



**MURILO CÂNDIDO RUY**

**APLICAÇÕES DA BIOMETRIA EM PROGRAMAS DE  
MELHORAMENTO DO *EUCALYPTUS***

**LAVRAS – MG  
2024**

**MURILO CÂNDIDO RUY**

**APLICAÇÕES DA BIOMETRIA EM PROGRAMAS DE MELHORAMENTO DO  
*EUCALYPTUS***

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

Prof. Dr. Evandro Novaes  
Orientador

**LAVRAS – MG  
2024**

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

Ruy, Murilo Cândido.  
Aplicações da biometria no programa de melhoramento do  
*Eucalyptus spp.* / Murilo Cândido Ruy. - 2024.  
66 p. : il.

Orientador(a): Evandro Novaes.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Lavras, 2024.  
Bibliografia.

1. Melhoramento de plantas. 2. Seleção recorretne. 3.  
AlphaSim. I. Novaes, Evandro. II. Título.


**MURILO CÂNDIDO RUY**

**APLICAÇÕES DA BIOMETRIA EM PROGRAMAS DE MELHORAMENTO DO  
*EUCALYPTUS*  
APPLICATIONS OF BIOMETRICS IN *EUCALYPTUS* BREEDING PROGRAMS**

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

APROVADO em 26 de abril de 2024.

Dr. Magno Antonio Patto Ramalho UFLA  
Dr. Evandro Vagner Tambarussi UNESP  
Dr. Paulo Henrique Muller da Silva IPEF  
Dr. Adelson Lemes da Silva Júnior UFLA

Documento assinado digitalmente  
 **EVANDRO NOVAES**  
Data: 21/08/2024 16:01:17-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. Evandro Novaes  
Orientador

**LAVRAS – MG  
2024**

## AGRADECIMENTO

Agradeço primeiramente à Deus, pela dádiva da vida e pelas oportunidades que me foram dadas.

Aos meus pais, Alberto e Cleides, pelo amor incondicional, dedicação inabalável, apoio e suporte.

À Universidade Federal de Lavras e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas.

Às fundações de apoio à pesquisa que contribuem para o desenvolvimento da ciência no Brasil. O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

Ao meu orientador Evandro Novaes, pelos ensinamentos, por sempre acreditar no meu potencial, pelos conselhos, pela paciência e compreensão.

Aos professores do programa de Genética e Melhoramento de Plantas, por todos os ensinamentos passados ao longo do mestrado e doutorado.

Aos meus colegas de pós-graduação, pela amizade e pelos momentos de descontração, que tornaram esse período mais leve.

Aos meus amigos das repúblicas Carandiru e Último Gole, pelos anos de amizade e companheirismo.

Aos técnicos do departamento de Biologia, que de forma direta ou indireta auxiliam na realização dos trabalhos do programa de Genética e Melhoramento de Plantas.

## RESUMO

O setor florestal brasileiro representa uma parte significativa da economia nacional, empregando milhares de pessoas, tanto de forma direta quanto indireta. O *Eucalyptus spp.* representa parte significativa das florestas plantadas e sua madeira é utilizada para diferentes finalidades. Diferente das espécies agrícolas convencionais, como milho, soja, feijão e outras, as espécies florestais não sofreram nenhum tipo de melhoramento no passado mais distante. Sendo assim, o potencial para melhorias genéticas dessa espécie florestal é elevado. O efeito da interação genótipo por ambiente (GxA) afeta diretamente o desempenho dos clones de *Eucalyptus spp.* plantados nas diferentes regiões brasileiras, sendo, portanto, uma importante área de estudo do melhoramento genético. Desta forma, o primeiro capítulo do presente trabalho se dedica ao estudo da interação GxA de 62 clones de *Eucalyptus spp.*, bem como sua adaptabilidade e estabilidade. Os clones foram avaliados ao longo de 10 anos em 10 sub-regiões, nos estados de São Paulo e Minas Gerais. Os dados coletados de incremento médio anual (IMA) foram submetidos as metodologias de Annicchiarico (1992), Eberhart & Russel (1966) e GGE biplot. As regiões H, I, G, J e D, apresentaram os melhores desempenhos médios, respectivamente. Considerando a interação GxA os melhores clones dentro das melhores sub-regiões foram: H- 1112, I- 887, G- 1112, J- 838, D- 107. Os clones 876, 1112, 1277 e 13 apresentaram a maior estabilidade, enquanto que os clones 1112 e 1277 apresentaram, além de alta estabilidade, os maior desempenho médio e adaptabilidade. O segundo capítulo do presente trabalho se dedicou comparar o desempenho estimado de duas estratégias diferentes de melhoramento por meio de simulações estocásticas. As duas metodologias de melhoramento testadas foram a seleção recorrente intrapopulacional (SRI) e a seleção recorrente interpopulacional (SRR). Essas duas metodologias cíclicas são frequentemente utilizadas no melhoramento de eucalipto, mas devido à alta demanda de tempo e mão de obra, a comparação prática desses dois métodos é inviável. Assim, a utilização de simulações computacionais pode indicar o desempenho relativo desses dois métodos sob diferentes parâmetros genéticos, como variância aditiva, herdabilidade e grau de dominância. As simulações foram realizadas utilizando o pacote AlphaSim, no software R. Foram simulados 24 ciclos de seleção, totalizando 250 anos, com valores de variância aditiva ( $V_a$ ) iguais a 5, 10, 20 e 30, em combinação com valores de grau de dominância (DD) iguais a 0, 0.3, 0.7 e 1. Foi constatado, ao final das simulações, que a SRI apresenta maiores ganhos em cenários de DD igual a zero, ganhos similares a SRR quando DD é igual a 0.3 e ganhos inferiores quando DD é igual a 0.7 e 1.

**Palavras-chaves:** *Eucalyptus spp.*; Annicchiarico; Eberhart e Russel; GGEbiplot; Interação GxA; Simulação; AlphaSim; Seleção recorrente intrapopulacional; Seleção recorrente interpopulacional.

## ABSTRACT

The Brazilian forestry sector represents a significant part of the national economy, employing thousands of people both directly and indirectly. *Eucalyptus spp.* comprises a substantial portion of planted forests, and its wood is utilized for various purposes. Unlike conventional species such as corn, soybeans, beans, and others, forest species have not undergone any type of breeding in the past. Thus, the potential for genetic improvement of forest species is high. The genotype by environment interaction (GxE) directly affects the performance of *Eucalyptus spp.* clones planted in different Brazilian regions, making it an important area of study in plant breeding. Therefore, the first chapter of this study is dedicated to investigating the GxE interaction of 62 *Eucalyptus spp.* clones, as well as their adaptability and stability. The clones were evaluated over 10 years in 10 sub-regions in the states of São Paulo and Minas Gerais. The collected data on mean annual increment (MAI) were subjected to the methodologies of Annicchiarico (1992), Eberhart & Russel (1966), and GGE biplot. Regions H, I, G, J, and D exhibited the best average performances, respectively. Considering the GxE interaction, the best clones within the best sub-regions were: H-1112, I-887, G-1112, J-838, D-107. Clones 876, 1112, 1277, and 13 showed the highest stability, while clones 1112 and 1277 presented not only high stability but also the highest average performance and adaptability. The second chapter of this study aimed to compare, through stochastic simulation, two breeding methodologies: intrapopulation recurrent selection (IRS) and interpopulation recurrent selection (IRR). These two cyclic methodologies are frequently used in eucalyptus breeding, but due to the high demand for time and labor, the practical comparison of these two methods is unfeasible. Thus, the use of computational simulations can assist in comparing these two methodologies for longer cycles, which would be unfeasible in practice. The simulations were performed using the AlphaSim package in the R® software. Twenty-four selection cycles were simulated, totaling 250 years, with additive variance ( $V_a$ ) values equal to 5, 10, 20, and 30, in combination with degree of dominance (DD) values equal to 0, 0.3, 0.7, and 1. At the end of the simulations, it was found that IRS yields higher gains in scenarios where DD is equal to zero, similar gains to IRR when DD is equal to 0.3, and lower gains when DD is equal to 0.7 and 1.

**Keywords:** *Eucalyptus spp.*; Annicchiarico; Eberhart and Russel; GGE biplot; GxE interaction; Simulation; AlphaSim; Intrapopulation recurrent selection; Interpopulation recurrent selection.

## **Indicadores de Impacto**

### **Impactos sociais, tecnológicos, econômicos e culturais**

O primeiro capítulo desta tese fez o estudo da estabilidade e adaptabilidade de clones de eucalipto, bem como do desempenho dos mesmos, em regiões produtivas dos estados de São Paulo e Minas Gerais. Os resultados obtidos podem contribuir para a tomada de decisão sobre quais clones são mais indicados para plantio nas regiões dos estados de São Paulo e Minas Gerais, afetando, conseqüentemente, a produtividade dos plantios de eucalipto nessas regiões. Através das análises realizadas no trabalho foi possível selecionar um clone com produtividade 24% acima dos demais clones avaliados e que apresentava alta estabilidade e adaptabilidade. No segundo capítulo foi realizado um estudo comparativo, através de simulação computacional, de dois métodos de seleção, seleção recorrente recíproca e seleção recorrente intrapopulacional, aplicados na cultura do eucalipto, sob diferentes níveis de variância aditiva e grau médio de dominância. Devido ao elevado tempo demandado para se completar um ciclo de melhoramento na cultura do eucalipto, a comparação dessas duas metodologias, na prática, se torna inviável. Desta forma o uso de simulações computacionais permite observar, de forma aproximada, o desempenho de cada metodologia ao final de vários ciclos de melhoramento, possibilitando uma melhor tomada de decisão pelo melhorista no momento de escolha do método. Os dois capítulos presentes nesta tese buscam, através de abordagens diferentes, a obtenção de clones de eucalipto mais estáveis, adaptados e produtivos. A eucaliptocultura, sendo parte do setor florestal, fornece matéria prima para a confecção de produtos que estão presentes em todas as fazes de nossa vida, como fraldas, cadernos, celulares, cápsula de remédios, móveis e energia. Toda a matéria prima para essa vasta gama de produtos vem de um setor que através da biomassa florestal contribui para a descarbonização do planeta e ainda é responsável por gerar 2,6 milhões de empregos, de forma direta e indireta. Por fim, os resultados positivos apresentados neste trabalho contribuem para o aumento da produtividade do setor florestal brasileiro, sem que haja, necessariamente, um aumento na área plantada.

### **Social, technological, economic and cultural impacts**

The first chapter of this thesis studied the stability and adaptability of eucalyptus clones, as well as their performance in productive regions of the states of São Paulo and Minas Gerais. The results obtained can contribute to decision-making regarding which clones are best suited for planting in the regions of São Paulo and Minas Gerais, thereby affecting the productivity of eucalyptus plantations in these areas. Through the analyses conducted in this study, it was possible to select a clone with 24% higher productivity compared to other evaluated clones, demonstrating high stability and adaptability. In the second chapter, a comparative study was conducted through computer simulation, comparing two selection methods, reciprocal recurrent selection and intrapopulation recurrent selection, applied to eucalyptus cultivation under different levels of additive variance and average degree of dominance. Due to the long time required to complete a breeding cycle in eucalyptus cultivation, comparing these two methodologies in practice becomes unfeasible. Therefore, the use of computer simulations allows for an approximate observation of each method's performance after several breeding cycles, enabling breeders to make better decisions when choosing the method. The two chapters in this thesis aim, through different approaches, to obtain more stable, adaptable, and productive eucalyptus clones. Eucalyptus cultivation, being part of the forestry sector, provides raw materials for the production of items that are present in every phase of our lives, such as diapers, notebooks, cell phones, medication capsules, furniture, and energy. All the raw materials for this wide range of products come from a sector that, through forest biomass, contributes to the decarbonization of the planet and is also responsible for generating 2.6 million jobs, both directly and indirectly. Finally, the positive results presented in this work contribute to the increase in productivity of the Brazilian forestry sector without necessarily increasing the planted area.

## SUMÁRIO

<b>1 INTRODUÇÃO .....</b>	<b>10</b>
<b>2 REFERENCIAL TEÓRICO .....</b>	<b>11</b>
<b>2.1 Introdução do <i>Eucalyptus spp.</i> no Brasil .....</b>	<b>11</b>
<b>2.2 Melhoramento Genético do Eucalipto .....</b>	<b>11</b>
<b>2.3 Interação Genótipo por Ambiente .....</b>	<b>15</b>
<b>2.4 Estabilidade e Adaptabilidade.....</b>	<b>17</b>
<b>2.5 Métodos para avaliação da estabilidade e adaptabilidade .....</b>	<b>20</b>
<b>2.5.1 GGE Biplot.....</b>	<b>20</b>
<b>2.5.2 Eberhart e Russel (1966).....</b>	<b>21</b>
<b>2.5.3 Annicchiarico .....</b>	<b>23</b>
<b>REFERÊNCIAS .....</b>	<b>24</b>
<b>CAPÍTULO 1 - ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE EM CLONES DE <i>EUCALYPTUS</i> NO SUL DE MINAS GERAIS E NOROESTE DE SÃO PAULO.....</b>	<b>29</b>
<b>1 INTRODUÇÃO .....</b>	<b>31</b>
<b>2 MATERIAL E MÉTODOS .....</b>	<b>32</b>
<b>2.1 Análises individuais .....</b>	<b>36</b>
<b>2.2 Análise conjunta .....</b>	<b>38</b>
<b>2.3 Obtenção da estabilidade e adaptabilidade por Eberhart e Russell (1966) .....</b>	<b>39</b>
<b>2.4 GGE Biplot.....</b>	<b>41</b>
<b>2.5 Annicchiarico (1992).....</b>	<b>41</b>
<b>3 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>42</b>
<b>3.1 Análise dos parâmetros genéticos .....</b>	<b>42</b>
<b>3.2 Produtividade, estabilidade e adaptabilidade dos clones.....</b>	<b>45</b>
<b>4 CONCLUSÃO.....</b>	<b>53</b>

<b>REFERÊNCIAS .....</b>	<b>54</b>
<b>CAPÍTULO 2 - USO DE SIMULAÇÃO ESTOCÁSTICA PARA COMPARAÇÃO DA SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPULACIONAL COM A SELEÇÃO RECORRENTE INTERPOPULACIONAL NA CULTURA DO <i>EUCALYPTUS SPP.</i> .....</b>	<b>56</b>
<b>1 INTRODUÇÃO .....</b>	<b>58</b>
<b>2 MATERIAL E MÉTODOS .....</b>	<b>60</b>
<b>2.2 Ciclos de Seleção Recorrente Intrapopulacional .....</b>	<b>62</b>
<b>2.3 Ciclos de Seleção Recorrente Recíproca.....</b>	<b>63</b>
<b>3 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>63</b>
<b>4 CONCLUSÃO.....</b>	<b>68</b>
<b>REFERÊNCIAS .....</b>	<b>69</b>

## 1 INTRODUÇÃO

O *Eucalyptus spp.* é um gênero de plantas exótica, com centro de origem na Oceania, pertencente à família Myrtaceae. A data de sua introdução no Brasil é inserta, podendo ter sido introduzida em 1855, ou 1865, no Rio de Janeiro, ou ainda em 1868 no Rio Grande do Sul (FOELKEL, 2005). Os primeiros ensaios utilizando espécies de eucaliptos foram realizados em 30 de dezembro de 1904, por Edmundo Navarro de Andrade, então diretor do Horto Florestal de Jundiaí, no estado de São Paulo (FOELKEL, 2005). De acordo com o IBA (Instituto Brasileiro de Árvores), atualmente no Brasil a área plantada com espécies florestais corresponde a 9,93 milhões de hectares, sendo 7,52 milhões (75,8%) plantados com eucalipto (IBA, 2023). Estes plantios estão localizados principalmente nos estados de Minas Gerais (29%), Mato Grosso do Sul (15%), São Paulo (13%), Bahia (9,2%), Rio Grande do Sul (7,8%), Paraná (5,2%), além de outros estados (20,8%) (IBA, 2023).

Os eucaliptos fornecem matéria prima para os mercados de papel e celulose, siderurgia e carvão, painéis de madeira e piso laminado, entre outros. O fato de ser largamente plantado e utilizado no país confere ao eucalipto uma posição de destaque e importância, fato esse comprovado pela renda per capita média dos municípios sob influência da cadeia das indústrias ligadas ao IBA (Instituto Brasileiro de Árvores). Esses municípios tiveram, em média, uma renda per capita 66% maior do que a média nacional. O mercado florestal, e seus produtos, tem ainda uma grande importância na balança comercial brasileira, se mantendo superavitário no ano de 2022 em US\$ 13,2 bilhões (IBA, 2023). O setor de florestas plantadas emprega 2,6 milhões de brasileiros de forma direta e indireta, gerando uma massa salarial de quase R\$ 2 bilhões em 2022 (IBA, 2023).

Ao contrário de espécies como o milho, soja, feijão e outras, que de certa forma, já vem sendo domesticada há milhares de anos, as espécies florestais têm um histórico muito recente de melhoramento, tendo se iniciado de fato no século XX. Quando bem planejado e conduzido, um programa de melhoramento pode agregar ganhos consideráveis na produtividade. No Brasil, por exemplo, a produtividade média do eucalipto subiu de  $15 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$ , em 1970, para  $32,7 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$  atualmente (STAPE et al., 2010; IBA, 2023), liderando o ranking de produtividade entre outros importantes produtores mundiais, como China, Moçambique e Estados Unidos (IBA, 2023).

Nessa tese foram realizadas análises estatísticas e simulações genético-estocásticas para um melhor entendimento da interação genótipo por ambiente (GxA) e das metodologias de seleção recorrente intrapopulacional (SRI) e interpopulacional (SRR). No capítulo 1 dessa

tese foi estudada a interação GxA, adaptabilidade e estabilidade de 62 clones de *Eucalyptus spp.* Já no capítulo 2 foi empregado simulações genético-estocásticas para comparação das metodologias de melhoramento, SRR e SRI.

## **2 REFERENCIAL TEÓRICO**

### **2.1 Introdução do *Eucalyptus spp.* no Brasil**

O *Eucalyptus spp.* é um gênero pertencente à família Myrtaceae e que, conta com mais de 700 espécies. Dessas, apenas duas não são originárias da Austrália, *E. urophylla* e *E. deglupta*, mas sim das ilhas ao norte daquele país, Timor e Mindanao, respectivamente. Os *Eucalyptus spp.* são eudicotiledôneas, perenifólias, com fruto lenhoso, cônico e que apresenta estruturas especializadas para abertura e liberação das sementes.

Não se sabe com exatidão onde e quando as primeiras mudas de eucalipto foram introduzidas no Brasil, os registros apontam tanto para o Rio de Janeiro, entre 1855 e 1865, quanto para o Rio Grande do Sul, em 1868. Os primeiros trabalhos experimentais comparando o crescimento de espécies foram realizados em 1904 no Horto de Jundiaí – SP, por Edmundo Navarro de Andrade, que era Agrônomo e trabalhava na Companhia Paulista de estradas de ferro (FOELKEL, 2005). Em busca de alternativas para o fornecimento de madeira para os dormentes de ferrovias, Navarro de Andrade testou várias espécies nativas juntamente com espécies de eucaliptos e observou uma clara superioridade dessas espécies exóticas. Assim, em 1909 iniciaram-se os plantios de *Eucalyptus spp.* a nível comercial. Para isso, sementes de 144 espécies de eucaliptos foram importadas da Austrália e plantadas nos hortos da Cia Paulista, visando a produção de madeira para suprir as demandas da empresa por energia (lenha) e dormentes das ferrovias (MORA; GARCIA, 2000).

### **2.2 Melhoramento Genético do Eucalipto**

Para ocupar a posição de importância que possuiu no setor florestal brasileiro, a eucaliptocultura passou por vários estágios. Inicialmente a principal preocupação era a sobrevivência do material no campo. Posteriormente, conforme os materiais se desenvolviam e se estabeleciam, se tornou viável estudos comparativos de desempenho silvicultural entre variedades (clones e populações), estudos para melhor entendimento da biologia reprodutiva

do eucalipto e caracterização de sua madeira para diversas finalidades. O homem realiza a seleção de indivíduos superiores desde os primórdios da agricultura e sem dúvida alguma o alto desempenho que observamos em nossas cultivares atuais é fruto desse longo processo de seleção (BOREM; MIRANDA, 2013). Ao contrário, as espécies florestais sempre foram exploradas de modo extrativista e, por isso, não foram domesticadas durante o estabelecimento da agricultura. Só recentemente, nos séculos XX e XXI, é que o homem passou a realizar o melhoramento de espécies florestais.

Mesmo sendo recente, os resultados do melhoramento florestal são nítidos. Por exemplo, na década de 1970 a média de produtividade dos plantios de eucalipto no país era de somente  $15 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$  (STAPE et al., 2010), frente a uma média de  $32,7 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$  em 2022 (IBA, 2023). Os bons resultados alcançados na eucaliptocultura atualmente são, em grande parte, devido ao melhoramento genético, mais especificamente devido ao método de hibridação interespecífica associado à clonagem. O método de hibridação nos possibilita combinar indivíduos complementares para diferentes características, possibilitando o uso de um fenômeno muito importante no melhoramento, a heterose ou vigor de híbrido. Com isso, é possível obter indivíduos superiores em qualidade da madeira, tolerância a stress bióticos e abióticos, crescimento e adaptação a diferentes ambientes (ASSIS e MAFIA, 2007).

Os plantios de eucalipto no Brasil são, em sua maioria, feitos com clones de progênies híbridas. Os programas de melhoramento trabalham com foco na seleção de genitores e cruzamentos controlados dentro de programas de Seleção Recorrente Recíproca (SRR), entre populações divergentes ou dentro de programas de Seleção Recorrente Intrapopulacional (SRI), em populações híbridas sintéticas, oriundas de cruzamentos de clones elite. A escolha de qual estratégia será utilizada deve levar em consideração qual o tipo de controle genético das características que se pretende melhorar (ASSIS; ABAD; AGUIAR, 2016).

Na SRI obtém-se uma população base a partir de diferentes materiais, nesta população base os melhores indivíduos são inter cruzados e seus descendentes irão compor a população do ciclo seguinte. Desta forma a SRI consiste em sucessivos ciclos de seleção e cruzamento dos indivíduos selecionados, aumentando gradativamente a quantidade de alelos favoráveis na população. Devido a praticidade de aplicação e velocidade de obtenção dos resultados, o método de SRI tem sido largamente empregado na eucaliptocultura (RESENDE, 2021).

O método de SRR, diferente da SRI, utiliza duas populações e visa capitalizar o vigor híbrido, mantendo a pureza genética dos grupos heteróticos. A escolha das duas populações é de extrema importância, pois é ideal que as mesmas possuam boa complementariedade. Após a definição das populações, vários cruzamentos interpopulacionais são realizados, posteriormente os híbridos são avaliados e podem ser recomendados. Para dar-se continuidade ao ciclo os genitores dos melhores híbridos são recombinados dentro de sua respectiva população, mantendo-se assim as duas populações distintas. O processo de cruzamento, avaliação e recombinação se estende por tempo indeterminado. Quando bem aplicado esse método tende a proporcionar ganhos constantes conforme as gerações vão avançando. Apesar de mais demorado e laborioso este método possibilita a capitalização da heterose entre as populações ao longo dos ciclos (RESENDE, 2021).

Uma outra ferramenta que possibilitou um grande avanço na obtenção de híbridos interespecíficos foi a técnica de polinização em uma única etapa (*One Step Pollination - OSP*), proposta por Harbard et al. (1999), embasados no trabalho de Cauvin (1988). Pois a polinização controlada utilizada desde a década de 1950 necessitava de três visitas ao campo, sendo: 1) remoção de flores abertas, emasculação de flores próximas a abertura e proteção das mesmas a fim de evitar contato com pólen indesejado; 2) realização da polinização controlada no momento de maior receptividade do estigma; 3) remoção da proteção uma semana após a polinização. Na técnica *OSP* a receptividade floral é induzida ainda na fase de antese através de um corte transversal ou longitudinal do estilete. Esta técnica possibilita a polinização controlada do eucalipto com apenas uma visita ao campo, reduzindo assim os custos com o procedimento. Apesar dos inegáveis avanços proporcionados pelo método *OSP*, estes não foram obtidos em mesmo grau em espécies de flores pequenas (ASSIS e MAFIA, 2007).

Usando conhecimentos do método *OSP*, juntamente com a descoberta de Trindade et al. (2001) de que a receptividade induzida do estigma poderia ser obtida antes da antese uma nova técnica denominada *PAI* (Protoginia Artificialmente Induzida) foi desenvolvida. Essa técnica é realizada com a flor ainda fechada, a partir do corte da parte superior do opérculo do botão floral e do terço superior do estilete, procedendo a polinização logo depois da indução. Assis et al. (2005) comprovaram a eficiência da técnica através de estudos simultâneos realizados no Brasil e no CSIRO, na Austrália, nos quais obtiveram o mesmo nível de eficiência daquele observado no trabalho original (Assis e Jardim, 1996 – resultados não publicados). A Protoginia Artificialmente Induzida proporcionou uma grande melhora

operacional para as espécies de *Eucalyptus spp.* de flores pequenas, reduzindo o número de visitas aos pomares de cruzamento e aumentando a produtividade operacional de 35 flores.homem<sup>-1</sup>.hora<sup>-1</sup> para 400 flores.homem<sup>-1</sup>.hora<sup>-1</sup> (ASSIS, 2012). A *OSP*, para espécies de flores grandes e a *PAI*, para espécies de flores pequenas são as técnicas mais utilizadas para a realização de cruzamentos controlados em *Eucalyptus spp.*

Técnicas moleculares são outras ferramentas as quais os melhoristas dispõem para se utilizar no melhoramento do eucalipto. As técnicas de genética molecular são usadas em diferentes aplicações, como monitoramento e gerenciamento de variabilidade, identificação clonal, controle de qualidade genética e identificação de genes ou segmentos genômicos de interesse. Existem estudos que, a partir da aplicação de marcadores moleculares, almejam prever o desempenho de progênes, baseando-se em estimativas de divergência genética entre genitores (GRATTAPAGLIA, 2001). Pesquisas mais recentes, utilizando-se da seleção genômica ampla (GWS), utilizam elevado número de marcadores moleculares para acelerar, e ou, aumentar a precisão da seleção nos programas de melhoramento (FONSECA *et al.*, 2010).

Os objetivos de um programa de melhoramento de eucalipto são, de forma geral, gerar, testar e selecionar clones de híbridos bem adaptados às diferentes condições edafoclimáticas da região de plantio e que apresentem desempenho elevado para as características de interesse, especialmente na produtividade e qualidade da madeira (FONSECA *et al.*, 2010). O melhoramento das propriedades intrínsecas da madeira é de grande importância para a indústria florestal, refletindo positivamente no processo industrial e na qualidade do produto final. Tais propriedades podem influenciar significativamente o custo de processos, ganhos de produção e qualidade do produto, podendo ainda reduzir a extensão dos impactos ambientais gerados pelo processo de fabricação de celulose (SANTOS, 2012).

O aumento da produtividade de madeira, celulose, adaptação a stress e a qualidade da madeira, são hoje o foco dos programas de melhoramento (ASSIS; ABAD; AGUIAR, 2016). Apesar da importância desses fatores, é necessário antes de tudo uma boa produtividade de madeira, para então nos preocuparmos com a qualidade da madeira produzida. Desse modo, a prioridade de um programa de melhoramento de eucalipto reside na adaptação do material genético aos diferentes ambientes de cultivo, sendo tal adaptação medida pela produção de madeira em volume (FONSECA *et al.*, 2010). Após a obtenção de materiais genéticos com boa produtividade, foca-se na qualidade do material produzido, pois nem sempre uma alta produtividade de madeira garante um alto rendimento de produto final (REIS, 2020).

### 2.3 Interação Genótipo por Ambiente

Tudo aquilo que não é de origem genética e que, ainda assim, em conjunto com o clone interfere na expressão do fenótipo, pode ser chamado de ambiente. Apesar da agricultura ter evoluído no sentido de controlar ao máximo possível as variáveis ambientais, essas são praticamente inevitáveis (BORÉM, A.; MIRANDA, G. V., 2013). Com isso, sempre se observa alguma desuniformidade nas lavouras e um pronunciado efeito de época de plantio e das condições edafoclimáticas na sua produtividade. Além disso, observa-se também respostas divergentes no desempenho das cultivares quando avaliadas em diferentes condições ambientais (BORÉM, A.; MIRANDA, G. V., 2013). Essa resposta divergente recebe o nome de interação clone por ambiente (G x A).

Portanto, devido a esses efeitos, o fenótipo (F) observado é a combinação do clone (G) do indivíduo mais o efeito do ambiente (A) no qual esse indivíduo se encontra. Então, temos:

$$F = G + A$$

No entanto, os clones podem apresentar diferentes respostas na expressão fenotípica quando avaliado em mais de um ambiente, devido ao efeito da interação G x A (RAMALHO et al., 2012);

$$F = G + A + (G * A)$$

Por essa expressão, fica evidente que o valor fenotípico de um indivíduo não depende apenas de sua constituição genética, já que o indivíduo também sofre forte influência do ambiente em que foi avaliado (BERNARDO, 2020). Além disso, os clones respondem de modo diferente às variações ambientais, o que caracteriza a interação G x A. Desta forma podemos dizer que não existe independência entre os efeitos ambientais e genéticos, o que acaba por dificultar o trabalho do melhorista, já que o efeito da interação G x A se soma ao efeito do ambiente e do genótipo para a expressão do fenótipo, dificultando a seleção (ANPUTHAS *et al.*, 2011).

A variação no desempenho dos clones em diferentes ambientes se deve a fatores fisiológicos e bioquímicos específicos de cada indivíduo, pois ambientes diferentes exigem, até certo ponto, a expressão de genes e mecanismos fisiológicos diferentes. O nível de adaptabilidade de um indivíduo está relacionado com seus mecanismos de controle de

proteínas específicas, e a atuação de tais proteínas na fisiologia da planta, visto que fatores ambientais podem alterar a expressão dos genes, podendo alterar as funções metabólicas ligadas às proteínas expressas por este gene (KANG, 1997).

A expressão de vários fenótipos por um mesmo clone é chamada de plasticidade fenotípica ou norma de reação (SCHEINER, 1993). Clones que se desenvolvem em uma variedade maior de ambientes tendem a apresentar uma maior plasticidade quando comparado com clones que se desenvolvem bem em uma variedade menor de ambientes (YAN, 2001). Uma explicação evolutiva para a interação seria que, as populações que se desenvolveram em grandes áreas, com condições ambientais variadas, tendem a apresentar maior plasticidade fenotípica devido a diferentes pressões de seleção as quais a população foi submetida no passado. Dessa forma os indivíduos dessa população se adaptariam melhor de acordo com as pressões de seleção que nele atuaram (CHAVES, 2001).

A explicação genética para a interação G x A reside nas diferenças de expressão de genes que controlam determinado caráter, em ambientes distintos. Existe então uma influência ou regulação do ambiente sobre forma e o grau de expressão do gene para determinado caráter (GAUCH; ZOBEL, 1997). Portanto, os diferentes fenótipos apresentados por um mesmo clone não são devidos, exclusivamente, ao efeito dos genes, mas sim pela maneira como esses genes tem sua expressão alterada em diferentes ambientes (RÉDEI, 1998). A interação G x A traz complicações para o trabalho do melhorista, e não deve ser vista somente como um efeito estatístico, mas também como um processo biológico (CHAVES, 2001; KANG, 1997).

As variáveis ambientais incluem fatores abióticos como altitude, regime de chuvas, temperatura, dentre outros, e fatores bióticos como insetos, fungos, bactérias. Allard e Bradshaw (1964) classificaram essas variáveis em previsíveis e imprevisíveis. Podemos definir como variações previsíveis aquelas que são inerentes do ambiente ou que variam de forma sistemática, como o clima, o solo, o fotoperíodo e fatores que podem ser controlados pelo homem como a época de plantio, espaçamento, adubação, dentre outras. As variações imprevisíveis estão ligadas as variáveis climáticas como temperatura, pluviosidade, veranicos, entre outros.

O estudo da interação G x A requer no mínimo dois clones e dois ambientes. Quando os clones apresentam a mesma resposta às variações ambientais ou se mantem indiferentes a essas mudanças, não há interação G x A. Por outro lado, quando há interação significativa,

esta pode ser classificada em simples ou complexa. A interação simples ocorre quando há mudanças no desempenho relativo dos indivíduos nos diferentes ambientes, mas sem mudança no ranqueamento desse clone. Uma terceira possibilidade é a de interação complexa, que gera inversões no ordenamento (*ranking*) dos clones nos diferentes ambientes (RAMALHO *et al.*, 2012). A interação do tipo simples seria o cenário ideal para o melhorista, pois não haveria maiores dificuldades na seleção e recomendação de cultivares, já que o clone com melhor desempenho em um ambiente também poderia ser recomendado para ambientes diferentes daquele em que foi avaliado (CHAVES, 2001; BERNARDO, 2020). Por outro lado, a interação do tipo complexa quase sempre indica a presença de cultivares adaptadas à ambientes específicos e outros que são pouco afetados pela variação ambiental, mas que nem sempre apresentam boa produtividade (RAMALHO *et al.*, 2012).

De acordo com Bernardo (2010), uma vez identificado a existência da interação, o melhorista pode agir de três formas: (i) ignora-la, o que não significa considerar a interação inexistente. Neste caso, avalia-se clones em uma gama variada de ambientes, e a recomendação será feita tendo como base a performance média dos clones em todos os ambientes avaliados. A cultivar recomendada terá um desempenho superior considerando todos os ambientes, mas possivelmente não será a melhor dentro de um ambiente específico; (ii) reduzir a interação por meio da estratificação ambiental. Nesse caso, identifica-se subgrupos de ambientes mais homogêneos, ou seja, com condições edafoclimáticas mais similares e, portanto, onde os clones sofrerão menos interação. Desta forma as cultivares são recomendadas para cada subgrupo; (iii) explorar a interação, selecionando-se com base na adaptabilidade dos clones a ambientes específicos, explorando assim o máximo da interação.

A precisão com a qual o estudo da interação é realizado irá refletir diretamente no ganho com a seleção, já que a imprecisão leva a uma má interpretação dos fenótipos e consequente redução na herdabilidade (MATHENSON; RAYMOND, 1986). A partir das informações obtidas a respeito da interação  $G \times A$  é possível racionalizar e melhorar as tomadas de decisões em programas de melhoramento. Por exemplo, com esse conhecimento pode-se melhorar, a alocação de recursos por meio da escolha de micro-regiões para alocação de testes e campos experimentais, aprimorando assim a recomendação de cultivares (BORÉM, A.; MIRANDA, G. V, 2013).

## **2.4 Estabilidade e Adaptabilidade**

Um dos primeiros entraves que encontramos quando falamos de adaptabilidade e estabilidade é justamente conceituar esses dois termos, pois suas definições variam de autor para autor. Mariotti *et al.* (1976) já relatavam essa dificuldade, devido as variadas definições sugeridas por vários autores, e sugerem que adaptabilidade seria a capacidade de os clones responderem positivamente à melhoria do ambiente. Já a estabilidade seria a previsibilidade da resposta dos clones frente às variações ambientais. Já para Resende (2007), os clones mais estáveis apresentam uma produtividade mais constante, sendo indiferentes às condições ambientais.

Verma *et al.* (1978) consideram a adaptabilidade como a capacidade dos clones mostrarem desempenho elevado e constante sob condições desfavoráveis, mas capazes de responder positivamente à melhoria das condições ambientais. A estabilidade comportamental de um clone é atribuída a previsibilidade de sua adaptabilidade, podendo ser definido em termos estatísticos como a adequação do clone ao modelo adotado.

Becker (1981) apontou dois tipos de estabilidade, a biológica ou homeostática e a agrônômica. A estabilidade biológica é aquela na qual o clone mantém um desempenho constante ou com pequena variação entre os ambientes. Já do ponto de vista agrônômico o clone seria estável quando apresenta um desempenho condizente com o esperado para cada ambiente. Posteriormente, Becker e León (1988) dividiram estabilidade em estática e dinâmica. A estabilidade estática é atribuída à clones que apresentam desempenho constante diante das alterações ambientais. A estabilidade dinâmica é associada a clones que demonstram um desempenho previsível diante das variações ambientais.

Lins *et al.* (1986) consideraram três conceitos para definir estabilidade. Estabilidade biológica ou Tipo 1: que considera estável aquele clone que apresenta pequena diferença de desempenho entre os ambientes; Estabilidade agrônômica ou Tipo 2: que considera estável aquele clone que apresenta desempenho paralelo a média dos demais clones nos vários ambientes em teste; Tipo 3: que considera estável aquele clone que apresenta um baixo quadrado médio do resíduo de regressão, indicando alta confiabilidade no resultado. Lins e Binns (1988) posteriormente propuseram um quarto tipo de estabilidade, na qual um clone será considerado estável se apresentar um baixo quadrado médio da interação clones x anos, dentro de cada local.

Cruz e Regazzi (2001) definiram adaptabilidade como a capacidade dos clones reagirem de forma positiva ao estímulo do ambiente. Já a estabilidade foi definida por esses autores como a capacidade dos clones apresentarem um desempenho previsível diante dos estímulos ambientais.

Embora sejam importantes para o melhoramento, a simples mensuração da magnitude e significância da interação G x A não fornece detalhes sobre o comportamento dos clones e como esses contribuem para a interação. Assim, as análises de estabilidade e adaptabilidade nos proporcionam uma visão mais clara do desempenho das cultivares frente às variações ambientais, identificando aquelas que apresentam comportamento previsível e responsivo em condições ambientais específicas ou amplas (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Outra abordagem para lidar com a interação GxA foi proposto por Yan *et al.* (2000), utilizando-se de técnicas multivariadas. Modificando a análise AMMI, esses autores desenvolveram a metodologia GGE biplot. Esse novo método permite uma análise gráfica dos dados provenientes de vários ambientes. Assim como na análise AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction), na análise GGE o efeito do clone é aditivo, o efeito da interação é multiplicativo, sendo suas análises feitas por meio dos componentes principais (ACP) através de Sites Regression (BALESTRE *et al.*, 2009). Na metodologia GGE o modelo não separa os efeitos de clones dos efeitos da GxA, esses efeitos são mantidos juntos em um termo multiplicativo. Sendo assim, é possível observar simultaneamente, de forma gráfica o efeito tanto do clone quanto da interação GxA, tornando possível o agrupamento de clones ou ambientes similares (YAN; TINKER, 2005).

A metodologia GGE visa principalmente a seleção de clones superiores e a formação de mega-ambientes. Os mega-ambientes podem ser entendidos como ambientes que apresentam condições edafoclimáticas semelhantes e em que os clones interagem pouco ao longo desses diferentes ambientes (YAN *et al.*, 2001). A metodologia ainda possibilita determinar a adaptação de um clone em diferentes ambientes, apontar o melhor clone em cada ambiente e determinar um ambiente ideal.

As metodologias existentes para análise de adaptabilidade e estabilidade pressupõem a existência de interação e diferem apenas no conceito que assumem para adaptabilidade em seus modelos estatísticos. O método de análise escolhido irá depender de fatores como o número de ambientes analisados, do tipo de informação e precisão desejada (REIS, 2020). As

metodologias se dividem em alternativas e complementares e, portanto, podem ser usadas de forma conjunta (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). As informações de adaptabilidade e estabilidade obtidas pelas análises são usadas em conjunto com as informações de análise de variância simples ou conjunta.

## 2.5 Métodos para avaliação da estabilidade e adaptabilidade

As estimativas de estabilidade e adaptabilidade são complementares às análises de variância simples e conjunta, existindo diferentes métodos disponíveis para sua obtenção (FERREIRA *et al.*, 2006). Como exemplo podemos citar o método da ecovalência que se baseia na análise de variância (WRICKE, 1962), análises multivariadas (ZOBEL *et al.* 1988), regressão não-linear (TOLER, 1990) e os métodos baseados em regressão linear (YATES, COCHRAN, 1938; FINLAY, WILKINSON, 1963; EBERHART, RUSSEL, 1966; VERMA *et al.*, 1978; SILVA, BARRETO, 1985; CRUZ *et al.*, 1989). Todos esses métodos citados consideram a interação G x A como fixa. Existem ainda métodos que consideram a interação G x A como aleatória, tais como os baseados em modelos mistos (FAMM) (PIEPHO, 1997), AMMI bayesiano (OLIVEIRA *et al.* 2015) e regressão aleatória (RESENDE *et al.*, 2014). Estas análises detectam clones mais estáveis e de comportamento previsível, e permite quantificar a contribuição dos efeitos genotípicos e ambientais. Abaixo iremos apresentar mais detalhadamente os métodos de Eberhart e Russel (1966), Annicchiarico e GGE biplot, pois esse será o método utilizado neste trabalho.

### 2.5.1 GGE Biplot

Proposto por Yan *et al.* (2000), o modelo GGE biplot possibilita uma análise visual da interação genótipo x ambiente. O termo GGE é assim apresentado pois as duas partes que o compõe, genótipo (G) e interação genótipo por ambiente (GE), são consideradas simultaneamente nessa metodologia (YAN & KANG, 2003). Já a parte “biplot” se refere ao método proposto por Gabriel (1971), que possibilita a visualização gráfica de dados multivariados. Desta forma um biplot representando dados de G + GE, de ensaios multiambientais, é denominado GGE biplot.

Quando avaliamos mais de um genótipo em mais de um ambiente, obtemos um conjunto de dados de dupla entrada, a matriz Y. No entanto, a representação gráfica da matriz Y na forma de um biplot só é possível mediante a decomposição da mesma nas matrizes que a

compõe, G (genótipo) e E (ambiente). Sendo assim, usamos o processo de *Singular Value Decomposition* (SVD) para realizar a decomposição da matriz Y.

O processo de decomposição da matriz Y através de SVD dá origem aos chamados componentes principais (CP). Cada CP é composto de três partes, os valores singulares, um conjunto de auto vetores de genótipos, e um conjunto de auto vetores de locais. Os CP não podem ser usados diretamente para a construção dos gráficos biplot, antes, seus valores singulares devem ser separados em auto vetores de locais e genótipos, para então plotarmos os gráficos GGE biplot bidimensional.

O modelo GGE biplot possibilita a criação de gráficos de fácil análise e que nos trazem informações de grande interesse, como por exemplo o gráfico “Quem vence onde”. Nesse modelo um polígono é formado e os clones mais responsivos aos ambientes são colocadas em cada vértice. Este gráfico também possui linha perpendiculares, aos lados do polígono, que o divide em setores, sendo cada um ocupado por um vértice. O clone que ocupa o vértice possui melhor desempenho naqueles ambientes agrupados no mesmo setor.

Outra informação relevante que pode ser fornecida pelo biplot “Quem vence onde” está relacionada a existência de mega-ambientes, desde que duas condições sejam atendidas. A primeira condição é que existam diferentes cultivares vencedoras em cada ambiente de avaliação (GAUCH & ZOBEL, 1996). A segunda é que, a variância entre grupos de ambientes deve ser consideravelmente maior do que a variância dentro dos grupos (YAN & KANG, 2003). No biplot, grupos de mega-ambientes seriam aqueles grupos formados por diferentes ambientes de teste e que estão separados no gráfico. A confirmação da sua existência se dá pela repetitividade dos resultados observados em diferentes anos de avaliação, seguido de uma análise conjunta de todos os anos (YAN & KANG, 2003). A comprovação da existência de mega-ambientes torna a tomada de decisão do melhorista mais precisa, possibilitando um melhor aproveitamento da interação GxE, através da indicação de clones mais adaptados para cada grupo.

### **2.5.2 Eberhart e Russel (1966)**

A metodologia proposta por Eberhart e Russel se baseia nos trabalhos de YATES & COCHAN (1938) e de FINLAY & WICKSON (1963). A metodologia se utiliza de regressão linear simples e da média geral de cada clone em cada ambiente, sendo o índice ambiental a

variável independente (preditora) e a produtividade média em cada ambiente a variável dependente. Basicamente, a metodologia faz um ajuste de regressão do desempenho de cada clone em cada ambiente, utilizando o índice ambiental de cada ensaio. Enquanto a adaptabilidade é estimada utilizando o coeficiente de regressão ( $\beta_{1i}$ ) e a produtividade média, a estabilidade é estimada pelos desvios de regressão ( $\delta_{ij}$ ). A equação de regressão linear é dada pela seguinte expressão:

$$\bar{Y}_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \delta_{ij} + \bar{e}_{ij}$$

Onde:

$\bar{Y}_{ij}$ : observação média do clone  $i$  no ambiente  $j$  ;

$\beta_{0i}$ : constante de regressão ou média geral do clone  $i$ ;

$\beta_{1i}$ : coeficiente de regressão linear, que mede a resposta do  $i$ -ésimo clone à variação do ambiente;

$\delta_{ij}$ : representa os desvios de regressão linear;

$\bar{e}_{ij}$ : erro experimental médio;

$I_j$ : é o índice ambiental. Esse índice usa a média de cada ambiente ( $\bar{Y}_j$ ) como medida de flutuação ambiental e é obtido como um desvio em relação à média geral de todos os ambientes, conforme a seguinte equação:

$$I_j = \bar{y}_{ij} - \bar{y}_{..}$$

Em que:

$\bar{y}_{.j}$ : é a média de todos os clones no ambiente  $j$ ;

$\bar{y}_{..}$ : é a média geral de todos os clones em todos os ambientes;

Para Eberhart e Russel (1996) um bom clone deve apresentar uma produção média elevada, possuir um comportamento previsível, responder positivamente às melhoras

ambientais, bem como coeficiente de regressão igual a unidade e com baixo desvio de regressão.

### **2.5.3 Annicchiarico**

Annicchiarico (1992) propõe uma metodologia para análise da estabilidade baseada em um índice de confiança ( $W_i$ ), que é apresentado na forma de porcentagem que a média do clone representa em relação à média dos ambientes. Quanto maior for o  $W_i$ , maior será a confiança na recomendação do clone.

O autor pondera que toda tomada de decisão na atividade agrícola envolve um risco. Dessa forma, a escolha do melhor clone, tanto para fins de melhoramento quanto para fins de recomendação, não seria diferente. No contexto de melhoramento e plantio comercial, tal risco reside na possibilidade de determinado clone ter uma performance acima ou abaixo da média dos ambientes. Sendo assim, clones que apresentam  $W_i$  superior a 100% tendem a ter uma performance acima da média dos ambientes.

A metodologia proposta por Annicchiarico vem sendo usada em diferentes culturas (CARGNELUTTI FILHO *et al.*, 2007; MELO *et al.*, 2007; SOARES *et al.*, 2007; SILVA FILHO *et al.*, 2008; PEREIRA *et al.*, 2009), se mostrando de fácil utilização e eficiente na identificação de genótipos mais estáveis e adaptados. Adicionalmente, Silva & Duarte (2006), trabalhando com soja, recomendaram o uso desta metodologia juntamente com a de Eberhart & Russel (1966), por observarem baixa correlação entre elas, os autores apontam para a possibilidade de se agregar informação à análise de estabilidade.

## REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. **Implications of genotype x environmental interactions in applied plant breeding.** *Crop Science*, Madison, v. 4, n. 5, p. 503-508, Sept./Oct. 1964.
- ANNICCHIARICO, P. **Cultivar adaptation and recommendation from alfafa trials in Northern Italy.** *Journal of Genetics & Breeding*, Madison, v.46, p.269-278, 1992.
- ANPUTHAS, M.; SAMITA, S.; ABEYSIRIWARDENA, D. S. **Stability and adaptability analysis of rice cultivars using environment-centered yield in two-way ANOVA model.** *Communications in Biometry and Crop Science*, v.6, n.2, p.80-86, 2011.
- ASSIS, T. F. de; MAFIA, R. G. **Hibridação e clonagem.** *Biotecnologia florestal*. Suprema, Viçosa, p. 93-121, 2007.
- ASSIS, T. F. **Evolução e estado da arte dos cruzamentos controlados em Eucalyptus.** *Série Técnica Ipef*, v. 16, n. 37, p. 13, 2012.
- ASSIS, T.; ABAD, J.; AGUIAR, A. **Melhoramento Genético do Eucalipto.** *Silvicultura do Eucalipto no Brasil. Fundação de Apoio a Tecnologia e Ciência, Editora UFSM, Santa Maria, p. 306, 2016.)*
- BAESSO, R. C. E.; RIBEIRO, A.; SILVA, M. P. **Impacto das mudanças climáticas na produtividade do eucalipto na região norte do espírito santo e sul da Bahia.** *Ciencia Florestal*, v. 20, n. 2, p. 335–344, 2010.
- BALESTRE, M. *et al.* **Yield stability and adaptability of maize hybrids based on GGE biplot analysis characteristics.** *Crop Breeding & Applied Biotechnology*, v. 9, p. 219-228, n. 3, 2009.
- BECKER, H. C.; LEON, J. **Stability analysis in plant breeding.** *Plant Breeding*, New York, v. 101, n. 1, p. 1-23, 1988.
- BECKER, H. C. **Correlation among some statistical measures of phenotypic stability.** *Euphytica*, Wageningen, v. 30, p. 835-40, 1981.
- BERNARDO, R. **Breeding for Quantitative Traits in Plants.** Woodbury, Minnesota: Stemma Press, v. 2, p. 390, 2010.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas.** Editora UFV, Viçosa, ed. 6, p. 523, 2013.
- CARGNELUTTI FILHO, A. *et al.* **Comparação de métodos de adaptabilidade e estabilidade relacionados à produtividade de grãos de cultivares de milho.** *Bragantia*, v.66, p.571-578, 2007.
- CAUVIN, B. **Pistil treatments for improved fertility in hybridization of E. gunnii (Hook).** *Sexual reproduction in higher plants.* University of Sienna, Sienna, p. 321-325, 1988.

CHAVES, L. J. *et al.* **Interação de cultivares com ambientes.** Recursos genéticos e melhoramento: plantas. Fundação MT, Rondonópolis, p. 673-713, 2001.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético.** Editora UFV, Viçosa, ed. 2, p. 309, 2001.

CRUZ, C. D. *et al.* **An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto.** Revista Brasileira de Genética, v. 12, n. 3, p. 567-580, 1989.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético.** Editora UFV, Viçosa, v.2, p. 585, 2003.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Editora UFV, Viçosa, ed. 4, v. 1, p. 514, 2012.

EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. **Stability parameters for comparing varieties.** Crop science, v. 6, n. 1, p. 36-40, 1966.

FERREIRA, D. F. *et al.* **Statistical models in agriculture: biometrical methods for evaluating phenotypic stability in plant breeding.** Cerne, v. 12, n. 4, p. 373-388, 2006.

FINLAY, K.W.; WILKINSON, G.N. **The analysis of adaptation in a Plant-Breeding Programme.** Australian Journal of Agricultural Research, v. 14, n. 5, p. 742-754, 1963.

FOELKEL, C. E. B. **Eucalipto no Brasil, história de pioneirismo.** Visão agrícola, v. 4, p. 66-69, 2005.

FONSECA, S. M. F. *et al.* **Manual prático de melhoramento genético de eucalipto.** Editora UFV, Viçosa, p. 200, 2010.

GABRIEL, K. R. **The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis.** Biometrika, v. 58, n. 3, p. 453-467, 1971.

GAUCH, H.G.; ZOBEL, R.W. **AMMI analysis of yield trials.** Genotype by environment interaction. CRC Press, Boca Raton, cap. 4, p. 85-122, 1996.

GAUCH, H.G.; ZOBEL, R.W. **Identifying mega-environments and targeting genotypes.** Crop Sci., v. 37, p. 311–326, 1997.

GRATTAPAGLIA, D. **Marcadores moleculares em espécies florestais: *Eucalyptus* como modelo.** Recursos genéticos e melhoramento: plantas. Fundação MT, Rondonópolis, p. 967-1010, 2001.

HARBARD, J. L.; GRIFFIN, A. R.; ESPEJO, J. E. **Mass controlled pollination of *Eucalyptus globulus*: a practical reality.** Canadian Journal of Forestry Research, Ottawa, v. 29, n. 10, p. 1457-1463, 1999.

INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES. **Relatório anual 2023.** Relatório 2023, p. 1-91. Disponível em: < <https://iba.org/datafiles/publicacoes/relatorios/iba-relatorioanual2019.pdf> >. Acesso em: 18 abr. 2023.

- KANG, M. S. **Using genotype-by-environment interaction for crop cultivar.** *Advances in agronomy*, v. 62, p. 199, 1997.
- LIN, C.; BINNS, M. R.; LEFKOVITCH, L. P. **Stability Analysis: where do we stand?** *Crop science*, v. 26, n. 5, p. 894-900, 1986.
- LIN, C.S.; BINNS, M.R. **A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data.** *Canadian Journal of Plant Science*, Ottawa, v.68, p.193-198, 1988.
- MARIOTTI, I. A.; OYARZABAL, E.S.; OSA, J.M.; BULACIO, N. R.; ALMADA, G. H. **Análisis de estabilidad y adaptabilidad de genótipos de caña de azúcar. Interacciones dentro de una localidad experimental.** *Revista Agronómica del Nordeste Argentino*, Tucumán, v. 13, n. 14, p. 105-127, 1976.
- MATHENSON; A.C.; RAYMOND, C.A; **Provenance x environment interaction: its practical importance and use with particular reference to the tropics.** *Commonwealth Forestry Review*, v. 65, n. 4, p. 283-302. 1986.
- MELO, L.C. *et al.* **Interação com ambientes e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum na Região Centro-Sul do Brasil.** *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.42, p.715-723, 2007.
- MORA, A. L.; GARCIA, C. H. **A cultura do eucalipto no Brasil.** Sociedade Brasileira de Silvicultura, São Paulo, p. 112, 2000.
- OLIVEIRA, L. A. *et al.* **Credible intervals for scores in the AMMI with random effects for genotype.** *Crop Science*, v. 55, n. 2, p. 465-476, 2015.
- PEREIRA, H.S. *et al.* **Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum com grãos tipo carioca na Região Central do Brasil.** *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.44, p.29-37, 2009.
- PIEPHO, H. P. **Analyzing genotype-environment data by mixed models with multiplicative effects.** *Biometrics*, v. 53, p. 761–766, 1997.
- RAMALHO, M. A. P. *et al.* **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas.** Editora UFLA, Lavras, ed. 1, p. 522, 2012.
- RÉDEI, G. P. **Genetics manual: current theory, concepts, terms.** World Scientific, 1998.
- REIS, M. de S. **Implicações da interação clones x ambientes na seleção de clones de eucalipto em altitudes contrastantes.** Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, p. 62, 2020.
- RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético.** Colombo: Embrapa Florestas, p. 562, 2007.
- RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. F.; AZEVEDO, C. F. **Estatística Matemática, Biométrica e Computacional: modelos mistos, multivariados, categóricos e generalizados**

**(REML/BLUP), inferência bayesiana, regressão aleatória, seleção genômica, QTL-GWAS, estatística espacial e temporal, competição, sobrevivência.** Suprema, Visconde do Rio Branco, ed. 1, v. 1, p. 881, 2014.

RESENDE, M. D. V.; ALVES, R. S. **Genética: estratégias de melhoramento e métodos de seleção.** O eucalipto e a Embrapa: quatro décadas de pesquisa e desenvolvimento. Embrapa, Brasília, cap. 3, p. 171–202, 2021.

SANTOS, G. A. **Interação clones x ambientes para produtividade de híbridos multi-espécies de eucalipto no Rio Grande do Sul.** 2012. p. 128. Tese (Doutorado em Engenharia Florestal) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2012.

SCHEINER, S. M. **Genetics and evolution of phenotypic plasticity.** Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics, v. 24, p. 35-68, 1993.

SILVA, W. C. J.; DUARTE, J.B. **Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.41, p.23-30, 2006.

SILVA FILHO, J. L. *et al.* **Comparação de métodos para avaliar a adaptabilidade e estabilidade produtiva em algodoeiro.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.43, p. 349-355, 2008.

SILVA, J. G. C.; BARRETO, J. N. **Aplicação da regressão linear segmentada em estudos da interação clone x ambiente.** Simpósio de Estatística Aplicada à Experimentação Agronômica, v. 1, p. 49-50, 1985.

SOARES, A. A. *et al.* **Stability of upland rice lines in Minas Gerais, Brazil.** Crop Breeding and Applied Biotechnology, v.7, n. 4, p.394-398, 2007.

STAPE, J. L. *et al.* **The Brazil Eucalyptus Potential Productivity Project: Influence of water, nutrients and stand uniformity on wood production.** Forest Ecology and Management, v. 259, n. 9, p. 1684-1694, 2010.

TOLER, J. E. **Patterns of genotype performance over environmental arrays.** 1990. p. 154. Tese (Ph D) – Clemson University, Clemson. 1990.

TRINDADE, H. *et al.* **Successful fertilization and seed set from pollination on immature non-dehisced flowers of *Eucalyptus globulus*.** Annals of Botany, v. 87, n. 4, p. 469-475, 2001.

VERMA, M. M.; CHAHAL, G. S.; MURTY, B. R. **Limitations of conventional regression analysis a proposed modification.** Theoretical and Applied Genetics, v. 53, n. 2, p. 89-91, 1978.

WRICKE, G. **Über eine Methode zur Erfassung der ökologischen Streubreite in Feldversuchen.** Zeitschrift für Pflanzenzüchtung-journal of plant breeding, v. 47, n. 1, p. 92-96, 1962.

YAN, W.; TINKER, N. A. **An integrated biplot analysis system for displaying, interpreting, and exploring genotype× environment interaction.** *Crop Science*, v. 45, n. 3, p. 1004-1016, 2005.

YAN, W. *et al.* **Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot.** *Crop Science*, v. 40, n. 3, p. 597–605, 2000.

YAN, W. *et al.* **Two types of GGE biplots for analyzing multi-environment trial data.** *Crop Science*, v.41, n.3, p.656-663, 2001.

YAN, W.; KANG, M.S. **GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists.** CRC Press, Boca Raton, ed. 1, p. 288, 2003.

YATES, F.; COCHRAN, W. G. **The analysis of groups of experiments.** *The Journal of Agricultural Science*, v. 28, n. 04, p. 556-580, 1938.

ZOBEL, R.W.; WRIGHT, M.J.; GAUCH, H.G. **Statistical analysis of a yield trial.** *Agronomy Journal*, v.80, n. 3, p.388-393, 1988.

## CAPÍTULO 1 - ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE EM CLONES DE *EUCALYPTUS* NO SUL DE MINAS GERAIS E NOROESTE DE SÃO PAULO

### RESUMO

O setor florestal brasileiro possui uma área plantada de aproximadamente 9,9 milhões de hectares, sendo 75,8% ocupados pelo *Eucalyptus spp.*. O plantio comercial desta espécie iniciou-se em 1909 e desde então sua produtividade cresceu consideravelmente, passando dos 15 m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup> na década de 1970 para, aproximadamente, 32,7 m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup> no ano de 2023. Dentro do contexto do melhoramento genético e visando a continuidade dos ganhos de produtividade, um ponto indispensável de estudo é a interação genótipo por ambiente (GxA). A partir das informações da interação GxA, juntamente com informações de adaptabilidade e estabilidade, é possível realizar uma melhor tomada de decisão, tanto no momento da seleção de genitores quanto na recomendação de clones para plantios comerciais. Desta forma, este trabalho teve por objetivo estudar a interação GxA, a adaptabilidade e estabilidade de 62 clones de *Eucalyptus spp.*, cultivados pela empresa Dexco em 10 sub-regiões, ao longo de 10 anos. Para tanto, os resultados de produtividade de madeira dos clones nesses locais foram submetidos a diferentes metodologias de análise da interação GxA, GGEbiplot, Annicchiarico (1992) e Eberhart & Russel (1966). A implementação dessas três metodologias foi feita no software R. O estudo realizado indicou que as regiões que proporcionaram as maiores médias foram H, I, G, J e D, enquanto as regiões C, E, A, B e F apresentaram as menores. A interação GxA teve uma influência significativa, causando mudanças de ranqueamento ao longo das sub-regiões. Considerando o efeito da interação, as estimativas BLUP apontaram que os melhores clones dentro das melhores sub-região foram: clone 1112 na região H, clone 887 na região I, clone 1112 na região G, clone 838 na região J e clone 107 na região D. Os clones que apresentaram maior estabilidade, de acordo com as metodologias aplicadas, foram os clones 867, 1112, 1277 e 13. Os clones com o melhor desempenho médio e adaptabilidade foram os clones 1112 e 1277. Os estudos realizados neste trabalho proporcionaram um melhor entendimento da adaptabilidade e estabilidade dos clones avaliados, permitindo assim realizar uma melhor tomada de decisão, tanto no programa de melhoramento quanto na recomendação de clones para plantios comerciais nas regiões em questão.

**Palavras-chave:** *Eucalyptus spp.*; Annicchiarico; Eberhart e Russel; GGEbiplot; Interação GxA.

## ABSTRACT

The Brazilian forestry sector has a planted area of approximately 9.9 million hectares, with 75.8% occupied by *Eucalyptus* spp.. Commercial planting of this species began in 1909, and since then its productivity has increased considerably, from around  $15 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{year}^{-1}$  in the 1970s to approximately  $36.8 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{year}^{-1}$  in 2023. Within the context of genetic improvement and aiming for continued productivity gains, an indispensable point of study is genotype by environment interaction (GxE). Based on GxE interaction information, along with adaptability and stability information, better decision-making is possible, both in selecting parents and recommending clones for commercial planting. Thus, this work aims to study GxE interaction, adaptability, and stability of 62 *Eucalyptus* spp. clones cultivated by the company Dexco in 10 sub-regions over 10 years. For this purpose, the clones were subjected to GGEbiplot, Annicchiarico (1992), and Eberhart & Russel (1966) methodologies. The implementation of these three methodologies was done using R software, utilizing the METAN package. The study indicated that the regions that provided the highest averages were H, I, G, J, and D, while regions C, E, A, B, and F showed the lowest. GxE interaction had a significant influence, causing ranking changes across sub-regions. Considering the interaction effect, BLUP estimates indicated that the best clones within the best sub-region were: clone 1112 in region H, clone 887 in region I, clone 1112 in region G, clone 838 in region J and clone 107 in region D. Clones showing the highest stability, according to the applied methodologies, were clones 867, 1112, 1277, and 13. Clones with the best average performance and adaptability were clones 1112 and 1277. The studies conducted in this work provided a better understanding of the adaptability and stability characteristics of the evaluated clones, thus allowing for better decision-making, both in the plant breeding program and in the recommendation of clones for commercial plantings in the regions in question.

**Keywords:** *Eucalyptus* spp.; Annicchiarico; Eberhart e Russel; GGEbiplot; GxE interaction.

## 1 INTRODUÇÃO

Apesar do bom desempenho, é importante que o setor florestal brasileiro continue inovando para manter os elevados níveis de produtividade e, conseqüentemente, a competitividade no mercado internacional. Para essa manutenção de produtividade, é essencial que os programas de melhoramento genético continuem desenvolvendo novos clones cada vez mais produtivos e com melhor qualidade da madeira. No entanto, os desafios do melhoramento vêm aumentando a cada dia na medida em que a eucaliptocultura avança para novas fronteiras e que novos problemas fitossanitários surgem nas diferentes regiões de plantio (OLIVEIRA *et al.*, 2021).

Um dos maiores desafios do melhoramento genético florestal é a interação de genótipos x ambientes (GxA). Esta interação pode ser descrita como as diferenças nas respostas dos clones diante das variações ambientais. Essa interação gera dificuldades no processo de melhoramento, pois geralmente altera o *ranking* dos clones nos diferentes ambientes, dificultando a recomendação de cultivares (YAN, 2016). Esse problema fica ainda mais exacerbado no atual contexto das mudanças climáticas e da expansão da eucaliptocultura nacional para novas regiões (BAESSO *et al.*, 2010).

Dado a interação GxA, o melhorista precisa de uma grande rede de ensaios e de métodos estatísticos robustos para selecionar os melhores clones em cada ambiente de interesse (COOPER *et al.*, 2014). Com uma ampla rede de ensaios, os melhoristas conseguem estimar a adaptabilidade e a estabilidade de clones, especialmente naqueles que chegam aos estágios mais avançados do melhoramento. Essas medidas são fundamentais para racionalizar a recomendação de cultivares. A estabilidade consiste na capacidade de o clone apresentar desempenho previsível frente as variações ambientais (EBERHART & RUSSELL, 1966), enquanto a adaptabilidade é a capacidade de os clones responderem positivamente à melhoria do ambiente (MARIOTTI *et al.*, 1976).

Com base nos resultados da rede de ensaios, o problema da interação GxA pode ser atacado de duas maneiras distintas nos programas de melhoramento: selecionando-se clones mais adaptados a cada local ou selecionando clones mais estáveis e de alta produtividade, ainda que esses clones não sejam aqueles mais produtivos em cada local (YAN, 2016). A seleção com base na estabilidade é uma estratégia mais segura, especialmente em espécies perenes, uma vez que não é possível prever com exatidão as condições ambientais dos próximos 5-7 anos, que é o ciclo de produção do *Eucalyptus spp.* para geração de biomassa

lenhosa (REZENDE *et al.*, 2019). Por outro lado, ela não maximiza os ganhos de seleção, na medida em que nem sempre os clones mais adaptados serão aproveitados em cada local.

O objetivo desse trabalho foi estudar a interação G x A, bem como a estabilidade e adaptabilidade de clones, por meio dos dados de vários testes clonais instalados no âmbito do programa de melhoramento florestal da empresa Dexco, nos estados de São Paulo e Minas Gerais. O conjunto de dados envolve 73 experimentos de teste clonal, em que 62 clones foram avaliados em pelo menos seis das 10 unidades de plantio (sub-regiões) da empresa. Para esses clones foram estimados parâmetros genéticos, bem como suas adaptabilidade e estabilidade nas diferentes regiões de cultivo da empresa. Portanto, por meio dos resultados obtidos neste trabalho, espera-se contribuir para o melhor entendimento da interação G x A, bem como racionalizar a recomendação de clones em diferentes locais alvo dos plantios.

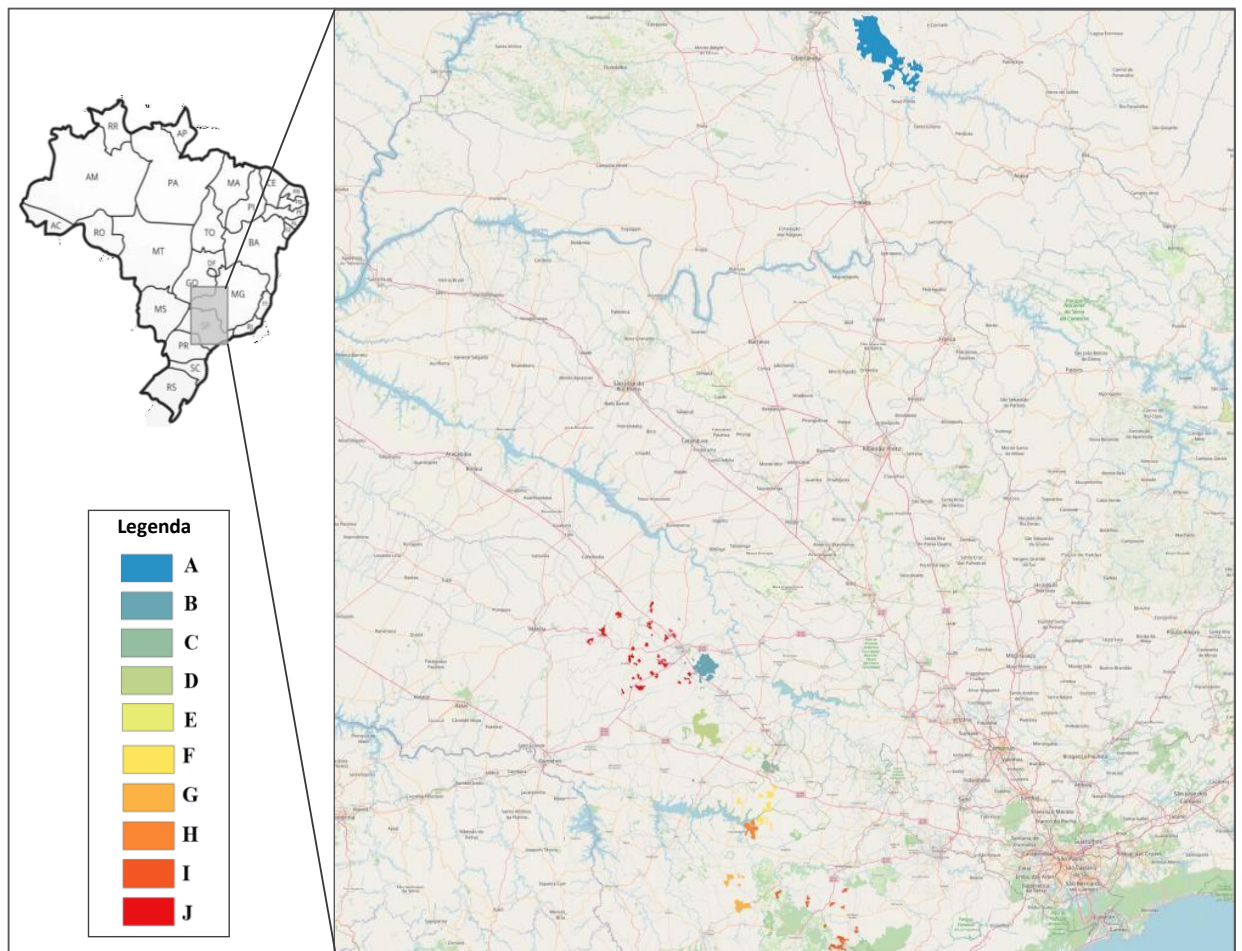
## 2 MATERIAL E MÉTODOS

Neste trabalho foram analisados dados provenientes de 73 ensaios de testes clonais de *Eucalyptus spp.*, distribuídos em 15 municípios, um no estado de Minas Gerais e 14 no estado de São Paulo (Figura 1). As áreas foram subdivididas em 10 sub-regiões. A pluviosidade anual das sub-regiões fica em torno de 1352 – 1544 mm, com altitude variando de 481 a 1010 m (Tabela 1). Os dados analisados neste trabalho fazem parte de um conjunto de dados histórico, com experimentos instalados entre os anos de 2000 a 2016, no programa de melhoramento da Dexco. Esses dados já foram analisados por Vergani (2021) com o objetivo de estratificar os ambientes da empresa.

Os 73 experimentos avaliaram um total 1433 clones de *Eucalyptus spp.*, sendo que a grande maioria desses foi avaliado em um ou poucos ensaios. Dessa maneira, para o presente trabalho, foram selecionados somente os 62 clones presentes em pelo menos seis das dez sub-regiões de plantios da empresa. Os experimentos foram instalados em delineamento de blocos completos casualizados, com seis repetições e dois tipos de parcelas, sendo 47 ensaios exploratórios, com parcelas lineares de cinco plantas, e 26 ensaios avançados (segundo teste clonal), com parcela quadrada de 5x5 plantas. O espaçamento dos ensaios variou de 3,0m x 1,5m a 3,0m x 2,0m, a depender da disponibilidade hídrica do local do experimento.

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

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



Fonte: Amanda Vergani (2021)

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

Exp	Ano de plantio	Espaçamento	Região	Município - Estado	Ordem do solo	Altitude (m)	Pluviosidade média anual (mm)	T máx. média anual (°C)	T mín. média anual (°C)
1	2010	3.00 x 2.00	A	Estrela do Sul - MG	Latossolo	990	1478	28,8	17,5
2	2011	3.00 x 2.00	A	Estrela do Sul - MG	Latossolo	996	1478	28,8	17,5
3	2012	3.00 x 2.00	A	Estrela do Sul - MG	Latossolo	1020	1478	28,8	17,5
4	2012	3.00 x 1.50	A	Estrela do Sul - MG	Latossolo	991	1478	28,8	17,5
5	2012	3.00 x 1.50	A	Estrela do Sul - MG	Latossolo	1003	1478	28,8	17,5
6	2013	3.00 x 1.50	A	Estrela do Sul - MG	Latossolo	1010	1478	28,8	17,5
7	2013	3.00 x 1.50	A	Estrela do Sul - MG	Latossolo	1001	1478	28,8	17,5
8	2012	3.00 x 2.00	A	Estrela do Sul - MG	-	1007	1478	28,8	17,5
9	2012	3.00 x 1.50	A	Estrela do Sul - MG	Latossolo	1003	1478	28,8	17,5
10	2013	3.00 x 1.50	A	Estrela do Sul - MG	Latossolo	1010	1478	28,8	17,5
11	2010	3.00 x 2.00	B	Agudos - SP	Latossolo	642	1393	27,4	16,3
12	2013	3.00 x 2.00	B	Agudos - SP	Latossolo	585	1393	27,4	16,3
13	2013	3.00 x 2.00	B	Agudos - SP	Latossolo	585	1393	27,4	16,3
14	2011	3.00 x 2.00	B	Agudos - SP	Latossolo	604	1393	27,4	16,3
15	2012	3.00 x 2.00	B	Agudos - SP	Latossolo	602	1393	27,4	16,3
16	2012	3.00 x 1.90	B	Agudos - SP	Latossolo	639	1393	27,4	16,3
17	2013	3.00 x 1.50	B	Agudos - SP	Neossolo	572	1393	27,4	16,3
18	2014	3.00 x 2.00	B	Agudos - SP	Latossolo	608	1393	27,4	16,3
19	2012	3.00 x 2.00	B	Agudos - SP	Latossolo	602	1393	27,4	16,3
20	2012	3.00 x 1.90	B	Agudos - SP	Latossolo	639	1393	27,4	16,3
21	2014	3.00 x 2.00	B	Agudos - SP	-	605	1393	27,4	16,3
22	2015	3.00 x 2.00	C	Botucatu - SP	Latossolo	899	1422	27,1	16,1
23	2016	3.00 x 2.00	C	Botucatu - SP	Latossolo	883	1422	27,1	16,1
24	2014	3.00 x 1.50	C	Botucatu - SP	-	913	1422	27,1	16,1
25	2005	3.00 x 2.00	D	Avaré - SP	-	710	1448	26,7	15,9
26	2008	3.00 x 2.00	D	Avaré - SP	Latossolo	804	1448	26,7	15,9
27	2012	3.00 x 2.00	D	Avaré - SP	Latossolo	781	1448	26,7	15,9
28	2012	3.00 x 1.90	D	Avaré - SP	Latossolo	759	1448	26,7	15,9
29	2008	3.00 x 2.00	D	Avaré - SP	Latossolo	802	1448	26,7	15,9
30	2011	3.00 x 2.00	D	Iaras - SP	Neossolo	661	1441	26,9	16,0
31	2012	3.00 x 1.50	D	Lençóis Paulista - SP	Latossolo	680	1417	27,3	16,2
32	2000	3.00 x 2.00	D	Lençóis Paulista - SP	Latossolo	744	1417	27,3	16,2
33	2000	3.00 x 2.00	D	Lençóis Paulista - SP	Latossolo	744	1417	27,3	16,2
34	2007	3.00 x 2.00	D	Lençóis Paulista - SP	Latossolo	710	1417	27,3	16,2
35	2007	3.00 x 2.00	D	Lençóis Paulista - SP	Latossolo	717	1417	27,3	16,2
36	2008	3.00 x 2.00	D	Lençóis Paulista - SP	Latossolo	697	1417	27,3	16,2
37	2013	3.00 x 1.00	D	Lençóis Paulista - SP	Latossolo	681	1417	27,3	16,2
38	2015	3.00 x 2.00	D	Lençóis Paulista - SP	Latossolo	681	1417	27,3	16,2
39	2016	3.00 x 2.00	D	Lençóis Paulista - SP	Argissolo	768	1417	27,3	16,2
40	2008	3.00 x 2.00	D	Lençóis Paulista - SP	-	681	1417	27,3	16,2
41	2013	3.00 x 1.00	D	Lençóis Paulista - SP	Latossolo	681	1417	27,3	16,2
42	2014	3.00 x 1.50	E	Botucatu - SP	-	829	1422	27,1	16,1

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

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

Fonte: Amanda Vergani (2021)

Foram coletadas informações de diâmetro a altura do peito (DAP) e altura total (H) em todas as árvores dos 47 experimentos exploratórios e nas nove árvores centrais de cada parcela dos 26 ensaios avançados. Com esses dados foram estimados o volume de cada árvore por meio da seguinte equação:

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

Em que:

V: volume de madeira, em m<sup>3</sup>;

DAP: diâmetro a altura do peito (130 cm do solo);

H: altura, em metros.

Os valores de Incremento Médio Anual (m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup>) foram obtidos multiplicando os valores individuais pelo número de árvores por hectare, considerando o espaçamento do plantio, e dividindo o volume obtido pela idade do plantio.

As análises estatísticas foram realizadas com o software R (R Core Team 2023) utilizando o pacote *metan* (OLIVOTO; LÚCIO, 2020). O pacote *metan* (multi environment trial analysis) possui uma série de funções implementadas para análise estatística e gráficas de uma rede de ensaios para avaliação de múltiplos genótipos em vários ambientes.

## 2.1 Análises individuais

Com os dados em mãos foram verificadas as pressuposições da análise de variância e então realizadas as análises individuais para cada ambiente, seguindo o modelo:

$$y_{ij} = \mu + \alpha_i + \tau_j + e_{ij}$$

Onde:

$y_{ij}$ : observação do i-ésimo clone no j-ésimo bloco;

$\mu$ : é a média geral;

$\tau_j$ : é o efeito de repetição j (considerado fixo);

$\alpha_i$ : é a observação do i-ésimo clone (considerado aleatório);

$e_{ij}$ : é o erro associado ao modelo (considerado aleatório);

As estimativas de componente de variância e valores genotípicos foram obtidas pelo procedimento REML/BLUP. A variância genotípica ( $\sigma_g^2$ ), variância residual ( $\sigma_e^2$ ) e variância fenotípica ( $\sigma_f^2$ ), foram obtidos pelos seguintes estimadores:

$$\sigma_g^2 = \left[ \frac{g'g + \sigma_e^2 \text{tr}(C^{22})}{q} \right]$$

$$\sigma_e^2 = \frac{[y'y - r'X'y - g'Z'y]}{[N - r_{(x)}]}$$

$$\sigma_f^2 = \sigma_g^2 + \sigma_e^2$$

Em que:

$C^{22}$ : é a inversa da matriz dos coeficientes das equações do modelo misto;

$\text{tr}$ : é o traço (soma dos elementos da diagonal) da matriz;

$r_{(x)}$ : é o posto (*rank*) da matriz  $X$ ;

$N, q$ : são o número total de informações e de clones, respectivamente.

Os coeficientes de variância genotípica ( $CV_g\%$ ), residual ( $CV_e\%$ ) e relativa ( $CV_r\%$ ) foram estimados com os estimadores:

$$CV_g\% = \left( \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{m} \right) * 100$$

$$CV_e\% = \left( \frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{m} \right) * 100$$

$$CV_r\% = \frac{CV_g\%}{CV_e\%}$$

Onde  $m$  é a média do experimento avaliado.

## 2.2 Análise conjunta

A análise conjunta foi realizada seguindo o modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \tau_j + (\alpha\tau)_{ij} + \gamma_{jk} + e_{ijk}$$

Sendo:

$Y_{ijk}$ : é a observação do  $i$ -ésimo clone, no  $k$ -ésimo ambiente, no  $j$ -ésimo bloco (dados de produtividade);

$\mu$ : é a média geral;

$\alpha_i$ : é a observação do  $i$ -ésimo clone (considerado aleatório);

$\tau_j$ : é o efeito do  $j$ -ésimo ambiente (considerado aleatório);

$(\alpha\tau)_{ij}$ : é o efeito da interação G x A (considerado aleatório);

$\gamma_{jk}$ : é o efeito do bloco  $j$  dentro do ambiente  $k$  (considerado fixo);

$e_{ijk}$ : é o erro associado ao modelo (considerado aleatório); e

Para se estimar a herdabilidade no sentido amplo ( $h_g^2$ ), a herdabilidade a nível de média ( $h_m^2$ ) e a acurácia de seleção ( $r_a$ ) foram utilizados os estimadores:

$$h_g^2 = \frac{\sigma_g^2}{(\sigma_g^2 + \sigma_{ga}^2 + \sigma_e^2)}$$

$$h_m^2 = \frac{\sigma_g^2}{\left(\sigma_g^2 + \frac{\sigma_{ga}^2}{a} + \frac{\sigma_e^2}{ab}\right)}$$

$$r_a = \sqrt{h_m^2}$$

Sendo  $b$  o número de blocos,  $a$  o número de ambientes e  $\sigma_{ga}^2$  a variância da G x A.

O coeficiente que representa o efeito da interação G x A ( $C_{ga}^2$ ) e a correlação da interação G x A ( $r_{ga}$ ) foram obtidos pelos estimadores a seguir:

$$C_{ga}^2 = \frac{\sigma_{ga}^2}{(\sigma_g^2 + \sigma_{ga}^2 + \sigma_e^2)}$$

$$r_{ga} = \frac{\sigma_g^2}{(\sigma_g^2 + \sigma_{ga}^2)}$$

Os coeficientes de variância genotípica ( $CV_g\%$ ), residual ( $CV_e\%$ ) e relativa ( $CV_r\%$ ) foram estimados conforme apresentado na análise individual.

### 2.3 Obtenção da estabilidade e adaptabilidade por Eberhart e Russell (1966)

A metodologia de Eberhart e Russell utiliza uma análise de regressão simples para estimar a resposta de cada clone frente às diferenças nos ambientes avaliados. A regressão é feita para cada clone, considerando a média da variável dependente (produtividade do clone em cada ambiente), em relação ao índice ambiental ( $I_j$ ), também chamado de variável independente. Esse índice é dado pela média de todos os clones avaliados no local em questão (CRUZ *et al.*, 2012).

Os parâmetros,  $\beta_{oi}$  e  $\beta_{1i}$ , foram estimados com os seguintes estimadores:

$$\beta_{oi} = \bar{Y}_i \text{ e } V(\beta_{oi}) = \frac{1}{a} \sigma_e^2$$

$$\beta_{1i} = \frac{\sum_j Y_{ij} I_j}{\sum_j I_j^2} \text{ e } V(\beta_{1i}) = \frac{1}{\sum_j I_j^2} \sigma_e^2$$

Em que:

$\sigma_e^2$ : variância residual;

$I_j$ : índice ambiental, dado por  $I_j = \left[ \left( \frac{Y_j}{g} \right) - \left( \frac{Y_{..}}{ga} \right) \right]$ , para  $g$  clones e  $a$  ambientes;

$\sum Y_{ij}$ : somatório de todas as observações em todos os ambientes;

$\bar{Y}_i$ : média do clone  $i$ ;

$$\sigma_e^2 = \frac{\text{QMR}}{r}$$

As hipóteses  $H_0: \beta_{1i} = 1$  e  $H_a: \beta_{1i} \neq 1$  no modelo de Eberhart e Russeal (1966) foram avaliadas pela estatística  $t$ , dada por:

$$t = \frac{\beta_{1i} - 1}{\sqrt{V(\beta_{1i})}}$$

A metodologia apresentada considera como clones com adaptabilidade geral ou ampla aqueles que apresentam  $\beta_{1i} = 1$ , clones com adaptabilidade específica a ambientes favoráveis aqueles com  $\beta_{1i} > 1$  e clones com adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis aqueles com  $\beta_{1i} < 1$ . O coeficiente de determinação  $R_i^2$  será usado como medida auxiliar para a comparação de clones que apresentaram baixa estabilidade ( $\delta_{di}^2$ ) e rendimento médio superior. O coeficiente de determinação foi calculado pelo seguinte estimador:

$$R_i^2 = \frac{\text{SQ}(\text{regressão linear})}{\text{SQ}(\frac{A}{G_i})} \times 100$$

A estabilidade ( $\delta_{di}^2$ ) pelo método proposto por Eberhart e Russeal (1966) foi obtida a partir do quadrado médio do desvio de regressão de cada clone ( $\text{QMD}_i$ ) e do quadrado médio do resíduo ( $\text{QMR}$ ), com o seguinte estimador:

$$\delta_{di}^2 = \sum_j \sigma_{ij}^2 / (a - 2) = \frac{\text{QMD}_i - \text{QMR}}{r}$$

Em que:

$$\text{QMD}_i = \frac{r}{a-2} \left[ \sum_j Y_{ij}^2 - \frac{Y_i^2}{a} - \frac{(\sum_j Y_{ij} I_j)^2}{\sum_j I_j^2} \right]$$

Sendo:

$Y_{ij}$ : observação do  $i$ -ésimo clone no  $j$ -ésimo ambiente;

$Y_i$ : observação total do  $i$ -ésimo clone;

$a$ : total de ambientes utilizados para avaliação;

$l_j$ : índice ambiental.

## 2.4 GGE Biplot

Na metodologia GGE biplot, G representa o efeito de clone e GE o efeito da interação GxA. Como esses dois efeitos são de extrema relevância para a avaliação dos clones, é interessante que os mesmos sejam avaliados simultaneamente para uma melhor avaliação, tanto dos clones quanto dos ambientes. Nessa metodologia, tanto os efeitos de clones quanto da interação GxA são representados em um mesmo gráfico. Desta forma, a correlação genética entre dois ambientes pode ser obtida pelo cosseno do ângulo formado entre esses dois ambientes no gráfico, o que torna GGE biplot bastante visual (YAN *et al.*, 2007; YAN, 2001). Neste trabalho, por meio do pacote metan (OLIVOTO; LÚCIO, 2020), a análise GGE biplot foi realizada com o modelo a seguir:

$$\phi_{ij} = Y_{ij} - \mu - \beta_j = \sum_{k=1}^p \xi_{ik}^* \eta_{jk}^*$$

Onde  $\phi_{ij}$  é o efeito da interação do clone  $i$  no ambiente  $j$ ;  $Y_{ij}$  é a observação média do clone  $i$  no ambiente  $j$ ,  $\mu$  é a média geral;  $\beta_j$  é o efeito principal do ambiente  $j$ ;  $\xi_{ik}^* = \lambda_k^\alpha \xi_{ik}$ ;  $\eta_{jk}^* = \lambda_k^{1-\alpha} \eta_{jk}$ , sendo  $\lambda_k$  o  $k$ -ésimo autovalor ( $k = 1, \dots, p$ ), com  $p \leq \min(e, g)$ ;  $\alpha$  é o fator de partição de valor singular para o componente principal (PC)  $k$ ;  $\xi_{ik}^*$  e  $\eta_{jk}^*$  são os escores para o clone  $i$  e ambiente  $j$ , respectivamente.

## 2.5 Annicchiarico (1992)

No método proposto por Annicchiarico (1992) calcula-se inicialmente a superioridade, ou não, de um determinado clone em cada ambiente. Para tanto foi utilizado o seguinte estimador:

$$Z_{ij} = \frac{Y_{ij}}{\bar{Y}_j} \times 100$$

Na qual:

$Z_{ij}$ : é a observação (%) do clone  $i$  em relação à média do ambiente  $j$ ;

$Y_{ij}$ : é a observação do clone  $i$  no ambiente  $j$ ;

$\bar{Y}_j$ : é o desempenho médio no ambiente  $j$ .

O índice de confiança ( $w_i$ ) de um clone  $i$  é então obtido com o estimador:

$$w_i = \bar{Y}_i - Z_{(1-\alpha)} \times \sigma_i.$$

Em que:

$\bar{Y}_i$ : é a média percentual dos genótipos  $i$  em relação à média geral;

$Z_{(1-\alpha)}$ : é o percentil da função de distribuição normal padrão;

$\sigma_i$ : é o desvio padrão dos valores  $Z_{ij}$ .

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.1 Análise dos parâmetros genéticos

A média de incremento médio anual de madeira (IMA) entre todos os 73 experimentos de teste clonal foi de 60,87 m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup>. Por meio de um modelo de efeitos aleatórios foi possível estimar a variância genética ( $V_g$ ) do IMA que ficou em 53,64. Esse valor é superior ao encontrado por Nunes *et. al* (2002), também para IMA. Isso indica a existência de ampla variação genética entre os clones, a qual pode ser explorada pelos melhoristas. A variância ambiental ( $V_a$ ) foi de 54,03, indicando que as diferenças entre as regiões de avaliação afetam diretamente o desempenho dos clones. Além da variância ambiental, a variância associada à interação GxA ( $V_i$ ) também foi elevada (42,8), indicando que respostas diferentes dos clones em relação à variação ambiental, complicando as atividades dos melhoristas, especialmente a recomendação de cultivares.

Por outro lado, a herdabilidade ao nível de média ( $h_m^2$ ) foi de 0,92. Esse valor é considerado alto, indicando que uma parte elevada do desempenho observado se deve a fatores genéticos, facilitando a seleção de clones superiores (NUNES *et al.*, 2002).

Tabela 1 – Parâmetros genéticos estimados nos 73 experimentos de testes clonais de *Eucalyptus* spp. implantados em cinco regiões dos estados de São Paulo e Minas Gerais, nas unidades da empresa DEXCO.

Parâmetro	IMA
Variância ambiental ( $\hat{\sigma}_a^2$ )	54.03
Variância genética ( $\hat{\sigma}_g^2$ )	53.64
Variância da interação GXA ( $\hat{\sigma}_{ga}^2$ )	42.88
Herdabilidade no sentido amplo ( $\hat{h}_g^2$ )	0.070
Coefficiente de determinação da interação ( $GEI r^2$ )	0.06769
Herdabilidade a nível de média ( $\hat{h}_m^2$ )	0.9240
Acurácia de seleção ( $A_c$ )	0.9613
Correlação genótipo por ambiente ( $\hat{r}_{ga}$ )	0.07395
Coefficiente de variação genética ( $\widehat{CV}_g$ )	12.03%
Coefficiente de variação residual ( $\widehat{CV}_e$ )	38.07%
Relação entre os coeficientes de variação ( $CV_r$ )	0.3161
Média	60.87

A estimativa de coeficiente de variação genética ( $CV_g$ ) para a característica em estudo foi de 12,03%, indicando a existência de variabilidade entre os clones e, portanto, potencial para seleção. A estimativa acurácia seletiva ( $A_c$ ) obtida para o caráter IMA na análise conjunta foi de 0,96. A acurácia está relacionada com a qualidade experimental e com a confiabilidade nos valores genéticos preditos. Valores elevados de acurácia nos proporcionam uma maior confiabilidade no momento da seleção de clones superiores (RESENDE; DUARTE, 2007).

Os clones também foram submetidos a metodologia de Annicchiarico (1992). Annicchiarico pondera que, toda prática agrícola carrega consigo um grau de risco, passível de quantificação, e que essa medida pode auxiliar a tomada de decisão quanto à seleção dos genótipos. O método proposto pelo autor estima uma medida chamada de índice de confiança ( $W_i$ ). A confiabilidade na recomendação aumenta de forma diretamente proporcional ao  $W_i$ , ou seja, quanto maior  $W_i$  maior será a confiabilidade. Após estimativa de  $W_i$  foi realizado um

ranqueamento para melhor visualização dos clones de maior confiança. Devido ao elevado número de clones, somente os 10 primeiros colocados estão apresentados na tabela 3.

Tabela 2 – Valores do índice de confiança ( $W_i$ ) para os dez clones com maior estabilidade pelo método de Annicchiarico ( $W_i$ ).

Clones	1112	127	1277	13	1269	496	867	801	1298	69
$W_i$	119.03	116.60	114.27	113.08	108.22	106.66	106.20	104.31	103.41	103.25

$W_i$ : índice de confiança de Annicchiarico

Tabela 3 – Ranqueamento dos genótipos pelo método de Eberhart e Russell, ordenadas pela média de forma decrescente.

GEN	$\beta_0$	$\beta_1$	$\delta_{di}^2$	$R^2$
1112	73.93	1.91	-171.79	0.79
127	73.19	0.59	1616.93	0.55
1277	72.64	1.82	-134.22	0.62
13	72.10	1.47	-100.43	0.48
801	70.68	3.06	918.49	0.73
1269	70.16	1.35	1369.89	0.46
1283	69.61	1.16	1574.53	0.82
804	69	3.23	740.82	0.80
1298	68.62	1.57	1313.54	0.41
867	67.87	2.20	-183.96	0.82

GEN: genótipo;  $\beta_0$ : média;  $\beta_1$ : coeficiente de regressão;  $\delta_{di}^2$ : desvio de regressão;  $R^2$ : coeficiente de determinação da regressão.

Os clones 1112, 127, 1277, 13 e 1269, foram os primeiros colocados de acordo com o método de Annicchiarico. Esse ranqueamento não está muito distante daquele apresentado pelas estimativas dos  $BLUP_{g+ge}$ , onde esses clones também aparecem entre os melhores colocados com certa frequência.

Além do método proposto por Annicchiarico, a estabilidade dos clones também foi avaliada com a metodologia proposta por Eberhart e Russell (1966). Nessa metodologia os melhores clones são aqueles que, além de uma produtividade média elevada, também apresentam coeficiente de regressão próximo de um e baixo desvio de regressão.

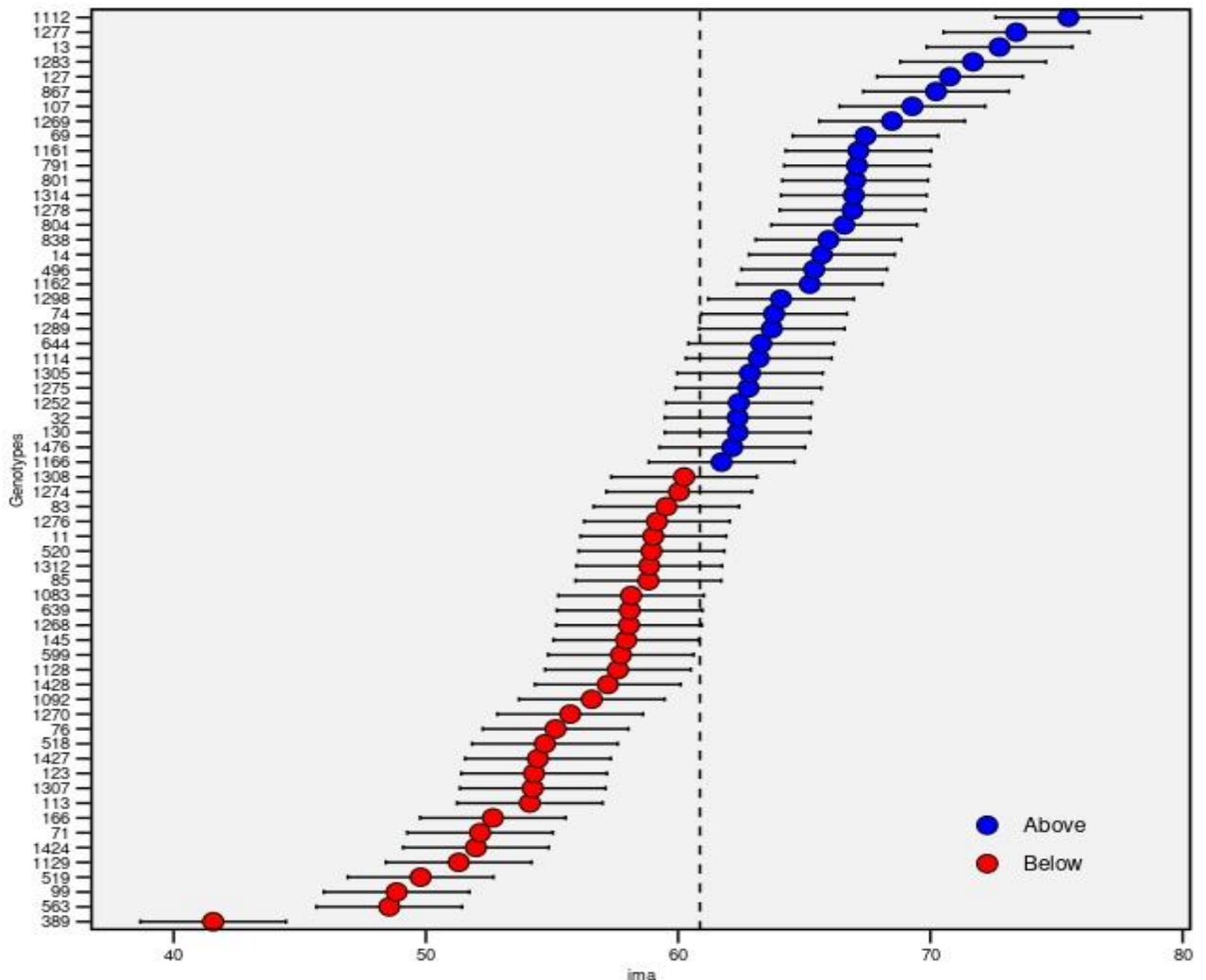
A estabilidade de acordo com o método proposto por Eberhart e Russell apresentou uma mudança no ranqueamento, quando comparado com Annicchiarico. Apesar desta

mudança no ranqueamento criado pelo método de Eberhart e Russel, os clones 1112, 1277 e 13 continuam entre aqueles com maior estabilidade. No entanto os clones 127 e 1269 não foram considerados estáveis de acordo com esta metodologia, já que seus desvios padrões estão entre os mais altos de todos os clones (1616 e 1369, respectivamente).

### **3.2 Produtividade, estabilidade e adaptabilidade dos clones**

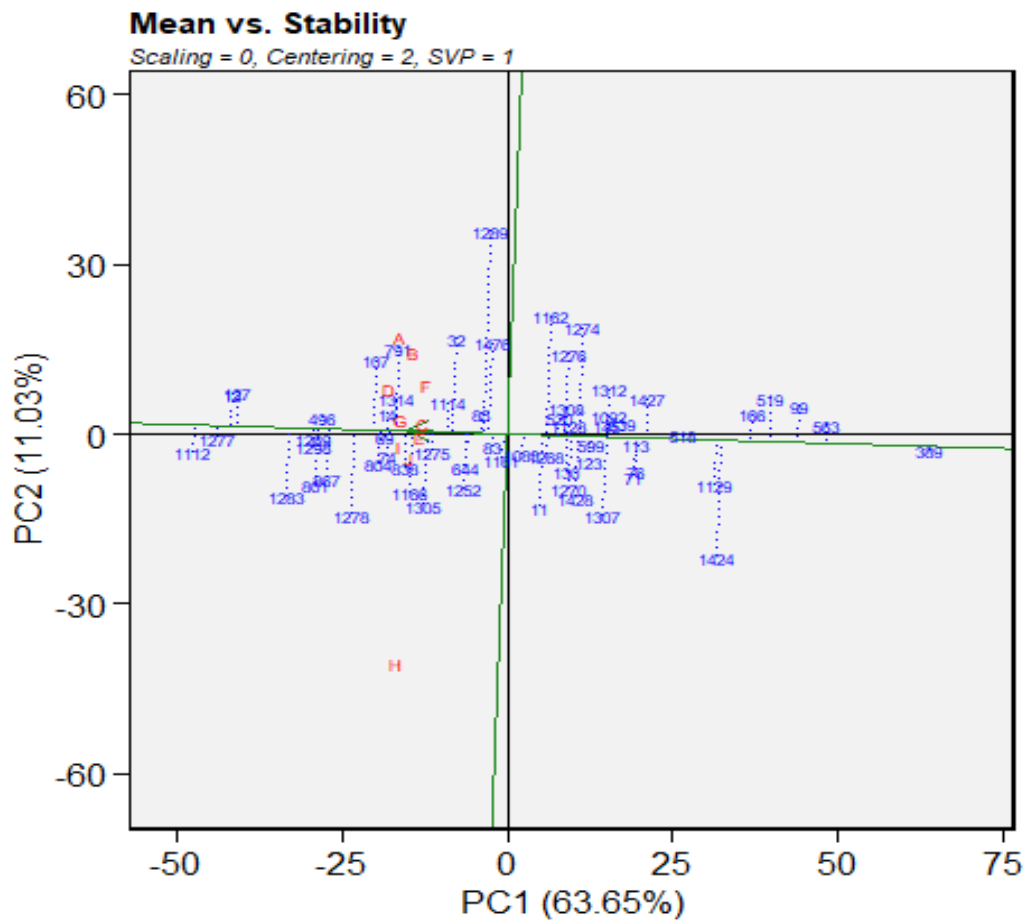
As estimativas BLUPg da variável IMA estão representadas na figura 2. A linha pontilhada na vertical representa a média geral ( $60.87 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$ ) das estimativas BLUPg. Os clones foram ranqueados em relação à média, aqueles à direita da linha pontilhada estão acima da média, enquanto que aqueles à esquerda da linha pontilhada estão abaixo. O intervalo de confiança para a predição dos genotípicos ( $m + \text{BLUP}$ ) mostrado na Figura 3 é o de 95%. Os valores de IMA estão entre  $41,56 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$ , para o clone 389, e  $75,47 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$  para o clone 1112.

Figura 2 – Produtividade de madeira predita (IMA em  $\text{m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$ ) por meio dos valores genotípicos (BLUP) ao longo de toda as regiões.



Na figura 3 temos o gráfico Biplot do tipo “*Mean vs. Stability*”. Nesse gráfico os eixos quase paralelos a abscissa e ordenada são chamados de AEC (Average Environment coordinate), a seta presente no eixo paralelo a abscissa aponta para o sentido de maior produtividade média. Desta forma quanto maior a projeção dos clones no sentido indicado pela seta maior será sua produtividade esperada. Neste caso o clone 1112 é o que apresenta maior rendimento médio, seguido pelos clones 1277, 13, 127 e 1283. A estabilidade dos clones é indicada através das linhas pontilhadas que são projetadas a partir da linha AEC paralela à abscissa. Quanto menor a linha pontilhada maior é a estabilidade do clone. Concluimos então que os clones 69, 496, 113, 518, 389, 1277 e 1269, são os mais estáveis.

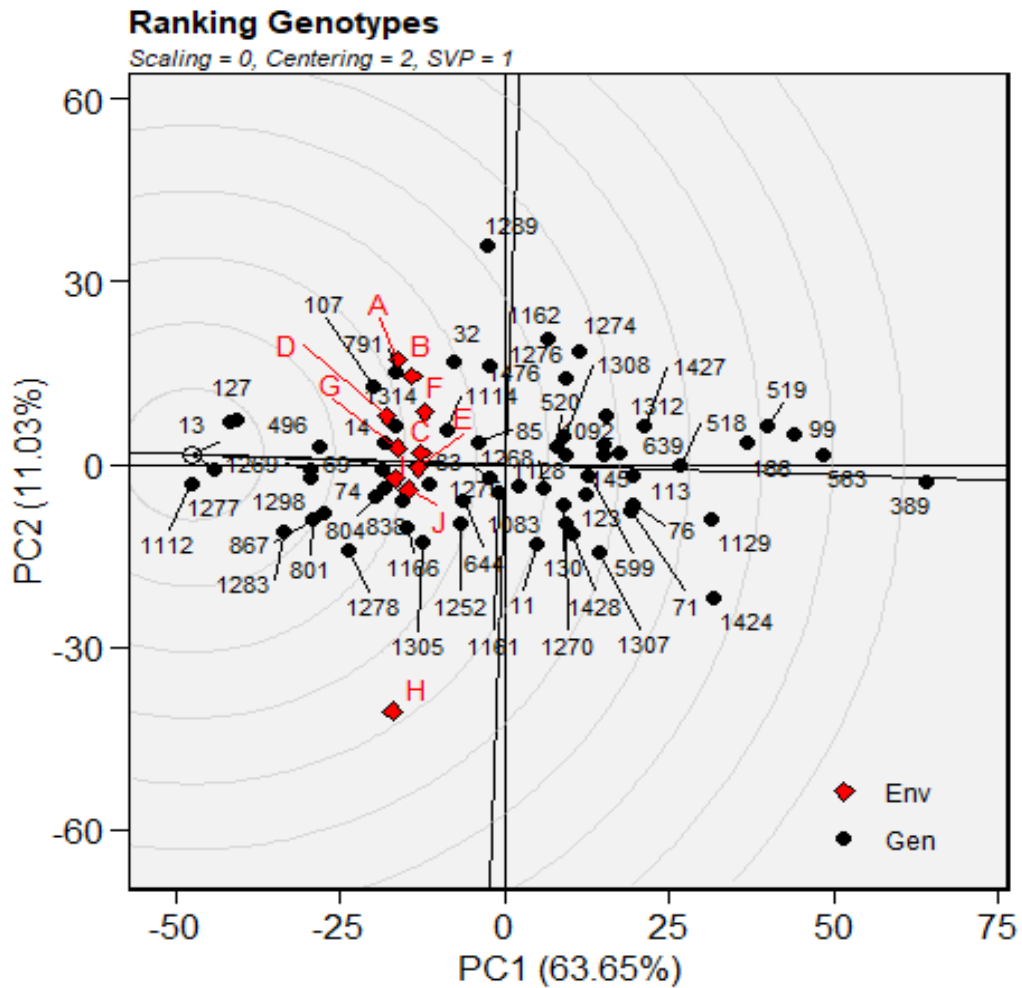
Figura 3 – Gráfico GGE biplot do tipo "Mean vs. Stability"



Fonte: Do autor (2023)

O gráfico Biplot de "Ranking Genotypes" (figura 4), nos permite averiguar quais dos clones estão mais próximos de um clone ideótipo, criado pela metodologia GGEbiplot. Esse ideótipo é representado por um pequeno círculo com uma seta apontando para ele, possuindo a maior produtividade e estabilidade. Os clones são ranqueados de acordo com sua distância do clone ideal. Os clones 1277, 1112 e 13, foram aqueles que mais se aproximaram de um clone ideal. Já os clones 389, 563 e 99 são os que mais se distanciam do ideótipo.

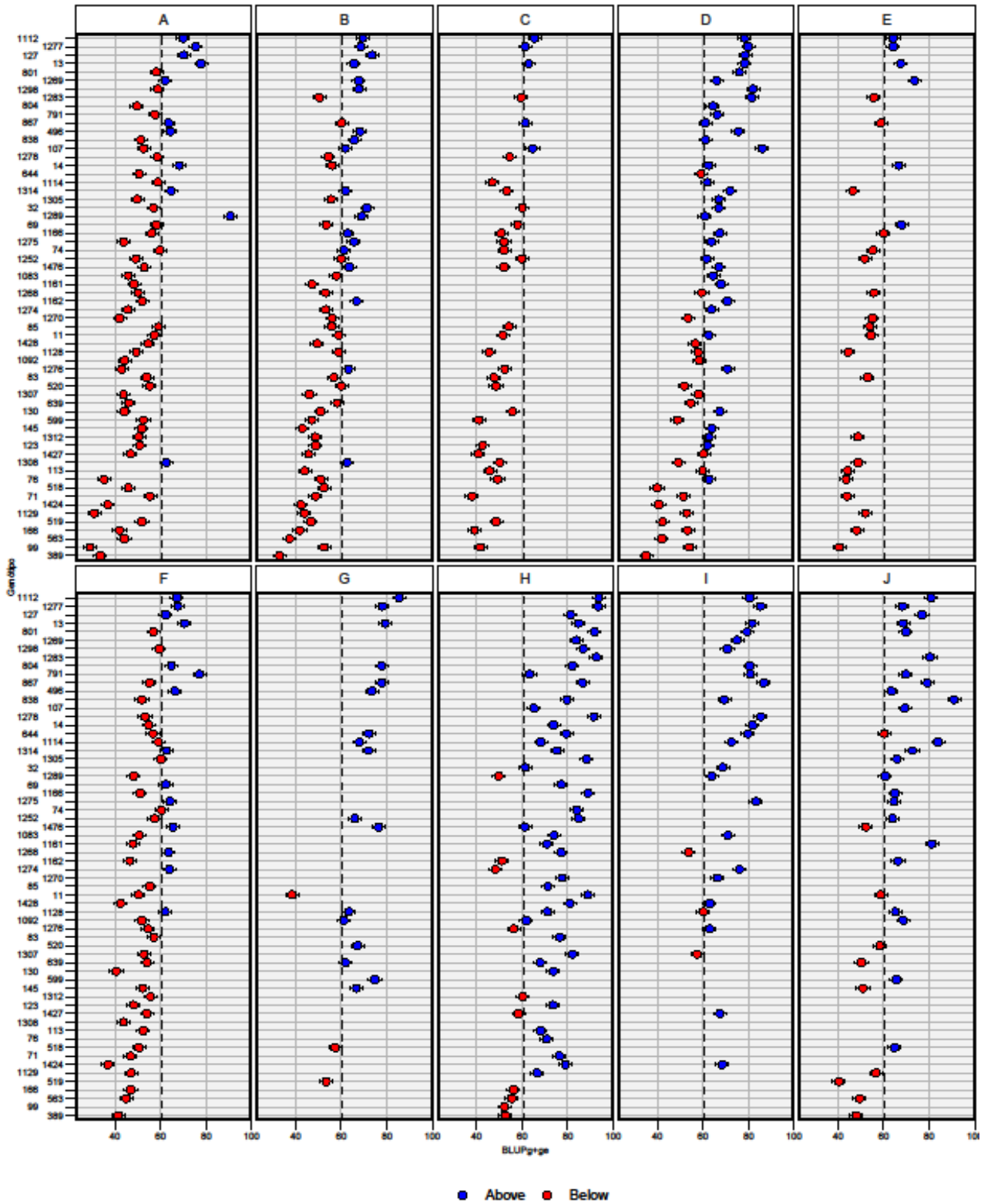
Figura 4 – Gráfico GGE biplot do tipo "Ranking Genotypes" em relação ideótipo. O ideótipo está apontado como o menor dos círculos concêntricos.



Fonte: Do autor

Os clones ranqueados nas primeiras posições quando consideramos apenas os  $BLUP_g$  (Figura 2) se mostraram acima da média para as 10 regiões de teste, quando consideramos os  $BLUP_{g+ge}$  (Figura 5). A região "A" apresentou o maior número de clones abaixo da média geral, considerando todos os experimentos. Nesse local os clones 1289, 13, 1277, 1112 e 127 apresentaram o melhor desempenho. Parte do resultado observado no local "A" pode ser atribuído ao período de estiagem nesta região, que é mais acentuado e prolongado em relação aos locais de teste no estado de São Paulo.

Figura 5 – Produtividade prevista, via BLUP<sub>g+ge</sub>, para os clones de *Eucalyptus spp.* todos os 10 locais de avaliação.



Fonte: Do autor (2024).

Na região “B” houve mudança de ranqueamento, em relação ao  $BLUP_g$ , sendo o clone 127 o de melhor desempenho nesta localidade, seguido dos clones 32, 1112, 1289 e 1277, respectivamente. A mudança de ranqueamento dos clones entre as regiões indica a existência de uma interação GxA complexa, a qual pode ser explorada pelos melhoristas a fim de selecionar clones mais adaptados em cada região. Os clones 1112, 107, 13, 867 e 1277 foram os únicos acima da média geral na região “C”. Dentre todas as regiões esta foi a que apresentou o menor número de clones acima da média geral, indicando que “C” é uma região em que o *Eucalyptus spp.* possui menor produtividade.

Na região “D” houve alterações no ranqueamento em relação à média das outras regiões. Por exemplo, o clone 107 foi o que apresentou melhor desempenho nessa região, seguido pelos clones 1283, 1298 e 1277. Apesar de estar acima da média quando consideramos apenas o  $BLUP_g$ , o clone 107 não se encontra entre os primeiros colocados nas demais regiões. Por isso podemos atribuir essa alteração no ranqueamento à interação GxA, incluída no  $BLUP_{g+ge}$ .

De todas as regiões de teste, o “E” foi a que apresentou a menor quantidade de clones avaliados. Nesta região, o efeito da interação mudou o ranqueamento dos clones, com o clone 1269 sendo o mais produtivo. Em relação ao  $BLUP_g$ , o clone em questão foi ranqueado na oitava posição. As demais posições no ranqueamento dos clones mais produtivos no local “E” foram ocupadas pelos clones 13, 69, 14, 1112 e 1277, respectivamente.

O clone 791, ranqueado em 11º pelo  $BLUP_g$ , foi o mais produtivo na região “F” ( $BLUP_{g+ge}$ ), sendo seguido pelos clones 13, 1277, 1112 e 127, respectivamente. Considerando o  $BLUP_{g+ge}$ , o clone 791 só aparece entre os primeiros colocados na região “F”. Na localidade “G”, o ranqueamento  $BLUP_{g+ge}$  segue quase que perfeitamente o do  $BLUP_g$ , tendo como primeiro colocado o clone 1112 sendo seguido pelos clones 13 e 1277, respectivamente. A região “H” foi a região com maior número de clones acima da média de todas as regiões, indicando que este é um local que proporciona bom crescimento para o *Eucalyptus spp.*. Neste local, os clones 1112, 1277, 801 e 1283, foram os primeiros colocados. Nesta região o ranqueamento  $BLUP_{g+ge}$  se aproximou do ranqueamento  $BLUP_g$ , podendo indicar uma menor interação G x A.

Na região “I” o clone de maior produtividade foi o 867. No ranqueamento  $BLUP_g$  esse clone ficou na sexta posição. O desempenho do clone 867 variou ao longo das regiões, por

vezes ficando abaixo da média ou não apresentando desempenho relevante. O comportamento do clone 867 indica baixa estabilidade de acordo com o critério proposto por Cruz e Carneiro (2003). Além do clone 867, temos entre os clones mais produtivos na região “I” os clones 1278, 1277 e 1275, respectivamente no ranqueamento. Os clones 1278 e 1275 apresentaram um ranqueamento baixo em relação ao  $BLUP_g$ , sendo ranqueados em 14° e 26°, respectivamente. Essas alterações no ranking no local “I”, refletem o impacto da interação no desempenho dos clones testados. Por outro lado, o clone 1277, ranqueado em segundo lugar pelo  $BLUP_g$ , tem apresentado um desempenho estável. Esse resultado está de acordo com aquele observado no GGE biplot “média vs estabilidade” (Figura 3), que também indicou o clone 1277 como tendo bom desempenho e estabilidade ao longo das localidades.

Por fim, na região “J”, observamos um novo arranjo no ranqueamento. Nessa região, o clone 838, que até então não tinha aparecido nas primeiras colocações nos demais regiões, foi o mais produtivo. Considerando o  $BLUP_g$ , esse mesmo clone foi ranqueado na 16° posição. O desempenho do clone 838 apresentou instabilidade ao longo dos diferentes locais de teste, apresentando desempenho abaixo da média em alguns locais. Essa oscilação de desempenho entre regiões é característica de clones com baixa estabilidade (Wricke, 1964). Logo atrás do clone 838, no ranqueamento  $BLUP_{g+ge}$  para a região “J”, seguem os clones 1114, 1161, 1112 e 1283, que estão ranqueados de acordo com o  $BLUP_g$  nas posições 24°, 10°, 1° e 4°, respectivamente. Observe-se que a interação genótipo por ambiente teve grande impacto no ranqueamento na região “J”, já os melhores genótipos neste ambiente não aparecem entre os cinco melhores nas demais localidades.

Os resultados obtidos mostram que os clones mais produtivos, considerando a interação, para cada ambiente de teste são os clones 1289 e 13 na região “A”, 127 e 32 na região “B”, 1112 e 107 na região “C”, 107 e 1283 na região “D”, 1269 e 13 na região “E”, 791 e 13 na região “F”, 1112 e 13 na região “G”, 1112 e 1277 na região “H”, 867 e 1278 na região “I” e, por fim, 838 e 1114 na região “J”. Dos clones avaliados, aqueles que se aproximam de um clone ideal, de acordo com o GGEbiplot “Ranking Genotype”, foram os clones 1277, 1112, 13 e 127. Vale ressaltar que esses clones sempre aparecessem nas primeiras posições na maioria dos ambientes.

Dentre os melhores colocados em cada ambiente, os clones 1112, 1277, 13 e 127 foram os que apresentaram maior estabilidade, de acordo com a metodologia GGEbiplot. Esses clones também foram classificados como tendo boa estabilidade, pela metodologia de

Eberhart e Russell, com exceção do clone 127, o qual apresentou elevado desvio de regressão ( $\delta_{di}^2$ ). Os quatro clones também foram classificados como os mais estáveis pela metodologia de Annicchiarico (1992). As informações de desempenho em cada ambiente e de estabilidade dos clones são de grande auxílio para o melhoramento, indicando quais cultivares são mais promissoras em determinada localidade, possibilitando a escolha de genitores mais promissores. Outro fator importante em ter tais informações disponíveis reside na assertividade no momento da recomendação para plantios comerciais, contribuindo para a seleção de clones melhores adaptados a cada localidade.

#### **4 CONCLUSÃO**

O estudo da interação GxA, da adaptabilidade e estabilidade dos 62 clones de eucalipto nas 10 sub-regiões possibilitou uma melhor compreensão do comportamento do material genético estudado para as diferentes regiões de avaliação. Concluímos que as sub-regiões H, I, G, J e D, proporcionaram as produtividades médias mais altas, respectivamente. As sub-regiões C, E, A, B e F, apresentaram as produtividades médias mais baixas, respectivamente. Os clones que apresentaram maior estabilidade foram os clones 867, 1112, 1277 e 13. Os clones com maior produtividade e adaptabilidade foram os clones 1112 e 1277. Em posse das informações obtidas neste trabalho os melhoristas podem tomar decisão mais assertivas na condução dos programas de melhoramento, bem como realizar recomendações mais precisas para o plantio comercial em cada sub-região.

## REFERÊNCIAS

- ANNICCHIARICO, P. **Cultivar adaptation and recommendation from alfafa trials in Northern Italy.** Journal of Genetics & Breeding, Madison, v.46, p.269-278, 1992.
- BAESSO, R. C. E.; RIBEIRO, A.; SILVA, M. P. **Impacto das mudanças climáticas na produtividade do eucalipto na região norte do espírito santo e sul da Bahia.** Ciencia Florestal, v. 20, n. 2, p. 335–344, 2010.
- COOPER, M. *et al.* **Breeding drought-tolerant maize hybrids for the US corn-belt: discovery to product.** Journal of Experimental Botany, v. 65, ed. 21, p. 6191 – 6204, 2014.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Editora UFV, Viçosa, ed. 1, v. 2, p. 585, 2003.
- CRUZ, C. D. *et al.* **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Editora UFV, Viçosa, ed. 4, v. 1, p. 514, 2012.
- EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. **Stability parameters for comparing varieties.** Crop science, v. 6, n. 1, p. 36-40, 1966.
- MARIOTTI, I. A. *et al.* **Analisis de estabilidad y adaptabilidad de genotipos de cana de azucar. Interacciones dentro de una localidad experimental.** Revista Agronomica del Nordeste Argentino, Tuculman , v. 13, n. 14, p. 105-127, 1976.
- NUNES, G. H. de S. *et al.* **Implicações da interação genótipos x ambientes na seleção de clones de eucalipto.** Cerne, v. 8, n. 1, p. 49–58, 2002.
- OLIVEIRA, E. B. *et al.* **O eucalipto e a Embrapa: quatro décadas de pesquisa e desenvolvimento.** Brasília: Embrapa, p. 1161, 2021.
- OLIVOTO, T.; LÚCIO, A. D. **Metan: an R package for multi-environment trial analysis.** Methods in Ecology and Evolution, ed. 6, v. 11, p. 783-789, 2020.
- R Core Team. **R: A Language and Environment for Statistical Computing.** R Foundation for Statistical Computing, Vienna, 2023. <https://www.R-project.org/>
- RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. **Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares.** Pesquisa Agropecuária Tropical, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.
- REZENDE, G. D. S. P. *et al.* **Clonal composites: An alternative to improve the sustainability of production in eucalypt forests.** Forest Ecology and Management, v. 449, n. 117445, 2019.
- VERGANI, A. R. **Interação clone por ambiente e estratificação de regiões para avaliação de clones de eucalipto.** 2021. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2021.

**WRICKE, G. Uber eine Methode zur Erfassung der okologischen Streubreite in Feldversuchen.** ZEITSCHRIFT FUR PFLANZENZUCHTUNG-JOURNAL OF PLANT BREEDING, v. 47, n. 1, p. 92-96, 1962.

**YAN, W. et al. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data.** Crop science, v. 47, n. 2, p. 643-653, 2007.

**YAN, W. Analysis and handling of  $G \times E$  in a practical breeding program.** Crop Science, v. 56, n. 5, p. 2106-2118, 2016.

**YAN, W. Two types of GGE biplots for analyzing multi-environment trial data.** Crop Science, v.41, n.3, p.656-663, 2001.

## **CAPÍTULO 2 - USO DE SIMULAÇÃO ESTOCÁSTICA PARA COMPARAÇÃO DA SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPULACIONAL COM A SELEÇÃO RECORRENTE INTERPOPULACIONAL NA CULTURA DO *Eucalyptus spp.***

### **RESUMO**

O *Eucalyptus spp.* é um gênero de plantas exóticas de grande importância para o mercado florestal brasileiro, sendo matéria prima para produtos como celulose, carvão, painéis laminados, carvão, entre outros. Devido a importância da espécie, é de interesse comercial que sua produtividade seja mantida em níveis elevados. Para tanto, os programas de melhoramento utilizam diferentes estratégias de melhoramento para aumentar a produtividade das florestas de eucalipto. Entre os métodos disponíveis, dois são muito utilizados pelos programas de melhoramento, a seleção recorrente intrapopulacional (SRR) e a seleção recorrente interpopulacional (SRI). Tanto a SRR quanto a SRI são metodologias cíclicas de avaliação, seleção e recombinação, no entanto a SRR demanda um maior tempo e mão de obra para a execução de um ciclo, sendo impraticável a condução simultânea destes dois métodos. Desta forma, o presente trabalho realizou a comparação das duas metodologias em questão por meio de simulações estocásticas. Para a realização das simulações foi utilizado o pacote AlphaSim do software R, juntamente com informações de parâmetros genéticos previamente determinados. Foram simulados um total de 24 ciclos de seleção, com valores de variância aditiva ( $V_a$ ) iguais a 5, 10, 20 e 30, combinados com valores de grau de dominância (DD) iguais a 0, 0.3, 0.7 e 1. Ao final das simulações foi observado que a SRI apresenta maiores ganhos que a SRR nos cenários de DD igual a 0, ganhos similares nos cenários de DD igual a 0.3 e ganhos inferiores nos cenários de DD igual a 0.7 e 1.

**Palavras-chave:** Simulação estocástica; Seleção recorrente intrapopulacional; Seleção recorrente interpopulacional; AlphaSim; Genética e melhoramento de plantas.

## ABSTRACT

*Eucalyptus spp.* is an exotic species of great importance to the Brazilian forest market, serving as raw material for products such as pulp, charcoal, laminated panels, among others. Due to the species' significance, it is commercially desirable that its performance be as high as possible, and thus, breeding programs utilize different improvement strategies to increase *Eucalyptus spp.* forest productivity. Among the available methods, two are widely used by breeding programs: intrapopulational recurrent selection (IRS) and reciprocal recurrent selection (RRS). Both IRS and IPS are cyclic methodologies involving evaluation, selection, and recombination, requiring a considerable amount of time and labor for implementation. Therefore, conducting these two methodologies simultaneously for extended periods to compare gains becomes impractical. In this context, the present study compared the two aforementioned methodologies through stochastic simulations. The AlphaSim package of the R software, along with previously determined genetic parameter information, was used for simulations. A total of 24 selection cycles were simulated, with additive variance ( $V_a$ ) values equal to 5, 10, 20, and 30, combined with degrees of dominance (DD) equal to 0, 0.3, 0.7, and 1. At the end of the simulations, it was observed that IPS yields greater gains than IRS in scenarios with DD equal to 0, similar gains in scenarios with DD equal to 0.3, and inferior gains in scenarios with DD equal to 0.7 and 1.

**Keywords:** Stochastic simulation; Intrapopulational recurrent selection; Interpopulational recurrent selection; AlphaSim; Plant genetics and breeding.

## 1 INTRODUÇÃO

Apesar do aumento significativo da produtividade da eucaliptocultura ao longo de sua existência, os relatórios dos últimos anos apontam para uma estagnação na produtividade (IBA, 2014; 2021). Uma opção, visando superar essa situação, seria o aperfeiçoamento em nosso conhecimento quanto as respostas da cultura do eucalipto frente a diferentes metodologias de melhoramento, como programas com seleção recorrente recíproca (SRR) e seleção recorrente intrapopulacional (SRI).

A SRI se inicia pela obtenção de uma população base, advinda de diferentes materiais de interesse, os melhores indivíduos dessa população serão inter cruzados e seus descendentes irão compor a população do ciclo seguinte. Após sucessivos ciclos de seleção e cruzamento dos melhores indivíduos espera-se que a quantidade de alelos favoráveis na população tenha aumentado, melhorando assim, o desempenho agrônômico da população. Graças a sua praticidade e rápido retorno de resultados o método da SRI é largamente utilizado na eucaliptocultura (RESENDE, 2021). Em contrapartida, este método tem a desvantagem de, ao longo dos ciclos, extinguir possíveis grupos heteróticos, dificultando assim, em casos de baixa frequência alélica, a exploração da heterose em ciclos futuros.

No método da SRR utiliza-se duas populações ou grupos heteróticos, complementares geneticamente, que serão melhoradas com base no desempenho dos híbridos entre elas. O intuito é capitalizar o vigor híbrido e, para isso, mantém-se a pureza genética dos grupos heteróticos. Nesse método é imprescindível que as duas populações tenham boa complementariedade, como no caso das espécies *E. grandis* e *E. urophylla* amplamente utilizadas no melhoramento florestal brasileiro. Enquanto o *E. grandis* apresenta rápido crescimento e boa qualidade da madeira para celulose, o *E. urophylla* é mais rústico, tolerando mais estresses abióticos e bióticos. Na SRR, após a escolha das duas populações divergentes vários cruzamentos são realizados entre elas para obtenção dos híbridos interespecíficos. Esses híbridos são avaliados e selecionados, podendo ocorrer nesse ponto a recomendação dos melhores como cultivares (RESENDE, 2021). A continuidade do ciclo se dá através da recombinação dos genitores dos melhores híbridos dentro da sua respectiva população, contribuindo para a manutenção da variabilidade genética entre as populações ou até mesmo aumentando (VETTORAZZI, 2015).

Vale ressaltar que, a SRR é mais complexa e demanda mais mão de obra na medida em que, neste método, os grupos heteróticos distintos devem ser melhorados separadamente e a hibridação é feita ao final de cada novo ciclo de melhoramento. Por outro lado, a SRR apresenta a vantagem de aproveitar melhor a heterose em todos os novos ciclos de melhoramento. Dado o longo prazo e alta demanda de mão de obra em cada ciclo de melhoramento, se torna impraticável a condução dessas duas metodologias simultaneamente, por longos períodos, visando a comparação dos ganhos.

Um dos maiores gargalos no melhoramento de espécies florestais é o tempo necessário para realizar um ciclo de seleção. As árvores demoram para atingir a maturidade reprodutiva e apresentam expressão tardia de caracteres de interesse, como a madeira. Mesmo apresentando um tempo para florescimento relativamente curto, em média três anos, quando comparado com outras espécies florestais, o eucalipto ainda necessita de no mínimo 12 anos para completar um ciclo de melhoramento (NOVAES, 2020). Esse fato, adicionalmente ao elevado custo de um programa de melhoramento, torna inviável que diferentes métodos de melhoramento sejam implementados e conduzidos ao mesmo tempo. Logo, a comparação empírica entre tais métodos é impraticável. Nesse cenário é de grande utilidade ferramentas que possibilitem a simulação dos diferentes fatores e processos que influenciam no melhoramento genético, garantindo uma melhor tomada de decisão (BRITO, 2012).

Simulação estocásticas são procedimentos que trabalham com dados gerados aleatoriamente ou pseudo-aleatoriamente, visando prever ou explorar o comportamento de certas variáveis (PODRAN, 2001). Em se tratando de melhoramento, existem diversos fenômenos genéticos estocásticos, como a permuta genética, pareamento aleatório dos cromossomos homólogos na meiose, mutações, deriva genética e a interação de genótipos com ambientes. A possibilidade de simular esses processos genéticos aleatórios, bem como os procedimentos operacionais dos diferentes métodos disponíveis, garante ao melhorista uma chance de vislumbrar, de forma aproximada, como diferentes métodos irão se comportar ao longo dos vários ciclos de seleção e recombinação. Com essa finalidade pacotes como o AlphaDrop (HICKEY & GORJANC, 2012), AlphaSimPlant e AlphaMPSim (HICKEY *et al.*, 2014), foram desenvolvidos ao longo dos anos. Através da combinação desses três pacotes e algumas funções adicionais foi criado o AlphaSim, um pacote do R (R Core Team 2023) que possibilita a simulação de cruzamentos, estratégias de seleção e esquemas de cruzamentos.

Em vista do exposto, este trabalho tem por objetivo comparar, por meio de simulação estocástica, o desempenho da seleção recorrente recíproca (SRR) e seleção recorrente

intrapopulacional (SRI) na cultura do eucalipto ao longo de 24 ciclos de seleção. Para a realização da simulação foi utilizado o software R em conjunto com o pacote AlphaSim.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1 Estabelecimento do material de trabalho

Foram simulados dois grupos heteróticos, um com os parâmetros genético-genômicos de *Eucalyptus grandis* e outro de *Eucalyptus urophylla*. O tamanho da população base de cada espécie foi estabelecido em 250 indivíduos, sendo selecionados 20 genitores dentro de cada grupo. Para simular o momento de diferenciação da população fundadora nos dois grupos heteróticos, utilizou-se o parâmetro “Split” = 30. O número de QTLs e o comprimento do genoma foram determinados previamente de acordo com o trabalho de Silva Junior *et al.* (2015). Ao número de QTLs, dada a complexidade do caráter produtividade de madeira, foi atribuído um total de 5500 QTLs, sendo a magnitude de seus efeitos escolhidos aleatoriamente a partir de um conjunto de valores gerados pela distribuição gama.

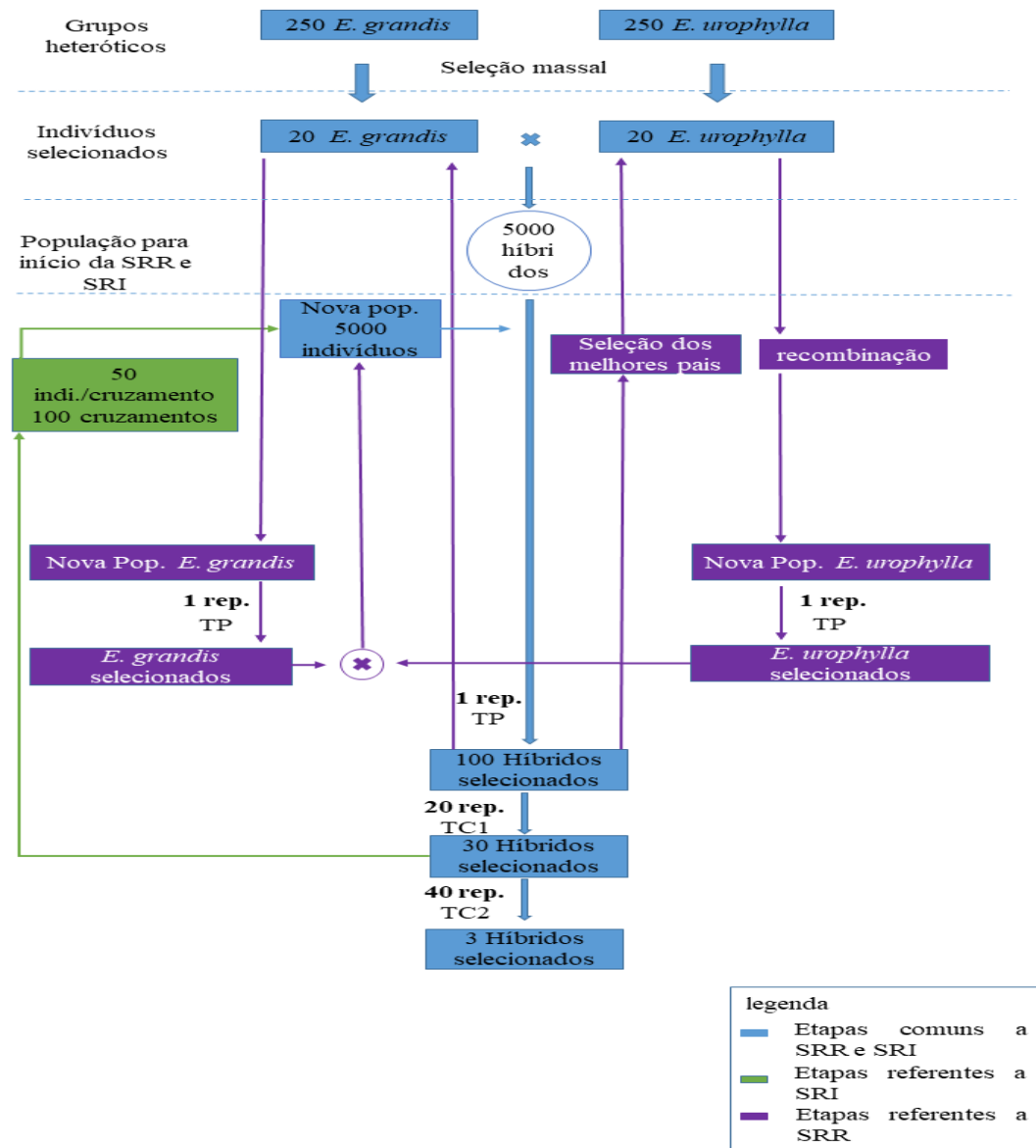
A herdabilidade no sentido amplo ( $H^2$ ) e no sentido restrito ( $h^2$ ) foram fixadas em 0.45 e 0.20, respectivamente, conforme mostrado por Ziegler e Tambarussi (2022). O tamanho do genoma considerado foi de  $6.9 \times 10^8$  pares de base (pb), a quantidade de cromossomos (nChr) simulados para a população fundadora foi de 11 cromossomos, cada um desses com 500 QTLs segregantes (segSites) e um comprimento do mapa genético (genLen) de 1.3 Morgans (MYBURG *et al.* 2014). Na tentativa de representar o gargalo genético ocorrido a partir da introdução da espécie no Brasil, a população fundadora foi simulada com um tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) de 30. Foi estabelecido uma taxa de mutação na ordem de  $4.8 \times 10^{-8}$  (SILVA JUNIOR; GRATTAPAGLIA, 2015).

As simulações foram realizadas considerando a combinação de quatro níveis diferentes de variância aditiva ( $V_a$ ) e grau dominância (DD), sendo 5, 10, 20 e 30, para a  $V_a$  e 0, 0.3, 0.7 e 1 para DD. No primeiro ciclo, dentro de cada população fundadora (*E. grandis* e *E. urophylla*), foram selecionados os 20 indivíduos com melhores fenótipos (seleção massal) para serem usados nos cruzamentos. A atribuição dos fenótipos é feita com modelagem baseada na teoria de genética quantitativa, que converte o genótipo de um indivíduo (para os vários QTLs) em valor genético (gv) que, por sua vez, é convertido em fenótipo por meio da introdução de efeitos ambientais e da interação GxA, com base na herdabilidade. Para isso foi utilizado um modelo com efeitos aditivos, de dominância e de interação genótipo por

ambiente. Os cruzamentos entre os indivíduos selecionados de *E. grandis* e *E. urophylla* ocorreram de forma aleatória, com a função randCross2 do AlphaSim, gerando um primeiro teste de progênes com 100 famílias de irmãos-completos contendo 50 indivíduos cada.

A partir desse teste de progênes iniciaram-se os ciclos de seleção recorrente, tanto intrapopulacional como recíproca. A seguir será detalhada a simulação desses ciclos nas duas estratégias de melhoramento.

Figura 1 Representação dos esquemas de obtenção da primeira população híbrida e etapas do primeiro ciclo das metodologias de seleção recorrente recíproca (SRR) e seleção recorrente intrapopulacional (SRI).



Rep.: repetições; TP: teste de progênes; TC1: teste clonal 1; TC2: teste clonal 2. Fonte: Do autor (2023).

## 2.2 Ciclos de Seleção Recorrente Intrapopulacional

A simulação da seleção recorrente intrapopulacional foi realizada com 24 ciclos de melhoramento, sendo os 4 primeiros de burn-in, e 10 repetições, para cada uma das 16 combinações de  $Va \times DD$ . Cada repetição foi realizada com uma população fundadora diferente. Cada ciclo de seleção foi composto por uma fase de teste de progênie e duas fases de testes clonais: teste clonal 1 e teste clonal 2. Cada uma das três fases teve uma duração de quatro anos, que consiste em um tempo razoável para se avaliar a produtividade de biomassa lenhosa de eucalipto no Brasil (PAVAN *et al.*, 2014).

No teste de progênies foram selecionados os 100 melhores indivíduos dentre os 5000 oriundos dos cruzamentos entre os 20 melhores parentais de cada espécie. A seleção foi baseada no fenótipo, i.e., massal, sem repetição, utilizando a herdabilidade no sentido restrito ( $h^2 = 0.20$ ). Os 100 melhores indivíduos seguiram para a fase de teste clonal 1, onde foram avaliados com 20 repetições. Os 30 melhores indivíduos selecionados no teste clonal 1 seguiram para o teste clonal 2, onde foram avaliados em experimentos com 40 repetições com a finalidade de selecionar os três melhores. Nos testes clonal 1 e 2 considerou-se a herdabilidade em sentido amplo ( $H^2 = 0,45$ ), ao nível de indivíduo. Ao final do primeiro ciclo de SRI os três indivíduos selecionados foram recomendados como cultivares. Os valores genéticos médios dessas três cultivares foram tomados como a produtividade final de cada ciclo. A média e o erro padrão dessas medidas de produtividade de cada ciclo, nas dez repetições, foram plotadas com o pacote ggplot2 (WICKHAM, 2014). O gráfico tem o objetivo de mostrar o ganho de seleção por ano, desde o início do programa, sob os diferentes parâmetros genéticos testados (16 combinações de  $Va \times DD$ ).

Para a continuação do programa de SRI utilizou-se os 30 indivíduos selecionados na fase de teste clonal 1. Esses indivíduos foram intercruzados de forma aleatória, com a função randCross, seguindo o que foi planejado inicialmente, ou seja, 100 cruzamentos aleatórios com uma progênie de 50 indivíduos por cruzamento ou família. Com isso, restitui-se a população inicial de cada ciclo, que é sempre formada por um teste de progênies com 5000 indivíduos. A simulação se repete até que os 24 ciclos de SRI sejam finalizados.

### 2.3 Ciclos de Seleção Recorrente Recíproca

Na seleção recorrente recíproca (SRR) a obtenção de cultivares se dá de maneira idêntica à seleção recorrente intrapopulacional (SRI), ou seja, dentre os 5000 híbridos produzidos entre as populações de *E. grandis* e *E. urophylla* foram selecionados 100 indivíduos no teste de progênes híbridas, com zero repetições e considerando a herdabilidade no sentido restrito ( $h^2$ ) igual a 0.20. O teste clonal 1 contou com 20 repetições e nele foram selecionados os 30 melhores indivíduos, esses seguiram para o teste clonal 2 com 40 repetições e apenas os três melhores indivíduos foram selecionados e recomendados como cultivares. Tanto no teste clonal 1 como no teste clonal 2 foi considerada uma herdabilidade no sentido amplo ( $H^2$ ) de 0,45. Assim como na SRI a medida de produtividade da SRR foi tomada a partir da média do valor genético das três cultivares finais, selecionadas no teste clonal 2.

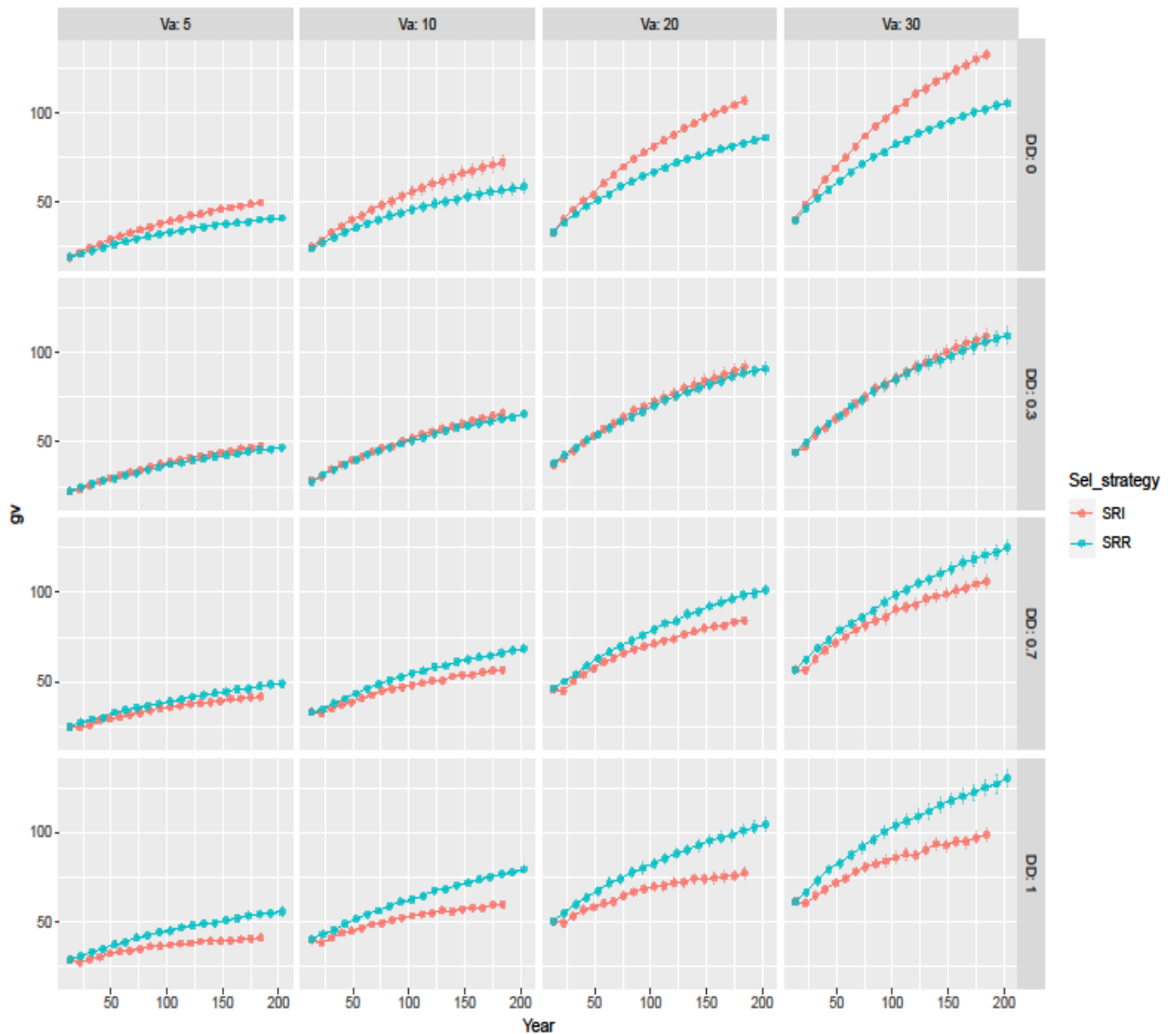
A diferença básica da SRR, em relação a SRI, está na manutenção da pureza genética de cada população, *E. grandis* e *E. urophylla*, ao longo dos ciclos de melhoramento. Na SRR os híbridos selecionados no teste clonal 1 servem como indicadores dos melhores genitores, sendo esses genitores os responsáveis pelo avanço dos ciclos. Sendo assim, os genitores maternos (*E. grandis*) dos 30 melhores híbridos foram intercruzadas ao acaso (função “randCross”), gerando 100 progênes de *E. grandis* com 50 indivíduos cada, totalizando 5000 indivíduos. Os 5000 indivíduos foram submetidos a um teste de progênie para seleção dos 50 melhores, através de deleção massal ( $h^2 = 0.20$ ). O mesmo procedimento foi realizado com os genitores paternos (*E. urophylla*) das 30 melhores progênes híbridas. A partir dos 50 genitores puros de cada população (*E. grandis* e *E. urophylla*) foram realizados 100 cruzamentos aleatórios, gerando uma nova população de 5000 indivíduos híbridos, a qual foi submetida a um teste de progênes híbridas, iniciando assim um novo ciclo de SRR.

## 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Em uma análise individual da SRI para diferentes valores de  $V_a$  e  $DD$  podemos observar que o acréscimo nos valores de  $V_a$  tem influência direta e positiva no ganho com a seleção. Por outro lado, o aumento do grau de dominância reduz o ganho com a seleção, já que os alelos recessivos passam despercebidos através do heterozigoto, dificultando a eliminação do alelo recessivo da população (BERNARDO, 2020).

As simulações considerando a SRR como estratégia de seleção evidenciam um acréscimo considerável no ganho com a seleção para valores de DD maiores que zero. O desempenho superior observado na SRR com o acréscimo do DD se deve ao fato de a SRR aproveitar melhor a heterose como consequência de acréscimo no grau de dominância (BERNARDO, 2020).

Figura 2 – Ganho com a seleção após 20 ciclos de melhoramento, considerando dois métodos de melhoramento (SRR e SRI) e diferentes combinações de valores de variância aditiva (Va) e grau de dominância (DD).



Fonte: Do autor (2023).

Comparando as duas metodologias, podemos observar uma superioridade da SRI para todos os níveis de Va quando o DD é igual a zero. Porém, conforme os valores do DD crescem, a eficiência da SRR se torna igual à da SRI, no cenário de DD igual a 0.3, e superior quando consideramos valores de DD iguais ou superiores a 0.7.

Os valores de DD iguais a zero e um foram usados com o intuito de produzir uma visualização mais ampla, porém, valores extremos como esses não são esperados na cultura do eucalipto. Segundo Henriques (2018), valores de grau médio de dominância da ordem de 0,35 para volume de madeira e 0,47 para altura são mais adequados para a espécie, enquanto que valores de Va ficam entre 6,0 - 9,7 para altura de planta e diâmetro a altura do peito e 18,0 – 25,0 para volume e madeira. Descartando valores extremos de Va e DD, seria mais realista trabalharmos com valores de Va entre 6,0 a 10,0 e DD entre 0,3 a 0,7. Desta forma, observando os quatro gráficos centrais da figura 1, podemos notar que a SRR só proporciona maiores ganhos com a seleção em casos de DD igual ou superior a 0.7, para todos os valores de Va.

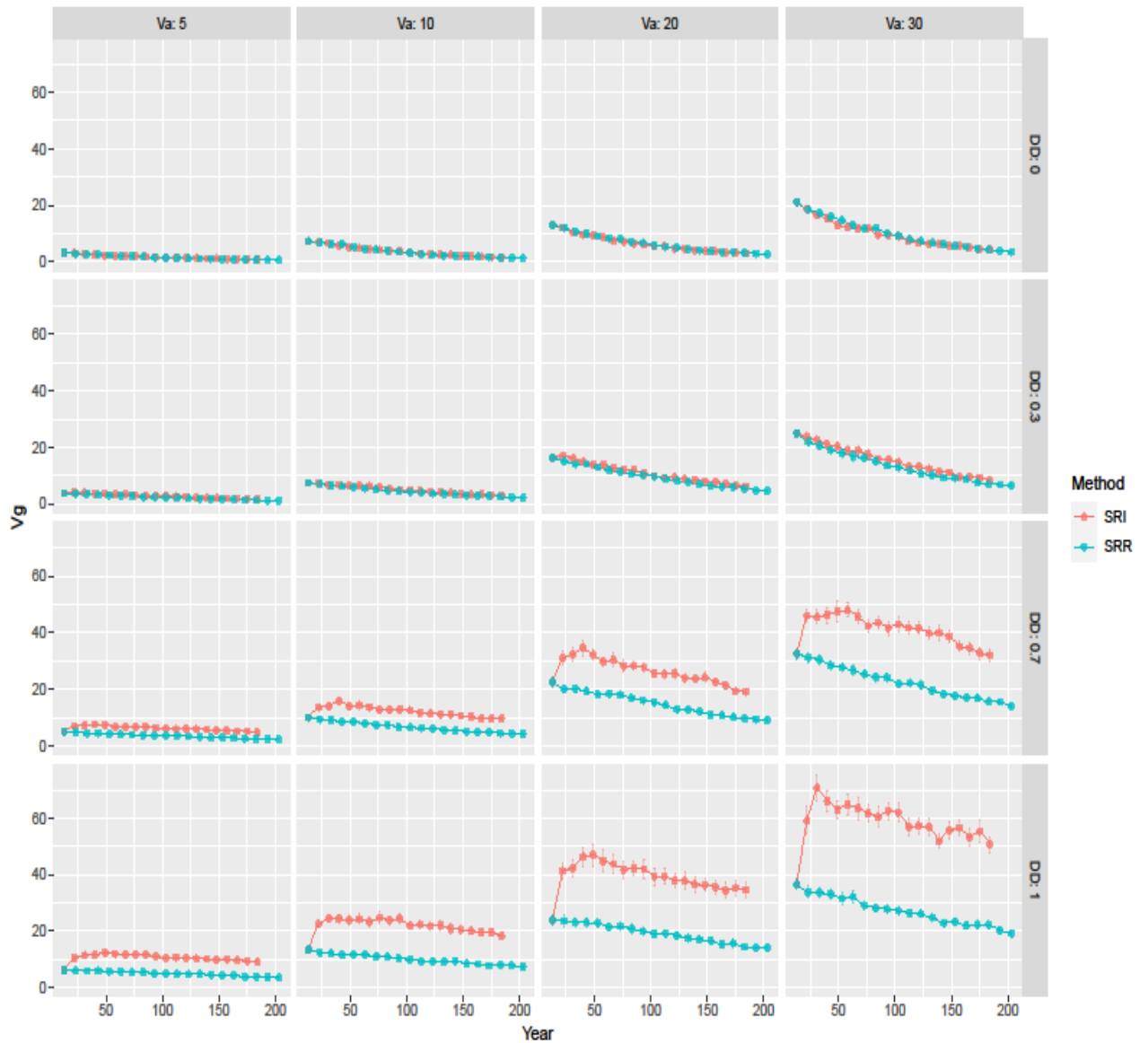
Tabela 4 – Resumo da análise de variância, para os valores de variância aditiva (Va), grau de dominância (DD) e estratégia de seleção (ES).

FV	GL	SQ	QM	F	p
Va	1	242323	242323	1186.3957	2.2 <sup>-16</sup> ***
DD	1	14202	4202	69.5304	2.442 <sup>-15</sup> ***
ES	1	3318	3318	16.2429	7.007 <sup>-05</sup> ***
Va:DD	1	2438	2438	11.9360	6.268 <sup>-4</sup> ***
Va:ES	1	384	384	1.8802	0.171 <sup>ns</sup>
DD:ES	1	29654	9654	145.1826	2.2 <sup>-16</sup> ***
Va:DD:ES	1	3666	3666	17.9463	2.994 <sup>-5</sup> ***
Resíduo	312	63726	204		

A análise de variância realizada para os fatores variância aditiva, grau de dominância e estratégia de seleção mostram que os fatores estudados foram significativos ( $P < 0,01$ ). Isso indica que o ganho com a seleção pode responder de maneira distinta, considerando diferentes níveis de Va, DD e estratégia de seleção.

Na figura 3 temos a representação do comportamento da variância genética com o avanço dos ciclos da SRR e SRI. Podemos observar que independente da combinação de valores de  $V_a$  x  $DD$  a tendência é que ao longo dos ciclos de melhoramento a variância genética diminua, o que já era esperado. Observou-se que combinações de valores maiores de  $V_a$  e  $DD$  proporcionaram um aumento na variância genética, no início dos ciclos. Percebe-se que o aumento da variância aditiva interfere diretamente na inclinação dos gráficos, ou seja, acelera o decaimento da variância genética. Isso se deve ao fato de a  $V_a$  estar relacionada com a parte da variação que é herdável, ou seja, que está associada a fatores genético, podendo ser explorada através da seleção. Por outro lado, valores maiores de  $DD$ , causam a elevação dos gráficos, o que faz com que a variância genética, tanto inicial quanto final, sejam maiores. Isso ocorre pois, com o aumento do grau de dominância médio, aumentamos também a variância de dominância ( $V_d$ ), aumentando a variância genética ( $V_g$ ) uma vez que  $V_d$  é um da  $V_g$ .

Figura 3. Representação do comportamento da variância genética ( $V_g$ ) conforme avanço dos ciclos de melhoramento.



$V_g$ : variância genética; SRI: seleção recorrente intrapopulacional; SRR: seleção recorrente recíproca;  $V_a$ : variância aditiva;  $DD$ : grau de dominância. Fonte: do autor (2023).

#### 4 CONCLUSÃO

Nosso trabalho comparou, através de simulações estocásticas, a eficiência de duas estratégias de melhoramento, a seleção recorrente recíproca (SRR) com a seleção recorrente intrapopulacional (SRI), combinando diferentes valores de  $V_a$  e  $DD$ . Ao final foi possível verificar que em cenários onde  $DD$  é igual ou superior a 0.7, a SRR apresenta maiores ganhos com a seleção independente dos valores de  $V_a$ . No entanto, quando consideramos valores de  $DD$  iguais ou inferiores a 0.3 a SRI se torna mais vantajosa, seja por apresentar maiores ganhos que a SRR ou pelo fato dos ciclos serem um pouco mais rápidos e menos trabalhosos. Portanto, para os casos onde SRR e SRI apresentam o mesmo desempenho, como sob grau de dominância médio de 0,3, deve-se indicar a condução do programa de melhoramento com SRI.

## REFERÊNCIAS

- BERNARDO, R. *et al.* **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury, MN: Stemma press, 3rd ed., p. 422, 2020.
- BRITO, S. G. **Otimização do mapeamento genético vegetal via simulação computacional**. 2012. p. 79. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2012.
- HENRIQUES, E. P.; NUNES, A. C. P.; MORAES, M. L. T. **Seleção genética em teste de progênies de irmãos completos de Eucalyptus para a produção de carvão vegetal**. Scientia Forestalis, v. 46, n. 119, p. 405-413, 2018.
- HICKEY, J. M.; DREISIGACKER, S.; CROSSA, J. **Evaluation of genomic selection training population designs and genotyping strategies in plant breeding programs using simulation**. Crop Science, v. 54, n. 4, p. 1476-1488, 2014.
- HICKEY, J. M.; GORJANC, G. **Simulated data for genomic selection and genome-wide association studies using a combination of coalescent and gene drop methods**. G3: Genes, Genomes, Genetics, v. 2, n. 4, p. 425–427, 2012.
- INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES. **Relatório anual 2014**. Relatório 2014, p. 1-91. Disponível em: < <https://iba.org/datafiles/publicacoes/relatorios/iba-relatorioanual2014.pdf> >. Acesso em: 18 abr. 2023.
- INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES. **Relatório anual 2021**. Relatório 2021, p. 1-91. Disponível em: < <https://iba.org/datafiles/publicacoes/relatorios/relatorio-iba-2021.pdf> >. Acesso em: 18 abr. 2023.
- MYBURG, A. A.; GRATTAPAGLIA, D.; TUSKAN, G. A. **The genome of Eucalyptus grandis**. Nature, v. 510, n. 7505, p. 356–362, 2014.
- NOVAES, E. **Guia de estudos. Estratégias de melhoramento florestal**. Viçosa, p. 86, 2020.
- PAVAN, B. E.; PAULA, R. C.; PERECIN, D. **Early selection in open-pollinated Eucalyptus families based on competition covariates**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 49, n. 6, p. 483–492, 2014.
- PRODAN, A.; PRODAN, R. **Stochastic simulation and modelling**. ACM Journal of Education Resources in Computing, v.1, p. 461-466, 2001.
- R Core Team (2023) **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna. <https://www.R-project.org/>
- RESENDE, M. D. V.; ALVES, R. S. **Genética: estratégias de melhoramento e métodos de seleção**. O eucalipto e a Embrapa: quatro décadas de pesquisa e desenvolvimento. Embrapa, Brasília, cap. 3, p. 171–202, 2021.

SILVA JUNIOR, O. B. *et al.* **A flexible multi-species genome-wide 60K SNP chip developed from pooled resequencing of 240 Eucalyptus tree genomes across 12 species.** *New Phytologist*, v. 206, n. 4, p. 1527–1540, 2015.

SILVA JUNIOR, O. B.; GRATTAPAGLIA, D. **Genome-wide patterns of recombination, linkage disequilibrium and nucleotide diversity from pooled resequencing and single nucleotide polymorphism genotyping unlock the evolutionary history of Eucalyptus grandis.** *New Phytologist*, v. 208, n. 3, p. 830–845, 2015.

VETTORAZZI, J. C. F. **Seleção recorrente recíproca em milho (*Zea mays* L.) monitorada por marcadores SSR-EST's associados à produtividade.** 2015. p. 90. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2015.

WICKHAM, M. H. **Package “ggplot2” Type Package Title An implementation of the Grammar of Graphics.** 2014.

ZIEGLER, A. C. da F.; TAMBARUSSI, E. V. **Classifying coefficients of genetic variation and heritability for Eucalyptus spp.** *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 22, n. 2, p. e40372222, 2022.