



ANA FLÁVIA CUNHA FERNANDES DE OLIVEIRA

**ALTERNATIVAS PARA O MAIOR SUCESSO NA SELEÇÃO
RECORRENTE COM ESPÉCIES DO GÊNERO *Corymbia***

**LAVRAS – MG
2023**

ANA FLÁVIA CUNHA FERNANDES DE OLIVEIRA

**ALTERNATIVAS PARA O MAIOR SUCESSO NA SELEÇÃO RECORRENTE COM
ESPÉCIES DO GÊNERO *Corymbia***

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

Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho
Orientador

Profa. Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves
Coorientadora

**LAVRAS – MG
2023**

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

Oliveira, Ana Flávia Cunha Fernandes de.

Alternativas para o maior sucesso na seleção recorrente com
espécies do gênero *Corymbia* / Ana Flávia Cunha Fernandes de
Oliveira. - 2023.

59 p. : il.

Orientador(a): Magno Antonio Patto Ramalho.

Coorientador(a): Flávia Maria Avelar Gonçalves.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Lavras, 2023.

Bibliografia.

1. *Corymbia*. 2. Genética Quantitativa. 3. Acurácia. I. Ramalho,
Magno Antônio Patto. II. Gonçalves, Flávia Maria Avelar. III.
Título.

ANA FLÁVIA CUNHA FERNANDES DE OLIVEIRA

**ALTERNATIVAS PARA O MAIOR SUCESSO NA SELEÇÃO RECORRENTE COM
ESPÉCIES DO GÊNERO *Corymbia***

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

APROVADO em 18 de dezembro de 2023.

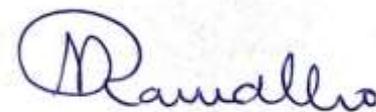
Dr. Magno Antonio Patto Ramalho – UFLA

Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves - UFLA

Dr. José Luis Lima - Suzano S.A.

Dra. Izabel Christina Gava de Souza - Suzano S.A.

Dr. Tiago de Souza Marçal - UFLA



Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho
Orientador

Profa. Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves
Coorientadora

**LAVRAS – MG
2023**

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus pelo sustento e misericórdia. Devo a Ele as vitórias da minha vida.

À minha avó Maria Etelvina (*in memorian*) por ter me fornecido os pilares de uma vida com resignação, fé e amor. Meu Doutorado é dedicado a você!

Aos meus pais Ésio e Ludmila, que nunca me abandonaram em nenhuma situação. A eles devo minha educação e meu futuro.

À minha irmã Maria Olívia por ser meu porto seguro. É muito bom ter com quem contar nessa vida.

À minha namorada Natália pela gentileza, dedicação, paciência e amor. Você é o meu afago nos dias mais difíceis e minha paz nos dias alegres.

À Tia Bisa por ter acreditado no meu potencial. Espero ter te orgulhado de alguma forma.

Ao Tio Hélio e Tia Dau (*in memorian*) por tantos anos de carinho.

À Sara e Ana Gláucia pela alegria compartilhada.

Aos meus avós Quico (*in memorian*) e Terezinha (*in memorian*) pelo carinho.

Aos amigos dos meus pais, em especial Tia Kátia, Tia Jane e Tia Eliane. Vocês torceram por mim de verdade.

Aos meus amigos do GEN, de Ribeirão Vermelho, de Lavras e de Bom Despacho.

Aos amigos Luis e Paiero pelas contribuições ao longo do Doutorado.

À ArcelorMittal BioFlorestas pela minha primeira oportunidade solo no mercado. Aos meus líderes Atus Ventura Lemos e Marcos Paulo Barcelos por tanto apoio à minha carreira e ao meu Doutorado. Também agradeço a toda equipe do Centro de Pesquisa em Melhoramento Florestal (CPMF) e equipe GDT.

À Suzano S.A pelo fornecimento dos dados e grande abertura nas conversas.

Ao José Luis Lima por tantos anos de apoio. José Luis esteve em todas as minhas defesas desde a graduação. Agradeço pelo estágio na Fibria, que foi um sonho realizado, e também pelos grandes ensinamentos. Agradeço a sua esposa Joyce e filhos Pedro, Mateus e João.

À professora Flávia Avelar por ter me acolhido no Doutorado e ter me aconselhado em diversos momentos.

Ao professor Magno Ramalho por ter me aconselhado: “faça Mestrado e Doutorado”. Hoje eu entendo o quanto isso fez e fará diferença na minha vida. Obrigada Magno por tantos anos de convivência e conselhos. Um agradecimento especial à sua esposa Leninha.

Agradeço a todos os professores por terem contribuído para minha formação.

Ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas e aos funcionários do DBI.

À Universidade Federal de Lavras pela excelência no ensino. É um orgulho ter sido aluna dessa grande instituição na Graduação, Mestrado e Doutorado. Foram mais de dez anos de muito aprendizado! Obrigada UFLA, meu quintal de emoções!

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

Às demais instituições de fomento que apoiam a pesquisa no Brasil: CNPq e FAPEMIG.

MUITO OBRIGADA!

*Não há ciência sem poesia.
E poesia é amor. (Autora)*

RESUMO GERAL

Nas últimas décadas no Brasil, intensificaram-se as avaliações de experimentos que utilizam espécies do gênero *Corymbia*, sobretudo em função da melhor qualidade da madeira. Para que as progênies dessas espécies sejam avaliadas com eficiência, a atenção deve ser direcionada à qualidade dos experimentos e à seleção. Por isso, foram realizados dois trabalhos a partir de dados de experimentos de avaliação de progênies de meios-irmãos. No primeiro trabalho, os objetivos foram verificar se ocorrem diferenças na sobrevivência de progênies (SP), entre locais e idades de avaliação; se as plantas dominadas afetam as estimativas da acurácia; e como os possíveis danos das diferenças em SP poderiam ser mitigados. Adicionalmente, verificar se a seleção precoce é eficiente. Foram utilizados experimentos com *C. maculata* conduzidos em três locais e de *C. torelliana* em quatro locais, aos três e seis anos. Os experimentos foram realizados em alfa-látice, com 40 repetições e parcelas de uma planta. Além da SP, foi obtido o DAP em centímetros. Também foram realizadas análises desconsiderando as plantas dominadas. Constatou-se que, embora houvesse diferença na SP entre as progênies e experimentos, nenhuma das estratégias utilizadas para mitigar os danos devido às diferenças na SP alterou expressivamente a classificação das progênies. Houve alta associação entre as estimativas aos três e seis anos, indicando que a seleção precoce é factível. O segundo trabalho consistiu na avaliação dos dados de DAP dos experimentos de CM e CT mencionados anteriormente, com os seguintes objetivos: estimar parâmetros genéticos e fenotípicos; utilizar essas informações visando a obtenção de alternativas que possibilitem a seleção combinadas entre e dentro e progênies; verificar a viabilidade da seleção dos melhores indivíduos de cada espécie envolvendo vários locais utilizando com referência clones testemunhas dos experimentos; discutir as diferentes alternativas para se realizar a recombinação e as consequências no progresso esperado com a seleção. Constatou-se que as estimativas de acurácia foram de média a alta magnitude em todos os experimentos. Os experimentos de CM apresentaram menor taxa de SP, o que contribuiu para o incremento do DAP médio. Isso provavelmente implicou na superioridade da herdabilidade entre plantas das progênies, as quais também foram superiores para CM. Constatou-se para ambas as espécies que o ganho com a seleção combinada foi expressivo em todos os locais. Todavia, constatou-se que, na seleção combinada, a intensidade de seleção entre as progênies foi muito baixa, mesmo considerando que a herdabilidade na média das progênies foi muito maior que entre os indivíduos. Observou-se que em algumas progênies, o número de indivíduos selecionados foi alto. Evidentemente, esse desbalanceamento excessivo no número de indivíduos selecionados de cada progênie não é aconselhável para um programa de seleção recorrente, já que na recombinação a representatividade das progênies seria muito diferente. É possível selecionar os melhores indivíduos em vários locais e formar uma única população melhorada, fazendo o ajuste pelas testemunhas comuns. A média das testemunhas foi bem superior às médias das progênies, evidenciando que serão necessários mais alguns ciclos seletivos para que as espécies CM e CT possam substituir com vantagens os clones comerciais.

Palavras-chave: *Corymbia*; Genética Quantitativa; Acurácia; Melhoramento de *Eucalyptus*.

ABSTRACT

In the last decades in Brazil, evaluations of experiments using species of the genus *Corymbia* have intensified, especially due to the better quality of the wood. In order for the progenies of these species to be evaluated efficiently, attention must be directed towards the quality of the experiments and selection. Therefore, two studies were conducted using data from evaluation experiments of half-sibling progenies. In the first study, the objectives were to verify if there are differences in progeny survival (PS) between locations and evaluation ages, if dominated plants affect accuracy estimates, and how potential damages from differences in PS could be mitigated. Additionally, early selection efficiency was examined. Experiments with *C. maculata* conducted in three locations and *C. torelliana* in four locations at three and six years were used. The experiments were conducted in alpha-lattice with 40 replications and single-plant plots. Besides PS, diameter at breast height (DBH) in centimeters was obtained. Analyses disregarding dominated plants were also performed. It was found that although there were differences in PS among progenies and experiments, none of the strategies used to mitigate damages due to differences in PS significantly altered the progeny classification. There was a high association between estimates at three and six years, indicating that early selection is feasible. The second study involved evaluating the DBH data from the CM and CT experiments mentioned earlier, with the following objectives: estimating genetic and phenotypic parameters, using this information to obtain alternatives for combined selection among and within progenies, verifying the feasibility of selecting the best individuals of each species across multiple locations using reference clones from the experiments, discussing different alternatives for recombination and the consequences on expected progress with selection. It was found that accuracy estimates were of medium to high magnitude in all experiments. CM experiments showed lower PS rates, which contributed to the increase in average DBH. This likely resulted in the superiority of heritability among progeny plants, which were also superior for CM. For both species, it was found that the gain from combined selection was significant at all locations. However, it was observed that in combined selection, the selection intensity among progenies was very low, even considering that heritability among progenies on average was much higher than among individuals. It was noted that in some progenies, the number of selected individuals was high. Evidently, this excessive imbalance in the number of selected individuals from each progeny is not advisable for a recurrent selection program, as the representativeness of the progenies in recombination would be very different. It is possible to select the best individuals across multiple locations and form a single improved population, adjusting for common witnesses. The average of the witnesses was much higher than the averages of the progenies, indicating that several more selective cycles will be necessary for CM and CT species to advantageously replace commercial clones.

Keywords: *Corymbia*; Quantitative Genetics; Accuracy; Eucalyptus Breeding.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 - Distribuição de frequência dos índices individuais para cada experimento (a. CM1; b. CM2) e índices na conjunta de locais em nível de indivíduo (c) para *C. maculata* (CM).....45
- Figura 2 - Distribuição de frequência dos índices individuais para cada experimento (a. CT1; b. CT2 e c. CT3) e índices na conjunta de locais em nível de indivíduo (d) para *C. torelliana* (CT).....45

LISTA DE TABELAS

ARTIGO 1

Table 1 - Characterization of the sites in which the tests were performed	20
Table 2 - Data on planting date, spacing, number of progenies/clones, sites and species	21
Table 3 - Estimates of the mean percentage of survival, diameter at breast height (DBH) and lower and upper limits of the estimates obtained in the <i>C. maculata</i> and <i>C. torelliana</i> progenies evaluation experiments. Data from experiments conducted in seven sites were evaluated at three and six years, considering or not considering the elimination of dominated plants (with a DBH of less than one standard deviation below the mean)	23
Table 4 - Estimated correlations between the percentage of progenies survival per experiment and the BLUP estimate of the DBH of each progeny per experiment. For DBH, the estimate of the correlation between BLUP and the arithmetic mean (r_{mb}) of each progeny per site was also obtained. Correlations between the estimates of BLUPs obtained in the evaluation of progenies of <i>C. maculata</i> and <i>C. torelliana</i> . Data from experiments conducted at seven sites of evaluations performed at three and six years, considering or not the elimination of dominated plants (with DBH of less than one standard deviation below the mean).....	24
Table 5 - Estimates of the accuracy ($r_{gg'}$) and the mean of the experiments for the diameter at breast height (DBH) obtained in the evaluation of <i>C. maculata</i> and <i>C. torelliana</i> progenies. Data from experiments conducted in seven sites were evaluated at three and six years, considering or not considering the elimination of dominated plants (with a DBH of less than one standard deviation below the mean).....	25
Table 6 - Estimated correlations between the means of the progenies and the estimates of the respective BLUPs for the trait diameter at breast height (DBH) obtained in the evaluation of <i>C. maculata</i> and <i>C. torelliana</i> progenies. Data from experiments conducted at seven sites were evaluated at three and six years, considering or not considering the elimination of dominated plants (with a DBH of less than two standard deviations below the mean)	26

ARTIGO 2

Tabela 1 - Caracterização dos ambientes em que foram realizados os ensaios.....	38
Tabela 2 - Data de plantio, espaçamento, número de tratamentos (NT), de progênes (NP) e espécie de cada local.....	39
Tabela 3 - Estimativas dos componentes da variância e outros parâmetros, com os dados ajustados (em função da média dos clones testemunhas comuns aos locais), com progênes de <i>C. maculata</i> (CM) e <i>C. torelliana</i> (CT), considerando os dados de diâmetro à altura do peito (DAP) em centímetros, aos 6 anos, por local e conjunta.....	44
Tabela 4 - Estimativa de ganho esperado com a seleção (GS) combinada utilizando progênes de meios-irmãos de <i>C. maculata</i> (CM) e <i>C. torelliana</i> (CT) obtidas em cada local. O número de indivíduos selecionados em cada local foi de 100, sendo apresentado o número de progênes avaliadas e selecionadas. Considerando o diâmetro a altura do peito (DAP) em centímetros, aos 6 anos de idade e o ganho genético em porcentagem (GS%) em relação à média das progênes.....	46
Tabela 5 - Estimativa de ganho genético com a seleção combinada (GS) e do ganho genético em porcentagem (GS%) com a avaliação de progênes de HS. Recombinação realizada por meio de clones dos indivíduos selecionados, com produção de meios-irmãos (HS) ou irmãos completos (FS) considerando duas proporções selecionadas (número de indivíduos). Em ambos os casos, foram consideradas duas proporções selecionados (HS – 100 e 150 e HF – 15 e 18).....	47
Tabela 6 - Estimativa de ganho com a seleção combinada para diâmetro a altura do peito (DAP) na avaliação de progênes de meios-irmãos (HS), considerando o índice ajustado envolvendo todos os ambientes. Recombinação visando a produção de meios-irmãos (HS) ou irmãos completos (FS). Considerando duas proporções de indivíduos selecionados	48

SUMÁRIO

	PRIMEIRA PARTE	13
1	INTRODUÇÃO GERAL	13
	REFERÊNCIAS	16
	SEGUNDA PARTE	17
	ARTIGO 1 – IMPLICATIONS OF PLANT SURVIVAL IN THE QUALITY OF EXPERIMENTS TO EVALUATE PROGENIES OF THE GENUS CORYMBIA ...	17
	RESUMO.....	17
	INTRODUCTION	18
	MATERIALS AND METHODS	20
	RESULTS	21
	DISCUSSION.....	27
	CONCLUSION.....	30
	REFERENCES	31
	ARTIGO 2 – ALTERNATIVAS DA SELEÇÃO DE PROGÊNIES EM ESPÉCIES DO GÊNERO <i>Corymbia</i>	34
1	INTRODUÇÃO.....	35
2	MATERIAL E MÉTODOS.....	38
3	RESULTADOS	42
4	DISCUSSÃO	49
5	CONCLUSÕES	55
	REFERÊNCIAS	55
	APÊNDICE.....	58

PRIMEIRA PARTE

1 INTRODUÇÃO GERAL

O melhoramento genético de *Eucalyptus* no Brasil é considerado um grande sucesso. Ganhos extraordinários foram alcançados com a cultura ao longo das últimas décadas. A produtividade passou de $10\text{m}^3\cdot\text{ha}^{-1}\cdot\text{ano}^{-1}$ para $39\text{m}^3\cdot\text{ha}^{-1}\cdot\text{ano}^{-1}$ em 2022 (IBÁ, 2023). Esse sucesso se deve, em grande parte ao desenvolvimento e aprimoramento da técnica de clonagem, à melhoria do manejo, da silvicultura, do melhoramento genético (CASTRO *et al.*, 2016).

Com a expansão dos plantios por todo território nacional, os clones esbarraram em novas condições, antes inexploradas. Novos ambientes, com condições edafoclimáticas distintas e em contato com novas pragas e doenças, o que acendeu um alerta nos pesquisadores, principalmente após o surgimento do distúrbio fisiológico. Os melhoristas precisam buscar sempre populações de plantas ou clones superiores aos pré-existentes. Assim, existe a necessidade da continuidade nos ganhos em produtividade, diante as novas pressões de estresses bióticos e abióticos.

Em busca de ganhos adicionais para produtividade e qualidade da madeira, visando a atender as indústrias, aos programas de melhoramento genético existentes começaram a explorar também outras espécies. Entre as de maior destaque estão *Corymbia maculata*, *C. torelliana* e *C. citriodora*.

Embora ocorra heterose entre os cruzamentos entre essas espécies, o aproveitamento dessa heterose por meio de clones só se tornou possível mais recentemente (ASSIS, 2022). Com o aprimoramento das técnicas de manejo, sobretudo com as técnicas de clonagem, os clones dessas duas espécies começam as ser utilizados pelas empresas em escala operacional.

Para que o programa de melhoramento se torne eficiente, é primordial realizar a seleção recorrente (SR) intrapopulacional nas populações puras. A SR envolve basicamente três etapas: a obtenção da população base, a avaliação das plantas/progênes e a recombinação das melhores (HALLAUER *et al.*, 2010; RUTKOSKI, 2019). Entre essas etapas, a avaliação e seleção de progênes é a que demanda maior cuidado. Isso porque, quando essa etapa não é eficiente, indivíduos cujo fenótipo não corresponde aos melhores genótipos são recombinados. Desse modo, ocorrem perdas no programa de melhoramento, principalmente relacionadas ao tempo e aos recursos empregados.

Para selecionar os melhores indivíduos, ou seja, aqueles cujo fenótipo corresponda ao genótipo, é necessário que os experimentos de avaliação de progênies tenham a maior acurácia possível. Existem diversos fatores que podem afetar a acurácia, dentre eles a sobrevivência das plantas nos experimentos, principalmente quando são utilizados experimentos com uma única planta por parcela (STP). Nesse caso, as consequências das diferenças na sobrevivência são mais difíceis de serem minimizadas, pois cada perda de planta pode impactar a precisão da média de cada progênie. Portanto, essa diferença de sobrevivência de plantas, causando desbalanceamento, ainda não foi devidamente explorada com espécies de *Corymbia*, consideradas em início de domesticação no Brasil.

Os experimentos são normalmente conduzidos em diversos ambientes, embora o objetivo seja apenas uma população melhorada para a empresa que está conduzindo o programa de SR. Nessa condição, algumas questões surgem e precisam ser respondidas. Uma das indagações é: Como os experimentos, em alguns casos, utilizam STP, qual seria o procedimento para estimar o ganho com a seleção dentro das melhores progênies ou na seleção denominada combinada? Esse questionamento ocorre porque, ao utiliza STP, parte da variação genética entre as plantas de uma mesma parcela é isolada pela fonte de variação blocos/repetições. Esse fato, evidentemente, dificulta a obtenção de estimativas fidedignas dentro das progênies. Infelizmente, não foi encontrada informação a esse respeito na literatura. Adicionalmente, como os experimentos são realizados em mais de um ambiente, qual deve ser o procedimento para se obter uma única população melhorada? Esse tema também é pouco abordado e aparentemente as informações a esse respeito não estão disponíveis na literatura.

Todavia, na literatura existem informações que utilizam equações do ganho com a seleção (GS) que relatam que, na maioria das situações, a utilização de progênies de HS possibilita ter maior GS do que com irmãos completos (FS) (HALLAUER, MIRANDA FILHO, CARENA, 2010; RAMALHO, SOUZA, SILVA JUNIOR, 2023; RESENDE, 2015). Contudo, o problema é a recombinação por meio dos cruzamentos ao acaso, o que dificilmente possibilita o envolvimento de todas as plantas no momento dos cruzamentos. A respeito disso, Ramalho, Souza e Silva Junior (2023) comentam que a recombinação com meios-irmãos (HS), na maioria das situações, pode colocar em xeque todo o sucesso da SR realizada, ou seja, obtendo progênies de irmãos-completos (FS) para a continuidade do processo. Com essa estratégia, a recombinação dos indivíduos identificados nos diferentes locais poderia ocorrer em outro local, resultando em uma única população aprimorada.

Com base no exposto e utilizando dados de experimentos com avaliação de progênies de HS das espécies *C. maculata* e *C. torelliana*, conduzidos em diferentes locais, essa pesquisa

foi realizada com os seguintes objetivos: verificar se há diferença na sobrevivência das progênies entre locais e idades de avaliação; avaliar se plantas dominadas (aquelas que apresentam um desvio padrão abaixo a média geral) afetam a estimativas de acurácia e discutir como os possíveis danos das diferenças de sobrevivência das plantas (SP) podem ser mitigados. Adicionalmente, o trabalho também teve como objetivos: estimar parâmetros genéticos e fenotípicos; utilizar essas informações visando a obtenção de alternativas que possibilitem a seleção dentro das progênies quando os experimentos são conduzidos utilizando uma planta por parcela; verificar a viabilidade da seleção dos melhores indivíduos de cada progênies envolvendo vários locais; discutir as diferentes alternativas para realizar a recombinação e as consequências nas estimativas do progresso esperado com a seleção.

REFERÊNCIAS

- CASTRO, C. A. de O.; BHERING, L. L.; CRUZ, C. D. Brief history of Eucalyptus breeding in Brazil under perspective of biometric advances. **Ciência Rural**, [Santa Maria – RS], v. 46, p. 1585-1593, 2016. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cr/a/Ky6FBf5m7WMNLxkwtYQPhrp/#>. Acesso em: 3 dez. 2023.
- ASSIS, F.; REIS, T. C. A. F. Recomendação de espécies e híbridos. *In*: RESENDE, R. T.; BORÉM, A.; LEITE, H. G. (org.). **Eucalipto: do plantio à colheita**. São Paulo-SP: oficina de Textos, (2022). ISBN 978-6586235-61-1.
- HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. de. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 2010.
- INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES. **Cenários IBÁ: Estatísticas da indústria brasileira de árvores**. Disponível em: <https://www.iba.org/>. Acesso em: 28 jul. 2022.
- RAMALHO, M. A. P.; SOUZA, T. da S.; SILVA JÚNIOR, V. P. da. INTRAPOPULATION RECURRENT SELECTION STRATEGIES IN PLANT BREEDING. **Functional Plant Breeding Journal**, [S. l], v. 5, n. 1, 2023. Disponível em: <http://159.89.122.252/fpbj/index.php/fpbj/article/view/181>. Acesso em: 3 dez. 2023.
- RESENDE, M. D. V. **Genética quantitativa e de populações**. 1 ed. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2015.
- RUTKOSKI, J. E. A practical guide to genetic gain. **Advances in agronomy**, [S. l], v. 157, p. 217-249, 2019. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0065211319300549>. Acesso em: 3 dez. 2023.

SEGUNDA PARTE**ARTIGO 1 – IMPLICATIONS OF PLANT SURVIVAL IN THE QUALITY OF EXPERIMENTS TO EVALUATE PROGENIES OF THE GENUS CORYMBIA**

Artigo submetido ao periódico Acta Scientiarum.Agronomy

RESUMO

A avaliação de progênies das espécies *Corymbia maculata* e *C. torelliana* tem recebido grande atenção no Brasil na última década. Para que o processo seja eficiente a acurácia dos experimentos deve ser a maior possível. Entre os fatores que afetam a acurácia estão a sobrevivência das plantas (SP) e a idade de avaliação. O objetivo do trabalho foi o de verificar se ocorre diferenças na SP das progênies, entre locais e idades de avaliação; se as plantas dominadas afetam as estimativas da acurácia e adicionalmente discutir como os possíveis danos das diferenças em SP poderiam ser mitigados. Foram utilizados dados de avaliação de progênies de meios irmãos de *C. maculata* conduzida em três locais e de *C. torelliana* em quatro locais. Os experimentos foram implantados no delineamento de alfa-látice com 40 repetições e parcela de uma única planta (STP). Os dados do diâmetro à altura do peito (DAP) e de sobrevivência (SP) foram obtidos aos três e seis anos. Também foi desconsiderada nas estimativas da sobrevivência todas as plantas que apresentaram DAP com um desvio abaixo da média (plantas dominadas). Constatou-se que embora ocorresse diferença na sobrevivência das plantas entre as progênies e experimentos, nenhuma das estratégias utilizadas para mitigar os danos devido as diferenças na SP alterou expressivamente a classificação das progênies. Houve alta associação entre as estimativas obtidas com três e seis anos, indicando que, para espécies do gênero *Corymbia*, a seleção precoce é factível.

PALAVRAS-CHAVE: Genética Quantitativa; Melhoramento de *Corymbia*; Experimentação.

ABSTRACT

The evaluation of *Corymbia maculata* and *C. torelliana* progenies has received much attention in Brazil in the last decade. For the process to be efficient, experiments must be as precise as

34 possible. Factors that affect accuracy include plant survival (PS) and assessment age. The
35 objectives of this study were to determine whether there are differences in progeny PS between
36 evaluation sites and ages, whether dominated plants affect precision estimates, and how
37 potential damage caused by differences in PS can be mitigated. Data from the evaluation of
38 half-sib progenies of *C. maculata* in three sites and *C. torelliana* in four sites were used. The
39 experiments were implemented in an alpha-lattice design with 40 repetitions and a single tree
40 plot (STP). Diameter at breast height (DBH) and PS data were obtained at three and six years
41 of age. All plants that presented DBH with a deviation below the mean (dominated plants) were
42 not considered in survival estimates. Although there was a difference in plant survival between
43 progenies and experiments, none of the strategies used to mitigate damage due to differences
44 in PS significantly changed the classification of progenies. There was a high association
45 between the estimates obtained at three and six years of age, indicating that for species of the
46 genus *Corymbia*, early selection is viable.

47 **KEYWORDS:** Quantitative Genetics; *Corymbia* Breeding; Experimentation; Plant Breeding.

48

49 INTRODUCTION

50 Much of the success of eucalyptus cultivation in Brazil is due to recurrent selection
51 (RS) performed for several decades. Initially, mass selection occurred in populations of some
52 introduced species, starting in the early 20th century, and later also using half-sib (HS) or full-
53 sib (FS) progenies (Ferreira, 2015). RS basically involves three steps: obtaining the base
54 population, evaluating the plants/progenies and recombining the best ones (Rutkoski, 2019). Of
55 these three stages, the identification of plants/progenies is the one that demands the most
56 attention. This is because, when it is not performed efficiently, individuals whose phenotypes
57 do not have the best genotypes among those evaluated in the population are recombined. Thus,
58 there is an enormous loss of time and resources, especially in the case of perennial plants.

59 For genotypically superior individuals to be chosen, progeny evaluation experiments
60 must have greater accuracy, that is, the greatest possible experimental precision. There are
61 several factors that can affect experimental precision. Among them, the differences in plant
62 survival of the evaluated progenies stand out. When there are experimental plots with more than
63 one plant, the differences in the number of plants within the plots have been the subject of
64 numerous studies on annual plants (Ramalho, Ferreira, & Oliveira, 2012; Silva, Menezes,
65 Tardin, Souza, & Santos, 2014) and perennial species such as *Eucalyptus* and other forest
66 species (Ferreira et al., 2020).

67 However, experiments on perennial species with a single tree plot (STP) have become
68 very frequent. In principle, the consequences of differences in survival are more difficult to
69 mitigate. This is because each plant loss should affect the difference in precision with which
70 the mean of each progeny is obtained. When analysing the data with the mixed models (MM)
71 method, it is expected that the effects of imbalances will be attenuated (Bernardo, 2020;
72 Resende, 2015).

73 In recent decades, the search for new species of perennial plants in Brazil has intensified
74 to provide more options for wood production to meet the growing cellulose and charcoal
75 demands. Among these species, those of the genus *Corymbia* have received more attention due
76 to the quality of the wood and greater tolerance to some biotic and abiotic factors than the
77 *Eucalyptus* species that are currently being used (Reis, Assis, Santos, & Paludzyszyn Filho,
78 2014a; Reis, Assis, Santos, & Paludzyszyn Filho, 2014b; Silva, Lee, Amancio, & Araujo, 2022;
79 Araujo, Lee, Tambarussi, Paula, & Silva, 2021).

80 Among these new species, such as *C. torelliana* and *C. maculata*, progeny evaluation
81 experiments have been conducted in several sites across the country. However, there is no
82 information on the consequences of possible differences in the mean percentage survival
83 between progenies, especially on their effect, which causes an imbalance in experimental
84 accuracy. Additionally, because it is a species domesticated under cultivation conditions in
85 Brazil, great variability is expected, especially for the growth traits among plants of the same
86 progeny. Under these conditions, the differential occurrence of dominated plants, for example,
87 with one or more standard deviations below the mean, in experiments in STP with respect to
88 accuracy, is still unknown. Some information in this regard already exists for *Eucalyptus*
89 progenies and clones used in Brazil (Ferreira et al., 2020; Santos et al., 2021). Furthermore, as
90 it is a species domesticated under cultivation conditions different from those existing in Brazil,
91 great variability is expected, especially in the growth traits between plants of the same progeny.
92 Under these conditions, the effect of the differential occurrence of dominated plants is not yet
93 known. Dominated plants are considered, for example, those with one or more standard
94 deviations below the mean. Some information in this regard already exists for *Eucalyptus*
95 progenies and clones used in Brazil (Ferreira et al., 2020; Santos et al., 2021).

96 Thus, using data from progeny evaluation experiments of *C. torelliana* and *C. maculata*
97 conducted in several sites in Brazil in the STP, this study was conducted with the objective of
98 verifying whether there are differences in the PS of the progenies between sites and ages of

99 evaluation and whether the dominated plants affect the estimates of accuracy and additionally
100 discussing how the possible damage caused by differences in PS can be mitigated.

101 MATERIALS AND METHODS

102 The data used here come from the evaluation of *C. maculata* and *C. torelliana*
103 progenies and commercial *Eucalyptus* clones; the data were kindly provided by the company
104 Suzano SA. The seven experiments were implemented in 2014 in the states of Bahia, Espírito
105 Santo and São Paulo. Table 1 presents some traits of the sites where each experiment was
106 performed.

107 Table 1 - Characterization of the sites in which the tests were performed.

Site	Experiment	Code	Mean annual precipitation (mm)	Altitude (m)	Soil Type
BAHIA	ARA.14.MG2.010	Site 1	1187	72	Argisol
	ARA.14.MG2.012	Site 2	1188	73	Argisol
	ARA.14.MG2.013	Site 3	944	82	Argisol
ESPÍRITO SANTO	ARA.14.MG2.014	Site 4	1159	25	Oxisol
	ARA.14.MG2.015	Site 5	1159	24	Oxisol
SÃO PAULO	SUL.14.MG6.037	Site 6	1214	681	Oxisol
	SUL.14.MG6.038	Site 7	1214	687	Oxisol

108

109 The experiments had varying numbers of progenies and clones (Table 2), which were
110 composed of progenies of *C. maculata* (sites 1, 5 and 7) and *C. torelliana* (sites 2, 3, 4 and 6).
111 All experiments included commercial clones of the genus *Eucalyptus* as controls.

112 The experiments were implemented in an alpha-lattice design with 40 repetitions
113 (number of plants per progenies/site) and a single tree plot (STP). The spacing varied according
114 to the site (Table 2), and crop management was traditionally used by the company. The diameter
115 at breast height (DBH) in centimetres was measured at three and six years after planting.

116 The DBH data were subjected to analysis of variance using linear mixed models. As
117 the efficiency of the lattice was low, analyses were performed in randomized blocks.

118

119

120 Table 2 - Data on planting date, spacing, number of progenies/clones, sites and species.

Code	Planting Date	Spacing (m)	Number of treatments	Number of progenies	Progeny species
Site 1	05/11/2014	3x3	70	64	<i>C. maculata</i>
Site 2	05/11/2014	3x3	72	65	<i>C. torelliana</i>
Site 3	26/11/2014	3x2,5	72	57	<i>C. torelliana</i>
Site 4	19/12/2014	3x2	72	64	<i>C. torelliana</i>
Site 5	19/12/2014	3x2	70	64	<i>C. maculata</i>
Site 6	18/11/2014	3x2	72	65	<i>C. torelliana</i>
Site 7	19/11/2014	3x2	70	64	<i>C. maculata</i>

121

122 The percentage of plant survival (PS) was obtained at the same ages as DBH by the
123 equation: $PS = [(40 - \text{number of repetitions of each treatment})/40] \times 100$. The
124 percentage of plants was also obtained without considering the occurrence of dominated plants.
125 That is, all plants that presented DBH with one deviation below the mean were not considered
126 in survival estimates by the same estimator presented previously. Data without elimination of
127 dominated plants were called unadjusted, and those with elimination of dominated plants were
128 considered adjusted.

129 Estimates of BLUP's, accuracy (r_{gg}) and coefficient of variation were obtained for each
130 site, including all treatments (progenies and clones used as controls). Additionally, the
131 following correlations were estimated: between the independent variable (X) PS and the
132 dependent variable (Y) BLUP's of the DBH of the progenies, without and with adjustment;
133 between the BLUP's and the arithmetic means of the DBH of the progeny means; and between
134 BLUP's of measurements taken at three and six years of age.

135 All analyses were performed using R Core Team software (2022).

136

137 RESULTS

138

139 The mean plant survival was relatively high across the seven sites, above 85% up to
140 three years and above 72% up to six years (Table 3). However, the percentage of survival of
141 *Corymbia* progenies varied among experiments/sites. The mean was 69.9% (site 7 - *C.*
142 *maculata*), 98.6% (site 6 - *C. torelliana*) at three years and 37.4% (site 5 - *C. maculata*) and

143 95.1% (site 4 - *C. torelliana*) at six years. Thus, on mean in the seven sites, the percentage of
144 dead plants from planting to three years was 14.86% and, from three to six years, 12.78%, i.e.,
145 very similar mean results. However, it should be noted that this percentage varied among the
146 assessment settings. For example, at site 2, the loss of plants from planting to three years was
147 only 3.5%, and from three to six years, it was even lower, at 1.4%. At site 7, the mean plant
148 mortality was much higher from planting to three years (30.1%) than from three to six years
149 (5.1%).

150 Notably, there was a difference in the mean survival of the progenies, which was
151 observed in the lower and upper limits of survival in each site. In many sites, some progenies
152 showed 100% survival; however, in some cases, all or almost all of the plants of a given progeny
153 died (Table 3); in others, the plants did not die but presented much lower survival than the
154 others (dominated plants), and therefore, it is possible that this difference may affect the
155 experimental quality.

156 Plants that presented an estimated DBH of one or more standard deviations below the
157 mean were also considered dominated. As expected, the overall mean survival decreased,
158 showing that numerous plants were considered dominated. The difference between the mean
159 survival of plants at three years (85.1%) and that obtained considering the elimination of
160 dominated plants (72.0%) shows that the plants with a DBH of one standard deviation below
161 the mean were 13.1%. From three to six years, the percentage of dominated plants was 10.9%
162 (72.4-61.5%) (Table 3).

163 The wide variation in dead or dominated plants between sites is a very favourable
164 condition to achieve the objective of this study, which is to evaluate the consequences of plant
165 losses on the quality of experiments when evaluating progenies of *C. maculata* and *C. torelliana*
166 early during its development or close to the felling of trees.

167 There was a significant difference between the means of the DBHs between the sites.
168 The mean of the sites ranged from 6.9 cm (site 3) to 9.9 cm (site 7) at three years of age and
169 11.9 cm (site 3) to 16.1 cm (site 1) at six years of age (Table 3). The difference between the
170 lower and upper limits of the mean DBH among the progenies was high, indicating variation
171 between the means of the progenies in the different sites. As expected, when only plants with
172 DBHs with at least one or more standard deviations below the mean were eliminated, a mean
173 increase in DBH occurred. At three years, the increase in the general mean was 7.8%, and at
174 six years, it was 8.4%; that is, the effect of eliminating dominated plants, in terms of the general
175 mean of the progenies, was relatively small (Table 3).

176 Table 3 - Estimates of the mean percentage of survival, diameter at breast height (DBH) and
 177 lower and upper limits of the estimates obtained in the *C. maculata* and *C. torelliana* progenies
 178 evaluation experiments. Data from experiments conducted in seven sites were evaluated at three
 179 and six years, considering or not considering the elimination of dominated plants (with a DBH
 180 of less than one standard deviation below the mean).

Years	Sites	DBH				% Survival			
		Without		With		Without		With	
3	1	9.8	(6.9-14.7)	11.1	(8.3-14.9)	72.8	(45-100)	58.6	(30-100)
	2	9.3	(7.4-13.8)	9.7	(8.4-13.8)	96.5	(50-100)	84.3	(23-100)
	3	6.9	(5.9- 8.8)	7.3	(6.4-9.1)	89.0	(53-98)	78.0	(33-93)
	4	7.6	(0.0-12.1)	7.9	(0.0-12.1)	92.8	(0-100)	76.4	(0-93)
	5	7.9	(5.0-13.4)	8.9	(6.7-13.4)	76.4	(40-100)	61.8	(30-100)
	6	9.1	(5.9-15.4)	9.6	(8.1-15.4)	98.6	(75-100)	85.7	(25-100)
	7	9.9	(7.1-17.7)	10.7	(8.2-17.7)	69.9	(38-100)	59.1	(18-100)
6	1	16.1	(8.2-26.4)	17.9	(11.9-22.9)	44.7	(10-100)	36.8	(0-100)
	2	13.8	(10.0-22.9)	14.4	(11.9-22.9)	95.1	(35-100)	83.9	(22.5-100)
	3	11.9	(9.5-19.3)	12.6	(10.4-20.7)	81.1	(30-100)	70.8	(27-88)
	4	12.2	(0.0-24.9)	12.9	(0.0-24.9)	88.7	(0-100)	75.8	(0-98)
	5	15.3	(9.5-27.3)	17.0	(12.6-27.3)	37.4	(3-98)	30.0	(3-98)
	6	14.1	(8.1-25.4)	15.1	(12.2-25.4)	94.7	(35-100)	80.4	(18-100)
	7	14.3	(9.29-24.2)	16.0	(11.3-24.2)	64.8	(35-98)	52.8	(23-98)

181 *The identification of the respective sites is shown in Table 1. Without – not considering the
 182 occurrence of dominated plants and with – considering the occurrence of dominated plants.

183

184 The estimates of the correlations between DBH and survival (r_{ds}), considering the means
 185 of the progenies, in each site, showed great variation (Table 4). Correlation estimates increased
 186 slightly when calculated over six years compared to three years. Considering three years and
 187 involving all sites, the r_{ds} ranged from -0.02 (site 3) to 0.60 (site 7). At six years of age, the
 188 lowest r_{ds} was for site 3 (-0.20) and the highest was for site 1 (0.71). Considering dominated
 189 plants or not had little effect on the r_{ds} estimates, although in all cases there was a tendency for
 190 the value to increase when dominated plants were included. Taking the mean of the seven sites,
 191 as a reference and considering all plants, only 11.6% ($r_{ds} = 0.34^2$) of the DBH variation was
 192 explained by survival at three years. This value rose to 13.7% ($r_{ds}=0.38^2$) in assessments at six
 193 years of age.

194 Table 4. Estimated correlations between the percentage of progenies survival per experiment
 195 and the BLUP estimate of the DBH of each progeny per experiment. For DBH, the estimate of
 196 the correlation between BLUP and the arithmetic mean (r_{mb}) of each progeny per site was also
 197 obtained. Correlations between the estimates of BLUPs obtained in the evaluation of progenies
 198 of *C. maculata* and *C. torelliana*. Data from experiments conducted at seven sites of evaluations
 199 performed at three and six years, considering or not the elimination of dominated plants (with
 200 DBH of less than one standard deviation below the mean).

201

Sites	Correlations of DBH means with Survival				Correlation of BLUP's at 3 and 6 years	
	3 years		6 years		Without	With
	Without	With	Without	With		
1	0.58	0.64	0.71	0.67	0.88	0.85
2	0.21	0.45	0.13	0.36	0.96	0.96
3	-0.02	0.08	-0.20	0.05	0.87	0.89
4	0.47	0.38	0.33	0.52	0.93	0.95
5	0.28	0.53	0.46	0.50	0.81	0.75
6	0.25	0.39	0.21	0.42	0.96	0.96
7	0.60	0.59	0.53	0.56	0.95	0.94

202 *The identification of the respective sites is shown in Table 1. Without – not considering the
 203 occurrence of dominated plants and with – considering the occurrence of dominated plants.

204

205 Even considering the experiments with a single tree per plot (STP), with 40 repetitions,
 206 the estimates of accuracy ($r_{gg'}$) for DBH were of small to medium magnitude. The highest
 207 estimate of $r_{gg'}$ was 0.81 at three years of age with adjustment (site 6). However, regardless of
 208 the site, the age of evaluation and considering or not dominated plants, of the 28 $r_{gg'}$ estimates
 209 obtained, only nine had a magnitude greater than 0.70. In general, the $r_{gg'}$ estimates had a slight
 210 increase when considering the evaluation performed at six years compared to three years. The
 211 same observation is relevant in the comparisons of $r_{gg'}$ when considering the elimination of
 212 dominated plants compared to those without elimination (Table 5). Estimates of $r_{gg'}$ varied

213 among sites. Considering at three years the lowest estimate was obtained at sites 3 and 4 and
214 the highest was obtained at site 6.

215 The correlation estimates for DBH using the BLUPs of each treatment at three and six
216 years were noteworthy. They were of great magnitude, and only one estimate was below 0.81
217 (Table 4). These correlation estimates are consistent with the results already mentioned,
218 according to which there should be no significant differences in the information obtained at age
219 three or six years of plants.

220 The correlation estimates, considering the DBH, between the arithmetic means and the
221 BLUP estimates between the progenies were all great magnitude, close to 1.0. In other words,
222 the classification of progenies by means was practically the same as that obtained by BLUPs,
223 regardless of age, in all sites. These correlation estimates also allow us to infer that the inclusion
224 of dominated plants did not affect the analysis results. Additionally, it can be argued that
225 although the experiments presented different levels of imbalance, the variation in survival
226 between progenies and between sites did not affect the estimates of the correlations of the means
227 and BLUPs obtained. In other words, the use of mixed models did not significantly mitigate the
228 variation in PS between experiments.

229

230 Table 5 - Estimates of the accuracy (r_{gg}) and the mean of the experiments for the diameter at
231 breast height (DBH) obtained in the evaluation of *C. maculata* and *C. torelliana* progenies.
232 Data from experiments conducted in seven sites were evaluated at three and six years,
233 considering or not considering the elimination of dominated plants (with a DBH of less than
234 one standard deviation below the mean).

Sites		Accuracy		Mean	
		3 years	6 years	3 years	6 years
1	Without	0.52	0.63	9.82	16.07
	With	0.54	0.64	11.07	17.86
2	Without	0.69	0.73	9.34	13.82
	With	0.75	0.77	9.68	14.44
3	Without	0.43	0.56	6.91	11.86
	With	0.51	0.61	7.30	12.60

4	Without	0.43	0.58	7.57	12.22
	With	0.51	0.63	7.92	12.88
5	Without	0.66	0.70	7.93	15.30
	With	0.69	0.69	8.95	17.10
6	Without	0.77	0.73	9.13	14.07
	With	0.81	0.76	9.61	15.08
7	Without	0.69	0.56	9.86	14.33
	With	0.74	0.58	10.66	16.03

235 *The identification of the respective sites is shown in Table 1. Without – not considering the
 236 occurrence of dominated plants and with – considering the occurrence of dominated plants.

237

238 Table 6 - Estimated correlations between the means of the progenies and the estimates of the
 239 respective BLUPs for the trait diameter at breast height (DBH) obtained in the evaluation of *C.*
 240 *maculata* and *C. torelliana* progenies. Data from experiments conducted at seven sites were
 241 evaluated at three and six years, considering or not considering the elimination of dominated
 242 plants (with a DBH of less than two standard deviations below the mean).

Sites	3 years		6 years	
	Without	With	Without	With
1	0.99	0.99	0.99	0.98
2	0.99	0.99	0.99	0.99
3	0.99	0.99	0.99	0.99
4	0.99	0.99	0.99	0.99
5	0.98	0.98	0.94	0.94
6	0.99	0.99	0.99	0.99
7	0.99	0.99	0.99	0.99

243 *The identification of the respective sites is shown in Table 1. Without – not considering the
 244 occurrence of dominated plants and with – considering the occurrence of dominated plants.

245

246 **DISCUSSION**

247

248 The experiments were carried out in seven sites, involving three states with different
249 edaphoclimatic conditions that well represent the cultivation conditions of planted forests in
250 Brazil (Table 1). As mentioned previously, non-*Corymbia* controls (clones) were included in
251 all experiments. Furthermore, the progenies were not common to all sites; four sites included
252 progeny of *C. torelliana* and three sites included progeny of *C. maculata*. Even so, as survival
253 was assessed by site, the term progenies will be considered in the discussion regardless of
254 whether they are progenies of the same species or whether they are clones or not, without the
255 concern of being the same from one site to another. This is because in the context of the research
256 objectives, the interest is to see the implications of the difference in survival based on the
257 “quality” of the information obtained.

258 Although the first introductions of plants of the species *C. maculata* and *C. torelliana*
259 in Brazil occurred more than fifty years ago, they have only recently received greater attention
260 from breeding programs, mainly because they have good tolerance to some climatic stresses
261 (Reis et al., 2014a; Reis et al., 2014b; Silva et al., 2017; Araújo et al., 2021; Silva et al., 2022).
262 Additionally, it seems that these species are tolerant to disturbances that cause numerous
263 damages to clones from species of the genus *Eucalyptus* in some regions of southern Bahia and
264 Espírito Santo. For this reason, obtaining information that can improve progeny evaluations is
265 essential.

266 The mean percentage plant survival (PS) of the progenies was 85.1% at three years and
267 72.4% at six years. However, there was a wide variation in PS between and within sites. For
268 example, PS at age 6 years ranged from 37.4% (site 5) to 95.1% (site 2) (Table 3).

269 There was also wide variation in PS among progenies. Considering again the PS
270 evaluation performed at six years of age, progenies with 100% survival were identified at two
271 sites and the lower limit of PS was lower than 36%. In an evaluation of the PS of the species of
272 the genus *Corymbia* in Itatinga, state of São Paulo, the PS of *C. maculata* progenies was 93%
273 (Silva et al., 2022) and that of *C. torelliana* was 95% (Araújo et al., 2021). These results allow
274 us to infer that the adaptation of *Corymbia* in Brazil is relatively good, although it is considered
275 a species still at the beginning of domestication in Brazil (Reis et al., 2014a; Reis et al., 2014b).

276 Survival is a quantitative trait whose phenotypic variation must have a genetic,
277 environmental, and genotype-by-environment interaction (GE) origin. The genetic variation is
278 confirmed by the difference between the PS of the progenies. The existence and interaction of

279 progenies by environment/site was not possible to estimate because in each site, the plot
280 consisted of only one plant, i.e., there was no repetition for PS per site. The existence of
281 variation in the mean PS between the sites can be considered environmental, provided that 40
282 plants are considered a representative sample of each progeny. The environmental effect
283 between the different sites can be attributed to other factors, including climatic conditions,
284 seedling management in the nursery and especially at planting, and the occurrence of pests and
285 diseases.

286 Regardless of the origin of the variation in plant survival in these experiments, it was
287 fundamental for the objectives of this study to be achieved. That is, verification of the possible
288 effects of the variation in survival on the quality of the experiments was necessary. Bearing in
289 mind that each plot had only one tree (STP), the difference in survival causes an imbalance in
290 the number of repetitions of the treatments, and consequently, reduce in the accuracy of the
291 selection of the progenies is expected. Unfortunately, no report on this matter was found in
292 previous experiments in the literature to evaluate progenies of any other species of the genus
293 *Corymbia*. There are reports in this regard for evaluation experiments of progenies of the genus
294 *Eucalyptus*, especially with plots containing several plants (Araujo, Dias, Scarpinati, & Paula,
295 2015) and in STP (Ferreira et al., 2020).

296 The first question is what are the implications of the difference in survival in terms of
297 the plants that remained in the experiment? One of the implications is that some researchers
298 question the use of STP because a given plant of a progeny could benefit from the no survival
299 of one or more neighbouring plant(s). In fact, with a reasonable number of progenies being
300 evaluated with 40 repetitions, randomly distributed as in the present study, the probability that
301 any progeny would benefit is very small. This fact was also confirmed by Santos et al. (2021)
302 in experiments involving the evaluation of *Eucalyptus* clones at various sites. As each progeny
303 is repeated 40 times, the mean performance of any progeny could hardly benefit. This can be
304 confirmed by estimating the correlation (r_{ds}) between PS as the independent variable and the
305 mean growth and development of the progenies using the mean DBH as the reference variable.
306 Three situations could occur: the estimates of positive and high r_{ds} , that is, the DBH would
307 increase with the increase of the PS; negative and high or r_{ds} , i.e., the highest DBH means would
308 occur when PS was of lower magnitude and the third option or r_{ds} close to zero, i.e., the DBH
309 mean, and PS would be independent. The estimates of r_{ds} obtained in this study were, in general,
310 of small magnitude, although many with r_{ds} different from zero (Table 4). It appears that only
311 a small proportion of the differences in DBH were explained by variations in PS; that is, the
312 magnitude of DBH was independent of PS, as was also observed by Simeão, Fernandes,

313 Resende, Sturion, & Ulbrich (2002).

314 When there is a difference in survival, the experiments are unbalanced, especially in
315 the case of the one tree per plot (STP) experiment, because plant losses lead to loss of
316 repetitions. In this situation, the best option is to perform the analyses using the method of
317 mixed models (MM) (Resende, 2015, Bernardes, 2020). One of the ways to evaluate the
318 efficiency in the use of MM, to the detriment of the method of least squares, that is, the
319 arithmetic mean of the data of each progeny, is through the estimates of the correlation between
320 the means of the DBH in the present situation of the treatments and the estimates of the BLUPs
321 of the referred treatments. In the present case, the estimates of correlations between the means
322 of the progenies and the estimates of the respective BLUPs (r_{mb}) for the situations with and
323 without adjustment of the dominated plants at three and six years were all high, that is, above
324 0.93 (Table 6). It appears that, despite the unbalanced experiments, the magnitude of the
325 imbalances (difference in the percentage of survival) was insufficient to significantly affect the
326 classification of the progenies (Reis, Gonçalves, Ramalho, & Rosado, 2011).

327 Another way of evaluating the difference in the number of plants/repetitions per
328 progeny in the quality of the information obtained is through estimates of the accuracy. Initially,
329 the experiments were performed in STP with 40 repetitions. Even so, the estimates of $r_{gg'}$,
330 although different between sites and considering or not considering the dominated plants, were
331 of low to medium magnitude. The $r_{gg'}$ ranged from 0.43 to 0.77 (Table 5). At six years of age,
332 there was a slight increase, although the same trend was observed for the differences in PS.
333 Notably, when plants with DBH less than one standard deviation below the mean per site were
334 eliminated, there was a small increase in the accuracy estimates.

335 From the above, it can be inferred that the precision of the evaluated experiments, based
336 on the accuracy estimates, is practically independent of the percentage of survival and level of
337 imbalance. Unfortunately, as previously mentioned, no information in this regard was found in
338 the literature for species of the genus *Corymbia*. However, in an experiment to evaluate
339 progenies and especially clones of the genus *Eucalyptus*, the results were consistent with those
340 found in the present study (Ferreira et al., 2020; Santos et al., 2021). It should be noted,
341 however, that the estimates of accuracy in these *Corymbia* experiments were of lower
342 magnitude than those obtained in other conditions involving the evaluation and progenies or
343 mainly clones of the genus *Eucalyptus*. The hypotheses to explain the lower accuracies with
344 *Corymbia* can be attributed to some factors, such as the lower adaptation of the species than
345 *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla*. Another perhaps more important factor is the
346 variation among plants of the same progeny. In the literature, there are reports that the genetic

347 variation within progenies is greater than that among progenies (Silva et al., 2022). Thus, in the
348 STP experiments, the genetic variation within the progenies, together with the environmental
349 variation that normally occurs, is partly controlled by the block variation source. However,
350 when there is much variation between blocks, in the case between plants of the progenies, this
351 variation contributes to a higher estimate of the progenies x blocks interaction that is included
352 in the error. Thus, part of the error magnitude is a function of the genetic variance within the
353 progenies that contributes to the increase in error variance and, consequently, decreases the
354 accuracy estimate.

355 However, Resende and Alves (2022) argue that the magnitude of the accuracy depends
356 on the stage of the breeding program. For example, in the final evaluation of clones for
357 recommendation for forest exploitation, the $r_{gg'}$ must have a magnitude above 0.93. However,
358 in a situation such as the one in the present study involving early stages of progeny evaluation
359 of species in the domestication phase, $r_{gg'}$ values below 0.5 are acceptable. According to the
360 results in Table 5, even considering the difference in survival, the experiments should not be
361 discarded in any of the situations due to the estimates of accuracies obtained.

362 Finally, it is worth noting that the studies conducted to date with the objective of
363 verifying the effect of the difference in plants/repetitions in the experiments were conducted
364 with data collected over three years. In this situation, it has been questioned whether three years
365 would be enough time to generalize the data. In the present study, the information was obtained
366 at three and six years of age, and the results were quite similar.

367 To confirm this result, the correlations of the BLUPs of the progenies at three and six
368 years were estimated, considering, or not considering the dominated plants, and as can be
369 observed in Table 4, only six estimates were below 0.94. These estimates confirm what has
370 been previously mentioned that the difference in survival at three or six years does not
371 significantly affect the classification of progenies. This information corroborates that the use of
372 early selection is efficient. Some studies have already been conducted in this regard with species
373 of the genus *Eucalyptus* (Rezende, Bertolucci, & Ramalho, 1994). However, no information
374 was found on the efficiency of early selection in the genus *Corymbia*.

375

376 **CONCLUSION**

377

378 The survival rate of *Corymbia maculata* and *Corymbia torelliana* plants differed among
379 progenies, ages, and evaluation locations.

380 Estimates of accuracy were not significantly affected by differences in survival and/or
381 the occurrence of dominated plants.

382 Early selection is feasible in experiments with these species.

383

384 **ACKNOWLEDGEMENTS:** The authors thank CAPES for the scholarship awarded to the
385 first author, Federal University de Lavras and Suzano Papel e Celulose Incorporated, for
386 providing the data.

387

388 REFERENCES

389 Araujo, M. J., Dias, D. C., Scarpinati, E. A., & Paula, R. C. (2015). Number of replicates, of
390 plants per plot and of evaluations for eucalyptus clonal tests. *Pesquisa Agropecuária*
391 *Brasileira, Brasília*, 50(10), 923-931. Doi: 10.1590/S0100-204X2015001000008

392 Araujo, M., Lee, D., Tambarussi, E. V., Paula, R., & Silva, P. (2021). Initial productivity
393 and genetic parameters of three *Corymbia* species in Brazil: designing a breeding
394 strategy. *Canadian Journal of Forest Research*, 51(1), 25-30. doi: 10.1139/cjfr-2019-0438

395 BERNARDO, R. (2020). Reinventing quantitative genetics for plant breeding: something old,
396 something new, something borrowed, something BLUE. *Heredity*, 125(6), 375-385. doi:
397 10.1038/s41437-020-0312-1

398 Ferreira, G. C.; Aguiar, A.; Lima, B., Lima, J. L., Rezende, G. D. S. P., & Ramalho, M.
399 A. P. (2020). Adjusting for the effect of missing or dominated plants in progeny and clonal
400 trials of Eucalyptus. *Canadian Journal of Forest Research*, 50(4), 438-443. 10.1139/cjfr-2019-
401 0398

402 Ferreira, M. (2015). A aventura dos eucaliptos. In: M. V. Schumacher; M. Vieira (Eds.),
403 *Silvicultura de eucalipto no Brasil* (p. 11-46). Santa Maria, RGS: UFSM.

404 Ramalho, M. A. P.; Ferreira, D. F., & Oliveira, A. C. (2012) *Experimentação em genética e*
405 *melhoramento de plantas*. Lavras, MG: UFLA.

406 R Core Team. R: A language and environment for statistical computing (2022) Vienna-
407 AustriaR Foundation for Statistical Computing.

- 408 Reis, C. A. F., Gonçalves, F. M. A., Ramalho, M. A. P., & Rosado, A. M. (2011). Selection of
409 eucalyptus progenies by Z index through LSM and Blup. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*,
410 46(5), 516-522. doi: 10.1590/S0100-204X2011000500009
- 411 Reis, C. A. F., Assis, T. F., Santos, A. M., & Paludzyszyn Filho, E. (2014a). *Corymbia maculata*,
412 *estado da arte de pesquisas no Brasil*. Colombo: Embrapa Florestas.
- 413 Reis, C. A. F., Assis, T. F., Santos, A. M., & Paludzyszyn Filho, E. (2014b). *Corymbia torelliana*:
414 *estado da arte de pesquisas no Brasil*. Colombo: Embrapa Florestas.
- 415 Resende, M. D. V., & Alves, R. S. (2022). Statistical significance, selection accuracy, and
416 experimental precision in plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 22(3).
417 doi:10.1590/1984-70332022v22n3a31
- 418 Resende, M. D. V. *Genética quantitativa e de populações*. (2015). Suprema.
- 419 Rezende, G. D. S. P., Bertolucci, F. L. G., & Ramalho, M. A. P. (1994). Eficiência da
420 seleção precoce na recomendação de clones de eucalipto avaliados no norte do Espírito Santo
421 e sul da Bahia. *Cerne*, 1(1), 45-50.
- 422 Rutkoski, J. E. (2019). A practical guide to genetic gain. *Advances in agronomy*, 157, 217-249.
423 doi: 10.1016/bs.agron.2019.05.001
- 424 Santos, H. G., Gonçalves, F. M. A., Lima, J. L., Aguiar, A. M., Rezende, G. D. S. P., Lima, B.
425 M., & Ramalho, M. A. P. (2021). Strategies for the analysis of single-tree plot experiments
426 in Eucalyptus plantations. *Journal of Forestry Research*, 32(6), 2437-2445.
427 doi.org/10.1007/s11676-021-01322-y
- 428 Silva, K. J., Menezes, C. B., Tardin, F. D., Souza, V. F., & Santos, C. V. (2014). Comparison
429 of stand correction methods to estimate grain sorghum yield. *Pesquisa Agropecuária Tropical*,
430 44(2), 175-181. doi: 10.1590/S1983-40632014000200005
- 431 Silva, P. H. M., Lee, D. J., Amancio, M. R., & Araujo, M. J. (2022). Initiation of breeding
432 programs for three species of *Corymbia*: Introduction and provenances study. *Crop Breeding*
433 *and Applied Biotechnology*, 22(1), 1-9. doi: 10.1590/1984-70332022v22n1a01
- 434 Silva, P. H. M., Lee, D. J., Miranda, A. C., Marina, C. L., Moraes, M. L. T., & Paula, R. C.
435 (2017). Survival and initial growth of eucalypts species across climatic conditions. *Scientia*

436 *Forestalis*, 45(115), 563-571. doi: 10.18671/scifor.v45n115.13

437 Simeão, R. M., Fernandes, J. S. C., Resende, M. D. V., Sturion, J. A., & Ulbrich, A. L.
438 (2002). Análise genética do caráter sobrevivência em erva-mate e implicações na seleção para
439 produtividade. *Boletim de Pesquisa Florestal*, 44, 65-86.

TERCEIRA PARTE

ARTIGO 2 – ALTERNATIVAS DA SELEÇÃO DE PROGÊNIES EM ESPÉCIES DO GÊNERO *Corymbia*

Artigo redigido conforme as normas do manual de normalização e estrutura de trabalhos acadêmicos: TCCs, monografias, dissertações e teses da UFLA.

RESUMO

O melhoramento genético de espécies do gênero *Corymbia* está em ascensão no Brasil. *Corymbia* se destaca pela qualidade da madeira e pela possibilidade de aproveitar a heterose entre as espécies *C. torelliana*, *C. maculata*. As espécies do gênero ainda são consideradas em início de domesticação no Brasil. Por isso, este estudo tem como objetivos: estimar parâmetros genéticos e fenotípicos; utilizar essas informações visando a comparar alternativas que possam melhorar a eficiência da seleção nos testes de progênies; verificar a viabilidade da seleção dos melhores indivíduos de cada progênie envolvendo vários locais; discutir as diferentes alternativas para se realizar a recombinação e as consequências nas estimativas do progresso esperado com a seleção. Para isso, foram utilizados dados de DAP (cm) de experimentos de avaliação de progênies de *C. maculata* conduzidos em dois locais e de *C. torelliana* em três locais, aos seis anos de idade. Todos os experimentos foram realizados em alfa-látice, com 40 repetições e parcelas de uma única planta. Constatou-se que para os experimentos de *Corymbia maculata* a taxa de sobrevivência das plantas foi menor, o que contribuiu para o incremento do DAP, sendo essa a provável razão das maiores estimativas do ganho para essa espécie. Para ambas as espécies, ocorreu o ganho esperado com a seleção em todos os locais. Na seleção combinada, a intensidade de seleção entre as progênies foi muito branda (grande número de progênies sendo selecionadas), mesmo considerando que a herdabilidade na média das progênies foi muito superior àquela obtida entre os indivíduos. O número de indivíduos selecionados por progênies foi muito diferente. Evidentemente, esse fato pode reduzir a eficácia da seleção recorrente a médio prazo. O emprego de clones como testemunhas comuns é viável para seleção de uma única população melhorada a partir da avaliação de progênies em mais de um local.

PALAVRAS-CHAVE: Genética Quantitativa; Melhoramento de *Corymbia*; Experimentação.

ABSTRACT

The genetic breeding of the *Corymbia* genus is on the rise in Brazil. *Corymbia* stands out for the quality of its wood and the potential for harnessing heterosis between the species *C. torelliana* and *C. maculata*. The species in this genus are still considered to be in the early stages of domestication in Brazil. Therefore, this study aims to: estimate genetic and phenotypic parameters; use this information to compare alternatives that can enhance the efficiency of progeny testing selection; assess the viability of selecting the best individuals from each progeny across various locations; discuss different alternatives for recombination and the consequences on expected progress estimates with selection. Data from diameter at breast height (DBH) in progeny evaluation experiments of *C. maculata* conducted at two locations and *C. torelliana* at three locations, at six years of age, were utilized for this purpose. All experiments were conducted in an alpha-lattice design, with 40 replications and single-plant plots. It was observed that for *Corymbia maculata* experiments, the plant survival rate was lower, contributing to an increase in DBH. This is likely the reason for the higher gain estimates for this species. For both species, the expected gain with selection occurred at all locations. In combined selection, the selection intensity among progenies was very mild (a large number of progenies being selected), even though heritability in the average progeny was much higher than that obtained among individuals. The number of selected individuals per progeny varied significantly. Clearly, this could reduce the effectiveness of recurrent selection in the medium term. The use of clones as common witnesses is feasible for selecting a single improved population from progeny evaluations in multiple locations.

KEYWORDS: Quantitative Genetics; *Corymbia* Breeding; Experimentation.

1 INTRODUÇÃO

O melhoramento genético do eucalipto no Brasil tem uma história de sucesso. Sobretudo porque, muito embora as introduções de espécies/procedências tenham se iniciado já no século XIX (SILVA; BARRICHELO, 2006) os programas de melhoramento genético efetivamente iniciaram há pouco mais de cinquenta anos (FERREIRA; SANTOS, 1997), o que é um tempo relativamente curto em se tratando de uma espécie perene. Os maiores ganhos em produtividade ocorreram na obtenção de populações melhoradas, especialmente das espécies de *E. grandis*,

E. urophylla e seus híbridos, em conjunto com a seleção clonal e associado à melhoria do manejo (CASTRO *et al.*, 2016). A produtividade de madeira de eucalipto passou de $10\text{m}^3.\text{ha}^{-1}.\text{ano}^{-1}$ em 1970 para $38,9\text{ m}^3.\text{ha}^{-1}.\text{ano}^{-1}$ em 2021 (IBÁ, 2023). Contudo, a migração do cultivo do eucalipto para novas áreas, especialmente em regiões de fronteira agrícola, juntamente com a ocorrência de novos estresses bióticos e abióticos, tornou necessária a busca contínua por ganhos em produtividade para atender à demanda crescente dos produtos de madeira, o que é um enorme desafio.

Essas introduções envolveram espécies do gênero *Eucalyptus* e do gênero *Corymbia*. Deve ser salientado que o conceito de espécie dentro de cada gênero é tipológico, isto é, as hibridações podem ser realizadas, sem maiores restrições, entre espécies de um mesmo gênero. Contudo, entre plantas de gêneros diferentes não ocorre.

Entre as espécies do gênero *Corymbia*, *C. citriodora* foi muito cultivada no Brasil até o início da década de 1980, visando a produção de carvão para a siderurgia. Posteriormente, foi gradativamente substituída, principalmente, por clones derivados de *E. grandis* e *E. urophylla*, os quais apresentam maior produtividade e homogeneidade (ASSIS, 2022). Contudo, deve-se salientar que após a introdução de *C. torelliana* na década de 1970, devido à coincidência de florescimento e a afinidade com espécie e *C. citriodora*, vários híbridos espontâneos começaram a aparecer nos plantios puros de ambas as espécies. Segundo Assis (2022), o potencial de crescimento dos híbridos era muito alto, porém sua propagação clonal em escala operacional esbarrava no desafio do baixo enraizamento desses híbridos com a tecnologia de clonagem da época. Todavia, a clonagem de plantas do gênero *Corymbia* é factível atualmente. Assis (2022) também comenta que outras combinações híbridas dentro do gênero são muito promissoras, como por exemplo *C. torelliana* x *C. maculata*. A seleção de plantas dentro de cada espécie, contudo, é fundamental para as futuras seleções de clones dessas duas espécies, pois o desempenho de um clone oriundo de um híbrido é função da média do desempenho *per se* dos genitores e não só da heterose entre eles (RAMALHO *et al.*, 2012).

Numa condição como essa, a seleção recorrente intrapopulacional (SR) nas populações de *C. maculata* e *C. torelliana* é primordial para possibilitar a melhoria na média *per se* dessas espécies, o que justifica a intensificação dos trabalhos com essas espécies nos últimos anos. A estratégia mais empregada é a utilização de progênies de meios-irmãos (HS). Os experimentos têm sido realizados com várias plantas por parcela e com apenas uma planta (STP). Eles normalmente são conduzidos em vários ambientes, embora o objetivo seja de obter apenas uma população melhorada para a empresa que conduz o programa de SR. Nessa condição, algumas questões ocorrem e precisam ser respondidas.

Uma das indagações é: Como os experimentos, em alguns casos, utilizam STP, qual seria o procedimento para estimar o ganho com a seleção dentro das melhores progênies ou na seleção dita combinada? Esse questionamento ocorre porque quando se utiliza STP, parte da variação genética entre as plantas de uma mesma parcela é isolada pela fonte de variação blocos/repetições. Esse fato, evidentemente, dificulta a obtenção de estimativas fidedignas dentro das progênies. Infelizmente não foi encontrada informação a esse respeito na literatura.

Adicionalmente, como os experimentos são realizados em mais de um ambiente, qual deve ser o procedimento para se obter uma única população melhorada? Esse tema também é pouco abordado e aparentemente as informações a esse respeito não estão disponíveis na literatura. Relacionado com esse fato está uma nova indagação, ou seja, como proceder a recombinação dos indivíduos selecionados? Antes de comentar a esse respeito é preciso mencionar que na literatura existem informações, utilizando equações do ganho com a seleção (GS) que relatam que na maioria das situações a utilização de progênies de HS possibilita ter maior GS do que com irmãos completos (FS) (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO; 2010; RAMALHO; SOUZA; SILVA JUNIOR, 2023; RESENDE, 2015). Contudo, o problema é a recombinação por meio dos cruzamentos ao acaso que dificilmente possibilita o envolvimento de todas as plantas no momento dos cruzamentos. A esse respeito Ramalho, Souza e Silva Junior (2023) comentam que recombinação com HS, na maioria das situações pode colocar em xeque todo o sucesso da SR realizada. Os autores sugerem empregar a hibridação artificial entre os indivíduos selecionados dois a dois. Isto é, obtendo progênies de FS para a continuidade do processo. Com essa estratégia, a recombinação dos indivíduos identificados nos diferentes locais poderia ocorrer em outro local, resultando em uma única população aprimorada.

Utilizando simulação, também foi constatado que o melhor modo de proceder à recombinação seria por meio de clones do indivíduo selecionado (ABREU *et al.*, 2013). Com essa estratégia, a recombinação dos indivíduos identificados nos diferentes locais poderia ocorrer em outro local, resultando em uma única população melhorada. Todavia, em se tratando de espécies do gênero *Corymbia*, a obtenção de plantas clonadas foi um enorme desafio até um passado bem recente. Atualmente, já se dispõe de tecnologia que possibilita a obtenção de clones comercialmente. Contudo, ao que parece, nem todas as plantas são passíveis de clonagem. Sendo assim, é possível que nem todos os indivíduos selecionados possam ser clonados. Existem, então, outras questões que, ao que tudo indica, ainda não possuem resposta na literatura, ou seja: Se a clonagem de todas as plantas selecionadas não for viável, quais

seriam as consequências no resultado da seleção e como proceder à recombinação envolvendo os indivíduos selecionados nos diferentes locais de avaliação das progênies?

Do exposto, utilizando dados de experimentos com avaliação de progênies de HS das espécies *C. maculata* e *C. torelliana*, conduzidos em alguns locais, foi realizada essa pesquisa com os seguintes objetivos: Estimar parâmetros genéticos e fenotípicos; Utilizar essas informações visando a obtenção de alternativas que possibilitem a seleção dentro das progênies quando os experimentos são conduzidos utilizando uma planta por parcela; Verificar a viabilidade da seleção dos melhores indivíduos de cada progênie envolvendo vários locais; Discutir as diferentes alternativas para se realizar a recombinação e as consequências nas estimativas do progresso esperado com a seleção.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados são referentes à avaliação de progênies de *Corymbia maculata* e *Corymbia torelliana* e clones comerciais de *Eucalyptus*, dados gentilmente cedidos pela empresa Suzano S.A. Os cinco experimentos foram implantados no ano de 2014, nos estados da Bahia e Espírito Santo. Na tabela 1 são apresentadas algumas características dos ambientes onde cada experimento foi instalado.

Tabela 1 - Caracterização dos ambientes em que foram realizados os ensaios.

Ambiente	PMA (mm)	Altitude (m)	Tipo de Solo
BAHIA	1187	72	Argissolo
	1188	73	Argissolo
ESPÍRITO SANTO	944	82	Argissolo
	1159	25	Latossolo
	1159	24	Latossolo

Fonte: Do autor (2023).

Nota: PMA: Precipitação média anual em milímetros.

Os experimentos possuíam número variado de progênies e clones (Tabela 2), os quais eram constituídos por progênies de *Corymbia maculata* e *Corymbia torelliana*. Em todos os experimentos foram incluídos clones comerciais do gênero *Eucalyptus*.

Tabela 2 – Data de plantio, espaçamento, número de tratamentos (NT), de progênies (NP) e espécie de cada local.

Experimento	Data de plantio	Espaçamento (m)	NT	NP	Espécie
CM1	05/11/2014	3x3	68	62	<i>C. maculata</i>
CT1	05/11/2014	3x3	62	57	<i>C. torelliana</i>
CT2	26/11/2014	3x2,5	62	57	<i>C. torelliana</i>
CT3	19/12/2014	3x2	62	57	<i>C. torelliana</i>
CM2	19/12/2014	3x2	68	62	<i>C. maculata</i>

Fonte: Do autor (2023).

Nota: CM1 e CM2 são experimentos de *C. maculata* conduzidos em dois locais (Bahia e Espírito Santo). CT1, CT2 e CT3 são experimentos de *C. torelliana* conduzidos em três locais (CT1 na Bahia e CT2 e CT3 no Espírito Santo).

Os experimentos foram implantados no delineamento de alfa-látice. Cada parcela era constituída de uma única planta (STP) com 40 repetições, número de plantas por progênies/local. O espaçamento variou de acordo com o local e o manejo da cultura, sendo o tradicionalmente utilizado pela empresa (Tabela 2). Foi mensurado o diâmetro a altura do peito (DAP) em centímetros aos seis anos após o plantio. Os dados do DAP foram submetidos à análise de variância utilizando modelos lineares mistos. Como a eficiência do látice foi baixa, optou-se por fazer as análises em blocos casualizados. O modelo estatístico utilizado foi:

$$y = \mathbf{1}\mu + \mathbf{Z}_f\mathbf{u}_f + \mathbf{Z}_b\mathbf{u}_b + \mathbf{e}$$

Em que: \mathbf{y} ($N \times 1$) é o vetor de observações fenotípicas, sendo N o número de parcelas; $\mathbf{1}$ ($N \times 1$) é um vetor contendo apenas uns; μ é o intercepto; \mathbf{u}_f ($f \times 1$) é o vetor de efeitos genotípicos aleatórios das progênies associadas a matriz \mathbf{Z}_f ($N \times f$), sendo f o número de progênies; \mathbf{u}_b ($b \times 1$) é o vetor de efeitos aleatórios de blocos associados a matriz \mathbf{Z}_b ($N \times b$), sendo b o número de blocos; \mathbf{e} ($N \times 1$) é o vetor de resíduos aleatórios.

Procedeu-se as análises conjuntas dos experimentos de uma mesma espécie envolvendo as progênies e testemunhas comuns, utilizando o mesmo modelo já comentado, acrescentando o efeito de locais e da interação progênies x locais. Utilizou-se o método de estimação de componentes de variância via REML (máxima verossimilhança restrita) (PATTERSON; THOMPSON, 1971).

Para realizar a seleção visando a obtenção de apenas uma população melhorada para todos os locais e não só um, os DAP's de cada indivíduo foram ajustados independente para

cada espécie. Para isso, foi considerado a estimativa média dos DAP's das testemunhas (clones) em cada local. Na obtenção das médias dos clones foram utilizados os dados obtidos do DAP dos clones comuns aos experimentos nos locais de avaliação de cada espécie. Assim, no caso de *C. maculata*, em que os experimentos foram conduzidos em dois locais, foi utilizado o DAP médio dos clones nos dois locais. O desvio das médias dos clones, em cada local, em relação à média geral, passou a ser o ajuste nos DAP's dos diferentes indivíduos avaliados naquele ambiente. Desse modo, o desempenho de cada indivíduo de uma dada progênie pode ser comparado com os demais indivíduos avaliados nos dois locais. Procedimento análogo foi adotado no caso dos experimentos com progênies de *C. torelliana*.

Os dados ajustados foram analisados, utilizando o mesmo modelo considerado anteriormente para os dados não ajustados. Todas as análises foram realizadas utilizando *software* R Core Team (2022). A partir dos componentes das variâncias obtidos foram estimados os seguintes parâmetros genéticos ou fenotípicos, para cada uma das espécies estudadas:

a) Variância fenotípica entre plantas dentro das progênies ($\hat{\sigma}_{dk}^2$). Nesse caso, para cada local (k), foram estimadas a variância entre plantas de uma mesma progênie. A média das variâncias das progênies avaliadas constituem a $\hat{\sigma}_{dk}^2$.

b) Variância genética aditiva por local ($\hat{\sigma}_{Ak}^2$). Essa estimativa foi obtida a partir da variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}_{pk}^2$) multiplica por quatro, pois foram avaliadas progênies de meios-irmãos, que explora 1/4 da variância aditiva.

c) Acurácia (r_{gg});

$$r_{gg} = \sqrt{1 - \frac{PEV}{\hat{\sigma}_{pk}^2}}$$

Em que PEV é a variância do erro de predição dos valores genéticos.

d) A herdabilidade para a seleção na média das progênies de HS para cada local (h_{mk}^2);

$$h_{mk}^2 = r_{gg}^2$$

e) Herdabilidade para seleção de indivíduo ou herdabilidade dentro de progênies, por local (h_{dk}^2);

$$h_{dk}^2 = \frac{(3/4)\hat{\sigma}_{A_k}^2}{\sigma_{dk}^2}$$

f) Herdabilidade para a seleção na média das progênes envolvendo todos os locais;

$$h_{m*}^2 = \frac{(1/4)\hat{\sigma}_{A*}^2}{\hat{\sigma}_{F*}^2}$$

Em que: $\hat{\sigma}_{A*}^2$ é a variância genética aditiva obtida na análise conjunta dos locais e $\hat{\sigma}_{F*}^2$ é a variância fenotípica entre médias das progênes obtidas da análise conjunta dos locais;

g) Ganho com a seleção combinada - Seleção dos indivíduos das diferentes progênes, considerando a recombinação no local dos experimentos (GS_{ck}). O procedimento adotado foi semelhante ao apresentado por Pires *et al.*, (2011) e Resende (2015). Em princípio o GS com a seleção é obtido por: $GS = ds \times h^2$, em que: ds é o diferencial de seleção e h^2 é a herdabilidade do caráter na unidade seletiva realizada. Para a seleção combinada, por local, considerou-se para progênes j o $ds_p = (\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..})$, em que: $\bar{Y}_{.j}$ é a média da progênie j e $\bar{Y}_{..}$ é a média geral das progênes. Com relação a contribuição da seleção entre plantas/indivíduos dentro das progênes $ds_i = (\bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{..})$, em que \bar{Y}_{ij} é o valor do DAP do indivíduo i na progênie j . Esse ds_i é a contribuição da seleção entre plantas de uma mesma progênie em relação à média geral. Na literatura, em alguns casos, para a estimativa do ds_i é utilizada como referência a média de cada progênie j ($\bar{Y}_{.j}$). Contudo, nessa situação, pode-se beneficiar na seleção os indivíduos provenientes de uma progênie com média baixa, o que não é desejável. Utilizando a média geral torna-se o ds_i mais comparável. Dessa forma, o ganho com a seleção combinada foi obtido pelo estimador:

$$GS_{ck} = \sum_n^1 I_{ij}$$

Em que: GS_{ck} é a soma das maiores estimativas dos $I's_{ij}$. GS_{ck} representa o ganho com a seleção combinada por local.

Sendo que I_{ij} é o índice da planta i da progênie j obtido pela expressão:

$$I_{ij} = [h_{mk}^2(\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..})] + [h_{dk}^2(\bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{..})]$$

Em que: h_{mk}^2 é a herdabilidade para a seleção na média das progênes, h_{dk}^2 é a herdabilidade individual, $\bar{Y}_{.j}$ é a média das plantas na progênie j , \bar{Y}_{ij} é a média dos indivíduos na progênie j , e $\bar{Y}_{..}$ a média geral.

h) Ganho com a seleção combinada considerando a recombinação utilizando clones (GS_{cr}). Foram estimados os ganhos considerando a realização da recombinação com hibridações artificiais e a obtenção de progênes de meios-irmãos (HS) e irmãos completos (FS). Nesse caso, considerando que nem todos os indivíduos selecionados podem ser clonados foram consideradas duas intensidades de seleção. As intensidades de seleção com HS e FS foram estabelecidas considerando a obtenção de número semelhante de progênes ao final do processo. As estimativas do ganho foram obtidas de modo análogo ao descrito anteriormente.

i) Seleção considerando o envolvimento das informações dos locais obtendo apenas uma população melhorada ao final e clonando os indivíduos selecionados de cada local (GS_{cre}). Assim, o procedimento é semelhante ao anteriormente comentado exceto que as estimativas envolvem os índices de todos os locais para cada espécie, ou seja:

$$I_{ijk} = [h_{m*}^2(\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{...})] + [h_{d*}^2(\bar{Y}_{ijk} - \bar{Y}_{...})]$$

Em que: I_{ijk} é o índice da planta i da progênie j no local k , h_{m*}^2 é a herdabilidade para a seleção na média das progênes na conjunta, $\bar{Y}_{.j}$ é a média da progênie considerando todos os locais, h_{d*}^2 é a herdabilidade individual na conjunta e $\bar{Y}_{...}$ é a média geral.

3 RESULTADOS

Inicialmente é preciso salientar que os resultados das análises com os dados não ajustados em função do desempenho das testemunhas estão apresentados no apêndice. Isso porque, como o ajuste foi realizado, em cada local, por meio da adição ou subtração de uma constante, os componentes de variância foram praticamente os mesmos.

Os resultados das estimativas das variâncias e outros parâmetros obtidos nas análises individuais e conjunta para o DAP, com os dados ajustados das avaliações de progênes de *C. maculata* e *C. torelliana* estão apresentados na tabela 3. Constata-se que as estimativas da acurácia foram todas de alta magnitude, especialmente para as progênes dos experimentos de *C. maculata* (CM). As estimativas dos componentes de variância genética aditiva mostraram enorme divergência na magnitude entre as duas espécies. Para as progênes dos experimentos de CM as estimativas de $\hat{\sigma}_{Ak}^2$ foram bem superiores. Em parte, esses resultados refletem a diferença nas estimativas das médias do DAP que foram também superiores para o CM.

Vale destacar que a sobrevivência das plantas nos experimentos de *C. maculata* foi bem inferior em relação aos de *C. torelliana* (CT), como será enfatizado posteriormente. Portanto, as árvores tiveram menor competição e, assim, tiveram melhores condições para expressar seu crescimento em diâmetro. Esses resultados, como era esperado, refletiram nas estimativas da herdabilidade entre plantas das progênies, que também foram bem superiores para CM.

Deve ser salientado que a média dos clones de eucalipto utilizados como testemunha variaram entre os locais, especialmente nos casos dos experimentos *C. torelliana*. Em todas as situações, a média dos clones foi superior à das progênies. Por exemplo, nos experimentos com CM, a média das testemunhas foi de 22,1, ou seja, 43,2% superior à média das progênies. Esse fato, em princípio, evidencia que não houve ocorrência expressiva do distúrbio fisiológico nos experimentos em que as progênies de CM foram avaliadas. Fato semelhante foi observado nos experimentos em que foram avaliadas progênies de CT. Uma outra informação importante é que a interação progênies por locais, foi praticamente nula para ambas as espécies.

Merece destaque a semelhança entre as estimativas de $\hat{\sigma}_{dk}^2$ e $\hat{\sigma}_e^2$. Lembrando que, $\hat{\sigma}_{dk}^2$ corresponde a variância fenotípica média entre plantas de uma mesma progênie. Já o $\hat{\sigma}_e^2$ corresponde a variância do erro experimental considerando o delineamento utilizado, no caso blocos casualizados. Como elas foram de magnitude muito semelhantes, elas indicam que a variação isolada entre blocos foi muito pequena. Se $\hat{\sigma}_{dk}^2$ é muito semelhante a $\hat{\sigma}_e^2$, é porque a fonte de variação blocos não isolou parte expressiva da variação que foi para o erro.

As estimativas das herdabilidades em nível de indivíduo por local (h_{dk}^2), como era esperado, foi inferior as herdabilidades para a seleção entre médias de progênies (h_{mk}^2). Deve ser ressaltado que h_{dk}^2 foi também diferente entre as espécies. Observa-se que herdabilidade dentro de progênies na conjunta (h_{d*}^2) para *C. maculata* foi bem superior à da *C. torelliana* (TABELA 3).

Tabela 3 – Estimativas dos componentes da variância e outros parâmetros, com os dados ajustados (em função da média dos clones testemunhas comuns aos locais), com progênies de *C. maculata* (CM) e *C. torelliana* (CT), considerando os dados de diâmetro à altura do peito (DAP) em centímetros, aos 6 anos, por local e conjunta.

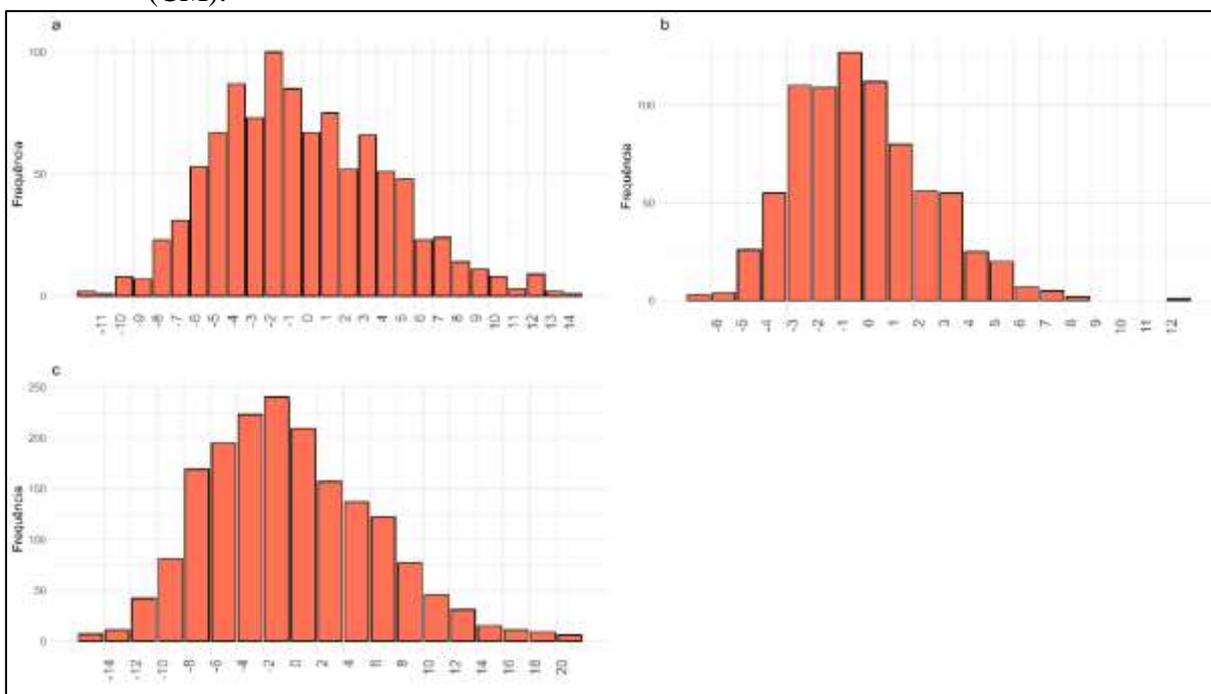
Individuais	CM		CT		
	CM1	CM2	CT1	CT2	CT3
$\hat{\sigma}_{Ak}^2$	19,66	10,81	1,62	0,94	2,38
$\hat{\sigma}_e^2$	24,60	21,72	6,54	8,33	11,45
$\hat{\sigma}_{dk}^2$	24,07	21,17	6,98	8,76	11,77
$r_{\hat{g}g}$	0,94	0,91	0,84	0,72	0,82
h_{mk}^2	0,89	0,83	0,71	0,53	0,68
h_{dk}^2	0,61	0,38	0,17	0,08	0,15
Média das progênies	16,03	14,75	11,57	14,49	10,06
Média das testemunhas¹	22,30	21,99	21,91	17,22	22,28
Conjunta	CM		CT		
$\hat{\sigma}_{A*}^2$	16,41		1,58		
$\hat{\sigma}_{e*}^2$	23,49		8,76		
$\hat{\sigma}_{d*}^2$	23,21		21,44		
h_{m*}^2	0,94		0,83		
h_{d*}^2	0,57		0,12		
Progênies x Ambientes	0,67 ^{NS}		0 ^{NS}		
Média das progênies	15,46		11,97		
Média das testemunhas	22,14		20,47		

Fonte: Do autor (2023).

Nota: ¹ Dados médios das testemunhas sem ajuste. $\hat{\sigma}_{Ak}^2$ e $\hat{\sigma}_{A*}^2$: Variância genética aditiva individual por local e na conjunta. $\hat{\sigma}_{dk}^2$ e $\hat{\sigma}_{d*}^2$: Variância fenotípica dentro de progênies e na conjunta. $\hat{\sigma}_e^2$ e $\hat{\sigma}_{e*}^2$: Variância do erro das análises individuais e na conjunta. $r_{\hat{g}g}$: Acurácia experimental. h_{dk}^2 e h_{d*}^2 : Herdabilidade dentro de progênies em cada local e na conjunta. h_{mk}^2 e h_{m*}^2 : Herdabilidade entre médias de progênies e na conjunta. ^{NS}: não significativo.

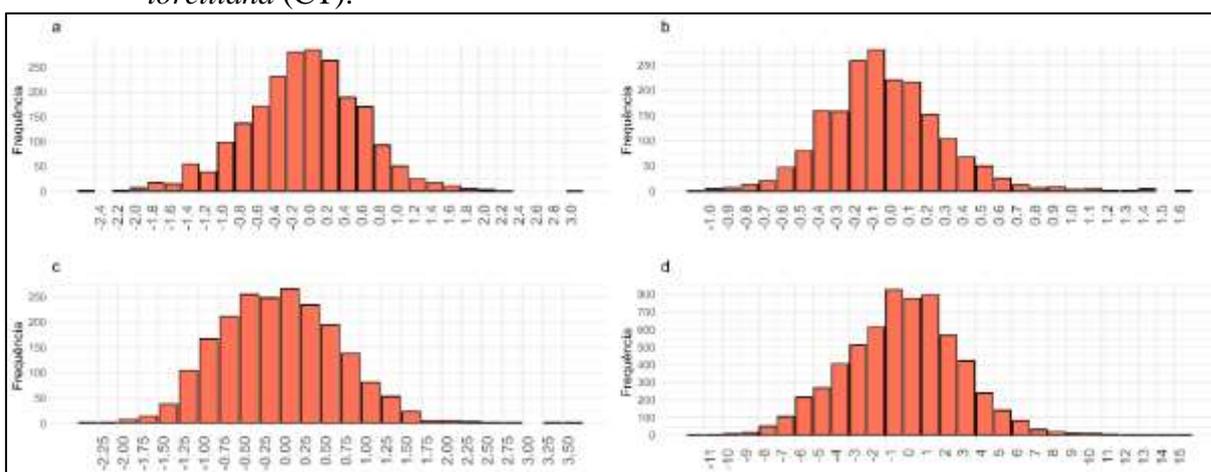
A distribuição de frequência dos I_{ijk} por local está apresentada nas figuras 1a e 1b para CM e nas Figuras 2a, 2b e 2c para CT. Como era esperado, considerando as estimativas das variâncias fenotípicas e genéticas, os índices para CM foram maiores que para CT, o que está de acordo com as estimativas dos componentes de variância obtidos em cada um dos locais para as duas espécies (Tabela 3). Todos esses resultados evidenciam que as estimativas com os ganhos esperados com a seleção deverão ser expressivas.

Figura 1 – Distribuição de frequência dos índices individuais para cada experimento (a. CM1; b. CM2) e índices na conjunta de locais em nível de indivíduo (c) para *C. maculata* (CM).



Fonte: Do autor (2023).

Figura 2 – Distribuição de frequência dos índices individuais para cada experimento (a. CT1; b. CT2 e c. CT3) e índices na conjunta de locais em nível de indivíduo (d) para *C. torelliana* (CT).



Fonte: Do autor (2023).

As estimativas do ganho genético com a seleção em porcentagem (GS%) nas médias das progênes variou entre os locais e entre as espécies. Quando se considerou 100 plantas selecionadas e a recombinação sendo realizada no próprio experimento para obtenção de progênes de HS, o GS% foi de 53,2% para CM1 e de 30,3 para CM2, porém ainda elevado,

mesmo considerando que nesse experimento a média geral das progênes foi baixa. Como a sobrevivência das plantas nos experimentos CM foram menores, a população de seleção foi de apenas 992 plantas para CM1 e de 797 para CM2. Assim, a intensidade de seleção aplicada foi 10,1% para CM1 e 12,6% para CM2. Nessa condição, o número de progênes envolvidas na seleção foi ainda maior que no CM1, isto é, 32 em 62. Assim, a proporção selecionada entre as progênes foi grande (51,6%) (TABELA 4).

Considerando os experimentos de CT, as estimativas do GS% foram bem inferiores às obtidas com CM, como já comentado. Uma das razões é que a herdabilidade entre progênes de CT foi inferior a de CM. Deve ser salientado, contudo, que a sobrevivência das plantas nos experimentos de CT foi bem superior à obtida com CM. Nessa condição, a proporção selecionada é menor. Como exemplo, na seleção de 100 plantas em CT1, entre as 2170 plantas, a proporção selecionada corresponde a 4,6%, condição essa que deveria proporcionar maior estimativa de GS% (Tabela 4). Do exposto, a menor proporção selecionada não foi suficiente para compensar a menor estimativa de herdabilidade.

A questão do número de progênes envolvidas na seleção combinada ainda é mais preocupante com CT do que com CM. Veja, por exemplo, o experimento CT2 que a seleção de 100 indivíduos envolveu 49 das 57 progênes avaliadas, ou seja, a intensidade de seleção entre progênes foi de 86%.

Tabela 4 – Estimativa de ganho esperado com a seleção (GS) combinada utilizando progênes de meios-irmãos de *C. maculata* (CM) e *C. torelliana* (CT) obtidas em cada local. O número de indivíduos selecionados em cada local foi de 100, sendo apresentado o número de progênes avaliadas e selecionadas. Considerando o diâmetro a altura do peito (DAP) em centímetros, aos 6 anos de idade e o ganho genético em porcentagem (GS%) em relação à média das progênes.

Experimento	Média DAP	NIP	NIS	GS	GS%	Número de progênes	
						Avaliadas	Selecionadas
CM1	16,03	2480	992	8,52	53,15	62	24
CM2	14,75	2480	797	4,47	30,30	62	32
CT1	11,57	2280	2170	1,31	11,32	57	40
CT2	14,48	2280	1915	0,8	5,52	57	49
CT3	10,06	2280	2053	1,61	16,00	57	35

Fonte: Do autor (2023).

Nota: NIP: Número de indivíduos plantados. NIS: Número de indivíduos que sobreviveram.

Uma das alternativas de recombinação é a obtenção de clones dos indivíduos selecionados. Para isso, foram consideradas duas alternativas quanto ao tipo de progênies obtidas após a recombinação, ou seja, HS ou FS. Também foram consideradas duas proporções selecionadas para verificar o efeito da aplicação de uma maior proporção de plantas selecionadas, com o objetivo de atenuar as possíveis consequências da clonagem dos indivíduos selecionados não ser de 100%. Os valores das estimativas do GS% utilizando HS e com a seleção de 100 indivíduos por local apresentados na tabela 5 são os mesmos da tabela 4. Como era esperado, quando se considerou maior número de plantas sendo selecionadas, as estimativas de ganho foram menores. Veja, no entanto, que ao considerar a obtenção de progênies de FS na recombinação, as estimativas de GS% foram maiores considerando o mesmo número de progênies ao final do processo seletivo (Tabela 5).

Tabela 5 – Estimativa de ganho genético com a seleção combinada (GS) e do ganho genético em porcentagem (GS%) com a avaliação de progênies de HS. Recombinação realizada por meio de clones dos indivíduos selecionados, com produção de meios-irmãos (HS) ou irmãos completos (FS) considerando duas proporções selecionadas (número de indivíduos). Em ambos os casos, foram consideradas duas proporções selecionadas (HS – 100 e 150 e HF – 15 e 18).

Experimento	Progênies obtidas na recombinação	Número de clones recombinados	GS	GS%
CM1	HS	100	8,52	53,15
		150	7,48	46,66
	FS	15	12,51	78,40
		18	12,22	76,23
CM2	HS	100	4,47	30,30
		150	4,10	27,79
	FS	15	7,39	50,10
		18	7,14	48,40
CT1	HS	100	1,31	11,32
		150	1,24	10,71
	FS	15	1,96	16,94
		18	1,91	16,50
CT2	HS	100	0,80	5,52
		150	0,70	4,83
	FS	15	1,34	9,25
		18	1,30	8,97
CT3	HS	100	1,61	16,00
		150	1,45	14,41
	FS	15	2,54	25,24
		18	2,42	24,05

Fonte: Do autor (2023).

As estimativas da seleção visando a obtenção de uma população única, considerando a seleção envolvendo os locais, estão apresentadas na tabela 6. Observa-se que as estimativas do ganho combinado envolvendo os dois locais para CM e os três de CT refletem os resultados já comentados das análises por local. Obviamente o GS% foi muito superior para CM em relação a CT. O mesmo ocorreu nas comparações envolvendo as progênes de FS oriundas da recombinação, cujo GS% foi superior ao que seria esperando obtendo-se HS.

Chama a atenção novamente o número de progênes que seriam selecionadas se a recombinação envolvesse principalmente HS. Por exemplo, sendo 100 indivíduos selecionados para recombinação em CM, estariam envolvidas 25 progênes entre as 62 que foram avaliadas, isto é, a proporção selecionada de 40,3%. No caso de FS, dos 15 indivíduos selecionados estariam presentes apenas duas progênes, sendo a proporção selecionada de 3,2%.

Tabela 6 – Estimativa de ganho com a seleção combinada para diâmetro a altura do peito (DAP) na avaliação de progênes de meios-irmãos (HS), considerando o índice ajustado envolvendo todos os ambientes. Recombinação visando a produção de meios-irmãos (HS) ou irmãos completos (FS). Considerando duas proporções de indivíduos selecionados.

Espécie	NI	Tipo de progênie	NPS	Média geral	GS	GS%	NPRS
CM	1827	HS	100	15,46	14,21	91,91	25
			150		12,73	82,34	32
		FS	15		19,88	128,58	2
			18		19,53	126,32	3
CT	6138	HS	100	11,97	9,06	75,68	43
			150		8,21	68,58	50
		FS	15		13,15	109,85	12
			18		12,81	107,01	14

Fonte: Do autor (2023).

Nota: NI: número de indivíduos; NPS: número de plantas selecionadas, NPRS: número de progênes selecionadas; GS: ganho com a seleção; GS%: ganho com a seleção em porcentagem.

Uma informação importante é qual a contribuição do número de indivíduo de cada progênes considerando a seleção combinada. Por exemplo, se forem selecionados 100 indivíduos para obter as novas HS, quantos seriam de cada progênes? Para CM, entre as 25

progênie selecionadas, constatou-se que a progênie de número 40 teve 39 indivíduos dos 100 selecionados. A segunda progênie com o maior número de indivíduos foi a 11, com 14 selecionados. Das 28 progênie restantes, a contribuição foi de cinco ou menos indivíduos por progênie. Um outro dado relevante é que, ainda considerando a CM, dos 100 indivíduos selecionados, 73 foram do CM1.

4 DISCUSSÃO

Os experimentos foram realizados em cinco locais, envolvendo os estados da Bahia e Espírito Santo, que são responsáveis por produção expressiva de madeira no Brasil. A escolha desses locais teve como foco principal a ocorrência nos últimos anos do distúrbio fisiológico, que acarreta sérios danos a cultura do eucalipto, e as informações disponíveis apontam que as espécies do gênero *Corymbia* apresentam tolerância ao distúrbio (ARAUJO *et al.*, 2021; REIS *et al.*, 2011; SILVA *et al.*, 2022). Esses experimentos tinham como objetivo também confirmar esses relatos. Contudo, a ocorrência do fenômeno nesses experimentos não foi expressiva, mesmo entre as testemunhas de clones comerciais de eucalipto. Detalhes a respeito da sobrevivência das plantas nos diferentes locais e suas implicações na acurácia dos experimentos foi apresentado por Oliveira *et al.*, (2023).

O emprego de parcelas de uma planta em experimentos com plantas perenes é relativamente frequente, especialmente nos últimos anos (NUNES *et al.*, 2018; SANTOS *et al.*, 2021; ZHANG *et al.*, 2015). A sua maior vantagem é a possibilidade de ter grande número de repetições, o que contribui para a melhoria da acurácia experimental. Um questionamento existente a respeito do seu emprego é a possível influência das plantas vizinhas no desempenho de um dado tratamento. Contudo, foi evidenciado em experimentos envolvendo especialmente clones de eucalipto, que a performance das plantas vizinhas não tem influência expressiva no desempenho médio do clone (SANTOS *et al.*, 2021).

Quando se avaliam clones em STP, a variação entre os blocos do experimento (repetições/plantas) é toda ambiental. Contudo, em experimento de avaliação de progênie o efeito de blocos não é apenas ambiental. Ele envolve também parte da variação genética entre as plantas de uma mesma progênie. Em termos de avaliação do desempenho médio das progênie esse fato não tem maiores implicações. Entretanto, quando foi considerado a seleção entre e dentro das progênie, ou seleção combinada, evidentemente essa variação genética entre plantas de uma mesma progênie que são isoladas pela fonte de variação repetições é importante. Por exemplo, avaliando progênie de meios-irmãos, a variância genética entre plantas contém

$\frac{3}{4}$ da variância aditiva e toda variância de dominância. Assim, essa parte da variação é difícil de ser isolada para se obter as estimativas dos ganhos advindos da variação genética dentro das progênies. Nesse trabalho, para se obter essa informação, foi utilizada as estimativas da variância fenotípica entre plantas de uma mesma progênie. A média dessas variâncias, em cada local, originou a variância fenotípica dentro das progênies ($\hat{\sigma}_{dk}^2$). Esse $\hat{\sigma}_{dk}^2$ contém a variância genética entre plantas e, também, a variância ambiental.

Para se proceder a seleção combinada entre e dentro de progênies, para cada espécie, a estratégia utilizada foi obter os DAP's de cada planta ajustado por meio da média dos clones avaliados (testemunhas comuns) aos experimentos. Como a variação entre os indivíduos do mesmo clone é ambiental, a diferença entre as médias dos clones nos diferentes locais também é ambiental, desde que a interação clones x ambientes não seja expressiva. Contudo, as médias gerais ajustadas das progênies, de uma mesma espécie, principalmente de *C. maculata* foram diferentes (TABELA 3). As razões para essa diferença são provavelmente devido ao efeito de amostragem, isto é, as 40 plantas de cada progênie, não representaram bem geneticamente as progênies. Esse fato é agravado pela diferença de sobrevivência entre as plantas de uma mesma progênie entre os locais. Assim, por exemplo, para *C. maculata* o número de plantas variou entre os locais, que foi de 992 e 797. Essa diferença no número de plantas pode provavelmente explicar as diferenças observadas nesse trabalho. Deve ser salientado que o ajuste realizado, pelo menos em parte, deve contribuir para que a seleção combinada dos locais possa contribuir para reduzir também esse efeito do número de plantas.

O processo original de seleção entre e dentro de progênies, especialmente com HS foi proposto para a cultura do milho em substituição ao processo denominado de espiga por fileira, que foi introduzido por Hopkins no final do século XIX (HALLAUER, CAREMA, MIRANDA FILHO, 2010). Nesse processo as sementes produzidas por planta são semeadas em uma linha, e a unidade seletiva passa a ser a progênie e não o indivíduo como na seleção massal. Segundo esses autores, duas modificações foram propostas em substituição ao método de espiga por fileira, por Honnquist (1964), Coompton e Comstock (1976), isto é, a avaliação das progênies com repetições em vários ambientes e a recombinação sendo realizada em campo isolado. O processo passou a ser denominado de seleção entre e dentro de progênies.

Esse procedimento foi e tem sido amplamente utilizado em outras plantas, além da cultura do milho. No caso da cultura do eucalipto, e até mesmo *Corymbia*, o processo tem sido muito empregado, porém com uma estratégia diferente da utilizada pelo milho, principalmente porque a seleção é realizada após o florescimento. Nesse caso, a recombinação dos indivíduos ocorre no próprio experimento, após a eliminação dos não selecionados. Evidentemente, essa

opção de recombinação tem a vantagem de reduzir o tempo necessário para completar cada ciclo seletivo. Contudo, existem desvantagens, como a diferença entre as distâncias das árvores a serem recombinadas, formando clareiras, e a falta de coincidência no florescimento das plantas. Todavia, posteriormente com a possibilidade das plantas selecionadas serem clonadas e a implementação de tecnologias que tornam viáveis as hibridações artificiais, facilitou e melhorou a eficiência da recombinação. Comentários a respeito de recombinação em plantas perenes podem ser encontrados em Ramalho, Souza e Silva Júnior (2023).

Neste trabalho, por exemplo, com HS foi necessário selecionar 100 indivíduos para serem clonados, obtendo-se então, para continuidade da seleção, 100 HS, já com FS foram selecionados apenas 15 indivíduos, isso porque se os cruzamentos forem cruzados aos pares - dialélico - será possível obter 105 progênies FS, ou seja, $[(15 \times 14) / 2]$. Veja que, a intensidade de seleção com FS foi 6,7 vezes maior que com HS, o que evidentemente possibilita maior ganho esperado com a seleção, como foi observado nas tabelas 5 e 6.

Com o advento da utilização intensiva dos modelos mistos nas análises dos dados em plantas, algumas alterações ocorreram no caso de plantas perenes, em especial com o gênero *Eucalyptus* (RESENDE, 2015). Nesse contexto deve-se evidenciar que uma das grandes vantagens dos modelos mistos está em possibilitar mitigar os danos do desbalanceamento por perda de plantas e de tratamentos, que podem ocorrer no campo ou no momento de analisar os dados. Deve ser enfatizado que, se os experimentos são balanceados não há diferença entre o emprego do método dos quadrados mínimos e modelos mistos (BERNARDO, 2020).

Contudo, com o emprego dos modelos mistos na análise dos dados, a seleção entre as melhores progênies e posteriormente dos melhores indivíduos dentro das progênies é substituída pela seleção combinada que leva em consideração o mérito das progênies e o mérito do indivíduo. Assim, a seleção deixa de ser denominada de entre e dentro de progênies e passa a ser seleção combinada.

Essa estratégia de seleção foi adotada no presente trabalho. Constatou-se que para ambas as espécies o ganho esperado com a seleção pode ser considerado expressivo em todos os locais (TABELA 5). Esse fato ocorreu em função da variação observada entre as progênies e entre os indivíduos avaliados. Adicionalmente, as estimativas de herdabilidade/acurácia foram de grande magnitude especialmente entre progênies de *C. maculata*, que foram superiores a 90%. Com relação a h^2 para a seleção entre indivíduos, a h_{d*}^2 foi de menor magnitude especialmente para *C. torelliana*, inferior a 20% (Tabela 3), o que contribuiu para a redução dos ganhos genéticos esperados para CM.

A recombinação quando se realiza a seleção recorrente (SR) pode ser por meio da seleção dos cruzamentos ao acaso obtendo-se progênies HS, ou por meio dos cruzamentos dos indivíduos aos pares, obtendo-se FS. A recombinação com HS, contribui para maior tamanho efetivo (N_e), o que teoricamente permite a SR a mais longo prazo que com FS. Contudo, a obtenção de HS tem algumas restrições. A primeira é não ter uma boa representatividade genética no momento das polinizações. Esse fato ocorre mesmo se as polinizações forem manualmente realizadas por uma mistura de pólen. Além do mais, se forem utilizados clones na recombinação, cada um possibilita ter apenas uma progênie HS. Numa situação como essa, a intensidade de seleção tem que ser baixa, isso é, selecionar mais indivíduos, o que reduz o ganho esperado com a seleção (RAMALHO; SOUZA; SILVA JÚNIOR, 2023).

Entretanto, um fato que chamou a atenção no emprego da seleção combinada foi o grande número de progênies envolvidas no processo seletivo. Por exemplo, com *C. maculata*, experimento CM1, das 62 progênies avaliadas estariam indivíduos de 24 progênies. No experimento CM2 teriam 32 progênies. Nesse último caso a intensidade de seleção entre progênies seria superior a 56%. Com *C. torelliana*, esse número de progênies envolvidas seria ainda maior. No caso, por exemplo, do local CT2 foram 49 progênies em 57. Fica claro, inclusive, que quanto menor a $\hat{\sigma}_{dk}^2$ maior foi o número de progênies envolvidas no processo seletivo.

Comparando a seleção entre e dentro de progênies em relação à seleção combinada a partir de dados de avaliação de progênies de HS de *Eucalyptus grandis*, Martins *et al.*, (2005) concluíram que “o processo de seleção combinada se mostrou superior ao da seleção entre e dentro, devido as maiores estimativas de ganhos genéticos esperados e, também ao fato de selecionar maior número de famílias para a recombinação”.

Como já mencionado, o mesmo fato foi observado nesse trabalho. Todavia, essa estratégia de seleção considerando um programa de seleção recorrente necessita de algumas ponderações. A primeira delas é que, a grande vantagem do emprego de progênies é que a avaliação possui melhor acurácia. Nessa condição, a intensidade de seleção pode e deve ser maior, isto é, tem-se mais confiabilidade de selecionar menor número de progênies. Com a seleção combinada esse fato normalmente não é observado, como ocorreu no presente trabalho. O argumento de se ter a melhor representatividade genética com a seleção de maior número de progênies, como comentado por Martins *et al.*, (2005) deve ser questionado. Será que selecionando maior número de progênies, aplicando menor intensidade de seleção, justifica utilizar o emprego de progênies? Esse questionamento poderia ser realizado de outro modo.

Investir em experimento avaliando progênies por seis ou mais anos e depois aplicar uma baixa intensidade de seleção entre progênies é justificável?

A seleção combinada tem como principal argumento que pode ocorrer indivíduos com excelente desempenho em progênies com média mais baixa que devem ser selecionados. O argumento é válido. Contudo, para a seleção individual dentro das progênies a herdabilidade (h_{dk}^2) normalmente é baixa. Em certas situações, como ocorreu nessa pesquisa, a h_{dk}^2 foi em média três vezes menor que a h_{mk}^2 (TABELA 3). Assim, a segurança na seleção de indivíduo com ótimo desempenho em uma progênie com DAP médio de pequena magnitude é evidentemente baixa. Esse fato, pelo menos parcialmente, pode estar contribuindo para que a performance dos indivíduos selecionados nos testes de progênies e o clone deles derivado seja pequena, como contatado em algumas situações (REIS *et al.*, 2011).

Outro fato que deve ser considerado na grande variação observada no número de indivíduos selecionados por progênie, é o seu efeito no resultado da SR a médio prazo. Certamente tem consequências na recombinação. É fácil imaginar que o desbalanceamento no número de indivíduos por progênie certamente terá consequências na recombinação dos indivíduos selecionados. Na seleção efetuada com *C. maculata*, considerando os dois locais e recombinação para seleção de HS, na seleção de 100 indivíduos, 39 foram de uma única progênie.

Quando são realizados experimentos de avaliação de progênies em mais de um local, tem-se dois objetivos principais: i) aumentar o número de repetições na avaliação de progênies e ii) estimar a interação das progênies por locais. Contudo, a intenção nem sempre é obter uma população melhorada para cada local, pelas dificuldades que esse fato acarreta. Então, ocorrendo ou não interação progênies x locais, tem-se como foco obter uma única população melhorada. Nesse caso, como proceder? Se for realizada a recombinação no próprio experimento a única opção é selecionar as melhores progênies/indivíduos e após a produção das sementes essas serão misturadas, de preferência em igual proporção para constituir uma população melhorada única.

Outra alternativa exige que seja identificado os melhores indivíduos em cada local, os quais serão clonados. Todos os clones selecionados serão plantados no mesmo local, procedendo a recombinação para obter progênies de HS ou FS. Para dar continuidade ao processo, após a recombinação, as sementes serão misturadas. O desafio nessa situação é desenvolver uma estratégia para identificar os indivíduos a serem recombinados considerando os locais em conjunto. A alternativa empregada nesta pesquisa foi obter a performance de cada

indivíduo por meio de ajustes, envolvendo testemunhas comuns (clones) avaliados em diferentes locais. Dessa forma, as diferenças nas condições ambientais podem ser atenuadas.

Como já mencionado, essa metodologia é especialmente recomendada quando a interação das testemunhas x locais não é expressiva, como ocorreu nesse trabalho. Não foi encontrado nenhum relato a esse respeito na literatura com avaliação de progênies de espécies do gênero *Corymbia* ou mesmo de *Eucalyptus*.

Uma opção adicional para se proceder a seleção considerando a avaliação em vários locais seria por meio da seleção das progênies na média dos diferentes locais. Essa seleção poderia ser realizada aos três anos identificando as melhores progênies na média. Sementes remanescentes das progênies que estão armazenadas no banco de germoplasma, seriam utilizadas para o plantio em campo isolado (campo de recombinação). Neste campo as plantas de cada progênies, por exemplo, 100 mudas poderiam ser misturadas ou plantadas em linha. No florescimento seria efetuada a seleção, de por exemplo, 10 plantas de cada progênie. Nessa condição, o processo passa a ser denominado seleção entre e dentro de progênies, considerando que o experimento de avaliação de progênies seria novamente avaliado aos seis anos. Se algumas progênies avaliadas não mantiverem sua performance, as plantas dessa progênie no campo de recombinação poderiam ser eliminadas antes do florescimento. Neste caso, o processo de seleção de cada ciclo seletivo seria muito semelhante, especialmente com relação a duração de cada ciclo. A vantagem adicional é que o teste de progênies só irá utilizar a informação referente a média das progênies, o que evidentemente, como já mencionado, é muito mais eficiente.

Nesse caso, as estimativas do ganho com a seleção dentro das progênies considerando os cruzamentos aleatoriamente realizados seria obtida por $GS_d = [c(3/4\hat{\sigma}_A^2)]/\hat{\sigma}_d$, em que o c corresponde a intensidade de seleção aplicada, valor tabelado em função da proporção de plantas selecionadas, e σ_d corresponde ao desvio padrão. Nesta situação também, a recombinação poderia ser realizada obtendo FS. Nesse caso, tudo que foi comentado anteriormente em relação à vantagem de se aplicar a maior intensidade de seleção são válidas. A vantagem adicional desse procedimento é que ele não necessita realizar a clonagem dos indivíduos.

Finalmente é preciso mencionar que existem relatos da ocorrência de vigor híbrido no cruzamento de indivíduos de *C. torelliana* com *C. maculata*. Nessa condição, para aproveitar essa heterose uma das possibilidades seria a condução de um programa de seleção recorrente recíproca (HALLAUER *et al.*, 2010). Contudo, esse procedimento, embora cientificamente

aconselhável nessa situação, tem-se como inconveniente a demora no processo de condução de cada ciclo seletivo.

Outra opção que facilitaria muito o processo seria obter um composto das duas espécies para se realizar a seleção recorrente intrapopulacional (SRI). Nesse caso, a partir da seleção realizada em ambas as espécies simultaneamente a hibridação visando a recombinação de cada população, poder-se-ia promover os cruzamentos dos indivíduos de *C. torelliana* com *C. maculata*, obtendo os híbridos entre eles, ou seja, progênes de FS entre espécies. A partir daí, poder-se-ia realizar duas estratégias: i) as sementes híbridas obtidas (FS) poderiam ser misturadas visando a obtenção de uma nova população – composto entre duas espécies e ii) a avaliação das progênes FS híbridas das duas espécies para o início de um programa de seleção recorrente recíproca (SRR). Nesse caso, como se tem progênes de FS híbridas, poder-se-ia proceder um teste de progênes clonadas (TPC). Ao mesmo tempo em que as progênes seriam avaliadas para continuação do programa de seleção recorrente, os clones poderiam ser avaliados ganhando o tempo, que é comum no teste de progênes clonadas (RAMALHO, SOUZA; SILVA JÚNIOR, 2023).

5 CONCLUSÕES

Os experimentos de *Corymbia maculata* apresentaram menor taxa de sobrevivência das plantas, o que contribuiu para o incremento do diâmetro à altura do peito, sendo a provável razão das maiores estimativas do ganho para essa espécie.

Para ambas as espécies ocorreu o ganho esperado com a seleção em todos os locais. Constatou-se que, na seleção combinada, a intensidade de seleção entre as progênes foi muito branda (grande número de progênes sendo selecionadas), mesmo considerando que a herdabilidade na média das progênes foi muito superior as obtidas entre os indivíduos.

O número de indivíduos selecionados por progênes foi muito diferente. Evidentemente, esse fato pode reduzir a eficácia da seleção recorrente a médio prazo. O emprego de clones como testemunhas comuns é viável para seleção de uma única população melhorada a partir da avaliação de progênes em mais de um local.

REFERÊNCIAS

ABREU, G. B. *et al.* Computer simulation for the evaluation of recombination strategies in intrapopulation recurrent selection in Eucalyptus. **Silvae genetica**, [S. l], v. 62, n. 1-6, p. 68-79, 2013. Disponível em: <https://sciendo.com/article/10.1515/sg-2013-0009>. Acesso em: 3 dez. 2023.

ARAÚJO, M. J. de; *et al.* Initial productivity and genetic parameters of three *Corymbia* species in Brazil: designing a breeding strategy. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 51, [S. l.], n. 1, p. 25-30, 2021. Disponível em: <https://cdnsiencepub.com/doi/abs/10.1139/cjfr-2019-0438>. Acesso em: 1 dez. 2023.

BERNARDO, R. Reinventing quantitative genetics for plant breeding: something old, something new, something borrowed, something BLUE. **Heredity**, [S. l.], v. 125, n. 6, p. 375-385, 2020. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41437-020-0312-1>. Acesso em: 1 dez. 2023.

ASSIS, T. F.; REIS, C. A. F. Recomendação de espécies e híbridos. In: RESENDE R. T.; BORÉM, A.; LEITE, H. G. (org.) **Eucalipto: do plantio à colheita**. São Paulo-SP: oficina de Textos, (2022). ISBN 978-6586235-61-1.

CASTRO, C. A. de O.; BHERING, L. L.; CRUZ, C. D. Brief history of Eucalyptus breeding in Brazil under perspective of biometric advances. **Ciência Rural**, [S. l.], v. 46, p. 1585-1593, 2016. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cr/a/Ky6FBf5m7WMNLxkwtYQPhrp/#>. Acesso em: 3 dez. 2023.

COMPTON, W. A.; COMSTOCK, R. E. More on Modified Ear-to-Row Selection in Corn. **Crop Science**, [S. l.], v. 16, n. 1, p. 122-122, 1976. Disponível em: <https://acess.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.2135/cropsci1976.0011183X001600010034>. Acesso em: 3 dez. 2023.

COSTA, R. R. G. F.; RAMALHO; M. A. P. Correspondence between performance of Eucalyptus spp. trees selected from family and clonal tests. **Genetics and Molecular Research**, [S. l.], v. 10, n. 2, p. 1172-1179, 2011. Disponível em: <https://www.geneticsmr.com/sites/default/files/articles/year2011/vol10-2/pdf/gmr1078.pdf>. Acesso em: 3 dez. 2023.

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

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. de. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 2010.

INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES. Cenários IBÁ: Estatísticas da indústria brasileira de árvores. **Boletim**, 2019. Disponível em: <https://iba.org/datafiles/publicacoes/relatorios/relatorio-anual-iba2022-compactado.pdf>. Acesso em: 28 jul. 2022.

NUNES, A. C. P.; SANTOS, O. P. dos; SANTOS, G. A. DOS; RESENDE, M. D. V. DE. Statistical strategies design based on competition classes of Eucalyptus clones. **Industrial Crops and Products**, [S. l.], v. 124, p. 66-73, 2018. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0926669018306265?casa_token=31OtxKJqT3cAAAAA:oCYPJjTshccp-g7-Dl3MrqDs0qop_jIsS8-3g_tm-ryJiRIxkqyhP6iFp_j4Q6rrjXKUBt1-Exw. Acesso em: 3 dez. 2023.

PACHECO, C. A. P.; RAMALHO, M. A. P.; MAGNAVACA, R. Uma nova visão da história do desenvolvimento do método de seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos de milho. *In*: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 1990, Vitória. **Resumos**. [...]. Vitória: EMCAPA/EMBRAPA, 1990. p. 10.

PATTERSON, H. Desmond; THOMPSON, Robin. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, [S. l.], v. 58, n. 3, p. 545-554, 1971.

R CORE TEAM (2022), **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. **R Foundation for statistical Computing**, Vienna, Austria. Disponível em: <http://www.R-project.org/>. Acesso em: 3 dez. 2023.

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

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, H. G.; SOUZA, T. da S. Eucalyptus breeding programs: a proposal for the use of inbred progênies. **CERNE**, [S. l.], v. 28, 2022. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cerne/a/8dZSb5FZCmNJkx7fgMmnpKG/>. Acesso em: 3 dez. 2023.

RAMALHO, M. A. P.; SOUZA, T. da S.; SILVA JÚNIOR, V. P. DA. INTRAPOPOPULATION RECURRENT SELECTION STRATEGIES IN PLANT BREEDING. **Functional Plant Breeding Journal**, [S. l.], v. 5, n. 1, 2023. Disponível em: <http://159.89.122.252/fpbj/index.php/fpbj/article/view/181>. Acesso em: 3 dez. 2023.

RESENDE, M. D. V. **Genética quantitativa e de populações**. 1 ed. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2015.

RUTKOSKI, J. E. A practical guide to genetic gain. **Advances in agronomy**, [S. l.], v. 157, p. 217-249, 2019. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0065211319300549>. Acesso em: 3 dez. 2023.

SANTOS, H. G.; *et al.* Strategies for the analysis of single-tree plot experiments in Eucalyptus plantations. **Journal of Forestry Research**, [S. l.], v. 32, n. 6, p. 2437-2445, 2021. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11676-021-01322-y>. Acesso em: 3 dez. 2023.

SILVA, P. H. M. da; BARRICHELO, L. E. George. Progressos recentes na área florestal. **Ciência, agricultura e sociedade**, 2006.

SILVA, P.H.M.; *et al.* Initiation of breeding programs for three species of Corymbia: Introduction and provenances study. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [S. l.], v. 22, n. 1, p. 1-9, 2022. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cbab/a/JCsJbBR4JHP7Ty8TzcBT4BQ/>. Acesso em: 3 dez. 2023.

ZHANG, J.; *et al.* Comparison of breeding values estimated between single-tree and multiple-tree plots for a slash pine population. **Tree Genetics & Genomes**, [S. l.], v. 11, n. 48, p. 1-10, 2015. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11295-015-0870-1>. Acesso em: 3 dez. 2023.

APÊNDICE

Estimativas dos componentes da variância e outros parâmetros, com os dados não ajustados, de progênies de *C. maculata* e *C. torelliana*, considerando os dados de diâmetro à altura do peito (DAP) em centímetros, aos 6 anos, por local e conjunta.

Individuais	CM		CT		
	CM1	CM2	CT1	CT2	CT3
$\hat{\sigma}_{ak}^2$	18,22	11,34	2,57	1,15	4,00
$\hat{\sigma}_e^2$	24,80	22,14	8,49	8,24	11,72
$\hat{\sigma}_{dk}^2$	24,02	21,17	9,04	8,76	11,98
r_{gg}	0,93	0,91	0,86	0,76	0,88
h_{mk}^2	0,88	0,83	0,75	0,58	0,77
h_{dk}^2	0,58	0,40	0,21	0,09	0,25
Média das progênies	16,17	14,65	12,12	11,26	11,90
Média das testemunhas¹	22,30	21,99	21,91	17,22	22,28
Conjunta	CM		CT		
$\hat{\sigma}_{a*}^2$	16,08		2,08		
$\hat{\sigma}_{e*}^2$	23,06		9,50		
$\hat{\sigma}_{d*}^2$	23,41		10,05		
h_{m*}^2	0,95		0,87		
h_{d*}^2	0,51		0,20		
Progênies x Ambientes	0,31 ^{NS}		0,26 ^{NS}		
Média das progênies	15,50		11,83		
Média das testemunhas	22,14		20,47		

¹ Dados médios das testemunhas sem ajuste. $\hat{\sigma}_{ak}^2$ e $\hat{\sigma}_{a*}^2$: Variância aditiva individual e na conjunta. $\hat{\sigma}_{dk}^2$ e $\hat{\sigma}_{d*}^2$: Variância dentro de progênies e na conjunta. $\hat{\sigma}_e^2$ e $\hat{\sigma}_{e*}^2$: Variância do erro individual e na conjunta. r_{gg} : Acurácia experimental. h_{dk}^2 e h_{d*}^2 : Herdabilidade dentro de progênies em cada ambiente e na conjunta. h_{mk}^2 e h_{m*}^2 : Herdabilidade entre médias de progênies e na conjunta. ^{NS}: não significativo.