

**PERFORMANCE DOS INDIVÍDUOS NOS  
TESTES DE PROGÊNIES E OS  
RESPECTIVOS CLONES DE EUCALIPTO**

**RAONI RIBEIRO GUEDES FONSECA COSTA**

**2008**

**RAONI RIBEIRO GUEDES FONSECA COSTA**

**PERFORMANCE DOS INDIVÍDUOS NOS TESTES DE  
PROGÊNIES E OS RESPECTIVOS CLONES DE  
EUCALIPTO**

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

Orientadora.

Profa. Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves

LAVRAS  
MINAS GERAIS - BRASIL  
2008

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

Costa, Raoni Ribeiro Guedes Fonseca.

Performance dos indivíduos nos testes de progênies e os respectivos clones de eucalipto / Raoni Ribeiro Guedes Fonseca Costa. -- Lavras : UFLA, 2008.  
66 p. : il.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Lavras, 2008.

Orientador: Flávia Maria Avelar Gonçalves.

Bibliografia.

1. Eucalipto. 2. Teste de progênies. 3. Teste clonal. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 634.973420415

RAONI RIBEIRO GUEDES FONSECA COSTA

PERFORMANCE DOS INDIVÍDUOS NOS TESTES DE PROGÊNIES E OS  
RESPECTIVOS CLONES DE EUCALIPTO

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

APROVADA em 29 de fevereiro de 2008.

Dr. Leonardo Novaes Rosse.

VERACEL CELULOSE S/A

Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho (co-orientador).

UFLA

Profa. Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves

UFLA

(Orientadora)

LAVRAS

MINAS GERAIS - BRASIL

Aos meus pais, Juarez Fonseca Costa e Edilamar Ribeiro Guedes,

À minha irmã, Anaira e ao meu irmão Taiubi,

Aos meus avós, Edmar Guedes e Luzia Fonseca Costa.

### **OFEREÇO**

A minha esposa e amiga Juliana de M. Souza, por todo o amor e  
dedicação em todos os momentos.

### **DEDICO**

## **AGRADECIMENTOS**

À Universidade Federal de Lavras e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela oportunidade de realização do mestrado.

Ao (CNPq) pela concessão da bolsa de estudos.

À Veracel celulose S/A, pela oportunidade de conduzir este trabalho na empresa, em especial ao pesquisador Dr. Leonardo Novaes Rosse, pela estimada ajuda.

À professora, Flávia Maria Avelar Gonçalves pelos ensinamentos, amizade e, principalmente, pela confiança depositada em mim no início deste curso.

Ao Professor Magno Antonio Patto Ramalho pela co-orientação, disponibilidade, pelos ensinamentos transmitidos e pelo estímulo em buscar sempre mais conhecimento.

Aos professores João Bosco dos Santos, João Cândido, Elaine A. Souza e César Brasil P. Pinto pela inestimável contribuição para com meus conhecimentos e a condução deste trabalho.

Ao meu sogro João Bueno de Souza; minha sogra, Geralda de Moraes Souza e ao meu cunhado, Jairo de Moraes Souza, pela amizade e apoio em todos estes anos de convívio.

Ao meu primo, Ésio Macedo Ribeiro pelo companheirismo, especialmente no fim desta jornada.

Aos colegas Adriano Bruzi, Letícia Catellan, Rafaela P. Antônio, Jeanne C. Goulart, Fabrício Rodrigues, Livia M. C. Davide, Ranoel Gonçalves, José Wilson, José Luiz Sandez, César A. B.Ticona, Ana Luiza Timbó, Dheyne Melo, Cristiane Frajardo e José Luiz Lima pela convivência.

Aos meus amigos Rafael (Cascalho), Daiane Peixoto Vargas, Helton Rafael Benett, Samuel de Pádua, Mary Ana P. Rodriguez, Thiago Vilela, Lucélia Cabral, Mariana Peres de Lima, Thaís Giovanini Pellegrini, Camila, Alex e Plank, pelos bons tempos que passamos juntos.

Aos meus amigos de Goiás, Flávio Henrique, Rogério S. Mendonça, Clayton, Joyce Cândida, Eva Cândida, Fernanda Maria, Gleybe Arantes, Sebastião Vasconcelos, Cleudineia F. Moraes, Marcelo Gonçalves e Fabrício Borges, pelo apóio, apesar da distância.

Aos funcionários do DBI, Elaine, Irondina e Lamartine, pela convivência e auxílio durante o curso.

A todos os colegas do GEN, pela amizade e apoio durante todo o mestrado.

A toda a minha família, meus pais e irmãos, por me apoiarem e confiarem em minha vontade de alcançar meus objetivos.

## SUMÁRIO

	<b>Página</b>
RESUMO.....	i
ABSTRACT.....	ii
1 INTRODUÇÃO .....	1
2 REFERENCIAL TEÓRICO.....	3
2.1 O gênero <i>Eucalyptus</i> .....	3
2.2 Algumas espécies de eucalipto que tem sido usadas nos programas de melhoramento no Brasil. ....	3
2.2.1 <i>Eucalyptus grandis</i> .....	3
2.2.2 <i>Eucalyptus urophylla</i> .....	4
2.2.3 <i>Eucalyptus pellita</i> .....	5
2.2.4 <i>Eucalyptus brassiana</i> .....	6
2.2.5 <i>Eucalyptus globulus Labill</i> .....	6
2.2.6 <i>Eucalyptus tereticornis</i> .....	7
2.3 Retrospectiva do melhoramento genético do eucalipto no Brasil.....	8
2.4 Teste de espécies e procedências.....	11
2.5 Seleção recorrente.....	12
2.6 Teste clonal.....	16
2.7 Interação genótipos x ambientes.....	17
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	18
3.1 Material genético e condução dos experimentos.....	18
3.1.1 Teste de progênies .....	18
3.1.2 Análise das variâncias e estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos.....	20
3.1.3 Teste clonal.....	24



3.1.4 Análise das variâncias e estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos.....	24
3.2 Herdabilidade realizada e ganho com a seleção considerando a seleção das matrizes no teste de progênies e o teste clonal.....	28
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	32
4.1 Teste de progênies .....	32
4.2 Teste clonal.....	37
4.3 Ganho realizado com a seleção .....	42
4.4 Ranking das melhores progênies e clones.....	49
5 CONCLUSÃO.....	52
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	53
ANEXOS.....	59

## RESUMO

COSTA, Raoni Ribeiro Guedes Fonseca. **Performance dos indivíduos nos testes de progênies e os respectivos clones de eucalipto.** 2008. 66p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Universidade Federal de Lavras, Lavras-MG.\*

Com o objetivo de comparar o desempenho entre indivíduos selecionados em teste de progênies e os clones deles derivados, foram avaliadas 196 progênies de irmãos germanos aos dois e quatro anos de idade, e quatro clones comerciais como testemunhas. O delineamento experimental foi o de blocos casualizados com cinco repetições e parcelas constituídas de cinco plantas, com espaçamento de 3,0 x 3,0 m. O experimento foi conduzido em três locais. Os 173 melhores indivíduos selecionados no teste de progênies mais treze testemunhas foram avaliados no teste clonal aos dois anos de idade. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com 20 repetições, com uma planta por parcela, em dois locais. Os experimentos foram conduzidos pela empresa Veracel Celulose S.A., no município de Eunápolis, BA. Foram avaliados a circunferência à altura do peito em centímetro (CAP), a altura em metros (ALT) e o volume em metros cúbicos por planta (VOL). Foram estimados os componentes de variância genética e fenotípica, as herdabilidades realizadas, os ganhos em porcentagem e os índices de coincidência para diferentes intensidades de seleção. Estimou-se também a correlação entre indivíduos no teste de progênies e no teste clonal. Em função dos resultados obtidos, concluiu-se que: A correlação entre a performance das matrizes em teste de progênies com o desempenho de indivíduos no teste clonal é baixa, contudo as estimativas da herdabilidade realizada superior a 50% evidenciam que a seleção das matrizes no teste de progênies é eficiente.

---

\* Comitê Orientador: Flávia Maria Avelar Gonçalves (Orientadora), Magno Antonio Patto Ramalho (Co-orientador).

## ABSTRACT

COSTA, Raoni Ribeiro Guedes Fonseca. **Individuals' performance in progenies test and respective clones of eucalyptus**. 2008. 66p. Dissertation (Master's degree in Genetics and plant breeding)-Federal-university of Lavras, Lavras-MG.\*

In order to compare the performance of individuals selected in progenies test and the clones derived from them, 196 full-sib progenies were appraised, at two and four years of age, using four commercial clones as control. The experimental design was randomized complete blocks with five replications and five plants per plot, spaced 3.0 x 3.0 m. The experiment was carried out in three places. The 173 better individuals selected in the progenies test plus thirteen controls were appraised in the clonal test at two years of age. The experimental design was randomized complete blocks, with 20 replications, containing one plant per plot in two places. These experiments were carried out by the Veracel Celulose S/A company, located in Eunápolis County, BA. The circumference at the chest height (CAP), height (ALT) and volume in cubic meters per plant (VOL) were evaluated. The components of genetic and phenotypic variance, heritability, gain in percentage and coincidence indexes, for different selection intensities were estimated. The correlation among individuals in the progenies test and their clones in the clonal test was also estimated. The results showed that the correlation among the performance of the matrices in progenies test with the individuals' performance in the clonal test is low, however the estimates of realized heritability superior to 50 % indicated that selection of matrices in the progenies test is efficient.

---

\* Guiding committee: Flávia Maria Avelar Gonçalves (Advisor), Magno Antonio Patto Ramalho (Co-advisor).

## 1 INTRODUÇÃO

O sucesso do cultivo do eucalipto no Brasil deve-se, principalmente, à seleção clonal, associada às técnicas de manejo que contribuíram para o expressivo aumento no volume de madeira e produção de celulose por hectare. Com isso, a produtividade de madeira passou de 20 m<sup>3</sup>/ha/ano, em 1960 para 40 m<sup>3</sup>/ha/ano, em 1998 (Vencovsky & Ramalho, 2006).

A seleção de indivíduos fenotipicamente superiores em plantios comerciais para clonagem foi muito utilizada e proporcionou ganhos expressivos, uma vez que estes plantios são provenientes de hibridações naturais e apresentam uma ampla variabilidade genética a disposição do melhorista para seleção (Ferreira & Santos, 1997). Contudo progressos genéticos adicionais são difíceis na reamostragem dessa população (Gonçalves et al., 2001).

Dessa forma, é necessário utilizar metodologias capazes de ampliar as chances de gerar novas combinações genotípicas superiores. Uma das formas de obter estas combinações é através da hibridação artificial, que tem a finalidade de associar fenótipos favoráveis de caracteres de interesse que encontram-se em indivíduos de diferentes espécies, em um clone (Assis.,2000, Resende et al., 2005). Após a realização dos cruzamentos controlados são obtidas as progênies de irmãos-germanos, estas progênies são avaliadas em teste de progênies. A avaliação das progênies é o processo mais demorado e que exige maior atenção do melhorista, e representa um custo considerável para as empresas (Silva, 2001; Andrade, 2002).

A seleção de indivíduos em teste de progênies para clonagem tem sido realizada a partir do fenótipo dos caracteres de interesse. No passado foi intensamente utilizada a seleção entre e dentro de progênies com ganhos expressivos (Kageyama & Vencovsky, 1983). Mais recentemente com as facilidades computacionais a seleção das matrizes tem sido efetuada por meio do

BLUP (“Best Linear Unbiased Prediction”). Depois de identificadas as matrizes superiores estas são avaliadas em testes clonais.

Nos testes clonais, é avaliado um grande número de clones, aumentando a chance de se obter clones melhores do que os pré-existentes. Um questionamento importante é a possível associação entre o desempenho de árvores matriz no teste de progênie e do clone correspondente nos testes clonais. Não foram encontradas informações consistentes desta associação. Como ela é fundamental para se desenvolver novas estratégias de melhoramento foi realizado o presente trabalho com o objetivo de comparar o desempenho de indivíduos selecionados em teste de progênie com os clones deles derivados.

## 2 REFERENCIAL TEÓRICO

### 2.1 O gênero *Eucalyptus*

As espécies do gênero *Eucalyptus* tiveram sua origem na Austrália e nas regiões próximas, como Timor, Indonésia, Papua Nova Guiné, Molucas, Irian Jaya e sul das Filipinas, mas confinadas predominantemente ao continente australiano, na faixa latitudinal entre 9°N e 45°S, encontrando-se amplamente distribuídas entre as altitudes de 30 m a 2.000 m (Eldridge et al., 1994).

A primeira classificação global dos eucaliptos foi publicada por Blakely em 1934. Nela, ele estudou mais de 600 táxons, com base nos trabalhos anteriores do Maiden e Mueller (citados por West, 2006). A classificação de Blakely continuou a ser a referência fundamental para taxonomistas de *Eucalyptus* por mais de 37 anos, quando uma nova, porém informal, classificação foi publicada por Pryor e Johnson (1971). Neste trabalho, os autores dividiram o gênero em sete subgêneros, embora de natureza informal, o que apresentou um grande avanço no estudo de Blakely (West, 2006). Por outro lado, baseando-se em análises filogenéticas e morfológicas, Udovicic & Ladiges (2000) indicaram que *Angophora* e *Corymbia* são monofiléticas, porém, são distintas do *Eucalyptus*. Estas relações foram congruentes com outros estudos de análise morfológica e molecular (Hill & Johnson, 1995; Ladiges et al., 1995; Udovicic et al., 1995; Steane et al., 1999; Steane et al., 2002).

### 2.2 Algumas espécies de eucalipto que têm sido usadas nos programas de melhoramento no Brasil

#### 2.2.1 *Eucalyptus grandis*

Espécie originária da Austrália, apresentando distribuição natural entre 16° e 33° de latitude Sul, sendo a maior ocorrência entre 26° e 33° Sul. A maioria das florestas naturais desta espécie ocorre no sul de Queensland e norte de New South Wales, em terras baixas, na região costeira e em colinas com altitude em torno de 600 m, não se estendendo mais do que 100 km do mar. Esta é encontrada em vários tipos de solos, mas, geralmente, em solos profundos e bem drenados, com moderada fertilidade, não tolerando ambientes alagados. Nessas regiões, as precipitações variam de 1.000 a 1.800 mm anuais (Eldridge et al., 1994). Esta espécie possui crescimento exuberante e é amplamente plantada em regiões subtropicais. É caracterizada pela baixa resistência à seca, mas uma precipitação média anual de 900 mm é geralmente adequada, desde que bem distribuída. Geadas fortes limitam a plantação em áreas com altas altitudes (Turnbull & Pryor, 1984). No Brasil, destacou-se pelo seu rápido crescimento e grande adaptação. Suas árvores são retas e fornecem excelente madeira para serraria, escoras e para a produção de celulose, sendo, por isso, uma espécie bastante utilizada nas áreas reflorestadas (Assis, 1996).

### **2.2.2 *Eucalyptus urophylla***

Esta espécie é encontrada naturalmente na costa do Timor, Flores e outras ilhas da Indonésia, em latitudes que variam de 6° a 10° Sul, em altitudes de 300 a 3.000 m, com precipitações anuais de 1.000 a 2.000 mm. Apresenta crescimento muito bom em baixas altitudes e resistência ao cancro, causado pelo fungo *Cryosphorte cubensis* (Moura, 2004). É uma espécie de grande potencialidade para regiões de clima quente e de elevados déficits hídricos, devido ao seu bom desenvolvimento nestas condições, à boa qualidade da madeira para carvão, celulose, serraria e, principalmente, pela sua resistência ao

cancro. Suas árvores são de grande porte, retas, com forte dominância apical e casca rugosa (Ruy, 1998).

Freqüentemente, é enfatizado que plantas de populações de *E. grandis* têm boa capacidade de combinação com *E. urophylla* (Rezende & Resende, 2000; Assis, 2000; Ferreira & Santos, 1997). Inclusive, Rezende (2002) menciona que os melhores clones são, provavelmente, híbridos entre as duas espécies.

### ***2.2.3 Eucalyptus pellita***

Nesta espécie, as árvores têm tamanho médio superando os 40 m de altura e 1 m de diâmetro altura do peito (DAP), com excelente forma do fuste. Em solos pobres, alcança 15 a 20 m e, em terrenos arenosos ao nível do mar, a altura é de 5 a 10 m. Ocorre em duas áreas distintas: ao norte (Região A) estende-se do Iron Range, perto da Península Cape York, ao norte de Townsville, Queensland (Latitude 12°45' a 19°S) e, ao sul (Região B), ocorre próximo de Gladstone, em Queensland, até perto de Tathra, em New South Wales (Latitude 24° a 36°45'S). Distribui-se esporadicamente no norte de New South Wales e ao sul de Queensland. As altitudes variam do nível do mar até 600 m, em zonas quentes e úmidas. A temperatura máxima média do mês mais quente está entre 24° e 30°C, e a mínima média do mês mais frio está entre 4° e 19°C. Geadas não ocorrem nas áreas do norte enquanto que, nas áreas do sul (Região B), ocorre raramente, nas maiores altitudes (IPEF, 2004).

A precipitação varia de 900 a 2.200 mm, concentrando-se mais no verão. Ocorre em topografia ondulada, limitada por precipícios, em terrenos bem drenados e levemente encharcada. Prefere vales, na parte seca e quente, próximo a ribeirões. Os solos variam de rasos e arenosos, derivados de arenito, a podzólicos (argilosos e profundos). É de floresta aberta alta e as espécies



associadas nas áreas do norte são *E. tereticornis*, *E. tessellaris*, *E. intermedia* e *E. torelliana*. No sul (Região B), as espécies associadas são *E. gummifera*, *E. paniculata*, *E. botryoides* e *E. saligna*. A densidade básica é de 0,960 g/cm<sup>3</sup> (IPEF, 2004).

#### **2.2.4 *Eucalyptus brassiana***

Ocorre naturalmente em formações florestais fechadas ou abertas, desde o sudeste de Papua-Nova Guiné, onde é conhecida comumente por karo, até a região do Cabo York, no nordeste do estado de Queensland, Austrália, onde é conhecido por Cape York *red gum* ou *gum-topped peppermint*. Também é encontrado em pequenas ilhas entre estes dois países. Sua distribuição latitudinal vai de 13,5 ° (lado ocidental) até próximo a 16,5° (lado oriental), na Austrália; é encontrado desde o nível do mar até cerca de 650 m de altitude. Seu porte é pequeno, com altura variando de 7 a 15 m, e diâmetro de 0,3 a 0,5 m. Sua forma está mais para ruim, porém, pode ter um tronco moderadamente reto até a metade de sua altura (Moura, 2003).

A árvore pode apresentar uma ramificação pesada a partir da parte baixa do tronco com múltiplos caules ascendentes. Sua casca é persistente até 2 m ou mais, espessa, tendendo para dura, com fissuras longitudinais irregulares com cor cinza escura. Na parte superior, a casca é lisa, de cor clara, geralmente tomando uma coloração amarelada. O cerne de sua madeira é leve, de cor rósea-amarronzada, com anéis de crescimento estacional (Turnbull & Brooker, 1978).

#### **2.2.5 *Eucalyptus globulus Labill***

É uma das espécies mais importantes para a plantação de florestas que são utilizadas para a extração de polpa de celulose no mundo (Potts, 2004). É

uma árvore de floresta originária do leste da Tasmânia, no sul do estado de Victoria e em algumas ilhas entre estes dois estados da Austrália (Dutkowski & Potts, 1999). As latitudes destas regiões variam de 38° a 43°Sul, com altitudes de 0 a 1.100 m e precipitações de 600 a 1.100 mm/ano. Esta espécie é mais comum em solos argilosos com moderada fertilidade ou solos pesados, bem drenados, mas com adequada umidade, não sendo muito tolerante à seca (Turnbull & Pryor, 1984).

A espécie *E. globulus* tem sido utilizada comercialmente, em vários países de clima temperado, principalmente como fonte de fibra curta na indústria de papel e também como lenha e madeira para a serraria. Ela possui rápido crescimento, madeira de média a alta densidade básica, baixo teor de lignina, alto rendimento de polpa e boas propriedades da fibra e do papel (Kibblewhite et al., 2000).

#### **2.2.6 *Eucalyptus tereticornis***

Esta espécie tem duas áreas contínuas de ocorrência natural: uma na Nova Guiné, entre 6° e 38°S, em altitudes de 0 a 1.000 m acima do nível do mar e a outra na região leste da Austrália, entre 15° e 18°S, desde Victória, passando por Nova Gales do Sul até o norte de Queensland, em altitudes de 30 a 1.000 m acima do nível do mar. As árvores atingem alturas de 30 a 45 m ou mais e um diâmetro a altura do peito (DAP) de 1 a 150 cm. Tem copa freqüentemente baixa e tronco relativamente curto, mas retilíneo (Ferreira, 1979).

Possui casca lisa, de coloração clara e todos os anos desprende-se do tronco. Apenas na base do tronco, costuma por vezes, formar uma casca enrugada perene de cor escura. O *E. tereticornis* é originário de regiões com chuvas de inverno, precipitação de 500 a 1.500 mm e períodos secos de até 7 meses. A temperatura média máxima do mês mais quente oscila entre 22° e

32°C, a média mínima do mês mais frio varia entre 8° e 12°C; a temperatura situa-se entre 14° e 24°C. Apenas toleram geadas leves (Ferreira, 1979). Prefere solos bem providos de nutrientes, úmidos, mas sem água estagnada, bem como franco-arenosos e francos aluviais. Pode tolerar certa salinidade, mas não suporta solos ácidos. A espécie possui boa capacidade de adaptação aos diversos sítios, porém, reagindo negativamente a períodos de seca demasiadamente prolongados. Em todos os estudos efetuados, a espécie vem revelando boa resistência a pragas, a doenças e a deficiências hídricas, boa capacidade de regeneração por brotação das cepas e tolerância ao fogo rasteiro. Esta espécie poderá ser recomendada para plantio em todas as regiões, exceto nas áreas onde ocorram geadas intensas (Ferreira, 1979).

A madeira é intensamente utilizada para serraria, estruturas, construções, postes, mourões e carvão. O *E. tereticornis*, juntamente com o *E. camaldulensis*, é a espécie mais importantes para o reflorestamento em zonas tipicamente tropicais da África (Ferreira, 1979).

### **2.3 Retrospectiva do melhoramento genético do eucalipto no Brasil**

Os mais velhos exemplares de eucaliptos no Brasil pertencem a *E. robusta* e *E. tereticornis*, plantados, pelo imperador D. Pedro I, no Jardim Botânico do Rio de Janeiro, em 1825. Os primeiros plantios de eucaliptos foram instalados em 1868, no estado do Rio Grande do Sul, por Assis Brasil e os primeiros estudos com bases técnicas e científicas em eucalipto foram realizados no início do século XX, por Edmundo Navarro de Andrade, na Companhia Paulista de Estrada de Ferro, que introduziu no Horto de Jundiaí, SP, em 1904, uma série de espécies e procedências oriundas da Austrália (Ferreira & Santos, 1997).

Os plantios formados pelas espécies identificadas como as mais promissoras, *E. grandis*, *E. saligna* e *E. urophylla*, eram provenientes de parcelas experimentais ou talhões desbastados, sem isolamentos contra polens indesejáveis e, portanto, com baixa pureza genética. Em função deste fato, Navarro de Andrade convidou Carlos Arnaldo Krug, em 1941, para elaborar um programa de melhoramento genético de eucaliptos no Instituto Agrônomo de Campinas. Esse programa foi considerado um dos mais avançados para sua época e seus principais objetivos eram: a) melhorar a uniformidade das plantações; b) reduzir o número de falhas e o número de árvores dominadas das plantações; c) melhorar a forma do tronco, as características dos ramos, o crescimento em altura e diâmetro das árvores; d) melhorar a capacidade de brotação e e) aumentar a produção por unidade de área (Ferreira & Santos, 1997). Contudo, maior impulso se deu a partir de 1960, devido aos incentivos fiscais que estimularam o plantio dessa cultura em diversas regiões do país e, em consequência, maior atenção foi dada ao melhoramento, por parte dos setores privado e público, o qual passou a ser realizado sistematicamente (Vencovsky & Ramalho, 2006).

Com a Lei de Incentivos Fiscais para o Reflorestamento, criada em 1968, surgiram várias instituições de pesquisas florestais, como o Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais (IPEF), associado à Universidade de São Paulo, a Sociedade de Investigações Florestais (SIF), associada à UFV, entre outras. No período de 1969 a 1975, uma das principais atividades foi a seleção intensiva de árvores superiores para a instalação de testes de progênies, pomares de sementes e bancos clonais. O melhoramento genético florestal foi caracterizado pela instalação de pomares clonais para a produção de sementes melhoradas, provenientes de árvores superiores, selecionadas em raças, locais ou de novas procedências. A seleção de espécies/procedências das sementes/árvores superiores deixou de ser baseada em parâmetros silviculturais e passou a ser

estudada mais tecnicamente, por métodos genético-estatísticos (Ferreira & Santos, 1997).

No início da década de 1970, foram instalados os primeiros testes de progênies e iniciada a re-introdução de germoplasma, com base genética apropriada, de espécies e procedências selecionadas. As atividades relacionadas com a produção de sementes melhoradas de eucaliptos foram priorizadas principalmente nas décadas de 1970 e 80 (Rodríguez, 2002). Posteriormente, os esforços foram concentrados na seleção massal de indivíduos superiores e seleção com famílias de meios-irmãos, com o objetivo de produzir sementes melhoradas de algumas espécies (Rezende, 2001).

Com as intensas geadas ocorridas nas regiões Sul e Sudeste do Brasil, em 1975, a maioria das plantações de *E. grandis* sofreu perdas significativas. Entretanto, os estudos realizados após a ocorrência das geadas mostraram a possibilidade de selecionar árvores superiores tolerantes à geada (Ferreira & Santos, 1997).

Em 1967, a Aracruz Celulose S.A. iniciou o plantio de eucalipto no Espírito Santo e, já no início das avaliações, verificou-se que a espécie com melhor produtividade de madeira era o *E. grandis*, porém, observaram que nesta espécie havia grande proporção de indivíduos suscetíveis ao cancro (*Crysophorte cubensis*). Diante disso, começaram a trabalhar também com *E. urophylla*, que associava alta resistência ao cancro e boa produtividade de madeira. Já a partir de 1974, ficou evidenciado que o híbrido *E. grandis* x *E. urophylla* era uma combinação promissora para a obtenção de alta produtividade de celulose. Nessa mesma época, os pesquisadores da Aracruz vislumbraram a possibilidade de realizar plantios clonais, selecionando árvores superiores especialmente nos plantios comerciais, cuja maioria, ao que tudo indica, era de híbridos naturais de *E. grandis* e *E. urophylla*.

A primeira plantação clonal comercial de eucalipto no Brasil foi implantada em 1979, cerca de 12 anos após o início do seu cultivo pela empresa. Para isso, foi utilizada a propagação vegetativa de estacas retiradas das brotações de cepas (Ferreira & Santos, 1997). A partir da seleção de plantas propagadas vegetativamente, além do volume de madeira passaram a ser considerados também caracteres relacionados à qualidade da madeira, proporcionando, à silvicultura clonal do eucalipto, ganhos superiores a 200% (Rodriguez, 2002).

A silvicultura clonal de *Eucalyptus* tem sido uma das melhores formas de maximização da produtividade, por proporcionar maior uniformidade, melhor adaptação dos clones aos ambientes de plantio, racionalização das atividades operacionais e redução na idade de corte e nos custos de colheita e transporte (Silva, 2001). Além disso, há também a consideração dos caracteres quantitativos e qualitativos da madeira, que têm contribuído para a otimização dos resultados obtidos nos programas de melhoramento florestal nos últimos dez anos, podendo-se citar três importantes aspectos: (i) o uso de programas computacionais para a análise de dados experimentais e seleção genética de árvores; (ii) visão holística decorrente da participação de diferentes especialistas na definição de estratégias de melhoramento e (iii), segundo Rodriguez (2002), integração das áreas de manejo e de melhoramento no desenvolvimento multidisciplinar da pesquisa.

#### **2.4 Teste de espécies e procedências**

Devido à necessidade de adaptação aos diferentes nichos ecológicos existentes na Austrália, houve a formação de subpopulações dentro de uma mesma espécie, também denominadas procedências. Por esse motivo é que, dentro de uma mesma espécie de eucalipto, são encontradas procedências com diferenças em várias características de importância econômica, como taxa de crescimento, formato do tronco, resistência a geadas, à seca, aos insetos, aos

fungos, tolerância à salinidade, à alcalinidade, à acidez e ao alagamento do solo (Eldridge et al., 1994). Assim, na introdução do eucalipto em uma nova região, a avaliação de espécies e procedências é fundamental para se iniciar um programa de melhoramento.

Um trabalho que mostra a importância de se identificar as espécies e procedências mais adaptadas a uma determinada região foi o realizado por Andrade (1991). Para a sua realização, foram introduzidas 12 espécies de eucalipto, envolvendo 112 procedências, nas regiões Norte e Nordeste de Minas Gerais. Constatou-se que houve variação entre as espécies e também entre as procedências, para volume de madeira e para sobrevivência das árvores, destacando-se as espécies *E. camaldulensis*, *E. tereticornis*, *E. cloeziana* e *E. pellita* como as mais promissoras.

## **2.5 Seleção recorrente**

Como já foi enfatizado, a seleção de indivíduos superiores nos plantios comerciais para a obtenção de novos clones proporcionou um enorme avanço genético. Contudo, ganhos adicionais não serão obtidos, a menos que as populações de eucalipto sejam submetidas à seleção, para possibilitar a ocorrência de novas combinações genotípicas superiores.

Considerando que a maioria dos caracteres é controlada por vários genes, é impossível acumular todos os alelos favoráveis em apenas um ciclo seletivo. Por esta razão foi proposta a seleção recorrente (Hallauer, 1992; Resende et al., 2005), que é um processo cíclico de melhoramento em que há seleção seguida da recombinação dos melhores indivíduos e ou progênies. Desse modo, o desempenho da população é melhorado gradativamente, por meio do aumento da frequência dos alelos favoráveis. O objetivo é o aumento da média

populacional sem, contudo, exaurir a variabilidade genética para continuar tendo ganhos adicionais nos sucessivos ciclos seletivos (Souza Junior, 2001).

Os esquemas de seleção recorrente são classificados em: seleção recorrente intrapopulacional (SRI) e seleção recorrente interpopulacional ou recíproca (SRR). Na seleção recorrente intrapopulacional, o objetivo é melhorar as performances *per se* das populações, enquanto que, na seleção recorrente recíproca, o objetivo é o melhoramento da geração F<sub>1</sub> do cruzamento de duas populações, ou seja, do híbrido interpopulacional (Resende & Barbosa, 2005).

Os métodos de seleção recorrente incluem três fases distintas: a) obtenção da população base; b) avaliação das progênies em experimentos com repetições e c) recombinação das progênies superiores ou de plantas relacionadas a estas para a formação da população melhorada (Hallauer, 1992).

Na obtenção da população para a SRI, há, pelo menos, duas alternativas. Uma é utilizar uma população oriunda de uma única espécie, como, por exemplo, *E. cloeziana* e *E. camaldulensis*, como realizado por Marques Junior et al. (1996) e Pereira et al. (1997). Esse procedimento foi e continua sendo realizado em alguns programas de melhoramento de *Eucalyptus* no Brasil.

A segunda alternativa é a obtenção de uma população sintética, ou seja, obter um composto de indivíduos ou clones previamente identificados como superiores. Nesse caso, os indivíduos e ou clones não necessariamente são oriundos de uma única espécie. Essa estratégia tem sido pouco explorada no melhoramento do *Eucalyptus*, mas há evidências de que ela seja de grande potencial (Kerr et. al., 2004; Resende et al., 2005), pois possibilita obter populações com fenótipos desejáveis de caracteres de interesse que estão em espécies diferentes.

No caso da SRR, utilizam-se duas populações, que podem ser obtidas como comentado anteriormente. Contudo, elas devem ter boa capacidade de combinação entre si. No Brasil, a SRR tem sido utilizada envolvendo



principalmente as populações de *E. grandis* x *E. urophylla* (Ferreira & Santos 1997; Assis, 2000; Rezende & Resende, 2000).

A avaliação das progênies é o processo mais demorado, dispendioso e que exige maior atenção do melhorista, representando um custo considerável no processo de avaliação (Silva, 2001; Andrade, 2002). Especialmente no caso de plantas perenes, essa avaliação deve ser a mais eficiente possível, isto porque inferências erradas diminuiriam a eficiência do processo.

Para uma adequada avaliação das progênies, é necessário um perfeito planejamento e, nele, estão envolvidos inúmeros aspectos, tais como delineamento experimental, escolha da área, dos locais, do número de progênies, número de repetições, dados a serem coletados e análise a ser executada, pois essas ferramentas, se bem escolhidas e planejadas, garantem elevada acurácia nas informações obtidas. Andrade (2002) apresenta vários comentários a respeito de todos esses aspectos experimentais, com ênfase na cultura do *Eucalyptus*.

Podem-se utilizar diferentes tipos de progênies. As mais comuns, em plantas perenes, tem sido as progênies de meio-irmãos na SRI (Marques Junior et al., 1996; Pereira et al., 1997) e de irmãos germanos na SRR (Vigneron et al., 2000). As vantagens e as desvantagens de cada um desses tipos de progênies são discutidas por Resende (2002) e não serão tratados aqui.

Considerando o tempo para atingir o momento do corte das árvores, isto é, de seis a sete anos, no Brasil, têm-se procurado alternativas para se realizar a avaliação o mais precoce possível. Nesse contexto, alguns trabalhos já foram realizados (Marques Junior et al., 1996; Pereira et al., 1997; Alencar et al., 2002). De modo geral, tem sido mostrado que a seleção efetuada a partir de dois anos é eficiente.

Obtidos os dados de volume ou outra característica, procede-se à identificação das progênies e ou de indivíduos superiores. Aqui também há

inúmeras alternativas. No passado, foi muito empregada a seleção entre e dentro das progênies (Kageyama & Vencovsky, 1983). Mais recentemente, tem-se intensificado o uso dos modelos mistos, especialmente o BLUP, na identificação das árvores matrizes (Resende, 2002). Além do volume, outras características podem e devem ser consideradas na seleção, tais como: forma do fuste, tipo de casca, tamanho da copa, espessura e persistência dos ramos, além da presença de pragas e doenças (Santos et al., 2006).

Após a identificação das árvores matrizes, elas devem ser recombinadas. Essa recombinação na SRI pode ser efetuada sem sementes remanescentes, utilizando-se as árvores do próprio experimento, ou seja, as árvores não selecionadas são eliminadas. Assim, só se reproduzem as melhores matrizes. Este é o procedimento mais fácil e rápido. Contudo, ele possui uma limitação séria, sobretudo quando é avaliado um grande número de progênies e se aplica alta intensidade de seleção. Neste caso, formam-se enormes clareiras no experimento e a recombinação é prejudicada. Outra opção é utilizar sementes remanescentes, o que permite realizar uma avaliação bem precoce no experimento e, logo em seguida, implantar um lote de recombinação apenas com as progênies de melhor desempenho. Quando este lote começar a florescer, procede-se nova avaliação no experimento e pode-se, ainda, eliminar algumas progênies no lote de recombinação. A recombinação, neste caso, é muito melhor. Outra opção de recombinação ainda melhor é a que é realizada por meio do clone das matrizes, esses que são plantados em lotes isolados para se proceder à recombinação, conforme comentado por Bison (2004).

Na SRR, a recombinação é realizada utilizando-se os clones das árvores matrizes. Neste caso, são conduzidas duas recombinações em separado, uma para cada uma das populações envolvidas.

O emprego da SRI ou SRR depende, inicialmente, da existência de dominância (heterose) no controle genético dos caracteres sob seleção. A SRR é

superior a SRI quando a soma das frequências alélicas ( $p_1$  e  $p_2$ ) das duas espécies (populações) é menor que 1 (com qualquer nível de dominância, até mesmo ausência). Quando as frequências alélicas das duas populações são altas ( $p_1 + p_2 > 1$ ), a seleção recorrente recíproca só será superior à seleção recorrente intrapopulacional para graus de dominância médios a altos (Resende, 2002).

Até recentemente, imaginou-se que a dominância, para a maioria dos caracteres de importância econômica no *Eucalyptus*, fosse expressiva. Contudo, pesquisas têm mostrado que não é bem assim. Para densidade e teor de lignina, por exemplo, a dominância praticamente não ocorre (Assis, 2000; 2001; Bison et al., 2006). No caso do volume, tem-se constatado heterose, porém, com magnitude não muito expressiva (Assis, 2000; Bison et al., 2006). Nessa condição, os resultados disponíveis colocam em dúvida a eficiência da seleção recorrente recíproca interpopulacional no eucalipto no Brasil, como tem sido observada em várias situações.

## **2.6 Teste clonal**

No caso do *Eucalyptus* e de outras plantas perenes, paralelamente ao programa de seleção recorrente, podem e devem ser clonadas, a cada ciclo, as matrizes superiores selecionadas. Desse modo, aproveitam-se, o mais rapidamente possível, os resultados do ciclo de seleção recorrente.

Essas matrizes, assim que identificadas, irão participar de testes clonais, ou seja, experimento em que serão avaliados os clones em comparação com clones testemunhas já existentes. Na primeira etapa, é avaliado um grande número de clones, visando aumentar a chance de se ter sucesso com a seleção. Comentários a esse respeito foram realizados por Gonçalves et al. (2001). Posteriormente, os melhores clones são mais extensivamente avaliados no maior número de ambientes e com parcelas maiores. A metodologia de avaliação dos

testes clonais é variável entre as empresas. Existem alguns trabalhos que discutem alternativas para se melhorar a eficiência da seleção clonal (Silva, 2001; Andrade, 2002). Esses aspectos metodológicos não serão enfocados aqui.

Um questionamento (importante) é a associação entre o desempenho de árvores no teste de progênies e do clone correspondente nos anos subsequentes. Infelizmente, as informações disponíveis a essa associação são ainda escassas.

## **2.7 Interação genótipos x ambientes**

A interação genótipos (G) por ambientes (A) ocorre quando o comportamento dos genótipos não é coincidente nos diferentes ambientes (Ramalho et al., 1993). Nesse sentido, na presença da interação, os resultados das avaliações podem mudar de um ambiente para outro ou de um ano para outro, ocasionando mudanças na posição relativa dos genótipos ou, mesmo, na magnitude das suas diferenças (Falconer & Mackay, 1996; Nunes et al., 2002).

A estimativa da interação de genótipos de *Eucalyptus* x locais é encontrada com relativa frequência na literatura (Santos et al., 1990; Pereira et al., 1997; Nunes, 2002; Pinto Junior, 2004). De modo geral, a contribuição para a variação total entre progênies ou clones foi relativamente pequena. Já a interação genótipos x anos tem sido mais estudada no contexto da eficiência da seleção precoce em *Eucalyptus* (Marques Junior et al., 1996; Pereira et al., 1997; Alencar et al., 2002). Neste caso, têm se observado correlações positivas e relativamente altas. Há, contudo, escassez de informações da interação entre genótipos x anos, quando se avaliam progênie e ou clones em anos diferentes. Essa informação é fundamental para se avaliar as implicações da seleção de matrizes no teste de progênies e o desempenho do respectivo indivíduo no teste clonal.

### 3 MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1 Material genético e condução dos experimentos

A condução deste trabalho foi efetuada em duas etapas. A primeira envolveu o teste de progênies de irmão-germanos e a segunda a avaliação clonal das matrizes selecionadas na etapa anterior.

##### 3.1.1 Teste de progênies

Os experimentos do teste de progênies foram conduzidos em três locais/projetos (Jambeiro VI, Ipê IV e Talismã) pela empresa Veracel Celulose S.A., situada na cidade de Eunápolis, BA (Tabela 1).

As 196 progênies de irmãos-germanos avaliadas foram obtidas por hibridação controlada utilizando varias espécies de *Eucalyptus* (Tabela 2).

TABELA 1. Localização geográfica e número de tratamentos por local/projeto, dos testes de progênies e clonais.

Experimentos	Locais	Latitude (S)	Longitude (W)	Altitude (N)	Número de tratamentos
Teste de progênies	Jambeiro VI	46°73'44''	81°43'61''	73	204
	Ipê IV	46°58'34''	82°20'56''	117	171
	Talismã	43°66'37''	81°93'45''	189	141

TABELA 2. Esquema dos cruzamentos, siglas dos materiais utilizados e número de cruzamentos realizados.

Siglas	Cruzamentos	Número de Cruzamentos
uu	<i>E. urophylla</i> x <i>E. urophylla</i>	25
ug	<i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>	107
uy	<i>E. urophylla</i> x <i>E. globulus</i>	16
ub	<i>E. urophylla</i> x <i>E. brassiana</i>	6
ut	<i>E. urophylla</i> x <i>E. tereticornis</i>	1
gu	<i>E. grandis</i> x <i>E. urophylla</i>	18
gg	<i>E. grandis</i> x <i>E. grandis</i>	3
up	<i>E. urophylla</i> x <i>E. pellita</i>	5
gp	<i>E. grandis</i> x <i>E. pellita</i>	1
gy	<i>E. grandis</i> x <i>E. globulus</i>	13
gb	<i>E. grandis</i> x <i>E. brassiana</i>	1

Os experimentos foram conduzidos em três locais. O delineamento utilizado foi de blocos casualizados, com cinco repetições, cinco plantas por parcela e espaçamento de 3m x 3m (9m<sup>2</sup>/planta). Foram avaliadas as 196 progênes de irmãos germanos e mais quatro clones comerciais, como testemunhas. Para facilitar a condução dos experimentos os tratamentos foram divididos em dois grupos (A e B) por local, o número de tratamentos variou entre os grupos e entre os locais devido à falta de mudas para a implantação dos experimentos (Tabela 3).

TABELA 3. Número de progênes e testemunhas por grupo e por local.

Local	Grupos			
	A		B	
	Progênes	Testemunhas	Progênes	Testemunhas
Jambeiro VI	156	4	40	4
Ipê IV	134	4	29	4
Talismã	112	4	21	4

A implantação foi feita em agosto de 2000, no preparo do solo foram aplicados 5,0 litros /ha de herbicida (glifosato) e foi feita a subsolagem de 60 cm de profundidade. Realizou-se a adubação com 350 kg/ha de fosfato e 180 kg/há de NPK 10:15:20 sendo realizada também a limpeza da área através da destoca e sistematização com lâmina frontal. Foram obtidos os dados da circunferência à altura do peito (CAP), em centímetros, altura (ALT), em metros e volume (VOL), em metros cúbicos, por árvore aos dois, três e quatro anos após o plantio.

### **3.1.2 Análises da variância e estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos**

Os dados obtidos, dos indivíduos, para CAP, ALT e VOL foram submetidos inicialmente às análises por ambiente e por grupo, utilizando-se o seguinte modelo estatístico no *Procedure for General Linear Models* (PROC GLM) do SAS® (SAS..., 2000).

$$Y_{ijk} = m + p_i + b_j + e_{(ij)} + d_{(ijk)}$$

em que:

$Y_{ijk}$ : efeito do tratamento i, na repetição j;

m: média geral do experimento;

$p_i$ : efeito do tratamento i (i= 1,2,3,...,n);

$b_j$ : efeito da repetição j (j=1,2,3, 4,5);

$e_{(ij)}$ : erro experimental entre parcelas, tendo  $e_{(ij)} \cap N(0, \sigma^2)$ ;

$d_{(ijk)}$ : efeito da planta k dentro da parcela ij.

As análises combinadas entre grupos por local (Tabela 4) foram realizadas adotando-se o seguinte modelo estatístico no *Procedure for General Linear Models* (PROC GLM) do SAS® (SAS..., 2000):

$$Y_{ijkl} = m + p_i + g_l + b_{j(l)} + e_{(ijl)} + d_{(ijk)}$$

em que:

- $Y_{ijkl}$ : efeito do tratamento  $i$ , na repetição  $j$ , no grupo  $l$ ;
- $m$ : média geral do experimento;
- $p_i$ : efeito do tratamento  $i$  ( $i = 1, 2, 3, \dots, n$ );
- $g_l$ : efeito do grupo  $l = 1, 2$ ;
- $b_{j(l)}$ : observação da repetição  $j$ , dentro do grupo  $l$ ;
- $e_{(ijl)}$ : erro experimental entre parcelas, tendo  $e_{(ijl)} \sim N(0, \sigma^2)$ ;
- $d_{(ijk)}$ : efeito da planta  $k$  dentro da parcela  $ij$ .

Foi realizada também a análise conjunta envolvendo as 132 progênies comuns aos três locais, mais as quatro testemunhas (Tabela 5). O erro experimental foi estimado a partir da média ponderada pelos graus de liberdade, das análises combinadas entre grupos dentro de local, assim como a fonte de variação dentro, utilizando-se metodologia semelhante à apresentada por Ramalho et al. (2005). Adotou-se o seguinte modelo estatístico para realização desta análise no *Procedure for General Linear Models* (PROC GLM) do SAS® (SAS..., 2000).

$$Y_{ijwl} = m + p_i + a_w + b_{j(w)} + (pa)_{iw} + e_{ij(w)} + d_{l(ijw)}$$

em que:

- $Y_{ijwl}$ : efeito do tratamento  $i$ , na repetição  $j$ , no ambiente  $w$ ;
- $m$ : média geral do experimento;
- $p_i$ : efeito do tratamento  $i$  ( $i = 1, 2, 3, \dots, n$ );
- $a_w$ : efeito do ambiente  $w = 1, 2, 3$ ;
- $b_{j(w)}$ : observação da repetição  $j$ , dentro do ambiente  $w$ ;



$(pa)_{iw}$  : interação do tratamento  $i$ , com ambiente  $w$ ;

$e_{ij(w)}$ : erro experimental entre parcelas, dentro do ambiente  $w$ , tendo

$$e_{(ij)} \cap N(0, \sigma^2);$$

$d_{ij(k)}$ : efeito da planta  $k$  dentro da parcela  $ij$ .

TABELA 4. Esquema da análise combinada da variância e as esperanças matemáticas dos quadrados médios.

FV	QM	F	E (Qm)
Grupos (G)	Q <sub>1</sub>	Q <sub>1</sub> /Q <sub>4</sub>	
Repetição (Grupo)	Q <sub>2</sub>	Q <sub>2</sub> /Q <sub>4</sub>	
Tratamentos	Q <sub>3</sub>	Q <sub>3</sub> /Q <sub>4</sub>	$\sigma_d^2 + \bar{r}\sigma_e^2 + \bar{r}\bar{k}\sigma_p^2$
Erro	Q <sub>4</sub>		$\sigma_d^2 + \bar{r}\sigma_e^2$
Dentro	Q <sub>5</sub>		$\sigma_d^2$

$\bar{r}$  : média harmônica do número de repetições;  $\bar{k}$  : média harmônica do número de plantas por parcela.

TABELA 5. Esquema da análise conjunta da variância e as esperanças matemáticas dos quadrados médios.

FV	QM	F	E (QM)
Repetições (locais)	Q <sub>6</sub>	Q <sub>6</sub> /Q <sub>11</sub>	
Locais (L)	Q <sub>7</sub>	Q <sub>7</sub> /Q <sub>11</sub>	
Tratamentos (T)	Q <sub>8</sub>	Q <sub>8</sub> /Q <sub>11</sub>	
Progênes(P)	Q <sub>9</sub>	Q <sub>9</sub> /Q <sub>11</sub>	$\sigma_d^2 + \bar{r}\sigma_e^2 + \bar{r}\bar{k}\sigma_{pxl}^2 + \bar{r}\bar{k}l\sigma_p^2$
PxL	Q <sub>10</sub>	Q <sub>10</sub> /Q <sub>11</sub>	$\sigma_d^2 + \bar{r}\sigma_e^2 + \bar{r}\bar{k}\sigma_{pxl}^2$
Erro Médio	Q <sub>11</sub>		$\sigma_d^2 + \bar{r}\sigma_e^2$
Dentro			$\sigma_d^2$

$\bar{r}$  : média harmônica do número de repetições;  $\bar{k}$  : média harmônica do número de plantas por parcela;  $l$ : número de locais.

Foram estimadas: a) variâncias genéticas entre progênies ( $\hat{\sigma}_p^2$ ) nas análises individuais e conjuntas; b) as variâncias da interação progênies x locais ( $\hat{\sigma}_{pxl}^2$ ); a contribuição da interação entre progênies x locais para a variação fenotípica total  $\hat{\sigma}_{pxl}^2 / \hat{\sigma}_p^2$  (%), bem como o erro associado a estas estimativas utilizando-se a metodologia apresentada por Ramalho et al. (2005) Tabela 6, os quadrados médios utilizados para obtenção destas estimativas foram apresentados anteriormente nas tabelas 4 e 5.

TABELA 6. Expressões para obtenção das estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos e fenotípicos das análises de variância individuais e conjuntas dos testes de progênies.

Análise Individual		Análise Conjunta	
Estimativas	Expressão	Parâmetros	Expressão
$\hat{\sigma}_p^2$	$(Q_4 - Q_3) / \bar{r}\bar{k}$	$\hat{\sigma}_p^2$	$(Q_9 - Q_{10}) / \bar{r}\bar{k}l$
-	-	$\hat{\sigma}_{pxl}^2$	$(Q_{10} - Q_{11}) / \bar{r}\bar{k}$
-	-	$\hat{\sigma}_{pxl}^2 / \hat{\sigma}_p^2$ (%)	$\frac{(Q_{10} - Q_{11}) / \bar{r}\bar{k}}{(Q_9 - Q_{10}) / \bar{r}\bar{k}l}$

$\bar{r}$ : média harmônica do número de repetições;  $\bar{k}$ : média harmônica do número de plantas por parcela; l: número de locais;  $\hat{\sigma}_p^2$  variâncias genéticas entre progênies;  $\hat{\sigma}_{pxl}^2$ : variâncias da interação progênies x locais;  $\hat{\sigma}_{pxl}^2 / \hat{\sigma}_p^2$  (%): contribuição da interação entre progênies x locais para a variação fenotípica total.

### 3.1.3 Teste clonal

Para a implantação do teste clonal, foram selecionados, pela empresa Veracel Celulose S.A., os 173 melhores indivíduos do teste de progênies, os quais foram obtidos a partir de um ranking dos desvios genéticos para a característica volume (m<sup>3</sup>/planta), fornecido pelo programa SELEGEN (Resende, 2002), para análise aos quatro anos e também pelas informações tecnológicas de suas madeiras.

O plantio dos clones em teste clonal, em Sucupira III, foi realizado em março de 2005 com 186 tratamentos e, em Jambeiro III, em julho de 2005 com 176 tratamentos. O delineamento utilizado foi de blocos casualizados, com vinte repetições e uma planta por parcela em ambos os locais, mais 13 clones comerciais como testemunhas. Para o primeiro local, o espaçamento utilizado foi de 3,5 x 2,15m (7,5m<sup>2</sup>) e, para o segundo, de 5,0 x 1,5 m (7,5m<sup>2</sup>) com bordadura em ambos. Foi feita a subsolagem de 60 cm de profundidade e realizou-se a adubação com 350 kg/ha de fosfato reativo. Foram avaliados os caracteres CAP, ALT e VOL, aos dois anos após o plantio.

### 3.1.4 Análises da variância e estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos

Utilizando os 173 indivíduos selecionados pela empresa. Foram realizadas as análises individuais (Tabela 7), para cada local. Foi adotado o seguinte modelo estatístico, para as análises no *Procedure for General Linear Models* (PROC GLM) do SAS® (SAS..., 2000):

$$Y_{ij} = m + p_i + b_j + e_{(ij)}$$

em que:

$Y_{ij}$ : efeito do tratamento  $i$ , na repetição  $j$ ;

m: média geral do experimento;

p<sub>i</sub>: efeito do tratamento i (i= 1,2,3,...,n);

b<sub>j</sub>: efeito da repetição j (j=1,2,3, ..., r);

e<sub>(ij)</sub>: erro experimental entre parcelas, tendo  $e_{(ij)} \cap N(0, \sigma^2)$ .

TABELA 7. Esquema da análise para cada ambiente e as esperanças matemáticas dos quadrados médios do teste clonal.

FV	QM	F	E (Qm)
Repetição	Q <sub>12</sub>		
Clones	Q <sub>13</sub>	Q <sub>13</sub> /Q <sub>14</sub>	$\sigma_e^2 + \bar{r}\sigma_c^2$
Erro	Q <sub>14</sub>		$\sigma_e^2$

$\bar{r}$  : média harmônica do número de repetições

Para a análise conjunta entre ambientes do teste clonal com os dados individuais (Tabela 8), foi utilizado o seguinte modelo estatístico, para as análises no *Procedure for General Linear Models* (PROC GLM) do SAS® (SAS..., 2000):

$$Y_{ijw} = m + p_i + a_w + (pa)_{iw} + b_{j(w)} + e_{(ijw)}$$

em que:

Y<sub>ijw</sub>: efeito do tratamento i, na repetição j, no ambiente w;

m: média geral do experimento;

p<sub>i</sub>: efeito do tratamento i (i= 1,2,3,...,n);

a<sub>w</sub>:efeito do ambiente w = 1,2,3;

b<sub>j(w)</sub> : observação da repetição j, dentro do ambiente w;

(pa)<sub>iw</sub> : interação do tratamento i, com ambiente w;

e<sub>(ijw)</sub>: erro experimental entre parcelas, tendo  $e_{(ijw)} \cap N(0, \sigma^2)$ .

TABELA 8. Esquema da análise conjunta da variância e as esperanças matemáticas dos quadrados médios do teste clonal.

FV	QM	F	E (Qm)
Repetição (locais)	Q <sub>15</sub>		
Locais	Q <sub>16</sub>	Q <sub>16</sub> /Q <sub>19</sub>	
Clones	Q <sub>17</sub>	Q <sub>17</sub> /Q <sub>19</sub>	$\sigma^2e + \bar{r}\sigma^2cxl + \bar{l}\sigma^2c$
Clones x locais	Q <sub>18</sub>	Q <sub>18</sub> /Q <sub>19</sub>	$\sigma^2e + \bar{r}\sigma^2cxl$
Erro	Q <sub>19</sub>		$\sigma^2e$

$\bar{r}$  : média harmônica do número de repetições; l: número de locais.

Foram estimados: a) variância genética entre clones ( $\hat{\sigma}_c^2$ ); b) variância da interação clones x locais ( $\hat{\sigma}_{cxl}^2$ ); c) a variância fenotípica entre médias de clones nas análises individuais ( $\hat{\sigma}_{Fi}^2$ ) e conjuntas ( $\hat{\sigma}_F^2$ ), bem como o erro associado a estas estimativas utilizando-se a metodologia apresentada por Ramalho et al. (2005), os quadrados médios utilizados para obtenção destas estimativas foram apresentados anteriormente nas tabelas 7 e 8. Além desses componentes foram estimadas as herdabilidades no sentido amplo ( $h_a^2$ ) através das esperanças matemáticas dos quadrados médios nas análises individuais e conjuntas do teste clonal (Tabela 9)

Os limites inferiores (LI) e superiores (LS) dos intervalos de confiança, para as herdabilidades no sentido amplo nas análises individuais e conjuntas do teste clonal foram obtidos utilizando-se a expressão apresentada por (Knapp et al., 1985) adotando um coeficiente de confiança de  $1-\alpha = 0,95$  de probabilidade.

$$LI = \{1 - [(Q_{13}/Q_{14}) F_{1-\alpha/2 : gl_{erro}, gl_{clone}}]^{-1}\}$$

$$LI = \{1 - [(Q_{13}/Q_{14}) F_{\alpha/2 : gl_{erro}, gl_{clone}}]^{-1}\}$$

em que:

$F_{1-\alpha/2 : gl_{erro}, gl_{clones}}$  : valor da distribuição de F para os graus de liberdade  $gl_{erro}$  e  $gl_{clones}$ , tal que a probabilidade de exceder este valor é de  $1-\alpha/2$ .

$F_{\alpha/2} : gl_{erro}, gl_{clones}$  : valor da distribuição de F para os graus de liberdade  $gl_{erro}$  e  $gl_{clones}$ , tal que a probabilidade de exceder este valor é de  $\alpha/2$ .

Para a análise conjunta, utilizou-se o mesmo método para estimar os limites inferiores e superiores dos intervalos de confiança. A única diferença é a substituição do quadrado médio do erro ( $Q_{14}$ ) da análise individual pelo quadrado médio da interação clones x ambientes ( $Q_{18}$ ), acompanhada, evidentemente, pelos graus de liberdade associados a esse quadrado médio.

O coeficiente de correlação do desempenho médio dos tratamentos (progênes e clones) nos locais, dois a dois, foi obtido para os três ambientes do teste de progênes e para os dois ambientes no teste clonal, utilizando-se metodologia semelhante à apresentada por Ramalho et al. (2005).

TABELA 9. Expressões para obtenção das estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos e fenotípicos das análises de variância individuais e conjuntas dos testes clonais.

Análise individual		Análise Conjunta	
Estimativas	Expressão	Parâmetros	Expressão
$\hat{\sigma}_c^2$	$(Q_{14}-Q_{13})/r$	$\hat{\sigma}_c^2$	$(Q_{18}-Q_{17})/\bar{l}$
$\hat{\sigma}_{Fi}^2$	$Q_{13}/r$	$\hat{\sigma}_F^2$	$Q_{17}/\bar{l}$
-	-	$\hat{\sigma}_{cxl}^2$	$(Q_{19}-Q_{18})/\bar{l}$
$\hat{h}_a^2$	$\hat{\sigma}_c^2 / \hat{\sigma}_{Fi}^2$	$\hat{h}_a^2$	$\hat{\sigma}_c^2 / \hat{\sigma}_F^2$

$\bar{l}$  : média harmônica do número de repetições;  $l$ : número de locais;  $\hat{\sigma}_c^2$  variância genética entre clones;  $\hat{\sigma}_{Fi}^2, \hat{\sigma}_F^2$  : variância fenotípica entre médias de clones nas análises individuais e conjuntas;  $\hat{\sigma}_{cxl}^2$  variância da interação clones x locais;  $\hat{h}_a^2$  herdabilidades no sentido amplo.

### **3.3 Herdabilidade realizada e ganho com a seleção considerando a seleção das matrizes no teste de progênies e o teste clonal**

Como os experimentos de avaliação das progênies, que originaram as matrizes e os clones foram conduzidos em anos e locais diferentes, foi necessário proceder ao ajustamento dos dados. Este foi realizado em função do desempenho dos clones (testemunhas), ou seja, foi obtido o volume relativo (superioridade em relação às testemunhas) dos indivíduos selecionados no teste de progênies e no teste clonal. Isso foi feito para cada repetição. Essa premissa foi realizada para que os dados fossem comparáveis (com a mesma magnitude), entre os testes de progênies e clonal.

Os dados das matrizes foram obtidos com dois e quatro anos e, dos clones, apenas aos dois anos. Na seleção realizada pela empresa Veracel Celulose S.A. adotou-se a avaliação aos quatro anos no teste de progênies. Entretanto, no presente trabalho, considerou-se as duas épocas de mensuração.

É importante salientar que, dos 13 clones comerciais utilizados no teste clonal e dos quatro no teste de progênies, apenas o clone 361 foi comum às duas avaliações. Diante do exposto, foram consideradas, nas avaliações, todas as testemunhas e também somente o clone 361.

Como população inicial, foram utilizados os 173 indivíduos selecionadas no teste de progênies. Utilizando os volumes relativos foram simulados o ganho em porcentagem, a herdabilidade realizada e o índice de coincidência utilizando-se diferentes intensidades de seleção (IS): 10%, 20%, 25% e 30%.

O ganho com a seleção, em porcentagem ( $G_s\%$ ) em relação a média das testemunhas, foi estimado para todas as intensidades de seleção simuladas, utilizando-se a seguinte expressão:

$$Gs\% = \frac{(Ms_j - Mo_j)}{Mo_j} \times 100$$

E a herdabilidade realizada foi estimada utilizando-se a expressão semelhante à apresentada por Ramalho et al. (1993):

$$h_r^2 = \frac{(Ms_j - Mo_j) / Mo_j}{(Ms_i - Mo_i) / Mo_i}$$

em que:

Mo<sub>i</sub>: média da população original (indivíduos selecionados do teste de progênies);

Ms<sub>i</sub>: média dos indivíduos selecionados na população original (Mo<sub>i</sub>).

Mo<sub>j</sub>: média da população melhorada (teste clonal);

Ms<sub>j</sub>: média dos indivíduos na população Mo<sub>j</sub>, correspondente aos indivíduos selecionados na população Mo<sub>i</sub>.

Para se comparar a eficiência da seleção das matrizes e dos clones, também foi estimado o índice de coincidência para diferentes intensidades de seleção utilizadas. Isto é a proporção de matrizes superiores no teste de progênies com o mesmo comportamento no teste clonal desconsiderando o efeito de acaso. Para isso foi utilizada a expressão de Hamblin & Zimmermann (1986):



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

em que:

*C* : número de matrizes ou clones selecionados nos dois ambientes, devido ao acaso. Assume-se que, o número de matrizes ou clones selecionados, uma proporção igual à intensidade de seleção coincida por acaso, ou seja: se das 173 matrizes, decidiu-se selecionar 10% (ou 17 indivíduos), 10% destes 17 (ou 1,7), irão coincidir devido ao acaso;

*A* : número de matrizes ou clones selecionadas, comuns aos dois ambientes;

*M*: número de matrizes ou clones selecionadas em um dos ambientes.

A correlação genética entre o desempenho do indivíduo *x* no teste de progênies e o clone *y* no teste clonal foi obtida utilizando os dados de volume (m<sup>3</sup>/planta) obtidos através dos desvios genotípicos das matrizes selecionadas estimados pelo programa SELEGEN e utilizando a os dados de volume (m<sup>3</sup>/planta) da análise conjunta do teste clonal, adotando-se o estimador apresentado por Ramalho et al. (2005):

$$r_{g_{xy}} = \frac{COV_{g_{xy}}}{\sqrt{\sigma_{g_x}^2 \sigma_{c_y}^2}}$$

em que:

$COV_{g_{xy}}$  : covariância genética do indivíduo x, no teste de progênie com o clone y, no teste clonal;

$\sigma_{g_x}^2$  : variância genética dos indivíduos no teste de progênie obtidos através dos desvios genéticos fornecidos pelo SELEGEN;

$\sigma_{c_y}^2$  : variância genética dos clones obtida na análise conjunta do teste clonal.

## 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 Teste de progênies

Os resumos das análises da variância dos grupos A e B, por local, estão apresentados nas tabelas numeradas de 1A a 6A. Para todos os caracteres avaliados - circunferência à altura do peito (CAP), altura (ALT) e volume (VOL) -, o teste de F para tratamentos foi significativo ( $P \leq 0,01$ ), evidenciando que houve variabilidade genética entre as progênies. O coeficiente de variação (CV) variou entre os caracteres, sendo menor para altura e maior para volume. Tendência inversa foi observada na estimativa do coeficiente de determinação ( $R^2$ ) para os mesmos dois caracteres.

A média para os caracteres (CAP, ALT e VOL) foi semelhante entre os grupos A e B. Considerando todos os caracteres, as maiores médias foram observadas no local Jambreiro VI e as menores, em Ipê IV (Tabelas de 1A a 6A). É possível observar, pelos dados da Tabela 10, que a média das testemunhas (clones) foi superior à das progênies, em todos os locais.

Os resumos das análises da variância combinada são apresentados nas Tabelas de 7A a 9A. Verificou-se que a fonte de variação entre grupos variou entre os locais. Ela foi significativa ( $P \leq 0,01$ ), para todos os caracteres, em Talismã. Por outro lado, para todos os caracteres avaliados, não se observou diferença significativa em Ipê IV. Novamente, considerando a fonte de variação tratamentos, observou-se diferença significativa ( $P \leq 0,01$ ), para todos os caracteres avaliados, em todos os locais.

O resumo da análise da variância conjunta está apresentado na Tabela 11. Como indicadores da precisão experimental foram utilizados o coeficiente de variação (CV) e o coeficiente de determinação ( $R^2$ ). O CV variou entre os

caracteres, sendo menor para ALT e maior para VOL. O maior valor do CV para VOL é esperado, porque o caráter é obtido por meio do produto de duas variáveis (DAP e ALT). Contudo, no caso das estimativas de  $R^2$ , isto é, a proporção da variação total explicada pelo modelo, elas variaram pouco entre os caracteres, evidenciando que a precisão experimental foi semelhante para os três caracteres. É preciso salientar, entretanto, que a estimativa de  $R^2$  foi de pequena magnitude, inferior a 37% (Tabela 11).

Para todos os caracteres avaliados, o teste de F foi significativo ( $P \leq 0,01$ ) para as fontes de variação locais, tratamentos e a interação tratamentos x locais. Na decomposição do efeito de tratamentos, constatou-se que ocorreu diferença significativa entre progênies e entre testemunhas, para todos os caracteres. O contraste testemunhas vs progênies também significativo indica que a média dos clones foi diferente das médias das progênies (Tabela 11). Para o caráter volume, veja que as testemunhas, na média dos três locais, foram, em média, 137,51% acima do desempenho médio das progênies (Tabela 10).

TABELA 10. Médias das progênies e das testemunhas nos ambientes, para o caráter VOL ( $m^3/planta$ ) do teste de progênies.

<b>Tratamentos</b>	<b>Jambeiro VI</b>	<b>Ipê IV</b>	<b>Talismã</b>
Progênies	0,181	0,162	0,145
Testemunhas	0,267	0,218	0,189
Média geral	0,186	0,165	0,150

TABELA 11. Resumo das análises da variância combinada conjunta dos três locais para a circunferência à altura do peito (CAP), altura (ALT) e volume (VOL) do teste de progênies, aos quatro anos de idade: Jambeiro VI, Ipê IV e Talismã.

FV	GL	QM		
		CAP (cm)	ALT (m)	Vol (m <sup>3</sup> /planta)
Repetições (locais)	12	137,227	268,047**	0,044**
Locais (L)	2	5639,456**	3916,776**	1,261**
Tratamentos (T)	135	2204,736**	273,673**	0,134**
Progênies(P)	131	1919,526**	235,870**	0,112**
Testemunhas(C)	3	513,598**	15,925*	0,042**
P vs C	1	44644,256**	5999,105**	3,186**
T x L	270	162,158**	17,920**	0,010**
PxL	262	159,811**	17,831**	0,010**
CxL	6	176,157	6,902	0,015
PxL vs CxL	2	427,885*	62,585**	0,058**
Erro médio	1945	128,991	13,425	0,008
Dentro	8859	117,220	9,040	0,007
Média		47,270	18,688	0,165
CV (%)		24,026	21,911	54,207
R <sup>2</sup> (%)		23,205	36,275	25,349

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

Considerando que, normalmente, ocorre alta associação entre a ALT e CAP com o volume (Volker et al., 1990; Paula et al., 2002; Pinto Junior, 2004) e considerando também que a seleção foi efetuada tendo como referência apenas o volume, foram obtidas as distribuições de frequências desse caráter por local e na média dos locais. A diferença, em volume, entre as plantas ficou bem evidenciada em todos os locais (Figura 1). A amplitude de variação, considerando os três locais, foi de 0,515 m<sup>3</sup>, valor 3,12 vezes superior à média geral. A tendência foi à mesma nos três locais. Verificou-se que 30% dos 4.133 indivíduos avaliados em Jambeiro VI foram superiores à média das testemunhas. Já em Ipê IV, dos 3.485 indivíduos avaliados, 32,3% apresentaram desempenho superior ao da média das testemunhas. A mesma observação é válida para

Talismã, ou seja, dos 3.095 indivíduos avaliados, 26,50% foram superiores à média das testemunhas. Ressaltamos que, dos 10.713 indivíduos avaliados nos três locais, 3.184 apresentaram desvio padrão acima da média das testemunhas para volume, evidenciando o potencial da população para a seleção e a avaliação em testes clonais (Figura 1), embora a média das testemunhas tenha sido superior a das progênes, como já foi salientado (Tabela 10).

As estimativas dos componentes da variância genética e fenotípica estão apresentadas na Tabela 12. Constata-se que os erros associados às estimativas da variância genética foram todos de pequena magnitude e inferiores ao valor da estimativa, indicando, novamente, a existência de variação genética entre as progênes. O componente da variação progênes x locais ( $\hat{\sigma}_{pxl}^2$ ) foi de pequena magnitude, ou seja, valor inferior a 6,0% da variância de progênes ( $\hat{\sigma}_p^2$ ), para todos os caracteres. Além do mais, as estimativas das correlações entre o desempenho médio das progênes nos locais, dois a dois, mostram que elas foram todas superiores a 0,76 (Tabela 12), indicando que a interação progênes x locais, além de pequena magnitude, tem maior contribuição da parte simples, conforme comentado por Vencovsky & Barriga (1992).

A existência da interação progênes x locais na cultura do eucalipto foi detectada, em algumas oportunidades, no Brasil (Santos et al., 1990; Pereira et al., 1997; Nunes 2002; Pinto Junior, 2004). Contudo, como ocorreu neste trabalho, a participação do componente da interação para a variação total foi pequena. Pereira et al., (1997) obtiveram uma relação da interação famílias x locais com variância genética entre famílias inferior a 17% em *Eucalyptus camaldulensis*, corroborando os resultados do presente trabalho. A princípio, esses resultados contribuem para o sucesso da seleção de plantas individuais (matrizes), pois elas são selecionadas em um ambiente e os clones serão avaliados e, posteriormente, recomendados em outros.

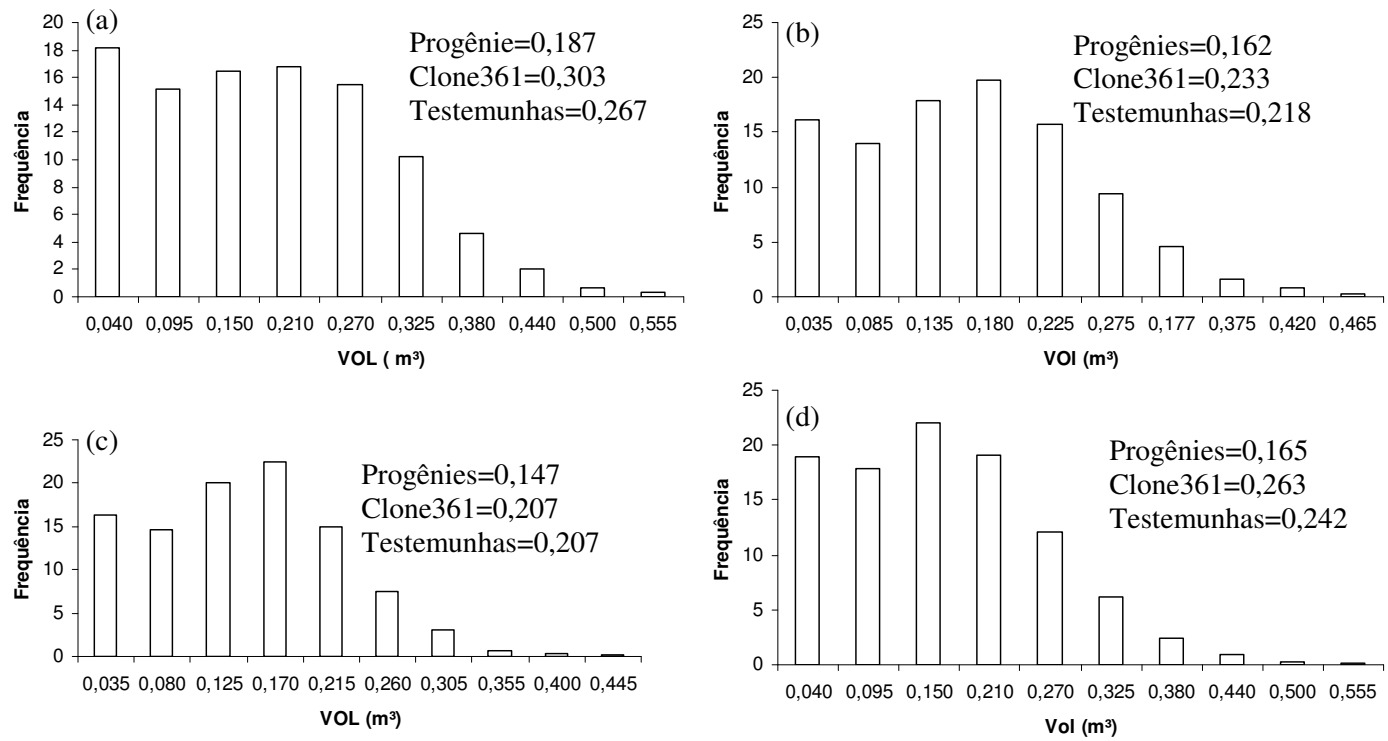


FIGURA 1. Distribuição de freqüências das progênies, para VOL (m³/planta), a) Jambeiro VI; b) Ipê IV; c) Talismã, considerando os três locais (Jambeiro VI, Ipê IV e Talismã).

TABELA 12. Estimativa dos parâmetros genéticos, para CAP (cm), ALT(m) e VOL (m<sup>3</sup>/planta), das análises combinada e conjunta, do teste de progênies, aos quatro anos de idade.

Estimativas	CAP (cm)	ALT (m)	VOL (m <sup>3</sup> /planta x 10 <sup>-5</sup> )
$\hat{\sigma}_{p1}^2$	112,270(±13,450) <sup>1/</sup>	12,822(±2,137) <sup>1/</sup>	80(±9) <sup>1/</sup>
$\hat{\sigma}_{p2}^2$	85,884(± 11,456) <sup>1/</sup>	9,151(±1,479) <sup>1/</sup>	51(±0) <sup>1/</sup>
$\hat{\sigma}_{p3}^2$	102,855(±14,198) <sup>1/</sup>	11,264(±2,383) <sup>1/</sup>	49(±6) <sup>1/</sup>
$\hat{\sigma}_p^2$	86,134(±11,547) <sup>1/</sup>	10,672(±1,410) <sup>1/</sup>	49(±0) <sup>1/</sup>
$\hat{\sigma}_{pxl}^2$	4,520(±2,130) <sup>1/</sup>	0,647(±0,236) <sup>1/</sup>	2(±0) <sup>1/</sup>
$\hat{\sigma}_{pxl}^2 / \hat{\sigma}_p^2$ (%)	5,247	6,062	4,081
r <sub>12</sub>	0,801	0,795	0,809
r <sub>13</sub>	0,763	0,809	0,782
r <sub>23</sub>	0,808	0,812	0,782

$\hat{\sigma}_{p1}^2$ ,  $\hat{\sigma}_{p2}^2$  e  $\hat{\sigma}_{p3}^2$ : variância genética entre médias de progênies dos locais Jambreiro VI, Ipê IV e Talismã, respectivamente;  $\hat{\sigma}_p^2$  variância genética entre médias da análise conjunta;  $\hat{\sigma}_{pxl}^2$ : variância da interação progênies x locais e r<sub>12</sub>, r<sub>13</sub> e r<sub>23</sub>: coeficiente de correlação do desempenho médio das progênies entre os locais Jambreiro VI e Ipê IV, Jambreiro VI e Talismã e Ipê IV e Talismã, respectivamente; <sup>1/</sup>S(σ<sub>p</sub><sup>2</sup>) erro associado à estimativa de  $\hat{\sigma}_{p1}^2$ ,  $\hat{\sigma}_{p2}^2$ ,  $\hat{\sigma}_{p3}^2$ ,  $\hat{\sigma}_p^2$  e  $\hat{\sigma}_{pxl}^2$ .

#### 4.2 Teste clonal

Os resumos das análises da variância individuais dos testes clonais para CAP, ALT e VOL estão apresentados nas Tabelas 10A e 11A. O teste de F foi significativo (P≤0,01) para a fonte de variação clones, evidenciando variabilidade entre os clones avaliados e a existência de clones superiores às testemunhas. O CV apresentou a mesma tendência que o teste de progênies, ou seja, variou entre os caracteres e apresentou maiores valores para VOL. Para o



coeficiente de determinação ( $R^2$ ), apesar de terem sido inferiores a 60%, os mesmos foram de maior magnitude, quando comparados com o teste de progênies. Ao que tudo indica, esse incremento se deve, possivelmente, à utilização de parcelas de uma única planta que acarreta um maior número de repetições e consequentemente um maior número de graus de liberdade para o erro, conforme apregoado por Andrade (2002).

Em relação ao desempenho médio, pode-se evidenciar que houve variação das médias entre os locais e, para VOL, maiores médias foram observadas em Sucupira III (Tabelas 10A e 11A). Para VOL, as testemunhas foram 1,18 vez superiores aos clones, nos dois locais (Tabela 13).

O resumo da análise conjunta do teste clonal está apresentado na tabela 14. Verifica-se que houve diferença altamente significativa entre os locais e entre os clones. Essa diferença significativa entre clones na média dos ambientes evidencia que os mesmos são geneticamente diferentes, possibilitando antever o sucesso com a seleção. Para a fonte de variação interação clones x locais, não houve diferença significativa, demonstrando que, em média, o comportamento dos clones foi coincidente nos dois locais.

Em relação ao CV, quando comparado com a análise conjunta do teste de progênies, pode-se verificar que este reduziu. Vale ressaltar também que essa melhoria na precisão experimental, como já foi comentado, deve ser em função da adoção de parcelas constituídas de uma planta com um maior número de repetições. Essa observação corrobora a estimativa do  $R^2$ , que foi de maior magnitude do que o teste de progênies, para volume (Tabela 14).

TABELA 13. Médias dos clones e testemunhas das análises individuais do teste clonal para volume (m<sup>3</sup>/planta).

Tratamentos	Sucupira III	Jambeiro III
Clones	0,077	0,065
Testemunhas	0,091	0,077
Média geral	0,078	0,066

TABELA 14. Resumo das análises de variância conjunta dos dois locais, para a circunferência à altura do peito (CAP), altura (ALT) e volume (VOL) dos clones do teste clonal, aos dois anos de idade: Sucupira III e Jambeiro III.

FV	GL	QM		
		CAP(cm)	ALT(m)	VOL(m <sup>3</sup> /planta)
Repetições (locais)	38	148,000	64,299**	0,004**
Locais (L)	1	9969,689**	3580,487**	0,304**
Clones (C)	175	1360,987**	121,684**	0,029**
C x L	175	66,002	6,216	0,001
Erro	9976	118,238	5,957(9685) <sup>1/</sup>	0,001(9696) <sup>1/</sup>
Média		31,437	14,736	0,071
CV(%)		34,588	16,562	33,370
R <sup>2</sup> (%)		19,749	36,099	52,710

<sup>1/</sup>Graus de liberdade referente à fonte de variação do erro para ALT e VOL;  
 \*\* significativo, a 1% de probabilidade, pelo teste de F.

A existência da variabilidade entre clones por ambientes é constatada na distribuição de frequência apresentada na Figura 2. Os valores de VOL dos clones apresentaram amplitude igual a 0,135, a qual corresponde a 250% em relação à média dos clones. Em Sucupira III, o volume dos clones variou de 0,015 a 0,265, ou seja, a amplitude de variação foi de 0,25, que corresponde a 324% da média dos clones (Figura 2). Estes resultados indicam ser possível selecionar um grande número de clones para teste clonal ampliado e,

posteriormente, serem utilizados como clones comerciais após análise tecnológica de suas madeiras.

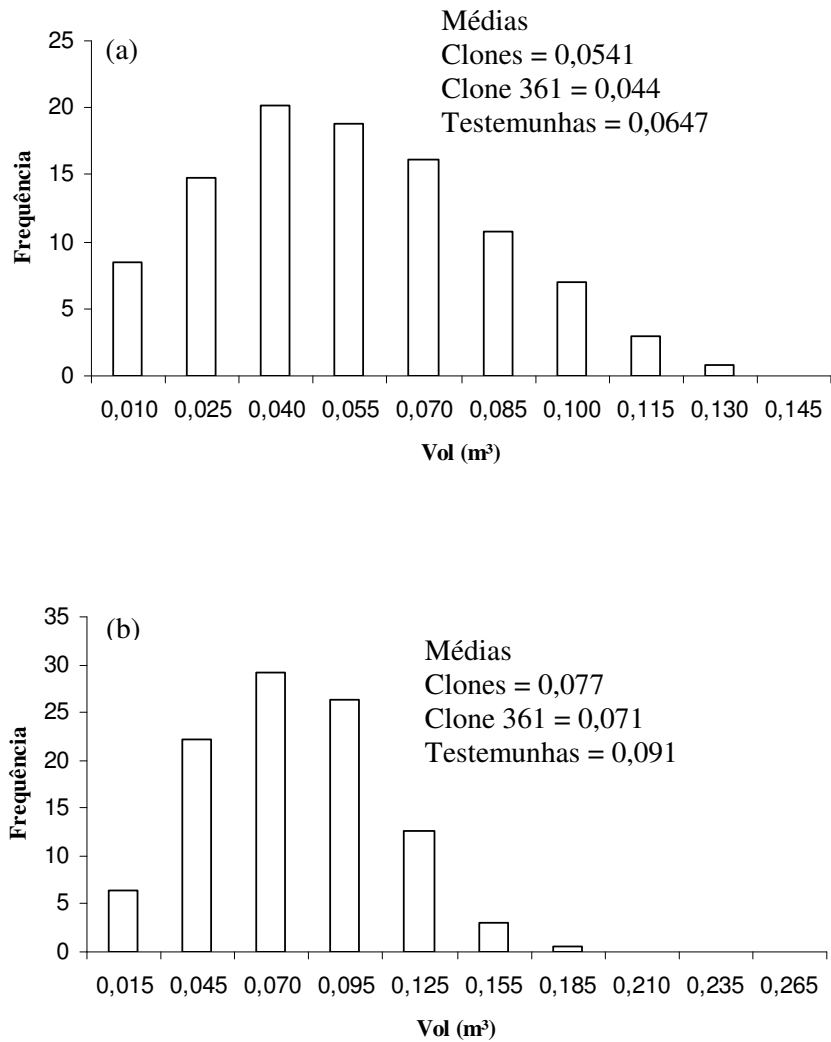


FIGURA 2. Distribuição de freqüências dos clones, para característica VOL (m³/planta), do teste clonal: a) Jambeiro III e b) Sucupira III.

A variância genética entre os clones é apresentada na Tabela 15. Verifica-se que os erros associados às estimativas são de pequena magnitude e inferiores ao valor da estimativa, o que indica, mais uma vez, a presença de variação genética entre clones. As variâncias da interação clones x locais apresentaram valores muito baixos e essa baixa estimativa corrobora a alta correlação encontrada entre o desempenho médio dos clones nos locais, dois a dois, que foram superiores a 0,90 para todas as características avaliadas.

As estimativas da herdabilidade, para todas as características avaliadas por local e na análise conjunta, estão apresentadas na Tabela 15. É necessário observar que, em todas as situações, elas foram de magnitude superior a 80%, com limite inferior positivo, indicando que a maior parte da variação fenotípica deve-se a causas genéticas e que é possível se obter sucesso com a seleção.

TABELA 15. Estimativa dos parâmetros genéticos para CAP, ALT e VOL das análises individuais e análise conjunta do teste clonal, aos dois anos de idade.

Estimativas	CAP (cm)	ALT(m)	VOL (m <sup>3</sup> /planta x 10 <sup>-5</sup> )
$\hat{\sigma}_{c1}^2$	27,826(±3,587) <sup>1/</sup>	2,549(±0,080) <sup>1/</sup>	7(±0) <sup>1/</sup>
$\hat{\sigma}_{c2}^2$	50,915(±6,137) <sup>1/</sup>	6,071(±0,690) <sup>1/</sup>	11(±1) <sup>1/</sup>
$\hat{\sigma}_c^2$	37,358(±2,954) <sup>1/</sup>	3,331(±0,264) <sup>1/</sup>	8(±0) <sup>1/</sup>
$\hat{\sigma}_{cxl}^2$	-3,013(±0,416) <sup>1/</sup>	0,015(±0,001) <sup>1/</sup>	2(±0) <sup>1/</sup>
$\hat{\sigma}_{F1}^2$	34,618	2,738	7
$\hat{\sigma}_{F2}^2$	57,715	6,493	11
$\hat{\sigma}_F^2$	39,262	3,510	8
$\hat{h}_1^2$ (%)	80,380 (75-83) <sup>3/</sup>	93,097 (91-94) <sup>3/</sup>	96,159 (95-97) <sup>3/</sup>
$\hat{h}_2^2$ (%)	88,217 (85-90) <sup>3/</sup>	93,500 (92-95) <sup>3/</sup>	96,954 (96-97,5) <sup>3/</sup>
$\hat{h}^2$ (%)	95,150 (93-96) <sup>3/</sup>	94,900 (93-96) <sup>3/</sup>	97,712 (96-98) <sup>3/</sup>
$r_{12}$	0,908	0,916	0,959

$\hat{\sigma}_{c1}^2$  e  $\hat{\sigma}_{c2}^2$ : variância genética entre os clones no local Sucupira III e Jambeiro III, respectivamente;  $\hat{\sigma}_{F1}^2$ ,  $\hat{\sigma}_{F2}^2$  e  $\hat{\sigma}_F^2$ : variância fenotípica entre médias de clones no local Sucupira III, Jambeiro III e variância fenotípica entre os clones na análise conjunta;  $\hat{\sigma}_c^2$ : variância genética entre os clones na análise conjunta  $\hat{\sigma}_{cxl}^2$ : variância da interação testemunhas x locais e  $r_{12}$ : coeficiente de correlação genética entre local Sucupira III e Jambeiro III; <sup>1/</sup> erro associado  $S(\sigma_p^2)$  à estimativa de  $\hat{\sigma}_{c1}^2$ ,  $\hat{\sigma}_{c2}^2$  e  $\hat{\sigma}_c^2$ ;  $h_1^2$ ,  $h_2^2$ ,  $h^2$ :  $h^2$ : herdabilidade no sentido amplo dos locais Sucupira III, Jambeiro III e da análise conjunta; <sup>3/</sup>Limite inferior e superior, respectivamente.

#### 4.3 Ganho realizado com a seleção

Considerando a existência de informação do desempenho da planta matriz e do clone, foi possível estimar o ganho e a herdabilidade realizada. Contudo, antes de discutir as estimativas obtidas, é necessário fazer algumas considerações. Como os dados das matrizes foram obtidos com dois e quatro anos e dos clones apenas aos dois anos, as estimativas foram obtidas considerando-se as matrizes nas duas idades.

Além do mais, como os experimentos de avaliação das progênes, que originaram as matrizes e o teste clonal, foram conduzidos em anos e também em locais diferentes, foi necessário proceder-se ao ajustamento dos dados, em função do desempenho dos clones comerciais (testemunhas). Ademais, como apenas um clone foi comum em todos os experimentos (clone 361), a ponderação foi realizada envolvendo a média de todas as testemunhas, considerando-se apenas o clone comum.

Ao analisar os gráficos de distribuição de frequência do volume relativo das árvores matrizes selecionadas no teste de progênes em relação à média das testemunhas e do clone 361, nota-se que a amplitude de variação (1,63) foi à mesma em ambos os casos (Figura 3-a e 3-b).

O volume relativo dos indivíduos selecionados com intensidade de seleção de 10% em relação a todas as testemunhas foi 145,31% superior à média da população e, considerando apenas o clone 361, foi 147,5% superior à média da população, para os dados obtidos aos quatro anos. Ou seja, pode-se considerar o volume relativo apenas para o clone 361, uma vez que os volumes relativos entre os indivíduos selecionados considerando todas as testemunhas e considerando apenas o clone 361 pouco diferenciaram entre si.

De acordo com essa premissa, nas avaliações dos dados obtidos aos dois anos dos indivíduos selecionados e no teste clonal, foi utilizado apenas o volume relativo das matrizes e clones em relação à testemunha comum a ambos (clone 361).

A média dos indivíduos selecionados adotando intensidade de seleção de 10% com os dados obtidos aos dois anos de idade foi 140,14% superior à média geral. Note-se que este valor é muito próximo do estimado com os dados aos quatro anos (Figura 3).

As médias gerais dos indivíduos selecionados aos dois e aos quatro anos no teste de progênes não diferiram entre si, quando se comparou o desempenho dos mesmos no teste clonal (1,103). Porém, a média dos indivíduos selecionados com dois anos foi 105,19% superior à média dos indivíduos selecionados com quatro anos e apresentou desempenho de 134,04% acima da média geral (Figura 3-d). Vale lembrar que estes indivíduos selecionados no teste clonal correspondem às matrizes identificadas no teste de progênes.

Com essas informações, depreende-se que a seleção aos dois anos proporcionou maior ganho com a seleção, reforçando o que já foi relatado em alguns trabalhos (Marques Junior et al., 1996; Pereira et al., 1997; Alencar et al., 2002).

Utilizando-se o volume relativo, estimaram-se o ganho com a seleção em porcentagem (Gs%) em relação as testemunhas e a herdabilidade realizada

( $h_r^2$ ), considerando diferentes intensidades de seleção (Tabelas 16, 17 e 18). Note-se que, adotando-se a intensidade de seleção mais alta (10%), os ganhos, na maioria das situações, foram de maior magnitude. Isso já era esperado, uma vez que foram selecionados indivíduos que possuíam maior desempenho e, conseqüentemente, contribuíam para uma maior média populacional. Ressalte-se, ainda, que os ganhos obtidos foram superiores aos relatados por Garcia & Nogueira (2005), que encontraram ganho igual a 22,08% em relação à média das testemunhas utilizando-se clones de eucalipto também com uma intensidade de seleção de 10%.

À medida que se adotaram intensidades de seleção mais brandas, a herdabilidade realizada estabilizou-se e os ganhos praticamente não se alteraram. As estimativas da herdabilidade realizada com intensidade de seleção de 10% foram todas superiores a 0,56 % e indicam que a seleção de indivíduos superiores em teste de progênies é eficiente. Uma herdabilidade realizada de 56% equivale dizer que, considerando intensidade de seleção de 10%, ou seja, 17 indivíduos em 173 selecionados 56% destes coincidiram nas duas avaliações. Contudo vale ressaltar que esta estimativa considerou apenas o ganho em relação aos indivíduos selecionados (173 indivíduos) no teste de progênies. Maior magnitude para esta estimativa possivelmente seria obtida caso contemplasse todos os 10.713 indivíduos do avaliados.

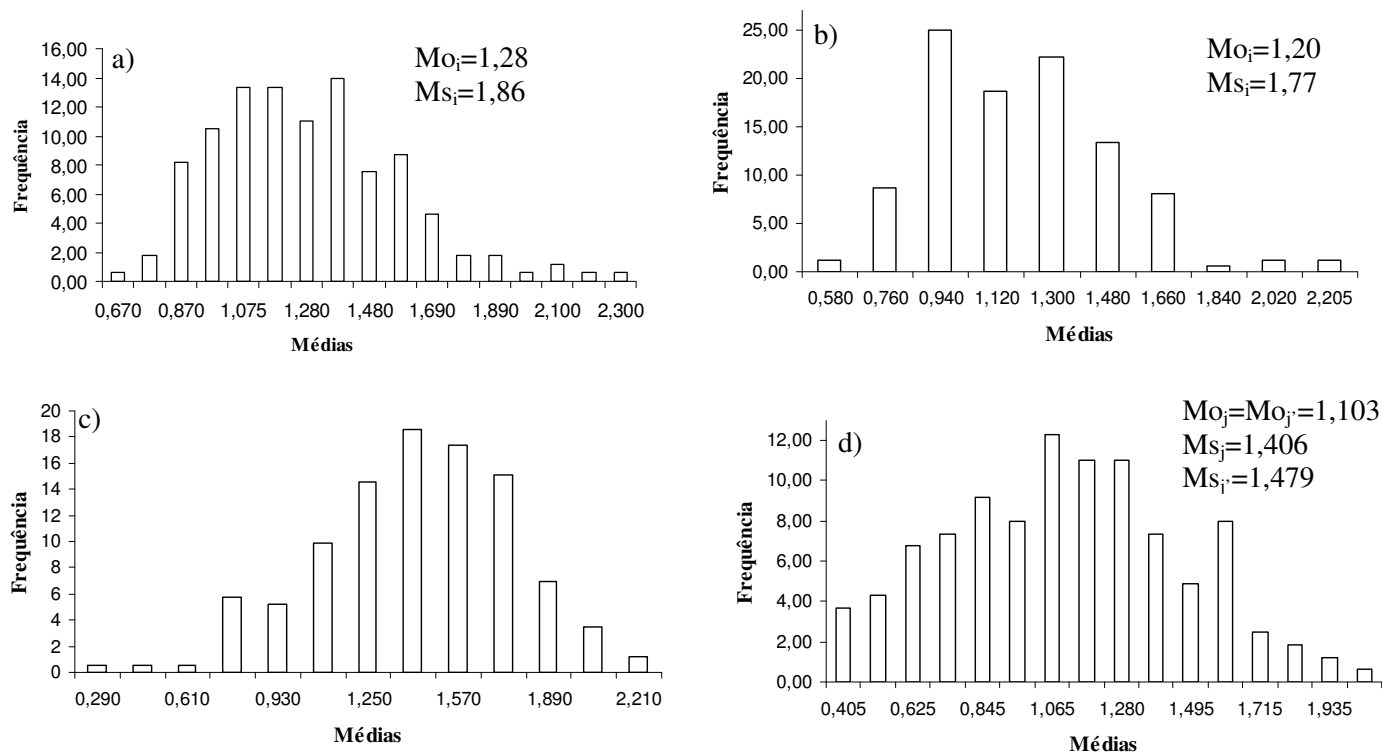


FIGURA 3. Distribuição de freqüências dos volumes relativos, dos indivíduos selecionados no teste de progênies aos dois e quatro anos e do teste clonal: (a) indivíduos selecionados aos quatro anos, em relação a todas as testemunhas, (b) indivíduos selecionados aos quatro anos, em relação ao clone 361, (c) indivíduos selecionados aos dois anos, em relação ao clone 361 e (d) volumes relativos dos indivíduos no teste clonal, aos dois e quatro anos, em relação ao clone 361.



TABELA 16. Estimativas da herdabilidade realizada ( $h_r^2$ ) do ganho com a seleção em porcentagem ( $G_{sj}\%$ ) no ambiente j para diferentes intensidades de seleção, considerando todas as testemunhas, para volume ( $m^3/planta$ ).

IS(%)	Mo <sub>i</sub>	Ms <sub>i</sub>	Mo <sub>j</sub>	Ms <sub>j</sub>	$h_r^2$	$G_{sj}\%$
10	1,278	1,862	0,847	1,126	0.721	32.923
20	1,278	1,741	0,847	1,023	0.573	20.728
25	1,278	1,697	0,847	1,002	0.556	18.223
30	1,278	1,653	0,847	0,993	0.585	17.143

IS: intensidade de seleção; Mo<sub>i</sub>: população inicial (indivíduos selecionados no teste de progênes); Ms<sub>i</sub>: média dos indivíduos selecionados na população inicial; Mo<sub>j</sub>: média da população melhorada (teste clonal aos dois anos) e Ms<sub>j</sub>: média dos indivíduos selecionados em Mo<sub>j</sub>, correspondentes aos selecionados na população inicial.

TABELA 17. Estimativas da herdabilidade realizada ( $h_r^2$ ) do ganho com a seleção em porcentagem ( $G_{sj}\%$ ) no ambiente j para diferentes intensidades de seleção, considerando o clone 361, para volume ( $m^3/planta$ ).

IS(%)	Moi	Msi	Moj	Msj	$h_r^2$	$G_{sj}\%$
10	1,194	1,779	1,103	1,406	0.560	27.443
20	1,194	1,641	1,103	1,329	0.548	20.519
25	1,194	1,596	1,103	1,312	0.565	18.985
30	1,194	1,555	1,103	1,305	0.608	18.361

IS: intensidade de seleção; Mo<sub>i</sub>: população inicial (indivíduos selecionados no teste de progênes); Ms<sub>i</sub>: média dos indivíduos selecionados na população inicial; Mo<sub>j</sub>: média da população melhorada (teste clonal aos dois anos) e Ms<sub>j</sub>: média dos indivíduos selecionados em Mo<sub>j</sub>, correspondentes aos selecionados na população inicial.

TABELA 18. Estimativas da herdabilidade realizada ( $h_r^2$ ) do ganho com a seleção em porcentagem ( $G_{sj}\%$ ) no ambiente j para diferentes intensidades de seleção, considerando o clone 361, para volume ( $m^3/planta$ ), com dados tomados aos dois anos de idade.

IS(%)	Moi	Msi	Moj	Msj	$h_r^2$	$G_{sj}\%$
10	1,421	2,000	1,103	1,479	0.837	34.125
20	1,421	1,892	1,103	1,404	0.823	27.261
25	1,421	1,853	1,103	1,379	0.822	25.024
30	1,421	1,818	1,103	1,354	0.815	22.767

IS: intensidade de seleção;  $M_{oi}$ : população inicial (indivíduos selecionados no teste de progênes);  $M_{si}$ : média dos indivíduos selecionados na população inicial;  $M_{oj}$ : média da população melhorada (teste clonal aos dois anos) e  $M_{sj}$ : média dos indivíduos selecionados em  $M_{oj}$ , correspondentes aos selecionados na população inicial.

Foi estimado também o índice de coincidência (IC), utilizando-se a expressão de Hamblin & Zimmermann (1986). Essa estimativa é importante, pois ela indica a coincidência dos indivíduos selecionados no teste de progênes com o teste clonal (Tabela 19). Note-se que esta estimativa possui valores aproximados, quando foram comparados os dados obtidos aos dois e aos quatro anos. Já o IC considerando todas as testemunhas apresentou uma menor magnitude com intensidade de seleção de 30% em relação ao clone 361, indicando que nesse caso houve uma menor coincidência entre os indivíduos selecionados entre as duas avaliações. É preciso enfatizar, ainda, que os valores do IC foram similares às estimativas da herdabilidade realizada.

TABELA 19. Estimativas do índice de coincidência (IC) em diferentes intensidades de seleção

IS(%)	I.C <sup>1/</sup>	I.C <sup>2/</sup>	I.C <sup>3/</sup>
10	0,166	0,236	0,236
20	0,257	0,257	0,410
25	0,200	0,270	0,366
30	0,151	0,300	0,300

<sup>1/</sup> IC referente aos dados obtidos aos quatro anos, considerando-se todas as testemunhas; <sup>2/</sup> IC referente aos dados obtidos aos quatro anos, considerando-se a testemunha 361; <sup>3/</sup> IC referente aos dados obtidos aos dois anos, considerando-se a testemunha 361.

O coeficiente de correlação genética entre o desempenho dos indivíduos no teste de progênes e os mesmos no teste clonal está apresentado na Tabela 20. Note-se que essa estimativa foi de pequena magnitude, o que proporciona menor IC e, conseqüentemente, reduz os ganhos com a seleção. Uma possível explicação para esse fato é a interação genótipos x épocas de plantio (anos), ou seja, as progênes são avaliadas perfazendo a seleção dos melhores indivíduos (matrizes), que serão plantados apenas em anos posteriores em teste clonal, visando à sua avaliação.

TABELA 20. Estimativas dos componentes de variância genética, covariância, correlação genética dos indivíduos selecionados no teste de progênes e das médias dos indivíduos do teste clonal, para volume (m<sup>3</sup>/planta).

Variância genética dos indivíduos selecionados no teste de progênes	0,035
Variância genética das médias dos clones no teste clonal	8 x 10 <sup>-5</sup>
Correlação genética	0,121
Covariância	6 x 10 <sup>-5</sup>

#### 4.4 Ranking das melhores progênies e clones

No intuito de determinar quais cruzamentos (progênies) propiciaram os melhores indivíduos para serem clonados, foi obtida a relação dos cruzamentos realizados, envolvendo diferentes espécies de *Eucalyptus*. Pode-se observar que, em sua maioria, o cruzamento envolvendo as espécies *E.urophylla* x *E. grandis*, proporcionou maior número de indivíduos selecionados em relação ao número de indivíduos no teste de progênies. Contudo o maior número de indivíduos selecionados em relação aos cruzamentos realizados, pertence ao cruzamento *E.urophylla* x *E. brassiana* com 22 indivíduos selecionados em seis cruzamentos contra 89 em 107 do cruzamento *E.urophylla* x *E. grandis*.

Ressalte-se também que cruzamentos envolvendo *E. urophylla* x *E. urophylla*, *E.grandis* x *E. globulus* e *E. urophylla* x *E. globulus* proporcionaram um número significativo de indivíduos selecionados (Tabela 21). Os vários estudos já realizados anteriormente enfatizam que o cruzamento envolvendo estas espécies acarretam boas progênies e clones de *Eucalyptus* (Assis, 2000; Rezende & Resende, 2000; Resende, 2005).

O ranking da superioridade dos 21 melhores clones, em relação à testemunha comum (clone 361) ao teste de progênies e ao teste clonal e à média de todas as testemunhas, é apresentado na Tabela 22. Note-se que, em sua maioria, os cruzamentos entre *E. urophylla* x *E. grandis* proporcionaram o maior número de clones com bom desempenho. É importante enfatizar que apesar de haver uma maior frequência de clones obtidos deste cruzamento, é possível ter clones com boa performance em relação à média de todas as testemunhas e ao clone 361, oriundos de hibridações envolvendo outras espécies.

Um último questionamento seria qual a estratégia para a continuidade do programa de melhoramento da empresa. Considerando que no início estiveram

envolvidos várias espécies, e, portanto não havia uma população base de referência, a melhor opção é gerar essa população a partir dos resultados obtidos. Ou seja, dar continuidade ao programa por meio da seleção recorrente intrapopulacional. A geração da nova população pode ser realizada voltando nas progênies que produziram as melhores matrizes ou então recombinando os melhores clones identificados no teste clonal. Em princípio, a segunda alternativa é a melhor, pois irá envolver indivíduos comprovadamente superiores no teste de progênies e clonal. Já na recombinação das progênies nem todos os gametas produzidos serão oriundos de indivíduos comprovadamente superiores. Uma vantagem desse método é que se pode inserir na recombinação novos indivíduos ou clones superiores.

TABELA 21. Relação do número de cruzamentos, por tratamento, número de indivíduos selecionados e porcentagem de híbridos avaliados por cruzamento.

Tratamento	Número de cruzamentos	Indivíduos selecionados
gg	3	
gp	1	
gu	18	4
gy	13	16
ub	6	22
ug	107	89
up	5	6
ut	1	2
uu	25	20
uy	16	11
gb	1	3
Total	196	173

TABELA 22. Ranking dos indivíduos do teste clonal, baseado na superioridade em relação a todas as testemunhas e em relação à testemunha 361.

clones	Todas as testemunhas	Clone 361	Cruzamentos
2912	161,19	209,78	up
2833	151,60	197,30	ug
2837	150,53	195,91	ug
2884	142,83	185,88	ug
3440	138,52	180,28	ug
2826	137,03	178,33	ug
2878	133,55	173,80	ug
2880	133,41	173,63	ug
2848	131,61	171,28	ug
2828	130,75	170,16	ug
2836	127,23	165,59	ug
2876	126,64	164,81	ug
3606	126,63	164,81	ug
2882	125,28	163,04	ug
2910	124,36	161,85	uu
2875	124,27	161,73	ug
2873	123,27	160,43	ug
2879	122,67	159,64	ug
3218	122,37	159,26	ug
2832	121,17	157,70	ug

## **5 CONCLUSÃO**

A correlação entre a performance das matrizes em teste de progênies com o desempenho de indivíduos no teste clonal é baixa, contudo as estimativas da herdabilidade realizada superior a 50% evidenciam que a seleção das matrizes no teste de progênies é eficiente.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALENCAR, G. S. B. de.; BARRICHELO, L. E. G.; SILVA JUNIOR, F. G. da. Qualidade da madeira de híbridos de *E.grandis* x *E.urophylla* e seleção precoce, In: CONGRESSO E EXPOSIÇÃO ANUAL DE CELULOSE E PAPEL. **Anais...** São Paulo: ABTCP, 2002. p. 1- 7.

ANDRADE, H. B. **Avaliação de espécies e procedências de *Eucalyptus L'Heritier* (Myrtaceae) nas regiões norte e noroeste do estado de Minas Gerais** 1991. 105 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

ANDRADE, H. B. **Eficiência dos experimentos com clones na cultura do eucalipto** 2002. 162 p. Tese (Doutorado)-Universidade Federal de Lavras, Lavras.

ASSIS, T. F. de. Melhoramento genético do eucalipto. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 18, n.185, p. 32-51, 1996.

ASSIS, T. F. de. Production and use of Eucalyptus hybrids for industrial purposes. In: HYBRID BREEDING AND GENETICS OF FOREST TREES, 2000, **Nossa Australian Proceedings...** Brisbane: Department of Primary Industries, 2000. n. 9, p.63-74.

ASSIS, T. F. de. Melhoramento para produtividade e qualidade de celulose de fibra curta. In: RESENDE, M.D. V. (Ed.). **Workshop sobre Melhoramento de Espécies Florestais e Palmáceas no Brasil**. Curitiba: Embrapa Florestas, 2001. p. 193-214.

BISON, O. **Melhoramento de eucalipto visando à obtenção de clones para a indústrias de celulose**. 2004.169 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

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

DUTKOWSKI, G.W.; POTTS, B. M. Geographic palters of genetics variation in *Eucalyptus Globulus* ssp *Globulus* and a revised racial classification. **Australian Journal Botanic**, Victoria, v.47, n. 2, p. 237-263, 1999.



ELDRIDGE, K.; DAVIDSON, J.; HARWOOD, C.; WYCK, G. VAN. **Eucalypt domestication and breeding**. New York: Oxford University Press, 1994. 288 p.

FALCONER, D. S.; MACKEY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. London: Longman Malaysia, 1996. 463 p.

FERREIRA, M. Escolha de Espécies de Eucalipto. **Circular Técnica IPEF**, Piracicaba, v. 47, p. 1-30, maio 1979. Disponível em: <<http://www.ipef.br/identificacao/eucalyptus/>>. Acesso em: 10 set. 2007.

FERREIRA, M.; SANTOS, P. E. T. Melhoria genética florestal de Eucalyptus no Brasil: breve histórico e perspectivas. In: CONFERENCE ON SILVICULTURE AND IMPROVEMENT OF EUCALYPTS, 1997, Salvador. **Proceedings...** Salvador: UFRO, 1997. p. 14-34.

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

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

HALLAUER, A. R. Recurrent selection in maize. **Advance in Agronomy**, New York, p. 115-179, 1992.

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

HILL, K. D. E.; JOHNSON, L. A. S. Systematic Studies in Eucalypts, 7, A revision of the bloodwoods, genus *Corymbia* (Myrtaceae). **Telopea**, Sydney, v. 6, p. 185-504, 1995.

INSTITUTO DE PESQUISAS E ESTUDOS FLORESTAIS, IPEF. **Identificação de Espécies Florestais**. Piracicaba – SP, Disponível em: <<http://www.ipef.br/identificacao/cief/especies/pellita.asp>> Acesso em 01 de novembro de 2007.

- KAGEYAMA, P. Y.; VENCOVSKY, R. 'Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis*. **IPEF**, Piracicaba, v. 24, n. 71, p. 9-26, ago. 1983.
- KNAPP, S. J.; STROUP, W. W.; ROSS, W. M. Exact confidence intervals for heritability on a progenie mean basis. **Crop Science**, Madison, v. 25, n.1, p. 192-194, Jan./Feb. 1985.
- KERR, R. J.; DIETERS, M. J.; TIER, B. Simulation of the comparative gains from four different hybrid tree breeding strategies. **Canadian Journal of Forest Research**, Ottawa, v. 34, n. 1, p. 209-220, Jan. 2004.
- KIBBLEWHITE, R. P.; JOHNSON, B. I.; SHELBOURNE, C. J. A. Kraft pulp qualities of *Eucalyptus nitens*, *E. globulus*, and *E. maidenii*, at ages 8 and 11 years. **New Zealand Journal of Forestry Science**, Christchurch, v. 30, n. 3, p. 447-457, Nov. 2000.
- LADIGES, P. Y., UDOVICIC, F. E., DRINNAN, A. N. Eucalypt Phylogeny: molecules and morphology. **Australian Systematic Botany**, Victoria, v. 8, n. 4, 483-487, 1995.
- MARQUES JÚNIOR, O. G.; ANDRADE, H. B.; RAMALHO, M. A. P. . Assessment of the early selection efficiency in *Eucalyptus cloeziana* F. Muelle in the northwest of Minas Gerais State, Brasil. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 45, n. 5/6, p. 359-361, 1996.
- MOURA, V. P. G. O germoplasma de *Eucalyptus Brassiana* S.T Blake no Brasil, **Comunicado técnico**, Brasília, DF, n. 103, p. 1-12, set. 2003.
- MOURA, V.P.G, O germoplasma de *Eucalyptus Urphylla* S.T. Blake no Brasil, **Comunicado técnico**, Brasília-DF, n. 111, p. 1-12, dez. 2004.
- NUNES, G. H. S.; REZENDE, G. D. S. P.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. Implicações da interação genótipos x ambientes na seleção de clones de eucalipto. **Cerne**, Lavras, v. 8, n. 1, p. 049-059, 2002.
- PAULA, R. C. de.; PIRES, I. E.; BORGES, R. de C. G.; CRUZ, C. D. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília-DF, v. 37, n. 2, p. 159-165, fev. 2002.
- PEREIRA, A. B.; MARQUES JÚNIOR, O. G.; RAMALHO, M. A. P.; ALTHOFF, P. Eficiência da seleção precoce em famílias de meios-irmãos de

Eucalyptus camaldulensis Dehnh., avaliadas na região noroeste do Estado de Minas Gerais. **Revista Cerne**, Lavras, v.3, n.1, 1997.

PINTO JUNIOR, J. E. **REML/BLUP para a análise de múltiplos experimentos no melhoramento genético de Eucalyptus grandis W. HILL EX MAIDEN**. 2004. 113 p. Tese (Doutorado em Agronomia, área de concentração Produção Vegetal) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba

POTTS, B. M. Genetic Improvement of eucalypts. In: \_\_\_\_\_. **Enciclopedia of Forest Science**. Oxford: Elsevier Science, 2004. p. 1480-1490.

PRYOR, L. D.; JOHNSON, L. A. S. "A classification of the eucalypts". Australian National University Press, Canberra. **IPEF**, Piracicaba, n. 2/3, p. 53-59, 1971.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F. ; OLIVEIRA, A. C. DE **Experimetnação em Genética e Melhoramento de Plantas**. 2. ed. Lavras: UFLA, 2005. v. 1. 322 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMAN, M. J. de O. **Genética quantitativa em plantas autógamas:aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: UFG, 1993.

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

RESENDE, M. D. V. de; BARBOSA, M. H. P. **Estratégias ótimas para o melhoramento de plantas com reprodução assexuada**. Colombo:Embrapa Florestas, Colombo, 2005. 85 p.

RESENDE, M. D. V.; REZENDE, G.; D. S. P.; AGUIAR, M. A.; BARBOSA, P. M. H, Seleção recorrente e o melhoramento genético do eucalipto no Brasil. In: SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 9., 2005, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 2005. p. 59-84.

REZENDE, G. D. S. P.; RESENDE, M. D. V. de. Dominance effects in Eucalyptus grandis, Eucalyptus urophylla and hybrids. In: HYBRID BREEDING AND GENETICS OF FOREST TREES QFRI/CRC – SPT SYMPOSIUM. 2000, **Proceedings...** Brisbane: Department of Primary Industries, 2000. p. 93-100.

REZENDE, G. D. S. P. Melhoramento genético do eucalipto. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1., 2001, Goiânia. **Anais...** Goiânia: EMBRAPA Arroz e Feijão, 2001. 1 CD-ROM.

RODRIGUEZ, L. C. E. (COORD.). Melhoramento e conservação genética. In: CIÊNCIA E TECNOLOGIA NO SETOR FLORESTAL BRASILEIRO: diagnóstico, prioridades e modelo de financiamento. Brasília: IPEF, 2002. 187 p. Disponível em: <<http://www.ipef.br/mct>>. Acesso em: 18 de set. 2007.

RUY, O. F. **Variação da qualidade da madeira em clones de *Eucalyptusuro phylla* S. T. Blake da Ilha de Flores, Indonésia.** 1998. 69 p. Dissertação (Mestrado em Ciência e Tecnologia da Madeira)-Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

SANTOS, G. A. dos.; XAVIER, A.; CRUZ, C. D. Desempenho silvicultural de progênies de *Eucalyptus grandis* em relação às árvores matrizes **Sciencis Florestalis**, Piracicaba, n. 70, p. 67-76, abr. 2006.

SANTOS, P. E. T.; MORI, E. S.; MORAES, M. L. T. Potencial para programas de melhoramento, estimativas de parâmetros genéticos e interação progênies x locais em populações de *Eucalyptus urophylla*. **IPEF**, Piracicaba, n. 43-44, p. 11-19, 1990.

SAS INSITUTE. **SAS/STAT User's Guide:** version 8. Cary, 2000.

SILVA, R.L. **Influência do tamanho da parcela experimental em testes clonais de eucalipto.** 2001. 67 p. Dissertação (Mestrado em Ciência Florestal) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

SOUZA JÚNIOR, C. L. de. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L.L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento:** plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 159-199.

STEANE, D. A.; NICOLLE, D.; MCKINNON, G. E. .; VAILLANCOURT, R. E. E.; POTTS, B. M. Higher-level relationships among the eucalypts are resolved by ITS: sequence data. **Australian Systematic Botany**, Victoria, v. 15, n. 1, p. 49-62, feb. 2002.

STEANE, D. A.; MCKINNON, G. E.; VAILLANCOURT, R. E. E.; POTTS, B. M. ITS sequence data resolve higher level relationships among eucalypts.

**Molecular Phylogenetics e Evolution**, San Diego, v. 12, n. 2, p. 215-223, July 1999.

TURNBULL, J. W.; PRYOR, L. D. Choice of species and seed sources. In: HILLS, W. E.; BROW, A.G. (Ed.). **Eucalyptus**: for wood production. Sydney:CSIRO/Academic, 1984. p.6-65.

TURNBULL, J.; BROOKER, I. Cape York red gum. *Eucalyptus Brassiana* S. T. Blake. **CSIRO Aust , Forest Tree Leaflet Series**, Melbourne, n.213, p. 102-113, 1978.

UDOVICIC, F.; LADIGES, P. Y. Informativeness of nuclear and chloroplast DNA regions and the phylogeny of the eucalypts and related genera (Myrtaceae). **Kew Bulletin**, London, v. 55, p. 633-645, 2000.

UDOVICIC, F.; MCFADDEN, G. I.; LADIGES, P. Y. Filogenia de *Eucalyptus* e *Angophora* baseado em 55 ADNr spacer seqüência de dados. **Molecular Phylogenetics e Evolution**, San Diego, v. 4, n. 3, p. 247-256, Sept. 1995.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento** Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992. p. 496.

VENCOVSKY, R.; RAMALHO, M. A. P. . Contribuições do melhoramento genético no Brasil. In: PATERNIANI, E. (Org.). **Ciência, agricultura e sociedade**. Brasília, DF: Embrapa, 2006. p. 41-74.

VIGNERON, P.; BOUVET, J. M.; GOUMA, R.; SAYA, A.; GION, J. M.; VERHAEGEN, D. Eucalypt hybrids breeding in Congo. In: HYBRID BREEDING AND GENETICS OF FOREST TREES QFRI/CRC – SPT SYMPOSIUM. 2000, **Proceedings...** Brisbane: Department of Primary Industries, 2000. p. 14-26.

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

WEST, J. Evolutionary relationships in *Eucalyptus* sens. lat. – a synopsis, Australia's Commonwealth Scientific and Industrial Research Organization **CSIRO Australian Forest Tree Leaflet Series**, Sidney. Disponível em: < [http://www.anbg.gov.au/cpbr/cdkeys/euclid3/euclidsample/html/evolutionary\\_ships.htm](http://www.anbg.gov.au/cpbr/cdkeys/euclid3/euclidsample/html/evolutionary_ships.htm)> Acesso em : 10 fev. 2007.

## ANEXOS

	<b>Página</b>
<b>ANEXO A</b>	
TABELA 1A. Resumo das análises da variância individual do grupo A para a circunferência à altura do peito (CAP), altura (ALT) e volume (VOL) do teste de progênies aos quatro anos de idade. Jambeiro VI.....	61
TABELA 2A. Resumo das análises da variância individual do grupo A para a circunferência à altura do peito (CAP), altura (ALT) e volume (VOL) do teste de progênies aos quatro anos de idade, Ipê IV.....	61
TABELA 3A. Resumo das análises de variância individual do grupo A para a circunferência à altura do peito (CAP), altura (ALT) e volume (VOL) do teste de progênies aos quatro anos de idade, Talismã.....	62
TABELA 4A. Resumo das análises da variância individual do grupo B para a circunferência à altura do peito (CAP), altura (ALT) e volume (VOL) do teste de progênies aos quatro anos de idade, Jambeiro VI.....	62
TABELA 5A. Resumo das análises da variância individual do grupo B para a circunferência à altura do peito (CAP), altura (ALT) e volume (VOL) do teste de progênies aos quatro anos de idade, Ipê IV.....	63
TABELA 6A. Resumo das análises da variância individual do grupo B para a circunferência à altura do peito (CAP), altura (ALT) e volume (VOL) do teste de progênies aos quatro anos de idade, Talismã.....	63
TABELA 7A. Resumo das análises da variância combinada entre grupos A e B para a circunferência à altura do peito (CAP), altura (ALT) e volume (VOL) do teste de progênies aos quatro anos de idade, Jambeiro VI.....	64

TABELA 8A. Resumo das análises da variância combinada entre grupos A e B para a circunferência à altura do peito (CAP), altura (ALT) e volume (VOL) do teste de progênies aos quatro anos de idade, Ipê IV.....	64
TABELA 9A. Resumo das análises da variância combinada entre grupos A e B para a circunferência à altura do peito (CAP), altura (ALT) e volume (VOL) do teste de progênies aos quatro anos de idade, Talismã.....	65
TABELA 10A. Resumo das análises da variância individual do teste clonal para a circunferência à altura do peito (CAP), altura (ALT) e volume (VOL) aos dois anos de idade, Sucupira III.....	65
TABELA 11A. Resumo das análises de variância individual do teste clonal para a circunferência à altura do peito (CAP), altura (ALT) e volume (VOL) aos dois anos de idade, Jambeiro III.....	66

TABELA 1A. Resumo das análises da variância individual do grupo A, para a circunferência à altura do peito (CAP), altura (ALT) e volume (VOL), do teste de progênies aos quatro anos de idade, Jambeiro VI.

FV	GL	QM		
		CAP (cm)	ALT (m)	Vol (m <sup>3</sup> /planta)
Tratamentos	162	889,020**	102,980**	0,062**
Erro	622	147,760	15,670	0,011
Dentro	2905	143,970	11,300 (2848) <sup>1/</sup>	0,010(2904) <sup>1/</sup>
CV(%)		25,140	20,011	55,408
R <sup>2</sup> (%)		36,610	46,00	37,430
Média		48,350	19,780	0,186

<sup>1/</sup> Graus de liberdade referente à fonte de variação dentro para ALT e VOL.

\*\* significativo, a 1% de probabilidade, pelo teste de F.

TABELA 2A. Resumo das análises da variância individual do grupo A, para a circunferência à altura do peito (CAP), altura (ALT) e volume (VOL), do teste de progênies aos quatro anos de idade, Ipê IV.

FV	GL	QM		
		CAP (cm)	ALT (m)	Vol (m <sup>3</sup> /planta)
Tratamentos	137	711,220**	80,20**	0,045**
Erro	544	115,140	12,470	0,007
Dentro	2660	105,340	8,590 (2627) <sup>1/</sup>	0,006(2662) <sup>1/</sup>
CV(%)		22,650	18,243	50,240
R <sup>2</sup> (%)		37,030	45,000	38,250
Média		47,380	19,360	0,169

<sup>1/</sup> Graus de liberdade referente à fonte de variação dentro para ALT e VOL.

\*\* significativo, a 1% de probabilidade, pelo teste de F.



TABELA 3A. Resumo das análises de variância individual do grupo A, para a circunferência à altura do peito (CAP), altura (ALT) e volume (VOL), do teste de progênies aos quatro anos de idade, Talismã.

FV	GL	QM		
		CAP (cm)	ALT (m)	Vol (m <sup>3</sup> /planta)
Tratamentos	115	724,980**	81,090**	0,033**
Erro	457	98,730	10,170	0,005
Dentro	2103	91,930	6,390 (2073) <sup>1/</sup>	0,004 (2073) <sup>1/</sup>
CV(%)		21,110	17,970	45,700
R <sup>2</sup> (%)		40,550	55,920	41,780
Média		47,080	17,740	0,151

<sup>1/</sup> Graus de liberdade referentes à fonte de variação dentro para ALT e VOL.

\*\* significativo, a 1% de probabilidade, pelo teste de F.

TABELA 4A. Resumo das análises da variância individual do grupo B, para a circunferência à altura do peito (CAP), altura (ALT) e volume (VOL), do teste de progênies, aos quatro anos de idade, Jambeiro VI.

FV	GL	QM		
		CAP (cm)	ALT (m)	Vol (m <sup>3</sup> /planta)
Tratamentos	41	995,750**	107,740**	0,082**
Erro	140	154,710	14,790	0,011
Dentro	470	148,890	11,250 (456) <sup>1/</sup>	0,010 (469) <sup>1/</sup>
CV(%)		25,090	20,410	56,810
R <sup>2</sup> (%)		48,320	57,590	51,110
Média		49,570	18,838	0,187

<sup>1/</sup> Graus de liberdade referentes à fonte de variação dentro para ALT e VOL.

\*\* significativo, a 1% de probabilidade, pelo teste de F.

TABELA 5A. Resumo das análises da variância individual do grupo B, para a circunferência à altura do peito (CAP), altura (ALT) e volume (VOL), do teste de progênies, aos quatro anos de idade, Ipê IV.

FV	GL	QM		
		CAP (cm)	ALT (m)	Vol (m <sup>3</sup> /planta)
Tratamentos	32	727,570**	56,770**	0,036**
Erro	108	186,730	17,210	0,009
Dentro	382	133,370	8,980 (379) <sup>1/</sup>	0,006 (384) <sup>1/</sup>
CV(%)		30,000	24,290	67,610
R <sup>2</sup> (%)		47,100	53,850	47,840
Média		45,640	16,640	0,140

<sup>1/</sup> Graus de liberdade referentes à fonte de variação dentro para ALT e VOL.

\*\* significativo, a 1% de probabilidade, pelo teste de F.

TABELA 6A. Resumo das análises da variância individual do grupo B, para a circunferência à altura do peito (CAP), altura (ALT) e volume (VOL), do teste de progênies, aos quatro anos de idade, Talismã.

FV	GL	QM		
		CAP (cm)	ALT (m)	Vol (m <sup>3</sup> /planta)
Tratamentos	24	1121,800**	106,540**	0,064**
Erro	86	110,050	11,000	0,005
Dentro	333	83,500	7,300 (330) <sup>1/</sup>	0,004 (330) <sup>1/</sup>
CV(%)		22,720	19,570	50,640
R <sup>2</sup> (%)		59,310	63,550	64,050
Média		46,170	18,570	0,145

<sup>1/</sup> Graus de liberdade referentes à fonte de variação dentro para ALT e VOL.

\*\* significativo, a 1% de probabilidade, pelo teste de F.

TABELA 7A. Resumo das análises da variância combinada entre grupos A e B, para a circunferência à altura do peito (CAP), altura (ALT) e volume (VOL), do teste de progênies, aos quatro anos de idade, Jambeiro VI.

FV	GL	QM		
		CAP (cm)	ALT (m)	Vol (m <sup>3</sup> /planta)
Grupos	1	2335,070**	46,510	0,280**
Repetição (Grupo)	2	61,350	2,600	0,006
Tratamentos	199	915,090**	102,990**	0,066**
Erro	758	150,530	15,670 (757) <sup>1/</sup>	0,011 (758) <sup>1/</sup>
Dentro	3373	144,010	11,260 (3302) <sup>2/</sup>	0,010 (3375) <sup>2/</sup>
CV(%)		22,280	20,150	56,178
R <sup>2</sup> (%)		38,800	48,340	40,050
Média		48,530	19,640	0,186

<sup>1/</sup> Graus de liberdade referentes à fonte de variação erro para ALT e VOL.

<sup>2/</sup> Graus de liberdade referentes à fonte de variação dentro para ALT e VOL.

\*\* significativo, a 1% de probabilidade, pelo teste de F.

TABELA 8A. Resumo das análises da variância combinada entre grupos A e B, para a circunferência à altura do peito (CAP), altura (ALT) e volume (VOL), do teste de progênies, aos quatro anos de idade, Ipê IV.

FV	GL	QM		
		CAP (cm)	ALT (m)	Vol (m <sup>3</sup> /planta)
Grupos	1	185,080	1,060	0,007
Repetição (Grupo)	1	92,370	11,610	0,012
Tratamentos	166	711,900**	75,601**	0,043**
Erro	652	127,030	13,280(651) <sup>1/</sup>	0,008(652) <sup>1/</sup>
Dentro	3039	108,890	8,650(3003) <sup>2/</sup>	0,006(3040) <sup>2/</sup>
CV(%)		23,910	19,200	52,700
R <sup>2</sup> (%)		38,880	49,730	40,330
Média		47,131	18,980	0,165

<sup>1/</sup> Graus de liberdade referentes à fonte de variação erro para ALT e VOL.

<sup>2/</sup> Graus de liberdade referentes à fonte de variação dentro para ALT e VOL.

\*\* significativo, a 1% de probabilidade, pelo teste de F.

TABELA 9A. Resumo das análises da variância combinada entre grupos A e B, para a circunferência à altura do peito (CAP), altura (ALT) e volume (VOL), do teste de progênies, aos quatro anos de idade, Talismã.

FV	GL	QM		
		CAP (cm)	ALT (m)	Vol (m <sup>3</sup> /planta)
Grupos (G)	1	2289,430**	97,410**	0,209**
Repetição (Grupo)	3	5,460	11,990	0,003
Tratamentos	136	801,320**	87,140**	0,039**
Erro	535	100,880	10,430(535) <sup>1/</sup>	0,005(535) <sup>1/</sup>
Dentro	2447	90,640	6,490(2414) <sup>2/</sup>	0,004(2414) <sup>2/</sup>
CV(%)		21,140	18,320	46,440
R <sup>2</sup> (%)		43,680	57,540	45,750
Média		46,950	17,630	0,150

<sup>1/</sup> Graus de liberdade referentes à fonte de variação erro para ALT e VOL.

<sup>2/</sup> Graus de liberdade referentes à fonte de variação dentro para ALT e VOL.

\*\* significativo, a 1% de probabilidade, pelo teste de F.

TABELA 10A. Resumo das análises da variância individual do teste clonal para a circunferência à altura do peito (CAP), altura (ALT) e volume (VOL), aos dois anos de idade, Sucupira III.

FV	GL	QM		
		CAP	ALT	Vol (m <sup>3</sup> /planta)
Repetição	19	124,507	63,231**	0,005**
Clone	185	600,530**	47,453**	0,013**
Erro	3459	118,249	3,287(3564) <sup>1/</sup>	0,000 (3368) <sup>1/</sup>
Média		32,679	15,516	0,078
CV (%)		33,270	11,690	28,130
R <sup>2</sup> (%)		21,730	47,500	59,770

<sup>1/</sup> Graus de liberdade referentes à fonte de variação do erro para ALT e VOL.

\*\* significativo, a 1% de probabilidade, pelo teste de F.

TABELA 11A. Resumo das análises de variância individual do teste clonal, para a circunferência à altura do peito (CAP), altura (ALT) e volume (VOL), aos dois anos de idade, Jambeiro III.

FV	GL	QM		
		CAP	ALT	Vol (m <sup>3</sup> /planta)
Repetição	19	178,987	67,833**	0,003**
Clone	175	1000,325**	112,529**	0,020**
Erro	6702	117,866	7,298(6498) <sup>1/</sup>	0,001(6504) <sup>1/</sup>
Média		30,744	14,312	0,066
CV (%)		35,310	18,880	36,600
R <sup>2</sup> (%)		18,420	30,640	47,340

<sup>1/</sup>Graus de liberdade referentes à fonte de variação do erro para ALT e VOL.

\*\* significativo, a 1% de probabilidade, pelo teste de F.