correção dos efeitos ambientais. No entanto, a acurácia de seleção é afetada tanto pelo tamanho da parcela quanto pelo número de repetições utilizadas nos experimentos (FONSECA et al., 2010). Essa maximização da acurácia seletiva por meio do aumento do número de repetições é uma estratégia que apresenta limitações orçamentárias, técnicas e de mão-de-obra, além da restrição de áreas disponíveis para a experimentação, que podem limitar o número de repetições possíveis em um experimento (FONSECA et al., 2010).

O BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) é o procedimento que maximiza a acurácia seletiva e permite o uso de fontes de informação de vários experimentos instalados em um ou vários locais. Esse procedimento utiliza todos os efeitos do modelo estatístico, contemplando o desbalanceamento e pode-se utilizar o parentesco genético entre os indivíduos avaliados (RESENDE, 2007).

Para aplicação do BLUP são necessárias estimativas de componentes de variância e de parâmetros genéticos. Para obtenção desses parâmetros, o procedimento padrão é o método da máxima verossimilhança residual ou restrita (*Restricted Maximum Likelihood* – REML). Portanto, pode-se considerar o procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança residual ou restrita/melhor predição linear não viciada) como o procedimento ótimo para avaliação genotípica (RESENDE, 2007).

Para Resende (2007), as principais vantagens desse método são a capacidade de se estimar parâmetros genéticos e prever valores genotípicos com a correção dos efeitos ambientais, além de permitir comparar indivíduos em diferentes locais e através do tempo. Esse método ainda pode ser aplicado a dados desbalanceados e a delineamentos não ortogonais, maximizando a acurácia seletiva e o ganho genético.

Ao estudar a interação genótipos x ambientes para a cultura do arroz, Costa Neto (2017) concluiu que o uso do REML/BLUP foi eficiente na modelagem dos efeitos de interação genótipos x ambientes e na predição das médias genotípicas para dados desbalanceados. Além

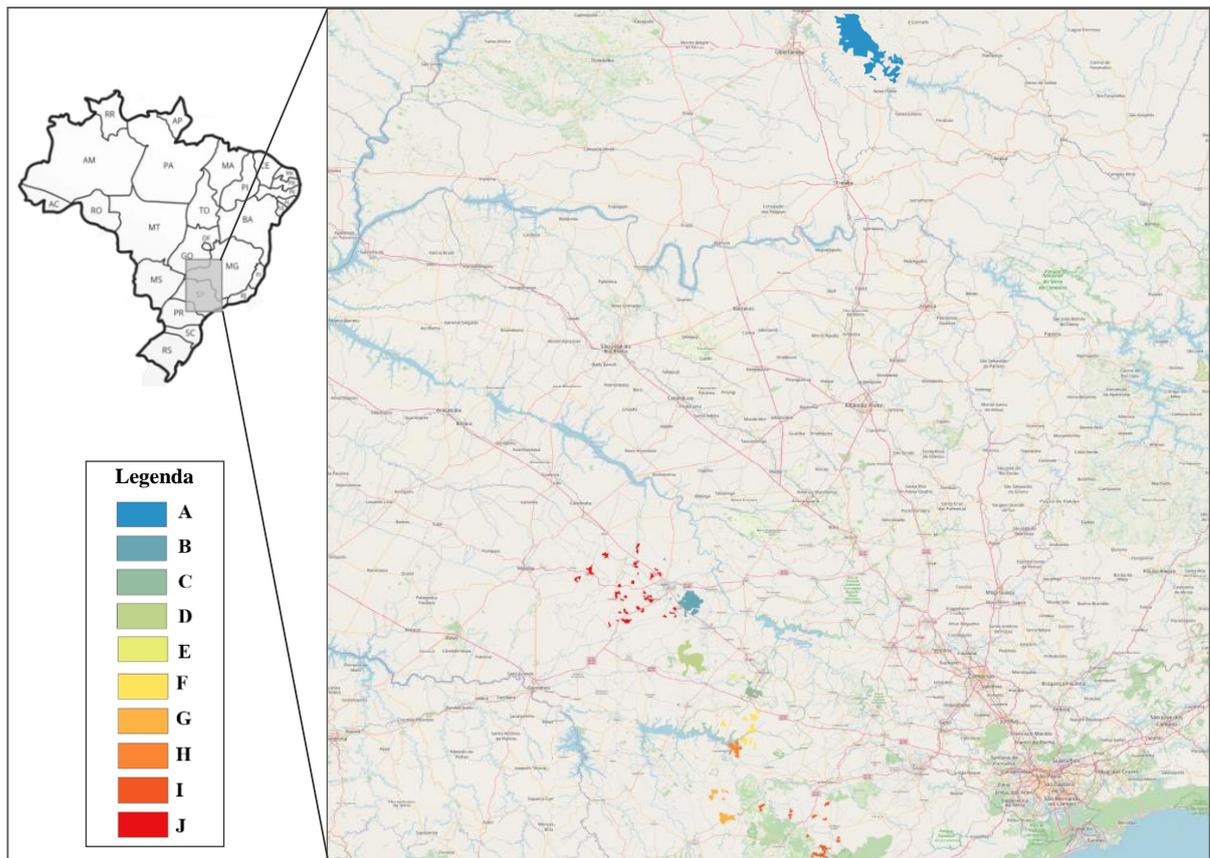
disso, essa metodologia permite algumas vantagens, tais como: (a) capacidade em considerar erros correlacionados entre locais; (b) permite lidar com desbalanceamento e heterogeneidade de variâncias e (c) fornece valores genéticos já penalizados do efeito ambiental (RESENDE, 2007).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Ambientes avaliados

Foram analisados dados de 73 testes clonais instalados e conduzidos em áreas da Dexco em 15 municípios, sendo 14 localizados no Estado de São Paulo e um no Estado de Minas Gerais. As áreas foram previamente agrupadas em 10 regiões, buscando-se formar blocos contínuos onde não houvesse variação com relação às condições edafoclimáticas (FIGURA 1). O detalhamento do ano de plantio, espaçamento utilizado e das condições edafoclimáticas em cada um dos testes clonais encontra-se na Tabela 1.

Figura 1 - Localização das regiões que compõem a rede experimental analisada, nos Estados de São Paulo e Minas Gerais



Fonte: Do autor (2021)

Tabela 1 - Ano de plantio, espaçamento, localização, altitude, ordem do solo, pluviosidade média, temperatura máxima média anual e temperatura mínima média anual dos 73 experimentos (continua).

Exp	Ano de plantio	Espaçamento	Região	Município - Estado	Ordem do solo	Altitude (m)	Pluviosidade média anual (mm)	T máx. média anual (°C)	T mín. média anual (°C)
1	2010	3.00 x 2.00	A	Estrela do Sul - MG	Latossolo	990	1478	28,8	17,5
2	2011	3.00 x 2.00	A	Estrela do Sul - MG	Latossolo	996	1478	28,8	17,5
3	2012	3.00 x 2.00	A	Estrela do Sul - MG	Latossolo	1020	1478	28,8	17,5
4	2012	3.00 x 1.50	A	Estrela do Sul - MG	Latossolo	991	1478	28,8	17,5
5	2012	3.00 x 1.50	A	Estrela do Sul - MG	Latossolo	1003	1478	28,8	17,5
6	2013	3.00 x 1.50	A	Estrela do Sul - MG	Latossolo	1010	1478	28,8	17,5
7	2013	3.00 x 1.50	A	Estrela do Sul - MG	Latossolo	1001	1478	28,8	17,5
8	2012	3.00 x 2.00	A	Estrela do Sul - MG	-	1007	1478	28,8	17,5
9	2012	3.00 x 1.50	A	Estrela do Sul - MG	Latossolo	1003	1478	28,8	17,5
10	2013	3.00 x 1.50	A	Estrela do Sul - MG	Latossolo	1010	1478	28,8	17,5
11	2010	3.00 x 2.00	B	Agudos - SP	Latossolo	642	1393	27,4	16,3
12	2013	3.00 x 2.00	B	Agudos - SP	Latossolo	585	1393	27,4	16,3
13	2013	3.00 x 2.00	B	Agudos - SP	Latossolo	585	1393	27,4	16,3
14	2011	3.00 x 2.00	B	Agudos - SP	Latossolo	604	1393	27,4	16,3
15	2012	3.00 x 2.00	B	Agudos - SP	Latossolo	602	1393	27,4	16,3
16	2012	3.00 x 1.90	B	Agudos - SP	Latossolo	639	1393	27,4	16,3
17	2013	3.00 x 1.50	B	Agudos - SP	Neossolo	572	1393	27,4	16,3
18	2014	3.00 x 2.00	B	Agudos - SP	Latossolo	608	1393	27,4	16,3
19	2012	3.00 x 2.00	B	Agudos - SP	Latossolo	602	1393	27,4	16,3
20	2012	3.00 x 1.90	B	Agudos - SP	Latossolo	639	1393	27,4	16,3
21	2014	3.00 x 2.00	B	Agudos - SP	-	605	1393	27,4	16,3
22	2015	3.00 x 2.00	C	Botucatu - SP	Latossolo	899	1422	27,1	16,1
23	2016	3.00 x 2.00	C	Botucatu - SP	Latossolo	883	1422	27,1	16,1
24	2014	3.00 x 1.50	C	Botucatu - SP	-	913	1422	27,1	16,1
25	2005	3.00 x 2.00	D	Avaré - SP	-	710	1448	26,7	15,9
26	2008	3.00 x 2.00	D	Avaré - SP	Latossolo	804	1448	26,7	15,9
27	2012	3.00 x 2.00	D	Avaré - SP	Latossolo	781	1448	26,7	15,9
28	2012	3.00 x 1.90	D	Avaré - SP	Latossolo	759	1448	26,7	15,9
29	2008	3.00 x 2.00	D	Avaré - SP	Latossolo	802	1448	26,7	15,9
30	2011	3.00 x 2.00	D	Iaras - SP	Neossolo	661	1441	26,9	16,0
31	2012	3.00 x 1.50	D	Lençóis Paulista - SP	Latossolo	680	1417	27,3	16,2
32	2000	3.00 x 2.00	D	Lençóis Paulista - SP	Latossolo	744	1417	27,3	16,2
33	2000	3.00 x 2.00	D	Lençóis Paulista - SP	Latossolo	744	1417	27,3	16,2
34	2007	3.00 x 2.00	D	Lençóis Paulista - SP	Latossolo	710	1417	27,3	16,2
35	2007	3.00 x 2.00	D	Lençóis Paulista - SP	Latossolo	717	1417	27,3	16,2
36	2008	3.00 x 2.00	D	Lençóis Paulista - SP	Latossolo	697	1417	27,3	16,2
37	2013	3.00 x 1.00	D	Lençóis Paulista - SP	Latossolo	681	1417	27,3	16,2
38	2015	3.00 x 2.00	D	Lençóis Paulista - SP	Latossolo	681	1417	27,3	16,2
39	2016	3.00 x 2.00	D	Lençóis Paulista - SP	Argissolo	768	1417	27,3	16,2
40	2008	3.00 x 2.00	D	Lençóis Paulista - SP	-	681	1417	27,3	16,2

Tabela 2 - Ano de plantio, espaçamento, localização, altitude, ordem do solo, pluviosidade média, temperatura máxima média anual e temperatura mínima média anual dos 73 experimentos (conclusão).

Exp	Ano de plantio	Espaçamento	Região	Município - Estado	Ordem do solo	Altitude (m)	Pluviosidade média anual (mm)	T máx. média anual (°C)	T mín. média anual (°C)
41	2013	3.00 x 1.00	D	Lençóis Paulista - SP	Latossolo	681	1417	27,3	16,2
42	2014	3.00 x 1.50	E	Botucatu - SP	-	829	1422	27,1	16,1
43	2011	3.00 x 2.00	E	Botucatu - SP	Latossolo	788	1422	27,1	16,1
44	2000	4.70 x 1.30	F	Itatinga - SP	Latossolo	691	1425	26,6	15,8
45	2012	3.00 x 1.50	F	Itatinga - SP	Latossolo	667	1425	26,6	15,8
46	2012	3.00 x 2.00	F	Itatinga - SP	Neossolo	678	1425	26,6	15,8
47	2012	3.00 x 1.50	F	Itatinga - SP	Latossolo	674	1425	26,6	15,8
48	2012	3.00 x 1.50	F	Itatinga - SP	Neossolo	678	1425	26,6	15,8
49	2005	3.00 x 2.00	F	Itatinga - SP	-	641	1425	26,6	15,8
50	2013	3.00 x 1.50	F	Itatinga - SP	Neossolo	643	1425	26,6	15,8
51	2013	3.00 x 1.50	F	Itatinga - SP	Neossolo	640	1425	26,6	15,8
52	2006	3.00 x 2.00	F	Itatinga - SP	-	635	1425	26,6	15,8
53	2001	3.00 x 2.00	G	Angatuba - SP	Latossolo	668	1377	26,4	15,7
54	2015	3.00 x 1.90	G	Angatuba - SP	Latossolo	668	1377	26,4	15,7
55	2006	3.00 x 2.00	H	Buri - SP	Latossolo	685	1364	25,9	15,5
56	2006	3.00 x 2.00	H	Buri - SP	Latossolo	664	1364	25,9	15,5
57	2006	3.00 x 2.00	H	Buri - SP	Latossolo	685	1364	25,9	15,5
58	2006	3.00 x 2.00	H	Buri - SP	-	680	1364	25,9	15,5
59	2012	3.00 x 1.00	H	Buri - SP	Latossolo	704	1364	25,9	15,5
60	2012	3.00 x 1.00	H	Buri - SP	Latossolo	704	1364	25,9	15,5
61	2012	3.00 x 2.00	H	Buri - SP	-	726	1364	25,9	15,5
62	2013	3.00 x 1.00	H	Buri - SP	Latossolo	736	1364	25,9	15,5
63	2013	3.00 x 1.00	H	Buri - SP	Latossolo	736	1364	25,9	15,5
64	2008	3.00 x 2.00	H	Paranapanema - SP	Latossolo	652	1428	26,3	15,6
65	2011	3.00 x 2.00	H	Paranapanema - SP	Latossolo	720	1428	26,3	15,6
66	2011	3.00 x 2.00	H	Paranapanema - SP	-	722	1428	26,3	15,6
67	2010	3.00 x 2.00	I	São Miguel Arcanjo - SP	Argissolo	739	1432	26,3	15,9
68	2010	3.00 x 2.00	I	São Miguel Arcanjo - SP	Argissolo	739	1432	26,3	15,9
69	2015	3.00 x 2.00	J	Avai - SP	Latossolo	481	1358	28,4	17,1
70	2015	3.00 x 2.00	J	Bauru - SP	Argissolo	554	1336	28,3	16,9
71	2015	3.00 x 2.00	J	Bauru - SP	-	535	1336	28,3	16,9
72	2007	3.00 x 2.00	J	Cabrália Paulista - SP	-	597	-	-	-
73	2008	3.00 x 2.00	J	Paulistânia - SP	Latossolo	604	1375	27,5	16,5

Fonte: Do autor (2021)

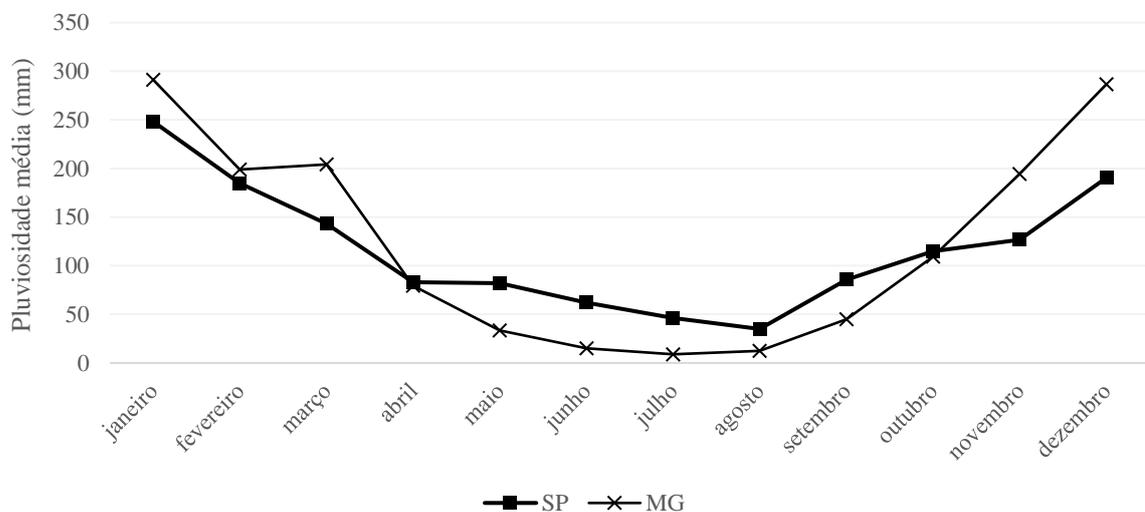
Entre os locais avaliados observou-se uma pequena variação na classificação dos solos, com predominância para os latossolos (TABELA 1). Os valores de altitude dos locais variaram de 481 a 1020 metros, sendo os maiores valores observados para a região A, no Estado de Minas

Gerais. A pluviosidade média anual, por sua vez, apresentou uma diferença não muito expressiva entre as diferentes regiões, variando de 1336 a 1478 mm, sendo os menores valores encontrados na região J, no município de Bauru, e os maiores valores na região A, no município de Estrela do Sul.

Os valores de temperatura máxima média anual variaram de 25,9 °C, no município de Buri - SP, a 28,8 °C, no município de Estrela do Sul - MG. Para a temperatura mínima média anual, o mesmo padrão foi encontrado, sendo os menores valores apresentados para o município de Buri (15,5 °C) e os maiores para Estrela do Sul (17,5 °C).

Com relação à distribuição de chuvas, não há grande variação para os municípios do Estado de São Paulo avaliados, porém, se observa uma diferença significativa em comparação com o município de Estrela do Sul, em Minas Gerais (FIGURA 2). Essa localidade apresenta maiores volumes pluviométricos nos meses de novembro a março, havendo uma redução significativa nos meses de abril a outubro, o que leva a um déficit hídrico mais acentuado em comparação com as regiões de São Paulo.

Figura 2 - Distribuição de pluviosidade ao longo do ano para os municípios dos Estados de São Paulo e Minas Gerais, onde os experimentos foram instalados.



Fonte: Do autor (2021)

Os dados climáticos foram extraídos da base de estações meteorológicas de Xavier et al. (2016), pelos dados dos municípios de localização dos experimentos, sendo consideradas as informações de 1980 a 2015 como média histórica para todas as regiões.

3.2 Delineamento experimental

Foram analisados os dados de 73 testes clonais, instalados entre os anos de 2000 e 2016, com um total de 1433 clones. O número de clones de cada experimento apresentou variação de 10 a 184, com média de 66 clones. Os espaçamentos utilizados foram 3.00 x 1.00, 3.00 x 1.50, 3.00 x 1.90, 3.00 x 2.00 e 4.70 x 1.30, sendo a maioria dos experimentos (64%) instalada no espaçamento de 3.00 x 2.00 (TABELA 2).

Os testes clonais avaliados pertencem a duas diferentes etapas do programa de melhoramento, sendo ambos instalados no delineamento de blocos completos casualizados, com pelo menos seis repetições. Dos 73 experimentos analisados, 47 foram instalados em parcela linear de cinco plantas, onde todas foram mensuradas, e 26 foram instalados em parcela quadrada de 25 plantas, onde foram mensuradas as nove plantas centrais.

3.3 Coleta de dados

A coleta dos dados foi realizada por meio da mensuração do Diâmetro à Altura do Peito (DAP), em centímetros, e da Altura total da árvore (H), em metros. O DAP foi medido com uma suta (modelo Mantax Blue, da marca Haglof), sendo realizada uma medida por árvore, no sentido da linha de plantio. A altura foi obtida com o auxílio de um clinômetro analógico (modelo Pm-5/1520, da marca Suunto). As medições foram realizadas em nível de árvore, permitindo, portanto, o cálculo do volume individual.

O volume de cada árvore foi estimado utilizando-se de uma equação de volume desenvolvida para híbridos de *Eucalyptus urophylla* x *E. grandis*, obtida por cubagem rigorosa em áreas da empresa. Após a estimativa do volume individual, obteve-se o cálculo do Incremento Médio Anual (IMA) individual, em $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$, dividindo-se o volume pela idade de medição e extrapolando para a área de um hectare.

$$V = ((0,125957 * (DAP^{2,02469}) * (H^{0,54262})) / 2000) + ((0,0341051 * (DAP^{1,732209097}) * (H^{1,25303352})) / 2000)$$

Onde,

V: volume de madeira, em m^3/ha ;

DAP: diâmetro medido a 1,30 metros de altura, em centímetros;

H: altura, em metros.

3.4 Análises realizadas

A matriz de coincidência de genótipos entre os pares das regiões pode ser observada na Figura 3, onde os pares destacados em cinza apresentam 20 ou mais clones coincidentes.

A Figura 3 mostra que a maioria das combinações apresenta no mínimo 20 clones em comum, sendo o maior número encontrado entre as regiões A e B, com 326 clones em comum, o que indica uma boa confiabilidade nas estimativas da correlação entre esses dois ambientes. O menor número de clones coincidentes encontrado foi entre as regiões I e G, com oito clones em comum, indicando que a comparação entre esses ambientes deve ser interpretada com cautela.

Figura 3 - Matriz de coincidência de clones entre os pares de regiões avaliadas.

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
A	538	326	92	305	94	304	96	258	93	165
B		444	83	203	75	268	37	258	65	113
C			242	117	31	40	39	60	11	131
D				763	66	256	92	260	76	199
E					149	43	10	53	36	26
F						505	71	250	35	149
G							152	17	8	84
H								492	37	97
I									119	20
J										416

Fonte: Do autor (2021)

A partir dos dados coletados foram realizadas diferentes análises estatísticas utilizando-se o software livre R, com o objetivo de verificar o comportamento dos clones nas diferentes regiões, bem como o padrão da interação genótipos x ambientes e possíveis semelhanças entre as regiões.

Foram realizadas as análises de variância individuais, com o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + b_j + g_i + e_{ij}$$

Onde,

Y_{ij} : observação referente ao clone i , no bloco j ;

- μ : média geral, em m³/ha.ano;
 b_j : efeito aleatório do bloco j;
 g_i : efeito aleatório do clone i;
 e_{ij} : efeito aleatório do erro experimental associado à observação Y_{ij} .

A análise conjunta dos experimentos foi realizada com a função *lmer* do pacote *lme4* (Bates et al., 2015) do R. Foi realizado o ajuste do seguinte modelo linear aleatório com os dados de produtividade (IMA) dos clones nas diferentes regiões:

$$Y_{ijk} = \mu + b_{jk} + p_{kr} + c_i + r_r + (c \times r)_{ir} + e_{ijk}$$

Onde,

Y_{ijk} : observação do clone i, no bloco j, experimento k e região r;

μ : média geral, em m³/ha.ano;

b_{jk} : efeito aleatório do bloco j no experimento k;

p_{kr} : efeito aleatório do ambiente k dentro da região r;

c_i : efeito aleatório do clone i;

r_r : efeito aleatório da região r;

$(c \times r)_{ir}$: efeito aleatório da interação do clone i na região r;

e_{ijk} : efeito aleatório do erro experimental associado à observação Y_{ijk} .

A partir dos resultados obtidos por meio do modelo estatístico, foi possível a estimativa dos valores genotípicos dos clones dentro de cada região, utilizando-se o procedimento BLUP. As estimativas dos componentes de variância foram obtidas com base no método da máxima verossimilhança restrita (REML) utilizando-se a função *VarCorr* do pacote *lme4* (BATES et al., 2014). Os componentes de variância estimados foram os seguintes: variância residual (V_e), variância entre blocos dentro de experimentos (V_{bl}), variância entre as regiões (V_r), variância entre ambientes - experimentos dentro de regiões (V_a), variância entre genótipos - clones, (V_g) e variância da interação clones x regiões (V_i).

Após a obtenção dos BLUPs dos clones dentro de cada região, foram realizadas as análises de correlação entre os valores genotípicos dos clones nas regiões. As análises foram realizadas pelos métodos de Pearson e de Spearman. Apesar de haver grande concordância nos

resultados obtidos com os dois métodos, optou-se por utilizar a correlação de Spearman. Isso porque esse é um método que se baseia no ordenamento (*ranking*) de IMA dos clones, e não em seus valores em si. O ordenamento dos clones em cada região apresenta maior importância para fins de seleção. Além disso, a correlação de Spearman é um método não paramétrico, não exigindo normalidade dos dados. O complemento dos valores de correlação entre as regiões foi utilizado como medida de distância para construção de um dendrograma, obtendo-se uma correlação cofenética de 0,73.

A matriz de complemento das correlações de Spearman também foi submetida a uma Análise de Componentes Principais, permitindo o agrupamento das regiões com base nas distâncias do *biplot* dos dois primeiros componentes. A análise de componentes principais foi realizada com o pacote *ape* (PARADIS e SCHLIEP, 2019) e o gráfico com os dois primeiros componentes foi obtido com o pacote *ggplot2* (WICKHAM, 2016). A correlação cofenética obtida foi de 0,86.

Por fim, a interação genótipos x ambientes também foi interpretada de forma gráfica, sendo observada a troca de *ranking* entre as estimativas de produtividade média dos clones nas regiões. Esse gráfico também foi desenvolvido com o pacote *ggplot2* do R (WICKHAM, 2016).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas dos parâmetros genéticos auxiliam no processo de seleção de genótipos e dão suporte às recomendações dos clones comerciais. Portanto, apresentam grande importância nas análises realizadas com os dados experimentais (REIS, 2020).

Observa-se na Tabela 2 uma significativa variância entre ambientes, o que pode ter sido influenciada pela baixa coincidência de clones avaliados entre os experimentos de uma mesma região. O fato dos experimentos conterem conjuntos de clones diferentes, com poucos em comum, acentua a variância dentro de um mesmo ambiente. Essa baixa coincidência de clones entre as regiões analisadas impossibilitou a inclusão da interação de clones com experimentos, uma vez que o modelo não convergiu.

Tabela 3 - Parâmetros genéticos e ambientais relacionados ao Incremento Médio Anual (IMA, em $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$), obtidos por meio de análise dentro de cada região, para os 73 experimentos, agrupados em 10 regiões.

Região	n.exp	n.cl	Vbl	Va	Vg	Ve	H ² _m	Ac	média	CVg%	CVe%	CVr
A	10	538	2,0	2470,5	195,7	150,8	0,89	0,94	49,2	28,4	25,0	1,14
B	11	444	2,0	2470,7	144,0	163,7	0,84	0,92	51,0	23,5	25,1	0,94
C	3	242	0,9	2299,4	58,9	249,8	0,59	0,77	47,6	16,1	33,2	0,49
D	17	763	5,6	3067,9	194,5	220,4	0,85	0,92	56,0	24,9	26,5	0,94
E	2	149	2,5	2435,8	95,7	202,5	0,74	0,86	49,7	19,7	28,6	0,69
F	9	505	1,9	2968,0	230,0	213,2	0,87	0,93	53,7	28,2	27,2	1,04
G	2	152	9,1	3364,1	386,1	199,3	0,92	0,96	59,0	33,3	23,9	1,39
H	12	492	5,2	5546,3	428,7	508,3	0,83	0,91	77,2	26,8	29,2	0,92
I	2	119	0,8	4797,2	382,0	352,4	0,87	0,93	68,4	28,6	27,5	1,04
J	5	416	8,3	3143,0	235,4	274,2	0,84	0,92	54,3	28,3	30,5	0,93

Fonte: Do autor (2021)

n.exp: número de experimentos; n.cl: número de clones; Vbl: variância entre blocos; Va: variância entre ambientes (experimentos); Vg: variância entre genótipos (clones); Ve: variância residual; hm: herdabilidade em nível de média dos clones; Ac: acurácia seletiva; média: IMA ($m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$) médio da região; CVg% = coeficiente de variação genotípico; CVe% = coeficiente de variação residual; CVr = relação CVg/CE.

Os valores de CVe (%), por sua vez, variaram entre 25 e 30,5%. O valor de CVe (%) depende apenas da variação residual como proporção da média do experimento, não devendo ser o único parâmetro utilizado para verificação da qualidade experimental (RESENDE; DUARTE, 2007). Além disso, é de se esperar que o CVe (%) seja elevado para o caráter IMA,

visto que a variável é calculada com as medidas de diâmetro e altura, acumulando os erros experimentais dessas duas variáveis (ROSADO et al., 2012).

Observando-se os dados de acurácia seletiva para o caráter IMA da análise de variância de cada regional (TABELA 2), nota-se que a variação foi de 0,77 a 0,96, valores considerados altos ou muito altos, de acordo com Resende e Duarte (2007). Altos valores de acurácia refletem a qualidade experimental e a eficiência do melhoramento, demonstrando que o delineamento utilizado e o número de repetições foram adequados para se obter estimativas confiáveis do valor genotípico dos clones (CASTRO et al., 2018).

Pelos dados da Tabela 2, observa-se valores de herdabilidades médias dos clones entre 0,59 e 0,92, valores considerados altos por Resende e Duarte (2007). A herdabilidade representa quanto da variação fenotípica é herdável e pode ser explorada na seleção. A herdabilidade média de genótipos é estimada com o uso de médias como unidade de avaliação, o que aumenta o nível de precisão da estimativa, uma vez que os erros experimentais são reduzidos com o uso de repetições (ROSADO et al., 2012). Altos valores de herdabilidade média indicam pouca influência do ambiente na expressão dos caracteres, havendo grande potencial para seleção de genótipos dentro dos experimentos. Além disso, evidencia boa precisão experimental devido ao adequado número de repetições utilizado, o que é de grande importância para a seleção clonal, cujos valores genotípicos são preditos por meio de várias repetições (ROSADO et al., 2021).

O CV_r também é uma estatística utilizada na avaliação genotípica, sendo que sua magnitude pode ser utilizada para se fazer inferências sobre a acurácia e precisão das avaliações genotípicas, juntamente com o número de repetições dos experimentos (RESENDE; DUARTE, 2007).

Os valores mais altos de produtividade foram apresentados pela região H ($77,2 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$), seguida por I ($68,4 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$) e por G ($59,0 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$). Esses dados podem ser explicados por uma melhor distribuição pluviométrica nos municípios onde essas regiões se localizam, em comparação com as demais regiões analisadas.

Observa-se pela Tabela 3 que há uma grande contribuição da variância entre as regiões na análise conjunta, o que demonstra a necessidade de se avaliar essas diferentes regiões, de forma a identificar as que apresentam maior importância na avaliação dos genótipos do programa de melhoramento da empresa.

Tabela 4 - Parâmetros genéticos e ambientais relacionados ao Incremento Médio Anual (IMA, em $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$), obtidos por meio de análise conjunta das 10 regiões.

Ve	Vbl	Vr	Va	Vg	Vi	H²_m	ha	Ac	média	CVg	CVe	CVr
245,84	3,90	3070,26	74,48	148,17	79,91	0,55	0,31	0,74	56,16	0,22	0,28	0,78

Fonte: Do autor (2021)

Ve: variância residual; Vbl: variância entre blocos dentro de experimentos; Vr : variância entre as regiões; Va: variância entre ambientes (experimentos dentro de regiões); Vg: variância entre genótipos (clones); Vi: variância da interação GxE (clones x regiões); H²_m: herdabilidade em nível de média dos clones; ha: herdabilidade individual (nível da parcela); Ac: acurácia seletiva; média: produtividade (IMA) média da região; CVg: coeficiente de variação genético; CVe: coeficiente de variação residual; CVr: relação CVg/CVe.

A herdabilidade do IMA apresentou um valor baixo (0,31), o que é comum para caracteres que são determinados por muitos genes, pois sua expressão gênica apresenta grande influência do ambiente (BOREM; MIRANDA, 2013). Esse resultado indica a importância de se realizar a seleção com base em experimentos bem delineados, com réplicas clonais, evitando sempre que possível a seleção fenotípica ou massal. Esse valor de herdabilidade individual foi superior ao encontrado em trabalhos de análise da interação genótipos por ambientes para eucalipto, como 0,23 encontrado por Rosado (2012), 0,16 encontrado por Nunes et al. (2016), 0,17 encontrado por Oliveira (2018) e 0,15 encontrado por Santos et al. (2015). A alta variabilidade genética, pelo grande número de clones avaliados, bem como o manejo homogêneo nas áreas experimentais, é um fator que pode ter favorecido a estimativa desse parâmetro, reduzindo a porcentagem de erro dessa estimativa (SANTOS, 2014).

A herdabilidade em nível de média dos clones foi estimada em 0,55, considerando-se os dados da análise conjunta. Esse valor é inferior à maioria dos valores de herdabilidade média observado nas análises por regional (TABELA 2), o que pode ser explicado pela interação genótipos x ambientes.

A acurácia seletiva foi de 0,74, valor considerado de alta magnitude (RESENDE, 2007). Porém, esse valor é um pouco inferior aos valores de 0,93 encontrado por Rosado et al. (2012), de 0,81 encontrado por Nunes et al. (2016), de 0,81 encontrado por Oliveira (2018) e de 0,86 encontrado por Santos et al. (2015). Esse fato pode ser explicado por alguns fatores, como a baixa coincidência de clones existentes nas diferentes regiões analisadas, em comparação com o obtido por esses autores, e/ou pela influência da interação genótipos x ambientes entre as regionais avaliadas.

As estimativas do Incremento Médio Anual (IMA) foram obtidas por meio de um modelo misto (BLUP). A análise de correlação de Spearman entre os BLUPs das regiões par-a-par mostrou valores variando de 0,15 para as regiões I e J, até 0,85 entre as regiões D e G (FIGURA 4). A média das correlações foi de 0,71, o que mostra que as regiões analisadas não apresentam diferenças muito discrepantes com relação ao ranqueamento dos genótipos.

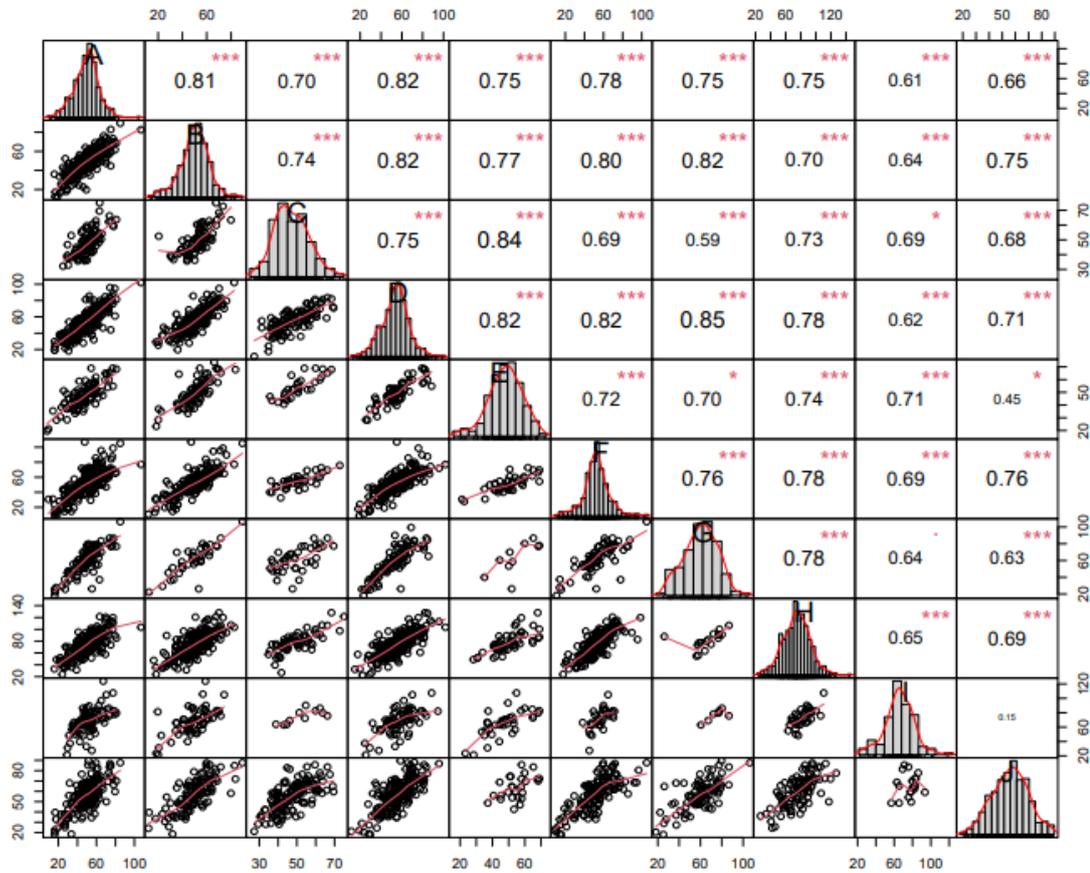
Para as regiões analisadas, 35 (78%) das combinações de regiões par-a-par apresentaram valores acima de 0,67, que são considerados altos pela literatura, o que significa que a mesma recomendação atenderia de forma satisfatória estes locais (RESENDE; DUARTE 2007). Das demais combinações, oito (18%) apresentaram valores entre 0,50 e 0,67 e apenas duas (4%) apresentaram valores abaixo de 0,50, mostrando que existe possibilidade de estratificação entre as regiões estudadas (FIGURA 4).

A correlação de Spearman é um método não paramétrico que se mostra adequado para análise de dados desbalanceados, pois não exige normalidade dos dados. Além disso, ela se mostra mais apropriada para fins de melhoramento, pois leva em consideração o ranqueamento dos genótipos e não os valores observados (SANTOS, 2014). Para a recomendação de cultivares, o ordenamento dos genótipos é mais importante do que a magnitude dos valores de produtividade.

Com base nos resultados da Figura 4, constatou-se que as únicas combinações que não apresentaram altos valores de correlação e com alta significância foram entre as regiões: (i) A e J, com valor de 0,66; (ii) entre B e I, com valor de 0,64; (iii) entre C e G, com valor de 0,59; (iv) entre C e I, com valor de 0,69, porém com baixa significância; (v) entre D e I, com valor de 0,62; (vi) entre E e G, com valor de 0,70, porém com baixa significância; (vii) E e J, com valor de 0,45; (viii) G e I, com valor de 0,64; (ix) entre G e J, com valor de 0,63; (x) H e I, com valor de 0,65 e (xi) entre I e J, com valor de 0,15.

Os valores de correlação de Spearman são afetados pela intensidade da interação entre os locais. Baixas estimativas desse parâmetro indicam baixa coincidência no ranqueamento do BLUP dos clones nos diferentes ambientes, confirmando que a interação clones x ambientes é elevada (RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2012).

Figura 4 - Matriz de correlação de Spearman com histogramas e gráficos de dispersão do valor genotípico (BLUP) dos clones entre as regiões, par-a-par.



Fonte: Do autor (2021)

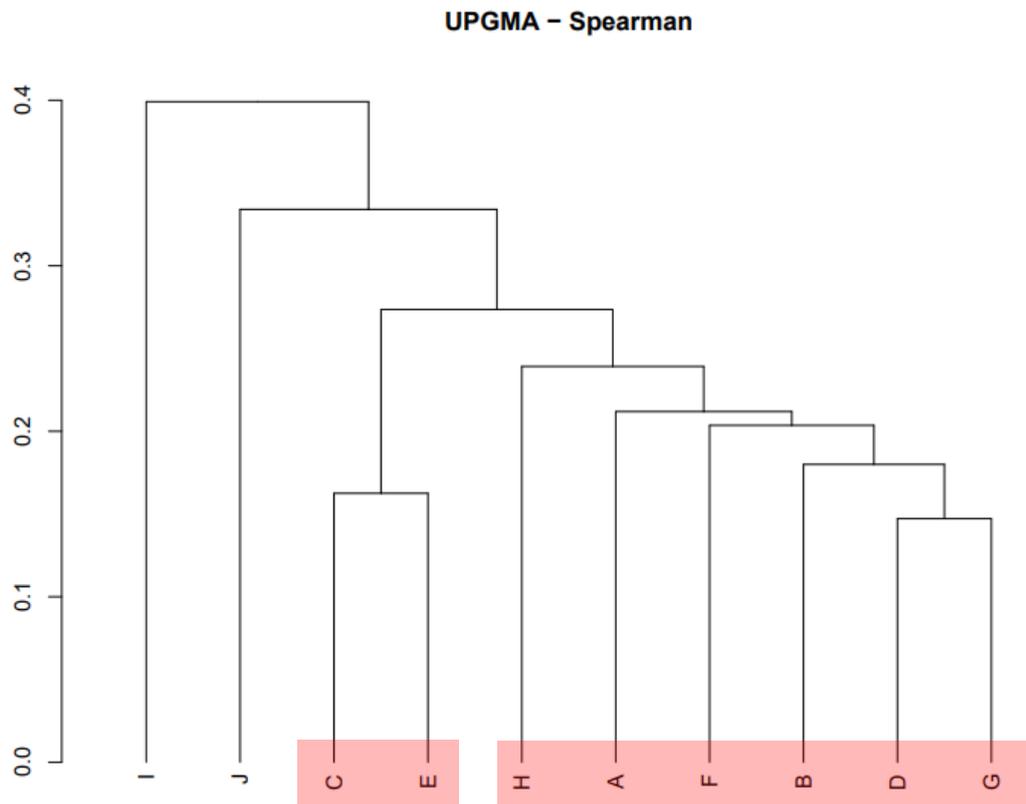
De posse dos dados de correlação de Spearman, foi criado um dendrograma, com base na metodologia de agrupamento UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages*). O dendrograma foi criado com o complemento das estimativas de correlação de Spearman e, portanto, reflete as dissimilaridades no ordenamento dos clones entre as regiões analisadas.

O método UPGMA utiliza médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, evitando-se a utilização de valores extremos entre os ambientes considerados (CRUZ et al, 2011). O gráfico mostra que existe uma tendência de agrupamento das regiões A, B, D, F, G e H, que apresentaram maior proximidade. As regiões C e E também podem ser agrupadas entre si, confirmando os altos valores de correlações encontradas entre elas (FIGURA 5).

O agrupamento dos ambientes com base nas distâncias dadas pelo complemento das correlações permite a identificação de locais semelhantes e que podem ser agrupados na rede experimental da empresa. Essa redução no número de locais necessários para a avaliação dos

genótipos reduz os custos com a experimentação e otimiza os recursos empregados (SILVA, 2020).

Figura 5 - Dendrograma baseado no complemento da correlação de Spearman como medida de distância entre as regiões.



Fonte: Do autor (2021)

Na Figura 6 são apresentadas as distâncias entre as 10 regiões, com base nos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2). A distância utilizada na análise de componentes principais também foi o complemento da correlação de Spearman da produtividade dos clones nas diferentes regiões. Verifica-se que a porcentagem de explicação da variação total acumulada pelos dois primeiros componentes principais foi de 45,5%, mas a correlação cofenética com a matriz de distâncias originais foi de 0,81, o que indica uma boa confiabilidade na metodologia utilizada.

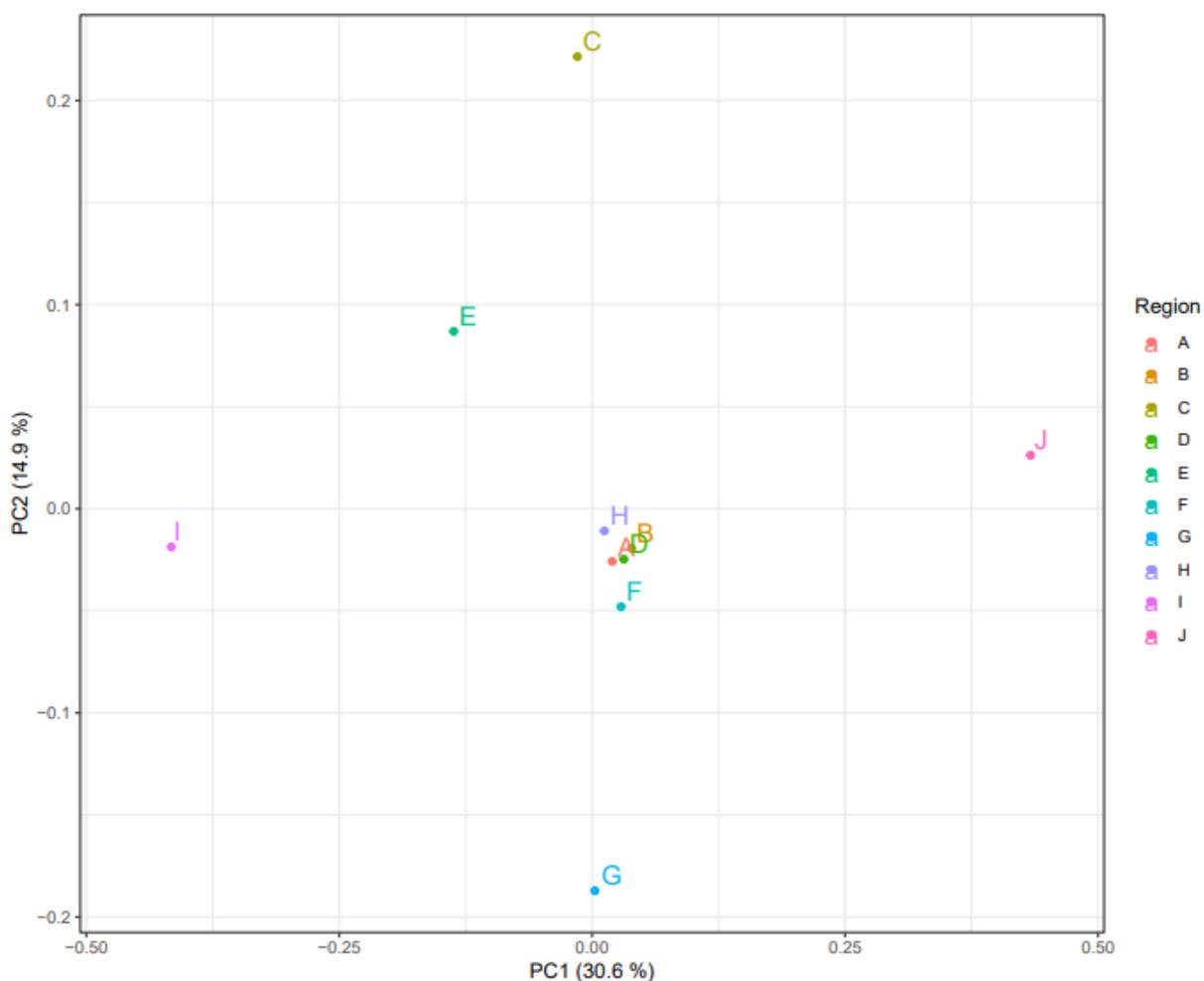
De acordo com Rencher (2002), pelo menos 70% da variância total deve ser explicada pelo primeiro e o segundo componentes principais. Entretanto, considerando-se o elevado número ambientes, além do grande número de clones avaliados, a porcentagem da variância fenotípica acumulada nos dois primeiros componentes da análise é considerada adequada. Essa

estimativa é semelhante aos 50,4% encontrado por Leite (2011) ao estudar a produtividade de um grande número de clones de cana-de-açúcar em diferentes locais e anos de plantio. Por outro lado, a estimativa obtida é superior aos 38,6% encontrado por Silva (2020), no estudo da interação genótipos x ambientes para a cultura da soja.

A análise de componentes principais permite o estudo da estrutura de covariância e correlação entre as variáveis (regiões, nesse caso), o que possibilita a verificação de proximidade entre as regiões pelo método gráfico (RESENDE; DUARTE, 2007).

A análise visual do gráfico de componentes principais (FIGURA 6) permite verificar que as regiões apresentam distâncias heterogêneas com base na correlação de Spearman, com alguns pontos de maior proximidade, como observado para as regiões A, B, D, F e H. Esses resultados estão coerentes com os valores de correlação par-a-par (FIGURA 4) e com o dendrograma baseado em UPGMA (FIGURA 5), que também mostra altos valores de correlação e proximidade entre essas regiões.

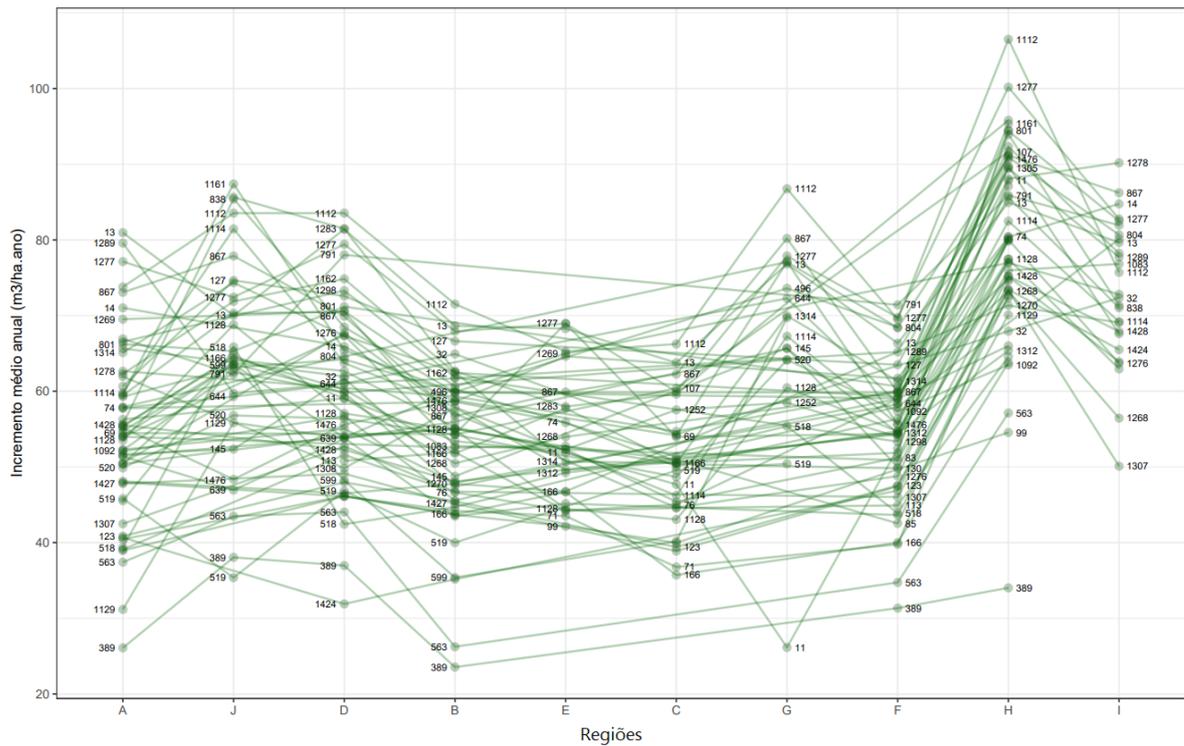
Figura 6 - Gráfico de componentes principais com base no complemento da matriz de correlação de Spearman da produtividade corrigida (BLUP) dos clones nas diferentes regiões.



Fonte: Do autor (2021)

A Figura 7 permite a visualização da ordem relativa dos clones entre as regiões estudadas, com significativa ocorrência de interação GxA do tipo complexa, entre as regiões A e J e J e D, por exemplo, evidenciada pelas linhas verdes que ligam os clones nas diferentes regiões. Esse tipo de interação ocorre quando há ordenação diferenciada dos genótipos ao longo dos ambientes e representa dificuldade na seleção de genótipos com ampla adaptabilidade (TORRES et al., 2015).

Figura 7 - Valores genotípicos (BLUPs) da produtividade (IMA) dos clones mais comuns nas dez diferentes regiões.



Fonte: Do autor (2021)

Havendo baixo nível de interação entre pares de ambientes, ou consistência no ranqueamento dos genótipos, é possível agrupar os ambientes em mega-ambientes ou macro-regiões, conduzindo um programa único de avaliação e recomendação de genótipos para cada macro-região.

Para realizar uma correta avaliação de diferentes genótipos e suas interações com os ambientes, experimentos devem ser instalados em cada zona de melhoramento e a partir do resultado desses testes será possível a definição do número mínimo de ambientes para se trabalhar no programa de melhoramento, de forma a maximizar os ganhos genéticos (OLIVEIRA, 2018).

Outra opção para os casos de altos níveis de interação genótipos x ambientes, com predominância para interações do tipo complexa, é identificar clones com alta adaptabilidade e maior estabilidade fenotípica possível (NUNES et al., 2002).

5. CONCLUSÕES

Com base nas análises, observou-se semelhança no ranqueamento dos clones para as regiões A, B, D, F, G e H e para C e E, podendo haver a formação desses dois grupos de ambientes, o que poderá levar a uma redução de 10 para quatro regiões a serem consideradas para a avaliação dos genótipos da empresa.

Recomenda-se que a empresa teste os novos genótipos nas quatro regiões formadas, de modo a se obter boas estimativas do valor genotípico dos mesmos e da interação dos genótipos com os ambientes. Após essas avaliações, poderá ser possível a recomendação de materiais com bom desempenho médio ou com alta adaptabilidade e estabilidade nos plantios comerciais.

Devido ao agrupamento de algumas das regionais avaliadas, poderá ser possível avançar uma fase no programa de melhoramento para os clones que tenham melhor produtividade nos testes clonais iniciais nas regiões onde se observou semelhança, possibilitando assim um ganho no tempo total para avaliação dos clones do programa de melhoramento da Dexco.

REFERÊNCIAS

- ASSIS, T.F.; ABAD, J.I.M.; AGUIAR, A.M. **Melhoramento Genético do Eucalipto**. In: Schumacher, M. V. & Viera, M. (Ed). *Silvicultura do Eucalipto no Brasil*. Santa Maria - RS: Editora UFSM, 2015.
- BINKLEY, D.; CAMPOE, O.C.; ALVARES, C.; CARNEIRO, R.L.; CEGATTA, I.; STAPE, J.L. The interactions of climate, spacing and genetics on clonal Eucalyptus plantations across Brazil and Uruguay. **Forest Ecology and Management**, v. 405, p. 271-283, 2017.
- BATES, D.; MACHLER, M.; BOLKER, B.; WALKER, S. Fitting linear mixed-effects models using lme4. **Journal of Statistical Software**. V.67. Out. 2015.
- BOREM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2013. 523 p.
- CASTRO, C.A. et al. Brief history of Eucalyptus breeding in Brazil under perspective of biometric advances. **Ciência Rural**, v. 46, n. 9, p. 1585-1593, 2016.
- CASTRO, C.A DE O; NUNES, A.C.P.; SANTOS, O.P.; RESENDE R.T.; SANTOS, G.A.; RESENDE, M.D.V.; CRUZ, C.D. Comportamento da interação genótipos por locais aos três e nove anos em clones de eucalipto. **Scientia Forestalis**, v. 46, n. 120, p. 594–605, 2018.
- COSTA NETO, G. M. F. **Integrando covariáveis ambientais e mapas temáticos na análise da interação “genótipo x ambiente” em arroz de terras altas**. 2017. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2017.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2004. 480 p.
- CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco: Suprema, 620p. 2011.
- DVORAK, W.S.; HODGE, G.R.; PAYN, K.G. The conservation and breeding of Eucalyptus urophylla: a case study to better protect important populations and improve productivity. **Southern Forests: a Journal of Forest Science**, v.70, p.77-85, 2008.
- FONSECA S.M. et al. **Manual prático de melhoramento genético do eucalipto**. UFV, Viçosa, 2010. 200 p.
- FURLAN, R.A. **Seleção de clones de eucalipto para tolerância à seca no nordeste do Brasil**. 2018. Tese (Doutorado em Ciência Florestal) – Universidade Estadual Paulista, Campus de Botucatu, Botucatu, 2018.
- INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES. **Relatório Anual 2020**. Disponível em: <https://iba.org/datafiles/publicacoes/relatorios/relatorio-iba-2020.pdf>. Acesso em: 16 jun. 2021.
- LEITE, M.S.O. **Análise Multiambiental Visando a Recomendação Regionalizada De**

Clones De Cana-De-Açúcar. 2011. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2011.

MARCO DE LIMA, B. et al.. Quantitative genetic parameters for growth and wood properties in *Eucalyptus* “urograndis” hybrid using near-infrared phenotyping and genome-wide SNP-based relationships. **Plos One**, p. 1–19, 2019.

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

NUNES, A.C.P. **Qualidade da madeira, critérios de seleção e interação genótipos x ambientes de clones de eucalyptus no Rio Grande do Sul.** 2015. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2015.

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

OLIVEIRA, R. DE S. **Estimação de parâmetros genéticos e seleção de clones de eucalipto em região de cerrado.** 2018. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas), Universidade Federal de Goiânia, Goiânia, 2018.

PARADIS, E; SCHLIEP, K. Ape 5.0: an environment for modern phylogenetics and evolutionary analyses in R. **Bioinformatics**, V.35, p. 526-528, 2019.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas.** 3. ed. Lavras: Ed. UFLA, 2012. 323 p.

REIS, M.S. **Implicações da interação genótipos x ambientes na seleção de clones de eucalipto em altitudes contrastantes.** 2020. Dissertação (Mestrado Profissional em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2020.

RENCHER, A.C. **Methods of Multivariate Analysis.** A JOHN WILEY & SONS, INC. PUBLICATION, p. 727, 2ed, 2002.

RESENDE, M. D. V. de; ASSIS, T. F. Seleção Recorrente Recíproca entre Populações Sintéticas Multi-Espécies (SRR-PSME) de Eucalipto. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 57, n. 1, p. 57-60, 2008.

RESENDE, M.D.V. de. **O software Selegen-Reml/Blup.** Documentos EMBRAPA. Campo Grande, 2016.

RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes.** Colombo: Ed. Embrapa Florestas, 2002. 975 p.

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

RESENDE, M. D. V. de; BARBOSA, M. H. P. **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada.** Colombo, PR: Embrapa Florestas, 2005. 130 p.

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

RESENDE, M. D. V. de; HIGA, A R. **Estratégias de melhoramento para eucaliptos visando a seleção de híbridos**. Boletim de Pesquisa Florestal, Colombo, n. 21, p. 49–60, 1990.

SANTOS, C. F. dos. **Uso de diferentes metodologias estatísticas no melhoramento do amendoim forrageiro**. 2014. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Federal do Acre, Rio Branco, 2014.

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

SILVA, D. F. G. **Estratificação ambiental, estabilidade e adaptabilidade produtiva de genótipos de soja a partir de ensaios multiambientais**. 2020. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Estadual de Ponta Grossa, Ponta Grossa, 2020.

SILVA, J.M. et al. Implicações da interação genótipos x ambientes sobre ganhos com a seleção em meloeiro. **Ciência Rural**, v. 41, n.1, p. 51–56, 2011.

SOUZA, T.S. et al. **Desempenho de clones de eucalipto em função de condições ambientais**. Scientia Forestalis, Piracicaba, SP, v. 45, n.116, p.601-610, dez. 2017.

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

STAPE, J. L. et al. The Brazil Eucalyptus potential productivity project: influence of water, nutrients and stand uniformity on wood production. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 259, p. 1686-1694, 2010.

TORRES, F. E. et al. Interação genótipo x ambiente em genótipos de feijão-caupi semiprostrado via modelos mistos TT. **Bragantia**, v. 74, n. 3, p. 255–260, 2015.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. (Org.). **Melhoramento e a produção de milho no Brasil**. Piracicaba: Fundação Cargill, 1987. p. 137-214.

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

XAVIER, A. C.; KING, C. W.; SCALON, B. R. Daily gridded meteorological variables in Brazil (1980–2013). **International Journal of Climatology**, v. 36, n. 6, p. 2644-2659, 2016.