

ANDREI CAÍQUE PIRES NUNES

**QUALIDADE DA MADEIRA, CRITÉRIOS DE SELEÇÃO E INTERAÇÃO  
GENÓTIPOS X AMBIENTES DE CLONES DE *Eucalyptus* NO RIO GRANDE  
DO SUL**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

VIÇOSA  
MINAS GERAIS – BRASIL  
2015

**Ficha catalográfica preparada pela Biblioteca Central da Universidade  
Federal de Viçosa - Câmpus Viçosa**

T

N972q  
2015  
Nunes, Andrei Caíque Pires, 1991-  
Qualidade da madeira, critérios de seleção e interação  
genótipos x ambientes de clones de *Eucalyptus* no Rio Grande  
do Sul / Andrei Caíque Pires Nunes. – Viçosa, MG, 2015.  
viii,121f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Inclui apêndices.

Orientador: Marcos Deon Vilela de Resende.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Inclui bibliografia.

1. Madeira - Qualidade. 2. Madeira - Seleção. 3. Interação  
genótipos - ambientes. 4. Eucalipto - Melhoramento genético.  
I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de. Programa  
de Pós-graduação em Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22. ed. 634.9812

ANDREI CAÍQUE PIRES NUNES

**QUALIDADE DA MADEIRA, CRITÉRIOS DE SELEÇÃO E INTERAÇÃO  
GENÓTIPOS X AMBIENTES DE CLONES DE *Eucalyptus* NO RIO GRANDE  
DO SUL**


Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 28 de julho de 2015.

  
\_\_\_\_\_  
Adésio Ferreira

  
\_\_\_\_\_  
Rodrigo Oliveira de Lima

  
\_\_\_\_\_  
Rogério Luiz da Silva

  
\_\_\_\_\_  
Marcos Deon Vilela de Resende  
(Orientador)

Dedico aos meus pais  
José Ailton de Souza Nunes e Célia Regina Pires Nunes

## AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento pela oportunidade de realização do curso e formação profissional.

Ao CNPq pelo apoio financeiro fundamental para realização deste trabalho.

Ao professor Marcos Deon Vilela de Resende pela orientação, parceria, paciência, ensinamentos, incentivo, confiança, amizade e dedicação, contribuindo, de forma singular, para o meu desenvolvimento profissional.

À Empresa CMPC Celulose Riograndense, na pessoa de Glêison Augusto dos Santos pela parceria, coorientação, confiança no trabalho realizado e apoio fundamental para elaboração dessa dissertação.

Aos avaliadores Adésio Ferreira, Rogério Luiz da Silva e Rodrigo Oliveira de Lima por participarem da banca examinadora e pelas sugestões essenciais ao aperfeiçoamento deste trabalho.

Aos meus amados pais José Ailton de Souza Nunes, Célia Regina Pires Nunes e ao meu irmão Anderson André Pires Nunes, pelo apoio nos momentos difíceis e pelo exemplo de vida, que sempre foi sinônimo de caráter reto e de luta.

À minha namorada e companheira Mariana Cansian Sattler, pelo apoio incondicional nessa caminhada.

Aos funcionários do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento pelo apoio profissional e pela atenção.

Aos meus amigos pela agradável convivência e pelos momentos de descontração.

A todos os professores que contribuíram para a minha formação como geneticista e melhorista florestal desde a graduação até o presente momento.

A todos que, de alguma forma, contribuíram para a realização deste trabalho.

## **BIOGRAFIA**

ANDREI CAÍQUE PIRES NUNES, filho de José Ailton de Souza Nunes e Célia Regina Pires Nunes, nasceu em Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, no dia 19 de setembro de 1991.

Em 2008, concluiu o ensino médio no Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Fluminense, em Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro.

No ano de 2009 ingressou no curso de Engenharia Florestal da Universidade Federal do Espírito Santo (UFES), Campus de Alegre, ES, graduando-se em fevereiro de 2014, como Bacharel em Engenharia Florestal.

Durante o período de graduação foi bolsista do PIBIC/CNPq do Departamento de Produção Vegetal, onde desenvolveu atividades de pesquisa em cultura de tecidos vegetais, citogenética e citometria vegetal.

Em março de 2014, ingressou no Programa de Pós-graduação, em nível de Mestrado, em Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa, onde desenvolveu atividades de pesquisa em melhoramento genético do eucalipto, submetendo-se à defesa de dissertação em julho de 2015.

## RESUMO

NUNES, Andrei Caíque Pires, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2015. **Qualidade da madeira, critérios de seleção e interação genótipos x ambientes de clones de *Eucalyptus* no Rio Grande do Sul.** Orientador: Marcos Deon Vilela de Resende. Coorientador: Glêison Augusto dos Santos.

O presente trabalho objetivou estudar a interação genótipos x ambientes (G x A) para caracteres relacionados à qualidade da madeira, em diferentes locais de cultivo de *Eucalyptus* no estado do Rio Grande do Sul, e avaliar a eficiência de índices de seleção para peso de madeira. Os ensaios foram conduzidos nas áreas da empresa CMPC Celulose Riograndense, em quatro diferentes ambientes. Em cada sítio, um experimento no delineamento de blocos ao acaso foi estabelecido, com parcela de árvore única e 30 repetições. Aos três anos de idade, foram mensurados o diâmetro à altura do peito (DAP), altura total das árvores (Ht) e a profundidade de penetração do Pilodyn (Db), para obtenção do volume (Vol) e estimativa indireta da densidade básica da madeira, respectivamente. Para o estudo da interação G x A, dois índices de peso de madeira (DAPxDb e VolxDb) foram criados. Com os valores genotípicos de cada variável analisada, índices de pesos de madeira foram propostos utilizando-se como ponderadores as correlações genéticas entre as variáveis, acurácias de predição, herdabilidades, correlações parciais e os efeitos diretos da análise de trilha. O índice DAPxDb ( $h^2g = 0,23$ ) apresentou interação G x A significativa e, a partir da análise de interação dos ambientes par a par, duas “zonas de melhoramento” foram definidas para DAPxDb. Na análise de critérios de seleção, três índices foram os mais eficientes, em virtude de suas acurácias elevadas. O índice I2, baseado na correlação parcial do caráter objetivo peso de madeira e os caracteres auxiliares DAP e Db, I1 (conceito de blup multivariado) e o índice IVR DAPxDb baseado no conceito de variável relacional, com acurácias de 1,00, 0,97 e 0,96, respectivamente. Dessa forma, constatou-se que é possível efetuar a seleção multicaracterística para peso de madeira em *Eucalyptus*, com alta eficiência, sem a necessidade de estabelecer procedimentos complexos para modelos multivariados mistos. A medição precisa do DAP juntamente com a Db no índice DAPxDb foi fundamental na obtenção de apenas duas “zonas de melhoramento”.

## ABSTRACT

NUNES, Andrei Caíque Pires, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2015. **Wood quality, selection criteria and genotype by environment interaction of *Eucalyptus* clones in Rio Grande do Sul, Brazil.** Adviser: Marcos Deon Vilela de Resende. Co-Adviser: Glêison Augusto dos Santos.

The present study aimed to investigate the genotype by environment interaction (G x E) for traits related to wood quality in different *Eucalyptus* cultivation sites in the state of Rio Grande do Sul, Brazil, and evaluate the efficiency of selection indexes for wood weight. The tests were conducted in the areas of CMPC Celulose Riograndense company in four different environments. At each site, an experiment in a randomized block design was established, with single-tree-plot and 30 repetitions. At three years old, the diameter at breast height (DBH), total height (Th) and the depth Pilodyn penetration were measured in each tree of the experiments, to obtain the volume (Vol) and the indirect estimation of the wood basic density (Bd), respectively. To study the G x E interaction, two wood weight index (DBHxBd and VolxBd) were created. With the genotypic values of each variable, wood weight indexes were proposed using as weights the genetic correlations between variables, heritability, prediction accuracies, partial correlations and the direct effects of path analysis. The DBHxBd index ( $h^2g = 0.23$ ) showed significant G x E interaction and, from the interaction analysis of environments in pairs, two "improvement areas" have been set to DBHxBd. In the analysis of selection criteria, three indexes were the most effective, due to their high accuracies. The I2 index based on the partial correlation of the objective character wood weight and auxiliary characters DBH and Bd, the I1 index (concept of multivariate blup) and IVR DBHxBd index based on the concept of relational variable, with accuracies of 1.00, 0.97 and 0.96, respectively. Thus, it was found that it is possible to make the wood weight multi-trait selection in *Eucalyptus*, with high efficiency without the need for complex procedures of mixed multivariate models. The accurate measurement of the DBH with the Bd on the DHBxBd index was crucial to obtain only two "improvement areas".

## ÍNDICE

<b>1 - INTRODUÇÃO GERAL</b> .....	<b>1</b>
1.1 Importância do estudo da qualidade da madeira em <i>Eucalyptus</i> .....	1
1.2 Controle genético da qualidade da madeira .....	3
1.3 Densidade básica da madeira medida indiretamente .....	4
1.4 Interação genótipos x ambientes .....	5
1.5 Estudo da adaptabilidade e estabilidade via modelos mistos .....	7
1.6 Critérios de Seleção .....	9
<b>2 – OBJETIVOS</b> .....	<b>12</b>
<b>3 – REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	<b>14</b>
<b>CAPÍTULO 1: INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES PARA QUALIDADE DA MADEIRA DE CLONES DE <i>Eucalyptus</i> NO RIO GRANDE DO SUL.</b> .....	<b>19</b>
<b>1 – INTRODUÇÃO</b> .....	<b>19</b>
<b>2 – MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	<b>21</b>
2.1 Rede experimental e materiais genéticos utilizados .....	21
2.2 Densidade básica .....	23
2.3 Coleta de dados de crescimento .....	24
2.4 Índice DAPxDb .....	25
2.5 Índice VolxDb .....	26
2.6 Sobrevivência .....	26
2.7 Coeficiente de coincidência Kappa de Cohen (1960) .....	26
2.8 Eficiência da seleção indireta .....	27
2.9 Análise de trilha para o caráter principal Vol em função do DAP e Ht.....	27
2.10 Delineamentos estatísticos e análise de estabilidade e adaptabilidade	28
<b>3 – RESULTADOS E DISCUSSÕES</b> .....	<b>33</b>
3.1 Parâmetros genéticos e correlações genéticas entre as variáveis .....	33
3.2 Correlações genéticas dos ambientes par a par .....	45
3.3 Análise conjunta dos locais .....	49
3.4 Índice de <i>rank</i> médio e coincidência.....	54
3.5 Estabilidade e adaptabilidade .....	58
<b>4 – CONCLUSÕES</b> .....	<b>63</b>
<b>5 – REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	<b>64</b>

<b>CAPÍTULO 2: AVALIAÇÃO DE CRITÉRIOS PARA SELEÇÃO DE PESOS DE MADEIRA EM CLONES DE <i>Eucalyptus</i></b> .....	<b>69</b>
<b>1 – INTRODUÇÃO</b> .....	<b>69</b>
<b>2 – MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	<b>70</b>
2.1 Rede experimental.....	70
2.2 Coleta de dados.....	71
2.3 Índice DAPxDb fenotípico ou IF (DAPxDb).....	72
2.4 Índice VolxDb fenotípico ou IF (VolxDb).....	73
2.5 Análises estatísticas.....	73
2.6 Índice DAPxDb genotípico ou IG (DAPxDb).....	75
2.7 VolxDb genotípico ou IG (VolxDb).....	76
2.8 Índice ótimo, herdabilidades e correlações de uma variável relacional (VR) de Resende et al. (2014b).....	77
2.9 Índice de Seleção I1.....	81
2.10 Índice de Seleção I2.....	82
2.11 Índice de Seleção I3.....	83
2.12 Índice de Seleção I4.....	84
2.13 Coeficiente de coincidência Kappa de Cohen (1960).....	85
2.14 Coeficiente Alfa de Cronbach (1951) modificado por Resende et al. (2014b).....	85
2.15 Eficiência da seleção indireta.....	85
2.16 Análise de trilha entre os caracteres peso de madeira, DAP e Db.....	86
<b>3 – RESULTADOS E DISCUSSÕES</b> .....	<b>87</b>
3.1 Parâmetros genéticos e correlações genotípicas.....	87
3.2 Herdabilidades e correlações de uma variável relacional (VR).....	91
3.3 Eficiência dos índices de seleção.....	93
3.4 Ganhos com seleção.....	100
<b>5 – CONCLUSÕES</b> .....	<b>105</b>
<b>6 – REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	<b>106</b>
<b>4 – CONCLUSÕES GERAIS</b> .....	<b>110</b>
<b>5 – APÊNDICE</b> .....	<b>111</b>

## 1 - INTRODUÇÃO GERAL

### 1.1 Importância do estudo da qualidade da madeira em *Eucalyptus*

A qualidade da madeira pode ser definida como o conjunto de características físicas, químicas e anatômicas que uma árvore/parte dela possui, as quais lhe permite cumprir requisitos de propriedade para diferentes produtos finais (MITCHELL, 1961). O termo qualidade da madeira possui distintos significados para os diversos usos aos quais a madeira é destinada. Dessa forma, quando o objetivo é construção civil, o lenho precisa ter boa resistência mecânica, dureza e estabilidade dimensional, enquanto que, para fins de arquitetura, a madeira deve ter tipos específicos de grã e cor diferenciada. Na indústria do papel e celulose, a qualidade da madeira é baseada no tamanho das fibras e proporção relativa de celulose e lignina (MITCHELL, 1961). Assim, é preciso empregar análises capazes de gerar informações acerca da qualidade da madeira, de acordo com o produto final pretendido.

Considerando a seleção de materiais genéticos superiores direcionados para a produção de celulose, a realização de análises tecnológicas do lenho em programas de melhoramento do eucalipto torna-se indispensável. Dessa maneira, é possível estabelecer a qualidade da madeira dos materiais genéticos testados e a seleção acurada, objetivando maior rendimento de polpa celulósica (CAIXETA et al., 2003; GOMIDE et al., 2010; PROTÁSIO et al., 2014).

De acordo com Queiroz et al. (2004), significativas variações inter e intraespecíficas podem ser detectadas, ocorrendo em níveis de estrutura anatômica, composição química e propriedades físicas. Dessa forma, a inclusão de caracteres relacionados às propriedades tecnológicas da madeira na seleção de genótipos superiores representa elevada possibilidade de ganho genético. Além disso, a não inclusão desses caracteres no programa de melhoramento leva à variação inesperada na qualidade da madeira, que

podem afetar o processo fabril industrial e, conseqüentemente, a qualidade do produto final (GOMIDE et al., 2010).

Diversos são os critérios envolvidos nas análises das propriedades químicas, físicas e mecânicas da madeira a serem empregados nos estudos de caracterização de sua qualidade. No que diz respeito à produção de madeira para extração de polpa celulósica, tais estudos envolvem análises detalhadas da constituição química do lenho, suas características estruturais anatômicas e dos fatores de transformação da madeira em polpa celulósica (GOMIDE et al., 2010). Assim, a associação de características torna-se crucial para a seleção de indivíduos que apresentem o máximo de atributos tecnológicos expressos de formas favoráveis em sua estrutura (ADORNO; GARCIA, 2003).

Apesar da necessidade de conhecimento de todos os critérios relacionados às propriedades tecnológicas do lenho, os estudos nesse sentido são onerosos e requerem longos períodos de tempo para serem finalizados, tornando impraticável a realização por completo dessas pesquisas (RAYMOND; APIOLAZA, 2004). Para solucionar tal problema, geralmente, realizam-se apenas algumas análises consideradas indispensáveis para caracterização da qualidade da madeira e que sejam capazes de fornecer subsídios para uma seleção tecnicamente correta (GOMIDE et al., 2010).

A densidade básica tem sido reportada na literatura como um bom índice universal para avaliar a qualidade do lenho, sendo esta propriedade física a que mais fornece informações sobre as demais características (CAIXETA et al., 2003; QUEIROZ et al., 2004; GOMIDE et al., 2010; ROSSI et al., 2014). Segundo Queiroz et al. (2004), para as empresas de base florestal que visam a produção de papel e celulose, uma avaliação adequada da densidade básica fornece informações precisas acerca do rendimento dos processos e, normalmente, está correlacionada às características de qualidade e resistência físico mecânicas da polpa.

Não obstante à importância da análise da densidade básica, a qual assume papel fundamental como indicador básico para a maioria das aplicações da madeira (CAIXETA et al., 2003), a sua determinação, assim como os demais critérios tecnológicos, apresenta dificuldades em virtude de seu elevado custo, tempo despendido para realizar as análises e necessidade de abate de árvores.

## 1.2 Controle genético da qualidade da madeira

Os caracteres relacionados à qualidade da madeira apresentam, de forma, geral, elevado controle genético (SILVA et al., 2008; SANTOS et al., 2010). Diferentes autores têm reportado valores de herdabilidade de 0,64 (WEI; BORRALHO, 1997), 0,70 (KUBE et al., 2001), 0,80 e 0,68 (PAULA et al., 2002), 0,56, 0,83, 0,84 e 0,86 (TOLFO et al., 2005), 0,77 e 0,87 (BOTREL et al., 2007), 0,75, 0,87, 0,49, 0,59, 0,44 e 0,45 (SANTOS et al., 2010), 0,87, 0,66 e 0,85 (REIS et al., 2011) para características tecnológicas da madeira.

A densidade básica, principal indicador de qualidade da madeira (GOMIDE et al., 2010), tem sido reportada na literatura como uma característica de alta herdabilidade com valores de 0,56 (TOLFO et al., 2005), 0,75 (SANTOS et al., 2010), 0,66 (REIS et al., 2011) até 0,80 (PAULA et al., 2002). Considerando esses aspectos, a seleção com base apenas no fenótipo é eficiente.

Apesar do elevado controle genético, a seleção de genótipos superiores não deve ser baseada apenas nos caracteres de qualidade da madeira. As características de crescimento das árvores devem ser consideradas, para garantir a seleção de genótipos superiores em todos os quesitos exigidos pela indústria de celulose. Entretanto, caracteres como volume e altura das árvores são controlados por muitos genes e apresentam baixo controle genético (STURION et al., 1999). Ademais, tais características não apresentam correlação positiva com a densidade básica (TOLFO et al., 2005; SANTOS et al., 2010; HARDNER et al., 2011).

Dado que os sentidos de seleção para características de qualidade da madeira e de crescimento são contrários, os programas de melhoramento florestal tem praticado a seleção para esses dois critérios em cenários diferentes (FONSECA et al., 2010). De acordo com Fonseca et al. (2010), no início do programa de melhoramento deve-se considerar as características de maior controle genético e mais para o fim do programa, os caracteres de crescimento.

Diante do apresentado, é necessário o desenvolvimento de métodos de seleção de indivíduos superiores, que considerem, simultaneamente,

caracteres de qualidade da madeira (alto controle genético) e de crescimento (baixo controle genético), tornando o processo seletivo mais eficiente. Dessa forma, será possível resgatar genes que possam estar em desequilíbrio de ligação para esses dois tipos de caracteres.

### **1.3 Densidade básica da madeira medida indiretamente**

As metodologias tradicionalmente empregadas para determinar densidade básica da madeira utilizam discos, cavacos e baquetas. Dentre elas, deve-se citar o método de imersão em um líquido de densidade conhecida e o método do máximo teor de umidade, ambos prescritos pela NBR 11941/2003 e frequentemente utilizados (Associação Brasileira de Normas Técnicas - ABNT, 2003). Apesar de serem métodos acurados e comumente utilizados, tais abordagens exigem o abate das árvores, sendo caracterizados como métodos destrutivos. Dessa forma, os custos para determinação da densidade básica se elevam, assim como o tempo para realização das análises, tornando tal atividade inadequada numa cadeia produtiva de alto rendimento.

Para solucionar o problema da medição da densidade básica, empregam-se métodos não destrutivos para sua estimativa. Este tipo de avaliação não destrutiva pode ser caracterizada como o estudo das propriedades físicas e mecânicas de uma peça de determinado material, sem alterar suas capacidades de uso final (ROSS et al., 1998). De acordo com Oliveira et al. (2002), a utilização de métodos não destrutivos apresenta inúmeras vantagens: determinação das características de interesse de modo rápido, versátil, com baixo custo. A avaliação pode ser feita *in loco*, permitindo a manutenção da integridade da madeira, em virtude da não necessidade de remoção de partes de sua estrutura, possibilitando adequar uma linha de produção padronizada com custo reduzido, rapidez e confiabilidade nas medições da densidade básica do lenho.

Considerando os aspectos referenciados, o método não destrutivo do Pilodyn tem sido empregado para determinação e, ou, ordenamento indireto da densidade básica da madeira em *Eucalyptus* (MOURA et al., 1993; GREAVES et al., 1996; RAYMOND; MacDONALD, 1998; MUNERI; RAYMOND, 2000;

THIERSCH et al., 2006; BISON et al., 2009; SHI-JUN et al., 2010; GOUVÊA et al., 2011; COUTO et al., 2013; NEVES et al., 2013). O método do Pilodyn surgiu na Suíça com o objetivo de subsidiar avaliações a respeito do grau de podridão de postes de transmissão de energia elétrica (COWN, 1978). Ele consiste na medição da profundidade de penetração de um pino de aço na madeira, impulsionado por uma mola, que é acionada por um gatilho. Dessa forma, a densidade básica é indiretamente proporcional à profundidade de penetração desse pino no lenho da árvore (GREAVES et al., 1996). Assim, essa ferramenta tem sido de elevada utilidade, também, para o acesso indireto da densidade básica da madeira.

O método do Pilodyn, por ser não destrutivo, possibilita que as árvores permaneçam em pé para análises posteriores em idades mais avançadas. Além disso, apresenta as vantagens de rapidez nas medições, isenção de erros sistemáticos por parte do operador, não necessidade de extração de amostras de madeira com sondas e custos inferiores em relação a outros métodos (GREAVES et al., 1996). Apesar da ampla versatilidade desse método, estudos de interação genótipos x ambientes (G x A) que envolvem a estimativa da densidade básica da madeira por meio do Pilodyn, são extremamente escassos na literatura.

#### **1.4 Interação genótipos x ambientes**

A disponibilidade de terras altamente produtivas para o estabelecimento de florestas plantadas está reduzindo cada vez mais em todo o mundo, em virtude da competição com a agricultura, urbanização e uso da água. Assim, há a expansão dos plantios florestais para novas áreas, as quais são geralmente alvo de perturbações de caráter climático, edáfico e biótico (BRAWNER et al., 2013). Nesse sentido, as florestas são implantadas em locais que possuem condições ambientais distintas, levando a respostas diferenciadas e performances inconsistentes dos materiais genéticos. Com isso, há a necessidade da realização de estudos de interação G x A para subsidiar os programas de melhoramento florestal (HARDNER et al., 2011).

A interação G x A é caracterizada como o desempenho inconsistente de diferentes materiais genéticos em distintos ambientes/sítios de uma rede experimental (PSWARAYI et al., 1997; OSORIO et al., 2001). Em que, quando a interação G x A é significativa, o melhorista determina zonas de recomendação de clones diferentes para cada tipo de sítio ou seleciona genótipos que apresentam desempenho satisfatório em todos os ambientes (OSORIO et al., 2001). Dessa forma, a presença de interação G x A constitui-se em um dos maiores problemas na recomendação de genótipos superiores, por reduzir a taxa de progresso num programa de melhoramento de qualquer espécie (MUNERI; RAYMOND, 2000).

Objetivando classificar os tipos de interação de acordo com as magnitudes das diferenças entre genótipos e entre ambientes, Dunlop (1962) sugeriu quatro tipos de interações: (a) “grande x grande” é o tipo de interação em que as diferenças entre os genótipos, assim como as diferenças entre os ambientes, são relativamente grandes; (b) “grande x pequeno” se caracteriza quando as diferenças entre os genótipos são relativamente grandes (por exemplo, espécies ou procedências), enquanto os ambientes pouco diferem; (c) “pequeno x grande” é o tipo de interação onde os genótipos possuem baixo grau de diferenciação (famílias ou clones), enquanto os ambientes são consideravelmente distintos (por exemplo áreas marcadas por histórico de fertilização diferentes); (d) “pequeno x pequeno” é o tipo de interação em que os genótipos são similares (famílias e clones) e os ambientes pouco diferem, podendo ser repetições em blocos dentro de um sítio. Dessa forma, tais diferentes situações poderão fazer parte de um programa de melhoramento dependendo da fase em que ele se encontra (MATHESON; COTTERILL, 1990).

Considerando o objetivo do melhoramento em obter genótipos produtivos e de qualidade, geralmente, a interação G x A não é desejável, por inviabilizar o desenvolvimento de uma única unidade de recomendação de clones. Com isso, Vencovsky e Barriga (1992) citam alternativas para atenuar os efeitos dessa interação: (1) identificar genótipos específicos para cada ambiente; (2) promover subdivisões de uma área heterogênea em sub-regiões mais uniformes, de modo que os genótipos não interajam significativamente com os ambientes; e (3) identificar genótipos com maior estabilidade fenotípica.

De acordo com Ramalho et al. (1993) e Cruz e Regazzi (1994), na maioria das vezes, a opção mais utilizada é a (2), seguida pela opção (1) dentro da (2). O item (3) requer análises mais aprofundadas sobre o desempenho genotípico, com base nos parâmetros adaptabilidade e estabilidade, pelos quais se torna possível a identificação de cultivares de comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientais, em condições específicas ou amplas.

Dentro desse contexto, a simples identificação de interação  $G \times A$  *per se* não proporciona informações completas e exatas sobre o comportamento de cada genótipo frente às variações ambientais, sendo necessário o conhecimento da magnitude dessa interação. Para isso, análises de adaptabilidade e estabilidade genotípica devem ser realizadas, tornando possível a identificação de cultivares com comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientais, em condições específicas ou amplas (MATHESON; COTTERILL, 1990; CRUZ; REGAZZI, 1994; NUNES et al., 2002; HARDNER et al., 2010; HARDNER et al., 2011).

### **1.5 Estudo da adaptabilidade e estabilidade via modelos mistos**

A adaptabilidade do material genético pode ser definida como o potencial que os genótipos têm de responderem vantajosamente as mudanças favoráveis do ambiente, enquanto que a estabilidade representa a capacidade dos genótipos apresentarem constância no seu comportamento geral, em função das mudanças na qualidade ambiental (RESENDE, 2002; CRUZ et al., 2012). Dessa forma, tais critérios podem ser analisados no contexto dos modelos mistos.

Em um programa de melhoramento florestal, um dos pontos fundamentais para o sucesso na recomendação de genótipos elite é a seleção acurada de materiais genéticos superiores, que está atrelada às estimativas dos componentes de variância. Assim, o procedimento ótimo para predição de valores genéticos BLUP (melhor predição linear não viciada) e o procedimento ótimo de estimação de componentes de variância REML (máxima verossimilhança residual ou restrita), estão associados a um modelo linear

misto, isto é, modelo que contém efeitos fixos além da média geral e efeitos aleatórios além do erro.

O uso da metodologia REML/BLUP oferece vantagens, tais como: a não necessidade de suposição básica de independência dos erros, a qual é um procedimento aproximado, na prática, em situações mais complexas; com o uso do procedimento REML não há limitações na análise conjunta em caso de heterogeneidade de variâncias residuais entre os ambientes; os efeitos de tratamento podem ser considerados aleatórios; maximização da acurácia seletiva; minimização do erro de predição; predição não viciada de valores genéticos; maximização do ganho genético por ciclo de seleção e a maximização da probabilidade de selecionar o melhor entre vários genótipos (RESENDE, 2002).

O procedimento BLUP dos efeitos de G x A considera a herdabilidade dos efeitos da interação G x A, eliminando os ruídos ou efeitos residuais da interação, por ocasião do processo de predição de G x A. De acordo com Resende (2004), um modelo univariado, considerando todos os ambientes simultaneamente, é adequado para seleção tendo-se em vista a produtividade média nos vários ambientes. Entretanto, segundo o mesmo autor, uma metodologia mais completa pode permitir inferências adicionais, como: seleção de genótipos específicos para cada local, seleção de genótipos estáveis através dos locais, seleção de genótipos responsivos a melhoria do ambiente e seleção pelos três atributos (qualidade da madeira/produktividade, estabilidade e adaptabilidade), simultaneamente.

Diante do apresentado anteriormente, as inferências e a seleção de materiais genéticos superiores podem ser feitas pelo método da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG), o qual classifica os efeitos de clones como aleatórios e, portanto, fornece estabilidade e adaptabilidade genotípica e não fenotípica. Esse método ordena os genótipos simultaneamente por seus valores genéticos e estabilidade, utilizando o BLUP sob médias harmônicas dos valores genotípicos (MHVG). Quanto menor o desvio padrão do comportamento genotípico nos locais, maior será o valor de MHVG, assim a seleção pelos maiores valores de MHVG implica na seleção para qualidade da madeira/produktividade e estabilidade, simultaneamente. A adaptabilidade pode ser mensurada pela performance relativa dos valores

genotípicos (PRVG), onde os valores genotípicos preditos são expressos como proporção da média geral de cada local, obtendo-se posteriormente o valor médio desta proporção através dos locais (RESENDE, 2007).

No contexto apresentado, as principais vantagens da seleção usando o método MHPRVG, comparadas com outros métodos são: a) considera os efeitos genotípicos como aleatórios e, portanto, fornece estabilidade e adaptabilidade genotípica e não fenotípica; b) permite lidar com desbalanceamentos; c) permite lidar com heterogeneidade de variâncias; d) permite considerar erros correlacionados dentro de locais; e) fornece valores genéticos já descontados (penalizados) da instabilidade; f) pode ser aplicado com qualquer número de ambientes; g) não depende da estimação de outros parâmetros, tais como coeficientes de regressão; h) gera resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado; i) permite computar o ganho genético com a seleção pelos atributos crescimento, adaptabilidade e estabilidade, simultaneamente (RESENDE, 2004).

## **1.6 Critérios de Seleção**

Além dos estudos de interação  $G \times A$ , a avaliação dos critérios de seleção no ordenamento dos materiais genéticos superiores é de extrema importância em um programa de melhoramento florestal, para possibilitar a maximização de ganhos genéticos (MARTINS et al., 2006). Assim, para que o programa tenha sucesso, é preciso definir, de forma clara, os objetivos e os critérios que serão utilizados. Resende (2002) define objetivo da seleção ou do melhoramento como o caráter econômico final, sobre o qual se deseja o ganho genético com a seleção, podendo este ser um único caráter ou uma combinação de caracteres em um agregado. Já critério de seleção representa o caráter ou conjunto de caracteres em que a seleção se baseia, objetivando avaliar e ordenar os candidatos à seleção para o caráter objetivo do melhoramento. Uma vez direcionado o programa de melhoramento, por meio do seu objetivo, é preciso selecionar os materiais genéticos de forma fidedigna. Dessa maneira, a avaliação dos critérios de seleção é crucial para garantir o

modo ideal de seleção dos indivíduos em concordância com o objetivo da seleção.

A teoria de índice de seleção pode ser utilizada como critério para seleção de genótipos superiores a partir da avaliação de diversas características simultaneamente (RESENDE et al., 2014). Tal teoria foi descrita primeiramente por Smith (1936) e posteriormente por Hazel (1943), e consiste em uma função linear dos valores fenotípicos das diferentes características ponderados por coeficientes estimados de modo a maximizar a correlação entre o índice e os valores genéticos verdadeiros (CUNNINGHAM et al., 1975). Dessa forma, o ganho genético pode ser maximizado se comparado à seleção direta, ou seleção individual, para cada caractere, separadamente (RESENDE et al., 1990).

Além de proporcionar a seleção simultânea das características de interesse econômico, por meio de um único valor, os índices de seleção possibilitam uma melhor distribuição dos ganhos se comparado à seleção direta (CRUZ, 1990; COSTA et al., 2004; FREITAS et al., 2012). Assim, ao considerar vários caracteres, simultaneamente, há um aumento dos ganhos no objetivo final em relação à seleção com base em apenas um caractere, que pode acarretar em perdas de ganho por não considerar demais características importantes economicamente (MARTINS et. al., 2006). De acordo com Resende et al. (2014), a utilidade prática do índice de seleção está na adoção de critérios mais elaborados para seleção de indivíduos superiores, considerando várias características concomitantemente. A análise de múltiplas variáveis em um único relacionamento ou conjuntos de relações pode ser caracterizada como análise multivariada. Com isso, a natureza multivariada dos índices de seleção possibilita a obtenção de genótipos que reúnam uma série de atributos favoráveis, tornando o processo seletivo mais interessante do que os processos de seleção univariada (NEVES et al., 2011).

Para algumas situações peculiares, Resende (2002) reporta que o índice de Hazel (1943), pode adotar algumas simplificações, a saber: (a) com pesos econômicos e herdabilidades iguais e correlações nulas, ponderando-se cada valor da característica  $y_i$  pelo seu desvio padrão; (b) com pesos iguais e correlações nulas, onde pondera-se o valor fenotípico  $y_i$  pelo seu desvio padrão e herdabilidade; (c) com herdabilidade iguais e correlações nulas, em

que pondera-se o valor fenotípico  $y_i$  apenas pelo peso econômico (índice Base, de Williams (1962)); (d) com correlações nulas, ponderando-se o  $y_i$  pelo peso econômico e herdabilidade (índice Primário de Andrus e Mc Gilliard (1975); e por fim, (e) quando se tem os valores genéticos preditos de forma independente para cada caráter e posteriormente, ponderados por seus valores econômicos relativos, tem-se o Índice de Seleção Aproximado, reportado por Van Vleck et al., (1987). O índice de Hazel é, em tese, mais acurado. Na prática, a utilização desse índice ou dos índices simplificados vai depender da confiabilidade das estimativas dos parâmetros genéticos (citados por RESENDE, 2002).

A seleção multivariada de caracteres de interesse em *Eucalyptus* tem sido reportada por diferentes autores com o objetivo de obter ganho genético em determinado caráter ou conjunto de caracteres (RESENDE et al., 1990; PAULA et al., 2002; MARTINS et al., 2003a; MARTINS et al., 2003b; MARTINS et al., 2006; REIS, 2010). Entretanto, nenhum desses trabalhos abordou a avaliação genética de indivíduos superiores com base no peso de madeira. De modo geral, os estudos de avaliação de critérios de seleção em *Eucalyptus*, que abordam caracteres relacionados à qualidade da madeira são escassos na literatura.

## 2 – OBJETIVOS

O presente estudo teve como objetivo investigar a presença de interação G x A em diferentes ambientes de cultivo de *Eucalyptus* no Estado do Rio Grande do Sul para características de qualidade da madeira e avaliar critérios de seleção para peso de madeira:

- 1 - Estimar os parâmetros genéticos referentes à característica densidade básica da madeira, produtividade, diâmetro à altura do peito, sobrevivência e altura total a partir da utilização do procedimento REML/BLUP.
- 2 - Estimar as correlações genéticas entre as características estudadas.
- 3 - Estimar a correlação genética através dos ambientes par a par, com vistas a estabelecer “zonas de melhoramento”.
- 4 - Estabelecer, por meio do procedimento BLUP, o ordenamento dos valores genéticos preditos dos clones, com base na alta densidade básica.
- 5 - Estimar os Coeficientes de Coincidência Kappa de Cohen (1960) entre os ordenamentos das variáveis estudadas.
- 6 - Estudar a estabilidade e a adaptabilidade dos genótipos nos ambientes de plantio utilizando o método da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos, para o caráter densidade básica.
- 7 - Avaliar a estabilidade e adaptabilidade, simultaneamente, para o caráter densidade básica, por meio do método da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos por BLUP.
- 8 - Associar a característica densidade básica com caracteres de crescimento, objetivando obter índices de seleção multiplicativos de peso de madeira e estudar a interação G x A com esses índices.

9 - Avaliar a eficiência de diferentes índices para seleção de pesos de madeira de *Eucalyptus*, por meio das suas acurácias estimadas.

10 - Estimar o Coeficiente Alfa de Cronbach (1951) para estudar a consistência interna de cada índice.

11 - Estimar os Coeficientes de Coincidência Kappa de Cohen (1960) entre os ordenamentos dos índices.

### 3 – REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABNT - Associação Brasileira de Normas Técnicas. **NBR 11941: madeira: determinação da densidade básica**. Rio de Janeiro, 2003. 6 p.

ADORNO, M. F. C.; GARCIA, J. N. Correlações lineares entre as principais características tecnológicas da madeira de clones de *Eucalyptus grandis* e *Eucalyptus urophylla*. **Scientia Forestalis**, n. 63, p. 44-53, 2003.

BISON, O.; RAMALHO, M. A. P.; REZENDE, G. D. S. P.; AGUIAR, A. M.; RESENDE, M. D. V. Dialelo parcial entre clones de *Eucalyptus camaldulensis* e clones de *E. urophylla*, *E. grandis* e *E. saligna*. **Revista Árvore**, v. 33, n. 3, p. 395-402, 2009.

BRAWNER, J. T.; LEE, D. J.; MEDER, R.; ALMEIDA, A. C.; DIETERS, M. J. Classifying genotype by environment interactions for targeted germplasm deployment with a focus on *Eucalyptus*. **Euphytica** v. 191, p. 403–414, 2013.

BOTREL, M. C. G.; TRUGILHO, P. F.; ROSADO, S. C.; SILVA, J. R. M. Melhoramento genético das propriedades do carvão vegetal de *Eucalyptus*. **Revista Árvore**, v. 31, n. 3, p. 391-398, 2007.

CAIXETA, R. P.; TRUGILHO, P. F.; ROSADO, S. C. S.; LIMA, J. T. Propriedades e classificação da madeira aplicada à seleção de genótipos de *Eucalyptus*. **Revista Árvore**, v. 27, n. 1, p. 43-51, 2003.

COSTA, M. M.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ARRIEL, N. H. C.; BÁRBARO, I. M.; MUNIZ, F. R. S. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, n.11, p. 1095-1102, 2004.

COUTO, A. M.; TRUGILHO, P. F.; NEVES, T. A.; PROTÁSIO, T. P.; SÁ, V. A. Modeling of basic density of wood from *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla* using nondestructive methods. **Cerne**, v. 19, n. 1, p. 27-34, 2013.

COWN, D. J. Comparison of the pilodyn and torsionmeter methods for the rapid assessment of wood density in living trees. **Journal of Forestry Science**, v. 8, n. 3, p. 384-91, 1978.

CRUZ, C. D. Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas. 188f. Tese de Doutorado – Esalq. Piracicaba, 1990.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 1994. 390p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**, Viçosa: UFV, 2012. 585p.

CUNNINGHAM, E. P. Multi-stage index selection. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 46, n. 1, p. 55-61, 1975.

DUNLOP, A. A. Interactions between heredity and environment in the Australian merino. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 13, p. 503-531, 1962.

FONSECA, S. M.; RESENDE, M. D. V.; ALFENAS, A. C.; GUIMARÃES, L. M. S.; ASSIS, T. F.; GRATTAPAGLIA, D. **Manual prático de melhoramento genético do eucalipto**. Viçosa, MG: UFV. 2010. 200 p.

FREITAS, J. P. X.; OLIVEIRA, E. J.; JESUS, O. N.; NETO, A. J. C.; SANTOS, L. R. Formação de população base para seleção recorrente em maracujazeiro-amarelo com uso de índices de seleção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 3, p. 393-401, 2012.

GOMIDE, J. L.; NETO, H. F.; REGAZZI, A. J. Análise de critérios de qualidade da madeira de eucalipto para produção de celulose kraft. **Revista Árvore**, v. 34, n. 2, p. 339-344, 2010.

GOUVÊA, A. F. G.; TRUGILHO, P. F.; GOMIDE, J. L.; SILVA, J. R. M.; ANDRADE, C. R.; ALVES, I. C. N. Determinação da densidade básica da madeira de *Eucalyptus* por diferentes métodos não destrutivos. **Revista Árvore**, v. 35, n. 2, p. 349-358, 2011.

GREAVES, B. L.; BORRALHO, N. M. G.; RAYMOND, C. A.; FARRINGTON, A. Use of a Pilodyn for the indirect selection of basic density in *Eucalyptus nitens*. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 26, n. 9, p. 1643-1650, 1996.

HARDNER, C. M.; DIETERS, M.; DALE, G.; DELACY, I.; BASFORD, K. E. Patterns of genotype-by-environment interaction in diameter at breast height at age 3 for eucalypt hybrid clones grown for reforestation of lands affected by salinity. **Tree Genetics & Genomes**, v. 6, p. 833-851, 2010.

HARDNER, C.; DIETERS, M.; DELACY, I.; NEAL, J.; FLETCHER, S.; DALE, G.; BASFORD, K. Identifying deployment zones for *Eucalyptus camaldulensis* x *E. globulus* and x *E. grandis* hybrids using factor analytic modelling of genotype by environment interaction. **Australian Forestry**, v. 74, n. 1, p. 30-35, 2011.

HAZEL, L. V. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v. 28, p. 476-490, 1943.

KUBE, P. D.; RAYMOND, C. A.; BANHAM, P. W. Genetic parameters for diameter, basic density, cellulose content and fibre properties for *Eucalyptus nitens*. **Forest Genetics**, v. 8, n. 4, p. 285-294, 2001.

MARTINS, I. S.; CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; PIRES, I. E. Eficiência da seleção univariada direta e indireta e de índices de seleção em *Eucalyptus grandis*. **Revista Árvore**, v. 27, n. 3, p. 327-333, 2003a.

- MARTINS, I. S.; CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; PIRES, I. E.; MARTINS, R. C. C. Avaliação de critérios multivariados aplicados na seleção em *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Floresta e Ambiente**, v. 10, n. 1, p. 38–47, 2003b.
- MARTINS, I. S.; MARTINS, R. C. C.; PINHO, D. S. Alternativas de índices de seleção em uma população de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Cerne**, v. 12, p. 287-291, 2006.
- MATHESON, A. C.; COTTERILL, P. P. Utility of Genotype × Environment Interactions. **Forest Ecology and Management**, v. 30, p. 159-174, 1990.
- MITCHELL, H. L. **A concept of intrinsic wood quality, and nondestructive methods for determining quality in standing timber**. Forest Products Laboratory, U. S. Department of Agriculture, Madison S. Wisconsin, 1961.
- MOURA, V. P. G.; MELO, J. T.; SILVA, M. A. Comportamento de procedências de *Eucalyptus cloeziana* F. Muell. aos nove e meio anos de idade, em Planaltina, DF, área de Cerrado. **IPEF**, n. 46, p. 52 - 62, 1993.
- MUNERI, A.; RAYMOND, C. A.; Genetic parameters and genotype-by-environment interactions for basic density, pilodyn penetration and stem diameter in *Eucalyptus globulus*. **Forest Genetics**, v. 7, n. 4, p. 317–328, 2000.
- NEVES, L. G.; BRUCKNER, C. H.; CRUZ, C. D.; VIANA, A. P.; BARELLI, M. A. A. Predição de ganhos, com diferentes índices de seleção, para características de frutos do maracujazeiro - amarelo. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 33, n. 4, p. 1322-1330, 2011.
- NEVES, A. T.; PROTÁSIO, T. P.; TRUGILHO, P. F.; VALLE, M. L. A.; SOUSA, L. C.; VIEIRA, C. M. M. Qualidade da madeira de clones de *Eucalyptus* em diferentes idades para a produção de bioenergia. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 56, n. 2, p. 139-148, 2013.
- NUNES, G. H. S.; RESENDE, G. D. S. P.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. Implicações da interação genótipo x ambientes na seleção de clones de eucalipto. **Cerne**, v. 8, n. 01, p. 49-58, 2002.
- OLIVEIRA, F. G. R.; CAMPOS, J. A. O.; SALES, A. Ultrasonic measurements in Brazilian hardwood. **Materials Research**, v. 5, n.1, p. 51-55, 2002.
- OSORIO, L. F.; WHITE, T. L.; HUBER, D. A. Age Trends of Heritabilities and Genotype-by-Environment Interactions for Growth Traits and Wood Density from Clonal Trials of *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Silvae Genetica**, v. 50, n.1, 2001.
- PAULA, R. C.; PIRES, I. E.; BORGES, R. C. G.; CRUZ, C. D. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 2, p. 159-165, 2002.

PROTÁSIO, T. P.; GOULART, S. L.; NEVES, T. A.; TRUGILHO, P. F.; RAMALHO, F. M. G.; QUEIROZ, L. M. R. S. B. Qualidade da madeira e do carvão vegetal oriundos de floresta plantada em Minas Gerais. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 34, n. 78, p. 111-123, 2014.

PSWARAYI, I. Z.; BARNES, R. D.; BIRKS, J. S.; KANOWSKI, P. J. Genotype-Environment Interaction in a Population of *Pinus elliottii* ENGELM. var. *elliottii*. **Silvae Genetica**, v. 46, n. 1, 1997.

QUEIROZ, S. C. S.; GOMIDE, J. L.; COLODETTE, J. L.; OLIVEIRA, R. C. Influência da densidade básica da madeira na qualidade da polpa kraft de clones híbridos de *Eucalyptus grandis* w. Hill ex Maiden x *Eucalyptus urophylla* S. T. Blake. **Revista Árvore**, v. 28, n. 6, p. 901-909, 2004.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 1993. 271p.

RAYMOND, C. A.; MacDONALD, A. C.; Where to shoot your pilodyn: within tree variation in basic density in plantation *Eucalyptus globulus* and *E. nitens* in Tasmania. **New Forests**, n. 15, p. 205–221, 1998.

RAYMOND, C. A.; APIOLAZA, L. A. Incorporating wood quality and deployment traits in *Eucalyptus globulus* and *Eucalyptus nitens*. In: WALTER C.; CARSON, M. **Plantation Forest Biotechnology for the 21st Century**. 2004, pp 87-99.

REIS, C. A. F. Proposta de índice de seleção no melhoramento genético do eucalipto. 90f. Tese de Doutorado. Universidade Federal de Lavras, 2010.

REIS, C. A. F.; GONÇALVES, F. M. A.; RAMALHO, M. A. P.; ROSADO, A. M. Seleção de progênies de eucalipto pelo índice Z por MQM e Blup. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 5, p. 517-523, 2011.

RESENDE, M. D. V.; OLIVEIRA, E. B.; HIGA, A. R. Utilização de índices de seleção no melhoramento de eucalipto. **Boletim de Pesquisa Florestal**, n. 21, p.1-13, 1990.

RESENDE, M. D. V. **Novas abordagens estatísticas na análise de experimentos e campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 60 p. (Embrapa Florestas Documentos 100).

RESENDE, M. D. V. **Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes**. Brasília: Embrapa informações tecnológicas, 2002. 975p.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 562p.

RESENDE, M. A. V.; FREITAS, J. A.; LANZA, M. A.; RESENDE, M. D. V.; AZEVEDO, C. F. Divergência genética e índice de seleção via BLUP em acessos de algodoeiro para características tecnológicas da fibra. **Pesquisa**

**Agropecuária Tropical** (Agricultural Research in the Tropics), v. 44, n. 3, p. 334-340, 2014.

ROSS, R. J.; BRASHAW, B. K.; PELLERIN, R. F. Nondestructive evaluation of wood. **Forest Products Journal**, v. 48, n. 1, p. 14-19, 1998.

ROSSI, S.; CAIRO, E.; KRAUSE, C.; DESLAURIERS, A. Growth and basic wood properties of black spruce along an alti-latitudinal gradient in Quebec, Canada. **Annals of Forest Science**. Publicado on line em 10 de julho de 2014.

SANTOS, F. W.; MORAES, M. L. T.; FLORSHEIM, S. M. B.; LIMA, I. L.; SILVA, J. M.; FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M. Variação genética para caracteres anatômicos e retração volumétrica e sua correlação com a densidade básica da madeira em uma população base de *Eucalyptus camaldulensis* Dehn. **Scientia Forestalis**, v. 38, n. 86, p. 159-170, 2010.

SHI-JUN, W. U.; JIAN-MIN, X. U.; GUANG-YOU, L. I.; VUOKKO, R.; ZHAO-HUA, L. U.; BAO-QI, L. I.; WEI, W. Use of the pilodyn for assessing wood properties in standing trees of *Eucalyptus* clones. **Journal of Forestry Research**, v. 1, n. 21, p. 68-72, 2010.

SILVA, L. D. Melhoramento genético de *Eucalyptus benthamii* Maiden et Cambage visando a produção de madeira serrada em áreas de ocorrência de geadas severas. 2008. 275f. Tese de doutorado. Universidade Federal do Paraná, 2008.

SMITH H. F. A discriminant function for plant selection. **Ann Eugen**, London, v. 7, p. 240-250, 1936.

STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V.; CARPANEZZI, A. A. Controle genético e estimativa de ganho genético para peso de massa foliar em erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.). **Boletim de Pesquisa Florestal**, n. 38, p. 5-12, 1999.

THIERSCH, C. R.; SCOLFORO, J. R.; OLIVEIRA, A. D.; REZENDE, G. D. S. P.; MAESTRI, R. O uso de modelos matemáticos na estimativa da densidade básica da madeira em plantios de clones de *Eucalyptus* sp. **Cerne**, v. 12, n. 3, p. 264-278, 2006.

TOLFO, A. L. T.; PAULA, R. C.; BONINE, C. A. V.; BASSA, A.; VALLE, C. F. Parâmetros genéticos para caracteres de crescimento, de produção e tecnológicos da madeira em clones de *Eucalyptus* spp. **Scientia Forestalis**, n. 67, p. 101-110, 2005.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992.486p.

WEI, X.; BORRALHO, N. M. G. Genetic Control of Wood Basic Density and Bark Thickness and Their Relationships with Growth Traits of *Eucalyptus urophylla* in South East China. **Silvae Genetica**. v. 46, n. 4, 1997.

# **CAPÍTULO 1: INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES PARA QUALIDADE DA MADEIRA DE CLONES DE *Eucalyptus* NO RIO GRANDE DO SUL.**

## **1 – INTRODUÇÃO**

A qualidade da madeira pode ser definida como o conjunto de características físicas, químicas e anatômicas que uma árvore/parte dela possui, e que lhe permite cumprir requisitos necessários para ser transformada em distintos produtos finais (MITCHELL, 1961). Na indústria do papel e celulose, a qualidade do lenho é caracterizada com base em análises tecnológicas, dentre elas, cita-se: determinação do tamanho das fibras, teor de lignina, teor de extrativos, rendimento da polpação e consumo de madeira para produção de celulose (GOMIDE et al., 2010). Assim, a realização dessas análises em programas de melhoramento do eucalipto torna-se indispensável para o estabelecimento da qualidade da madeira dos materiais genéticos testados e seleção acurada, objetivando a maximização de ganhos na produção de celulose (CAIXETA et al., 2003; GOMIDE et al., 2010; PROTÁSIO et al., 2014).

Considerando os aspectos citados, a inclusão de caracteres relacionados à qualidade do lenho em estudos de interação genótipos x ambientes (G x A) é fundamental para obtenção de ganhos genéticos, uma vez que tais estudos constituem uma das etapas mais importantes num programa de melhoramento florestal (HARDNER et al., 2011). Contudo, a simples identificação de interação G x A *per se* não proporciona informações completas sobre o comportamento de cada genótipo frente às variações ambientais, sendo necessário o conhecimento da magnitude dessa interação. Para isso, análises de adaptabilidade e estabilidade genotípica devem ser realizadas, tornando possível a identificação de genótipos com comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientais, em condições específicas ou amplas (CRUZ; REGAZZI, 1994; HARDNER et al., 2011).

Apesar da relevância desses estudos, trabalhos que abordam a análise da interação G x A considerando características de qualidade da madeira são extremamente escassos no Brasil.

Tal fato pode ser explicado, uma vez que os estudos tecnológicos da madeira são onerosos e requerem longos períodos de tempo para serem finalizados, tornando impraticável a realização por completo dessas pesquisas (RAYMOND; APIOLAZA, 2004). Nesse contexto, realizam-se apenas algumas análises consideradas indispensáveis para caracterização da qualidade da madeira e que sejam capazes de fornecer subsídios para uma seleção tecnicamente correta (GOMIDE et al., 2010).

A densidade básica tem sido reportada na literatura como um índice universal para avaliar a qualidade do lenho, sendo esta propriedade física a que mais fornece informações sobre as demais características (QUEIROZ et al., 2004; GOMIDE et al., 2010; ROSSI et al., 2014). Não obstante à importância da análise dessa característica, a sua determinação, assim como os demais critérios tecnológicos, apresenta dificuldades em virtude de seu elevado custo, tempo despendido para realizar as análises e necessidade de abate de árvores.

Para solucionar o problema abordado, o método não destrutivo do Pilodyn tem sido empregado para determinação e, ou, ordenamento indireto da densidade básica da madeira em *Eucalyptus* (MUNERI; RAYMOND, 2000; THIERSCH et al., 2006; BISON et al., 2009; SHI-JUN et al., 2010; GOUVÊA et al., 2011; COUTO et al., 2013; NEVES et al., 2013). Tal método consiste na medição da profundidade de penetração de um pino de aço na madeira, impulsionado por uma mola, que é acionada por um gatilho. Dessa forma, a densidade básica é indiretamente proporcional à profundidade de penetração desse pino no lenho da árvore (GREAVES et al., 1996).

De posse dos dados medidos a campo, nos diferentes ambientes da rede experimental, é necessário empregar um método robusto para avaliar detalhadamente a interação G x A dos diferentes clones testados. Para isso, o método da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) preditos, proposto por Resende (2004) pode ser empregado. Tal método realiza a seleção simultânea por adaptabilidade, estabilidade e qualidade da madeira no contexto dos modelos mistos, produzindo resultados fidedignos e a seleção de genótipos com alto rendimento em diferentes ambientes (RESENDE, 2004). Distintos autores utilizaram o método da MHPRVG em estudos de interação G x A de *Eucalyptus* (JÚNIOR et al., 2006;

ROSADO et al., 2012; SANTOS et al., 2013; SANTOS et al., 2015). Entretanto, em nenhum trabalho, características relacionadas à qualidade da madeira foram consideradas.

Nesse cenário, objetivou-se avaliar a presença de interação G x A em diferentes ambientes de cultivo de *Eucalyptus* no Estado do Rio Grande do Sul e selecionar clones de *Eucalyptus* para essa região, com base nos critérios de densidade básica da madeira medida indiretamente pelo Pilodyn, densidade básica-produtividade, estabilidade e adaptabilidade.

## **2 – MATERIAL E MÉTODOS**

### **2.1 Rede experimental e materiais genéticos utilizados**

Os experimentos foram instalados nas áreas da empresa CMPC Celulose Riograndense, nos municípios de Minas do Leão (horto florestal Cambará), Encruzilhada do Sul (horto florestal Capivara), Dom Feliciano (horto florestal Fortaleza) e Vila Nova do Sul (horto florestal São João), todos localizados no estado do Rio Grande do Sul. As árvores foram plantadas no espaçamento de 3,5 x 2,6, e os dados edafoclimáticos de cada local estudado podem ser observados na Tabela 1. A descrição dos diferentes materiais genéticos utilizados nesse trabalho, dentro de suas respectivas espécies e híbridos consta na Tabela 2.

Tabela 1 - Localização geográfica e condições edafoclimáticas dos quatro ambientes do estado do Rio Grande do Sul utilizados para experimentação

	Cambará	Capivara	Fortaleza	São João
Coordenadas Geográficas	Latitude: 30°11'09" S; Longitude 52°00'10" W;	Latitude: 30°27'19" S; Longitude: 52°39' 53" W;	Latitude: 30°29'45" S; Longitude: 52°19'35" W;	Latitude: 30°14'46" S; Longitude: 53°49'7" W;
Altitude (metros)	141	250	378	301
Município	Minas do Leão	Encruzilhada do Sul	Dom Feliciano	Vila Nova do Sul
Ocupação anterior	Plantio de <i>Eucalyptus</i> (Área de reforma)	Pastagem	Pastagem	Pastagem
Tipo de Solo	Argissolo Vermelho distrófico nitossólico - textura argilosa	Argissolo Vermelho distrófico abruptico - textura arenosa/argilosa	Argissolo Vermelho Amarelo distrófico típico - textura média/argilosa	Argissolo Vermelho distrófico típico - textura média/argilosa
Fertilidade	média a alta	média a alta	média a alta	média a baixa
Profundidade do solo (mm)	profundo	médio	raso	profundo
Relevo	plano suave ondulado	ondulado	ondulado	plano suave ondulado
Mudança textural (perfil do solo)	leve	moderada	forte	leve
Temperatura Média (°C)	17,5	17,0	16,0	16,8
Temperatura mínima absoluta (°C)	-0,9	-0,6	-1,7	-0,0
Temperatura máxima absoluta (°C)	32,3	33,3	30,7	34,7
Umidade relativa (%)	77,6	74,8	80,6	75,6
Pluviosidade (mm)	1.422	1.368	1.564	1.133
Velocidade do vento (metros/segundo)	5,5	5,4	4,9	6,2

Fonte: Santos (2012)

Tabela 2 - Número total e porcentagem de clones de diferentes espécies e híbridos de *Eucalyptus*, utilizados em quatro ambientes para experimentação no estado do Rio Grande do Sul aos três anos de idade

Número	Espécie/híbrido	Número de clones	% de clones por espécie e híbrido	Seção
1	<i>E. grandis</i>	317	36,7%	Transversaria
2	<i>E. urophylla</i>	125	14,5%	Transversaria x Transversaria
3	<i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>	119	13,8%	Transversaria x Transversaria
4	<i>E. saligna</i>	48	5,6%	Transversaria
5	<i>E. grandis</i> x <i>E. kirtoniana</i> - ( <i>E. robusta</i> x <i>E. tereticornis</i> )	38	4,4%	Transversaria x (Annulares x Exsertaria)
6	<i>E. grandis</i> x <i>E. urophylla</i>	33	3,8%	Transversaria x Transversaria
7	<i>E. urophylla</i> x ( <i>E. grandis</i> x <i>E. urophylla</i> )	31	3,6%	Transversaria x (Transversaria x Transversaria)
8	<i>E. urophylla</i> x <i>E. maidenii</i>	24	2,8%	Transversaria x Maidenaria
9	<i>E. grandis</i> x <i>E. saligna</i>	21	2,4%	Transversaria x Transversaria
10	<i>E. urophylla</i> x <i>E. saligna</i>	19	2,2%	Transversaria x Transversaria
11	<i>E. urophylla</i> x <i>E. globulus</i>	14	1,6%	Transversaria x Maidenaria
12	( <i>E. grandis</i> x <i>E. urophylla</i> ) x <i>E. globulus</i>	13	1,5%	(Transversaria x Transversaria) x Maidenaria
13	( <i>E. grandis</i> x <i>E. urophylla</i> ) x <i>E. grandis</i>	7	0,8%	(Transversaria x Transversaria) x Transversaria
14	<i>E. grandis</i> x ( <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i> )	6	0,7%	Transversaria x (Transversaria x Transversaria)
15	<i>E. pellita</i> x <i>E. grandis</i>	6	0,7%	Transversaria x Transversaria
16	<i>E. urophylla</i> x ( <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i> )	6	0,7%	Transversaria x (Exsertaria x Transversaria)
17	<i>E. grandis</i> x <i>E. maidenii</i>	4	0,5%	Transversaria x Maidenaria
18	<i>E. saligna</i> x ( <i>E. grandis</i> x <i>E. urophylla</i> )	4	0,5%	Transversaria x (Transversaria x Transversaria)
19	( <i>E. grandis</i> x <i>E. urophylla</i> ) x ( <i>E. urophylla</i> x <i>E. globulus</i> )	3	0,3%	(Transversaria x Transversaria) x (Transversaria x Maidenaria)
20	( <i>E. grandis</i> x <i>E. urophylla</i> ) x <i>E. robusta</i>	3	0,3%	(Transversaria x Transversaria) x Annulares
21	<i>E. grandis</i> x <i>E. dunnii</i>	3	0,3%	Transversaria x Maidenaria
22	<i>E. grandis</i> x <i>E. globulus</i>	3	0,3%	Transversaria x Maidenaria
23	<i>E. pellita</i>	3	0,3%	Transversaria
24	( <i>E. grandis</i> x <i>E. urophylla</i> ) x <i>E. grandis</i>	1	0,1%	(Transversaria x Transversaria) x Transversaria
25	( <i>E. grandis</i> x <i>E. urophylla</i> ) x <i>E. urophylla</i>	1	0,1%	(Transversaria x Transversaria) x Transversaria
26	<i>E. globulus</i> x <i>E. grandis</i>	1	0,1%	Maidenaria x Transversaria
27	<i>E. globulus</i> x <i>E. tereticornis</i>	1	0,1%	Maidenaria x Exsertaria
28	<i>E. grandis</i> x ( <i>E. dunnii</i> x <i>E. grandis</i> )	1	0,1%	Transversaria x (Maidenaria x Transversaria)
29	<i>E. grandis</i> x ( <i>E. grandis</i> x <i>E. urophylla</i> )	1	0,1%	Transversaria x (Transversaria x Transversaria)
30	<i>E. maidenii</i> x ( <i>E. grandis</i> x <i>E. urophylla</i> )	1	0,1%	Maidenaria x (Transversaria x Transversaria)
31	<i>E. saligna</i> x ( <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i> )	1	0,1%	Transversaria x (Transversaria x Transversaria)
32	<i>E. urophylla</i> x ( <i>E. grandis</i> x <i>E. globulus</i> )	1	0,1%	Transversaria x (Transversaria x Maidenaria)
33	<i>E. urophylla</i> x ( <i>E. tereticornis</i> x <i>E. saligna</i> )	1	0,1%	Transversaria x (Exsertaria x Transversaria)
34	<i>E. urophylla</i> x ( <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i> )	1	0,1%	Transversaria x (Transversaria x Transversaria)
35	<i>E. urophylla</i> x <i>E. deanei</i>	1	0,1%	Transversaria x Transversaria
36	<i>E. urophylla</i> x <i>E. tereticornis</i>	1	0,1%	Transversaria x Exsertaria
37	<i>E. urophylla</i> x <i>E. maidenii</i>	1	0,1%	Transversaria x Maidenaria
Total		864	100,00%	

Fonte: Santos (2012)

## 2.2 Densidade básica

Para a estimativa indireta da densidade básica, o método do Pilodyn foi utilizado aos três anos de idade. Esse método consistiu na penetração de uma agulha de aço com 2,5 mm de diâmetro na face exterior do tronco, impulsionada por uma mola com força constante de 6 joules (GREAVES et al., 1996). Para tal, foi necessário descascar previamente uma seção retangular do tronco de aproximadamente 3 cm de comprimento, por 2 cm de largura na

altura de 1,3 metros do solo, de forma que a agulha de aço penetra-se apenas no lenho da árvore. Depois de encostado o aparelho ao tronco, disparou-se o gatilho e mediu-se a penetração da agulha, no lenho da árvore em milímetros, através de um visor numérico presente no aparelho.

O Pilodyn foi utilizado, duas vezes, nas faces norte e sul da árvore, a fim de reduzir possíveis problemas com variações da anatomia das plantas, tais como nós internos, bolsas de resina, entre outros. Caso o resultado de algum dos dois acionamentos fosse diferente, era realizado um terceiro acionamento e descartava-se o número discrepante. Para efeito das análises, o número considerado foi a média dos dois acionamentos realizados.

Os dados de profundidade de penetração (mm) do Pilodyn foram convertidos para densidade básica em  $\text{Kg.m}^{-3}$  pela multiplicação por um fator de conversão. Tal fator foi encontrado considerando:

$$\frac{1}{\bar{P}} \times F = \bar{D}$$

Onde:  $\bar{P}$  = Profundidade de penetração média do experimento;  $F$  = fator de conversão a ser encontrado;  $\bar{D} = 370 \text{ Kg.m}^{-3}$ . Densidade básica média da madeira de *Eucalyptus* aos 3 anos de idade (Glêison Augusto dos Santos, comunicação pessoal).

Com isso, a densidade básica medida indiretamente pelo Pilodyn e convertida para  $\text{Kg.m}^{-3}$  ( $Db$ ) é dada para cada indivíduo como:

$$Db = \frac{1}{P} \times F$$

Onde:  $Db$  = densidade básica medida indiretamente pelo Pilodyn e convertida para  $\text{Kg.m}^{-3}$ ;  $P$  = profundidade de penetração do Pilodyn em cada árvore individualmente;  $F$  = fator de conversão para  $\text{Kg.m}^{-3}$ .

### 2.3 Coleta de dados de crescimento

Aos três anos de idade, foram mensurados o diâmetro à altura do peito (DAP) e a altura total (Ht) das árvores dos experimentos. O DAP foi mensurado com o auxílio de uma fita diamétrica e a altura foi obtida com o uso do relascópio.

Para o cálculo do volume sem casca (Vol) foi utilizado o modelo de Leite et al. (1995) conforme apresentado abaixo:

$$V = 0,000048 * DAP^{1,720483} * altura^{1,180736} * e^{(-3,00555)*(tx/dap)} * \{1 - (d/dap)^{1+0,228531*d}\} + \epsilon$$

Onde: DAP: diâmetro a 1,3 metros de altura; altura: altura total; tx = 0, para volume com casca e 1 para volume sem casca; d: diâmetro comercial superior;  $\epsilon$  = erro experimental.

O cálculo do Vol de madeira por  $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano$  ou IMA (incremento médio anual) é dado por:

$$IMA = \frac{Vol_{sc} \times 10000}{27,3}$$

Em que: IMA= Incremento médio anual;  $Vol_{sc}$  = Volume sem casca.

## 2.4 Índice DAPxDb

Um índice de peso de madeira DAPxDb foi criado, ao unir a densidade básica da madeira a um critério de crescimento; objetiva-se tornar as análises mais acuradas e maximizar o ganho genético:

$$DAPxDb = \left( \frac{DAP}{S_{DAP}} \right) \times \left( \frac{Db}{S_{Db}} \right)$$

Onde:  $DAPxDb$  = índice de peso de madeira;  $Db$  = densidade básica medida indiretamente pelo Pilodyn e convertida para  $Kg \cdot m^{-3}$ ;  $DAP$  = diâmetro à altura do peito;  $S_{DAP}$  = desvio padrão da variável diâmetro à altura do peito;  $S_{Db}$  = desvio padrão da variável densidade básica.

Pesos econômicos relativos iguais foram atribuídos aos dois caracteres (DAP e Db).

## 2.5 Índice VolxDB

Um índice de peso de madeira, VolxDB, foi utilizado, com o objetivo de criar um ordenamento que una a produtividade no campo (volume em m<sup>3</sup>), com a densidade da madeira (medida indiretamente pela profundidade de penetração da agulha do Pilodyn e convertida para Kg.m<sup>-3</sup>). Dessa forma, com este índice será possível observar a biomassa de cada árvore em Kg ao final dos 3 anos de crescimento.

$$VolxDB = Db \times Vol_{sc}$$

Onde:  $VolxDB$  = índice de peso de madeira;  $Db$  = densidade básica medida indiretamente pelo Pilodyn e convertida para Kg.m<sup>-3</sup>;  $Vol_{sc}$  = Volume sem casca de madeira em m<sup>3</sup>.

Dessa maneira, pesos econômicos relativos iguais são atribuídos aos dois caracteres (Vol e Db).

## 2.6 Sobrevivência

A sobrevivência foi avaliada, a partir da contagem do número de árvores vivas por clone no experimento, no momento das medições de DAP e Ht (3 anos de idade).

## 2.7 Coeficiente de coincidência Kappa de Cohen (1960)

A coincidência entre os ordenamentos das características analisadas foi calculada de acordo com o índice Kappa ou índice k reportado por Cohen (1960), que é dado por:

$$k = \frac{f_o - f_e}{N - f_e}$$

Sendo:  $k$  = índice de coincidência de Kappa;  $f_o$  = número observado de clones coincidentes nos  $N$  primeiros colocados;  $f_e$  = número esperado de clones coincidentes devido ao acaso, que para o presente estudo foi de 12;  $N$  = número de pares de clones selecionados em cada critério, que no presente estudo serão os 100 primeiros de cada ordenamento. O número de clones coincidentes devido ao acaso é dado pela proporção da intensidade de seleção (100), que corresponde a 12% de 864 clones, logo o  $f_e$  é 12.

## 2.8 Eficiência da seleção indireta

Considerando o ganho genético indireto numa característica  $y$ , em função da seleção na característica  $x$ , a eficiência na seleção indireta em relação à direta é dada pela expressão abaixo reportada por Resende (2002):

$$\text{Eficiência da seleção indireta} = \frac{\varphi_{x,y}}{h_y^2};$$

Em que:

$$\varphi_{x,y} = r_{gx,y} \times h_x \times h_y$$

Onde:  $\varphi_{x,y}$  = equivale ao produto das acurácias (associadas à seleção massal) e da correlação genética entre os dois caracteres.  $h_y^2$  = herdabilidade da característica  $y$ .

## 2.9 Análise de trilha para o caráter principal Vol em função do DAP e Ht

A estimação dos coeficientes de trilha (efeitos diretos e indiretos), proposto por Wright (1921) pode ser feita por meio das correlações lineares entre os caracteres, considerando o caráter LogVol como a variável básica e LogDAP e LogHt como as variáveis explicativas (CRUZ et al., 2012). Em virtude da estrutura multiplicativa da variável principal, foi necessário encontrar as correlações genéticas entre as variáveis utilizando-as logaritmizadas, para

atender ao critério de aditividade de um modelo de regressão linear múltipla. Os efeitos diretos e indiretos da análise de trilha podem ser estimados pela solução do sistema de equações descrito abaixo (CRUZ et al., 2012):

$$W = J \cdot L$$

$$\begin{bmatrix} r_{01} \\ r_{02} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 & r_{12} \\ r_{12} & 1 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \hat{p}_{01} \\ \hat{p}_{02} \end{bmatrix}$$

Em que  $r_{01}$  é a correlação genotípica entre o caráter objetivo (LogVol) e o auxiliar 1 (LogDAP),  $r_{02}$  é a correlação genotípica entre o caráter objetivo e o auxiliar 2 (LogHt),  $r_{12}$  é a correlação genotípica entre os caracteres auxiliares, enquanto  $\hat{p}_{01}$  e  $\hat{p}_{02}$  são os efeitos diretos da análise de trilha referentes às duas variáveis auxiliares LogDAP e LogHt, respectivamente. Dessa forma, para encontrar os efeitos diretos basta inverter a matriz de correlações genotípicas (J) e multiplica-la pelo vetor W:

$$L = J^{-1} \cdot W$$

Para encontrar os efeitos indiretos resolvem-se as equações abaixo (CRUZ et al., 2012):

$$\text{Efeito indireto de LogDAP em LogVol via LogHt} = \hat{p}_{01} \cdot r_{12}$$

$$\text{Efeito indireto de LogHt em LogVol via LogDAP} = \hat{p}_{02} \cdot r_{12}$$

O coeficiente de determinação tanto do diagrama de trilha quanto do modelo de regressão linear múltipla de LogVol em função de LogDAP e LogHt é dado por (CRUZ et al., 2012):

$$R_{0,12}^2 = (\hat{p}_{01} \cdot r_{01} + \hat{p}_{02} \cdot r_{02})$$

## 2.10 Delineamentos estatísticos e análise de estabilidade e adaptabilidade

Uma rede de testes clonais com 864 clones de *Eucalyptus* foi implantada no ano de 2007 (Tabela 3), em quatro ambientes do estado do Rio Grande do Sul. Como testemunha comparativa, foi utilizado o principal clone comercial plantado pela empresa (clone 32864).

Em cada sítio um experimento no delineamento de blocos ao acaso foi estabelecido, com parcela de árvore única e 30 repetições.

Tabela 3 - Número total de clones por ambiente, clones comuns nos ambientes par a par e clones comuns em todos os ambientes, utilizados para a análise conjunta da interação genótipos x ambientes

Locais	Número de clones	Cambará	Capivara	Fortaleza	São João
Cambará	595	-	269	371	290
Capivara	525		-	266	370
Fortaleza	565			-	293
São João	582				-
Total geral (clones diferentes)					864
Clones comuns nos quatro ambientes					146

Fonte: Santos (2012)

Foram testados dois modelos estatísticos para análise dessa rede experimental em vários ambientes, considerando a tomada de uma observação por parcela.

O primeiro modelo (modelo 52 do Software Selegen REML/BLUP) testado é dado por:

$y = Xr + Zg + Hb + Wge + e$ , em que:

$y$ ,  $r$ ,  $g$ ,  $b$ ,  $ge$ ,  $e$  = vetores de dados, de efeitos de repetições (fixos), de efeitos genotípicos (aleatório), dos efeitos de bloco (aleatório), de efeitos da interação G x A (aleatório) e de erros aleatórios, respectivamente.

$X$ ,  $Z$ ,  $H$  e  $W$  = matrizes de incidência para  $r$ ,  $g$ ,  $b$  e  $ge$ , respectivamente.

Distribuições e estruturas de médias e variâncias:

$$E \begin{bmatrix} y \\ g \\ b \\ ge \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xr \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \quad Var \begin{bmatrix} g \\ b \\ ge \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I\sigma_g^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_b^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{ge}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Equações de modelo misto:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'H & X'W \\ Z'X & Z'Z + I\lambda_1 & Z'H & Z'W \\ H'X & H'Z & H'H + I\lambda_2 & H'W \\ W'X & W'Z & W'H & W'W + I\lambda_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{r} \\ \hat{g} \\ \hat{b} \\ \hat{g}e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ H'y \\ W'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} = \frac{1 - h_g^2 - c_b^2 - c_{ge}^2}{h_g^2}; \quad \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_b^2} = \frac{1 - h_g^2 - c_b^2 - c_{ge}^2}{c_b^2}; \quad \lambda_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{ge}^2} = \frac{1 - h_g^2 - c_b^2 - c_{ge}^2}{c_{ge}^2}$$

$$h_g^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_b^2 + \sigma_{ge}^2 + \sigma_e^2} = \text{herdabilidade individual no sentido amplo de parcelas}$$

individuais na repetição;

$$c_b^2 = \frac{\sigma_b^2}{\sigma_g^2 + \sigma_b^2 + \sigma_{ge}^2 + \sigma_e^2} : \text{ correlação devida ao ambiente comum do bloco;}$$

$$c_{ge}^2 = \frac{\sigma_{ge}^2}{\sigma_g^2 + \sigma_b^2 + \sigma_{ge}^2 + \sigma_e^2} : \text{ coeficiente de determinação dos efeitos da interação}$$

G x A;

$\sigma_g^2$  = variância genotípica;

$\sigma_b^2$  = variância ambiental entre blocos;

$\sigma_{ge}^2$  = variância da interação G x A;

$\sigma_e^2$  = variância residual entre parcelas;

$$r_{gloc} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{ge}^2} = \frac{h_g^2}{h_g^2 + c_{ge}^2} : \text{ correlação genotípica dos materiais genéticos}$$

através dos ambientes.

Estimadores de componentes de variância por REML via algoritmo EM:

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{r}' X'y - \hat{g}' Z'y - \hat{b}' H'y - \hat{g}e' W'y] / [N - r(x)]$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = [\hat{g}'\hat{g} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(C^{22})] / q$$

$$\hat{\sigma}_b^2 = [\hat{b}'\hat{b} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(C^{33})] / s$$

$$\hat{\sigma}_{ge}^2 = [\hat{g}e'\hat{g}e + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(C^{44})] / n \text{ em que:}$$

$C^{22}$ ,  $C^{33}$  e  $C^{44}$  advém de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} & C_{14} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} & C_{24} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} & C_{34} \\ C_{41} & C_{42} & C_{43} & C_{44} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} & C^{14} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} & C^{24} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} & C^{34} \\ C^{41} & C^{42} & C^{43} & C^{44} \end{bmatrix}$$

C: matriz dos coeficientes das equações de modelo misto; tr: operador traço matricial; r(x): posto da matriz X; N,q,s,n = número total de dados, de clones, de blocos e de combinações G x A, respectivamente.

O segundo modelo (modelo 54 do Software Selegen REMI/BLUP) estado é dado por:

$$y = Xb + Zg + Wge + e, \text{ em que:}$$

y, b, g, ge, e = vetores de dados, de efeitos fixos (médias de blocos através dos locais), de efeitos genotípicos (aleatório), de efeitos da interação G x A (aleatório) e de erros aleatórios, respectivamente.

X, Z e W = matrizes de incidência para b, g e ge, respectivamente.

Distribuições e estruturas de médias e variâncias:

$$E \begin{bmatrix} y \\ g \\ ge \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \quad Var \begin{bmatrix} g \\ ge \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I\sigma_g^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_{ge}^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Equações de modelo misto:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + I\lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{g} \\ \hat{ge} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} = \frac{1 - h_g^2 - c_{ge}^2}{h_g^2}; \quad \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{ge}^2} = \frac{1 - h_g^2 - c_{ge}^2}{c_{ge}^2}.$$

$$h_g^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{ge}^2 + \sigma_e^2} = \text{herdabilidade individual no sentido amplo de parcelas}$$

individuais no bloco;

$$c_{ge}^2 = \frac{\sigma_{ge}^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{ge}^2 + \sigma_e^2} : \text{coeficiente de determinação dos efeitos da interação G x}$$

A;

$\sigma_g^2$  = variância genotípica;

$\sigma_{ge}^2$  = variância da interação G x A;

$\sigma_e^2$  = variância residual entre parcelas;

$$r_{gloc} = \frac{\sigma_{ge}^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{ge}^2} = \frac{h_g^2}{h_g^2 + c_{ge}^2} : \text{correlação genotípica dos materiais genéticos}$$

através dos ambientes.

Estimadores de componentes de variância por REML via algoritmo EM:

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{b}' X'y - \hat{g}' Z'y - \hat{g}\hat{e}' W'y] / [N - r(x)]$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = [\hat{g}'\hat{g} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(C^{22})] / q$$

$$\hat{\sigma}_{ge}^2 = [\hat{g}\hat{e}'\hat{g}\hat{e} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(C^{33})] / s \text{ em que:}$$

$C^{22}$  e  $C^{33}$  advém de :

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} \end{bmatrix}$$

C = matriz dos coeficientes das equações de modelo misto;

tr = operador traço matricial;

r(x) = posto da matriz X;

N,q,s = número total de dados, número de clones e número de combinações G x A, respectivamente.

Nesses modelos, os valores genotípicos preditos livres da interação, considerando todos os locais são dados por  $u + g$ , em que  $u$  é a média de

todos os locais. Para cada local  $j$ , os valores genotípicos são preditos por  $u_j + g + ge$ , em que  $u_j$  é a média do local  $j$ .

A seleção conjunta por Db, estabilidade e adaptabilidade dos materiais genéticos foi baseada na estatística denominada média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG) preditos, conforme descrito por Resende (2004). Todas as análises foram realizadas por meio do software Selegen-REML/BLUP.

Com os valores genéticos preditos, foi obtida a correlação conjunta entre os ambientes e a correlação entre os locais tomados par a par.

Além disso, obteve-se, também, a correlação genética entre as variáveis analisadas. Finalmente, uma análise com o índice de *rank* médio (RESENDE, 2007), adaptado de Mulamba e Mock (1978), foi feita, envolvendo as seis características analisadas.

Todas as análises foram realizadas utilizando o programa de Seleção Genética Computadorizada - Selegen-REML/BLUP.

### **3 – RESULTADOS E DISCUSSÕES**

#### **3.1 Parâmetros genéticos e correlações genéticas entre as variáveis**

Os parâmetros genéticos das características analisadas foram estimados, considerando-se os dois modelos 52 (blocos tratados como aleatórios) e 54 (blocos tratados como fixos) e podem ser observados na Tabela 4.

Tabela 4 - Estimativas de parâmetros genéticos (REML individual), modelo 52 e 54 do Software Selegen REMI/BLUP, para os caracteres densidade básica (Db em Kg.m<sup>-3</sup>), diâmetro à altura do peito (DAP em cm), altura total (Ht em m), volume (Vol em m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>.ano), índice DAPxDb, VolxDb (Kg) e sobrevivência (%) para clones de *Eucalyptus*, avaliados na análise conjunta entre os ambientes aos três anos de idade

	Db		DAP		Ht		Vol		DAPxDb		VolxDb		Sobrevivência (%)	
	Modelos													
	52	54	52	54	52	54	52	54	52	54	52	54	52	54
h <sup>2</sup> g*	0,59	0,59	0,18	0,18	0,07	0,07	0,15	0,15	0,23	0,23	0,16	0,16	0,02	0,02
h <sup>2</sup> mg**	0,95	0,95	0,70	0,70	0,54	0,54	0,65	0,65	0,78	0,78	0,67	0,67	0,45	0,45
Acgen**	0,97	0,97	0,84	0,83	0,73	0,73	0,80	0,80	0,88	0,88	0,82	0,82	0,67	0,67
c <sup>2</sup> bloc	0,24	-	0,03	-	0,08	-	0,05	-	0,15	-	0,07	-	0,02	-
c <sup>2</sup> int	0,03	0,04	0,13	0,13	0,10	0,11	0,14	0,15	0,09	0,11	0,13	0,14	0,03	0,03
rgloc	0,93	0,93	0,56	0,56	0,40	0,40	0,50	0,50	0,67	0,67	0,53	0,53	0,39	0,40
Média geral	382,64	382,65	13,26	13,27	14,72	14,72	32,48	32,51	6,03	6,04	44,92	44,94	0,84	0,84
CVgi%	12,39	12,39	8,16	8,13	5,09	5,09	17,89	17,85	12,04	12,05	19,20	19,19	6,41	6,44
CVe%	9,70	9,70	15,71	15,70	16,50	16,50	37,80	37,78	20,20	20,20	40,08	40,05	39,26	39,27
CVr	1,27	1,27	0,51	0,51	0,30	0,30	0,47	0,47	0,59	0,59	0,47	0,47	0,16	0,16

h<sup>2</sup>g: Coeficientes de herdabilidade individual no sentido amplo, livre da interação; h<sup>2</sup>mg: Herdabilidade da média de clone; Acgen: Acurácia genética na seleção de clones; C<sup>2</sup>bloc: Coeficiente de determinação do bloco; C<sup>2</sup>int: Coeficiente de determinação da interação genótipos x ambientes; h<sup>2</sup>mg : Herdabilidade ajustada da média de genótipos, assumindo sobrevivência completa; r<sub>gloc</sub>: Correlação genotípica entre os ambientes; Média geral: Média geral dos caracteres entre os diferentes ambientes; CVgi (%): Coeficiente de variação genotípica; CVe (%): Coeficiente de variação experimental; CVr: Coeficiente de variação relativa.\*Herdabilidades corrigidas para variância de bloco (herdabilidade ajustada).\*\*Acurácias e herdabilidades de média de clones corrigidas de acordo com o arquivo. Fam

Como constatado na Tabela 4, os valores dos parâmetros genéticos praticamente não diferiram ao utilizarem-se os modelos com blocos de efeitos aleatórios (modelo 52) e com blocos de efeitos fixos (modelo 54). Resende e Duarte (2007) relatam que quando o número de repetições for menor ou igual a cinco, é preferível tratar esses efeitos como fixos, e quando o número de blocos for maior do que dez, pode-se optar por tratá-los como aleatórios. Além disso, com número de repetições elevado, o tratamento de efeitos de blocos como fixo ou aleatório conduzirá aos mesmos resultados (RESENDE, 2007). Dessa forma, como no presente estudo o número de repetições foi igual a 30, a utilização do modelo 52 ou 54 não altera o resultado final.

De modo geral, tratar os efeitos de repetições como fixos não limita as inferências dos resultados para o conjunto de repetições analisado. O fator que deve ser levado em consideração é que os efeitos da interação efeitos genéticos x efeitos de blocos sejam de natureza aleatória e isto ocorrerá sempre que os efeitos genéticos forem tratados como aleatórios (RESENDE, 2007).

De acordo com Resende (2007), para comparar os modelos que consideram efeitos de blocos como fixo e como aleatórios, é preciso inferir sobre a fração da variância genotípica que fica confundida no efeito de bloco. Assim, a fração da variação genética retida no efeito de repetição depende inversamente do tamanho da repetição. Segundo Resende e Higa (1994), em experimentos com tamanhos razoáveis, os efeitos de bloco poderão ser negligenciados, visto que a covariância com o valor genético atingirá magnitudes desprezíveis. Assim, em estudos com número de repetições elevados, como o presente trabalho (30), a média de blocos não representa fração genética considerável.

Dessa forma, apesar de constatado que os modelos 52 e 54 se equivalem, os próximos resultados serão apresentados para o modelo 52 apenas. Assim, em virtude do número de repetições do presente estudo (30), o modelo de efeitos de blocos como aleatório é, teoricamente, mais correto (RESENDE; DUARTE, 2007).

Além da escolha adequada do modelo estatístico, o estudo do controle genético dos caracteres e da qualidade experimental são fatores primordiais a serem considerados na seleção de genótipos superiores. Os parâmetros

genéticos para os caracteres Db, DAP, Ht, Vol, índice DAPxDb, índice VolxDb e sobrevivência foram estimados (Tabela 4).

De acordo com a Tabela 4, observa-se um alto valor estimado de herdabilidade no sentido amplo para o caráter Db ( $h^2g = 0,59$ ). Resende (2002) classifica as magnitudes de herdabilidade individuais em: baixa, quando varia de 0,01 a 0,15; média ou moderada, que varia de 0,15 a 0,50; alta, quando acima de 0,50. Com isso, constata-se o elevado controle genético dessa característica e possibilidade de obtenção de ganhos genéticos significativos com a seleção de indivíduos pela sua densidade básica medida indiretamente. Esse fato está de acordo com o esperado, dado que características relacionadas à qualidade da madeira apresentam elevado controle genético (SILVA, 2008). Ou seja, com esse valor de herdabilidade, a seleção individual com base apenas no fenótipo pode ser considerada eficiente.

Valor elevado de herdabilidade foi encontrado para a característica profundidade do Pilodyn em *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake, no estudo de Wei e Borralho (1997). Os autores constataram herdabilidade para essa característica igual a  $h^2a = 0,64$ . Além disso, os autores ressaltam a importância da estimação da densidade básica de *Eucalyptus* em um programa de melhoramento, considerando tal característica como a mais importante e representativa da qualidade da madeira e da polpa celulósica.

Os resultados encontrados no presente estudo corroboram com os estudos de Muneri e Raymond (2000) sobre controle genético do caráter profundidade de penetração do Pilodyn e densidade básica medida diretamente em progênies de *Eucalyptus globulus* Labill. Segundo esses autores, as duas características apresentaram de moderado (profundidade de penetração do Pilodyn) a alto controle genético (densidade básica). Além disso, na pesquisa deles, a densidade básica revelou elevada correlação genética negativa com a profundidade do Pilodyn.

Kube et al. (2001), também, analisando caracteres relacionados à qualidade da madeira em um estudo de interação G x A de progênies de *Eucalyptus nitens* (Deane e Maiden) Maiden, reportaram alto controle genético para a característica densidade básica ( $h^2a = 0,70$ ). Além disso, os autores enfatizam a importância de se estudar caracteres relacionados às propriedades

tecnológicas do lenho, como fator primordial na obtenção de ganhos genéticos na produção de polpa celulósica.

Não obstante ao elevado controle genético do caráter Db, os demais valores de herdabilidade podem ser considerados moderados, variando de  $h^2g = 0,15$  para Vol e  $h^2g = 0,23$  para índice DAPxDb; e baixos de  $h^2g = 0,02$  para sobrevivência e  $h^2g = 0,07$  para Ht (Tabela 4). Nota-se que o valor de herdabilidade do caráter VolxDb foi similar ( $h^2g = 0,16$ ) ao do Vol ( $h^2g = 0,15$ ). Assim, apesar de multiplicar um caráter de elevado controle genético (Db em  $\text{Kg.m}^{-3}$ ) com um de moderado controle genético (Vol em  $\text{m}^3$ ), a nova variável criada (VolxDb em Kg) apresentou controle genético semelhante ao caráter de menor herdabilidade. Ao contrário do que ocorre com a Db, os caracteres de moderada herdabilidade são controlados por muitos genes. Isto indica que grande parte da variabilidade fenotípica dessas características é devida à variação ambiental. Dessa forma, a seleção baseada apenas no fenótipo pode ser ineficiente (STURION et al., 1999).

Os valores de coeficiente de variação genotípico (CVgi (%)) (Tabela 4) encontrados para as características Db e VolxDb foram expressivos, em que 12,39% e 19,20%, da média geral é devido à variação genotípica para cada característica em questão, respectivamente. Com valores dessa magnitude, é possível obter sucesso com a seleção de genótipos e ganhos consideráveis (MAIA et al., 2009).

O CVgi (%) do índice VolxDb (19,20%) foi superior em relação aos CVgi's (%) dos caracteres que lhe deram origem, aumentando a possibilidade de obter ganhos significativos e tornar a seleção mais fidedigna (Tabela 4). Desse modo, ressalta-se a importância da inclusão de caracteres relacionados à qualidade da madeira na seleção de clones de *Eucalyptus*, já que trabalhos que abordam o peso de madeira em estudos de interação G x A são extremamente escassos.

Os valores genéticos para os caracteres de qualidade da madeira foram preditos com alta acurácia, que variou de 0,82 a 0,97. De acordo com Resende e Duarte (2007), valores de acurácia entre 0,70 e 0,90 são classificados como de alta precisão e valores acima de 0,90 de precisão muito alta. Dessa forma, o delineamento experimental e o número de repetições (30) utilizadas nos

experimentos foram adequados, garantindo a geração de resultados fidedignos, com alta precisão e confiabilidade.

Com exceção da Db (CVe% = 9,70%), os coeficientes de variação experimental (CVe(%)), para as outras características (Tabela 4) podem ser considerados muito altos (CAGNELUTTI; STORCK, 2007). No entanto, o CVe(%) é pouco informativo, sendo mais importante a análise e interpretação da estimativa da acurácia (RESENDE; DUARTE, 2007). A acurácia tem a propriedade de informar sobre o correto ordenamento dos genótipos para fins de seleção e, também, sobre a eficácia da inferência acerca do valor genotípico do clone (RESENDE, 2002). Tal parâmetro não depende apenas da magnitude da variação residual e do número de repetições, mas leva em consideração, também, a proporção entre as variações de natureza genética e residual associadas ao caráter em avaliação (RESENDE, 2007).

Foram obtidas altas acurácias em todos os ambientes e na análise conjunta entre os locais (Tabela 4). Provavelmente, isso ocorreu devido ao grande número de repetições (30) do delineamento experimental utilizado. Resende e Duarte (2007) relatam a possibilidade de obtenção de altas acurácias, mesmo com elevados CVe's(%), isso é possível devido ao aumento do número de repetições. Assim, ressalta-se o elevado rigor experimental do presente estudo e a segurança na seleção dos clones para as características relacionadas à qualidade da madeira nesse experimento.

O coeficiente de variação relativa (CVr) é outra estatística empregada em avaliação genotípica. O maior CVr foi de 1,27 para o caráter Db (Tabela 4), que apresenta alto controle genético, o que pode ter contribuído para um valor de CVr acima da unidade (RESENDE; DUARTE, 2007). Os índices de peso de madeira DAPxDb e VolxDb apresentaram CVr's inferiores a 1, no entanto, Resende e Duarte (2007) relatam que é possível obter altos valores de acurácia mesmo com CVr's baixos. Segundo esses autores, com 30 a quarenta repetições para caracteres de herdabilidade moderada é possível obter acurácias acima de 90%, mesmo quando a relação CVg/CVe é inferior a 0,40. Com isso, valores de CVr devem ser inferidos em conjunto com o número de repetições (RESENDE; DUARTE, 2007).

Na análise da interação G x A, a Db foi o único caráter avaliado que não apresentou interação do tipo complexa, apresentando correlação (rgloc) alta

(RESENDE, 2007) entre os ambientes ( $rgloc = 0,93$ ). Esse fato indica que essa característica física tende a ser mais estável entre os ambientes e que, caso o objetivo do programa de melhoramento fosse, unicamente, o aumento de Db, uma única área de recomendação de clones, abrangendo os quatro ambientes, seria suficiente. Raymond et al. (2001), relatam que como os caracteres tecnológicos da madeira estão sob maior controle genético, em relação às características de crescimento das árvores, pode-se esperar que a magnitude da interação G x A de caracteres de crescimento e de qualidade da madeira sejam sempre distintas, sendo estes últimos de pouca interação com os ambientes.

Resultados similares para interação G x A de *Eucalyptus grandis* Hill ex. Maiden para características relacionadas à qualidade da madeira foram encontrados por Osorio et al. (2001). De acordo com esses autores, a correlação genética da densidade básica em cinco sítios da rede experimental foi elevada ( $r = 0,90$ ), indicando que o ordenamento dos clones é estável entre os cinco ambientes testados.

O coeficiente de determinação para o caráter VolxDB ( $c^2_{int} = 0,13$ ) foi relativamente alto, significando que 13% das variações fenotípicas ocorrem em virtude da interação. Assim, tal proporção conduziu a uma correlação genotípica de 53% através dos quatro ambientes, o que não chega a ser um valor alto acima de 67%, conforme estabelecido por Resende (2007). De acordo com Vencovsky e Barriga (1992), valores baixos de correlação entre os ambientes indicam a presença de interação G x A do tipo complexa. Esse fato explicita a necessidade de ampliar os estudos da interação G x A para análises de estabilidade e adaptabilidade para esse caráter.

Osorio et al. (2001), relatam que a interação G x A surge quando a performance relativa dos materiais genéticos não é consistente nos diferentes ambientes da rede experimental. E que, quando tal fato ocorre, é preciso separar áreas específicas para determinados materiais genéticos, pois caso contrário, a seleção dos genótipos superiores fica prejudicada.

Para o índice DAPxDB, a correlação genotípica através dos quatro ambientes ( $rgloc = 0,67$ ) pode ser considerada de moderada, tendendo a alta, de acordo com a classificação de Resende (2007). Constata-se que o índice criado a partir da multiplicação do DAP com a Db, apresentou maior correlação

genética entre os ambientes se comparado ao índice VolxDB (rgloc = 0,53), que é resultado da multiplicação do Vol com Db. Assim, o caráter DAP é mais estável em relação à característica Vol, ou seja, apresenta menor amplitude de variação nas medições. Tal fato pode ser comprovado ao observar na Tabela 4 os maiores valores de CVgi (%) e CVe (%) do caráter Vol, se comparado aos valores desses parâmetros genéticos para o caráter DAP.

Apesar do índice de peso de madeira DAPxDB apresentar um rgloc = 0,67, é apropriado investigar a adaptabilidade e estabilidade dos clones para esse índice, e se preciso, separar áreas de recomendação de clones, ao invés de considerar os quatro ambientes como um só para esse índice. Isso se faz necessário, uma vez que o rgloc do índice DAPxDB apresentou um valor de moderado tendendo a alto, de acordo com o estabelecido por Resende (2007). Com isso, sabendo-se que tal índice é relativamente estável entre os ambientes, o estudo da correlação genética dos ambientes par a par será relevante para confirmar se os quatro ambientes formam uma única “zona de melhoramento” (RESENDE, 2005), ou se há necessidade de separar mais áreas. Dessa forma, ressalta-se a importância da abordagem de critérios de seleção que englobam características relacionadas ao crescimento das árvores e à qualidade da madeira em estudos de interação G x A de clones de *Eucalyptus*.

Na Tabela 5 os parâmetros genéticos para o caráter Db, foco do presente estudo, em cada um dos quatro ambientes, foi estimado.

Tabelas 5 - Estimativas de parâmetros genotípicos para os quatro ambientes estudados e para a análise conjunta entre os ambientes para o caráter densidade básica (Db em Kg.m<sup>-3</sup>)

	Cambará	Capivara	Fortaleza	São João	Conjunta (quatro locais)
h <sup>2</sup> g	0,47	0,67	0,47	0,56	0,59
h <sup>2</sup> mc*	0,95	0,98	0,95	0,95	0,95
Acclon*	0,97	0,99	0,97	0,97	0,97
Média geral	408,98	349,57	392,73	377,58	382,64
CVgi(%)	12,46	12,12	13,65	11,97	12,39
CVe(%)	12,98	8,41	14,36	10,43	9,70
CVr	0,96	1,44	0,95	1,14	1,27

h<sup>2</sup>g: Coeficiente de herdabilidade individual no sentido amplo, livre da interação;

h<sup>2</sup>mc: Herdabilidade da média de clone;

Acclon: Acurácia genética na seleção de clones;

Média geral: Média geral dos caracteres entre os diferentes ambientes;

CVgi (%): Coeficiente de variação genotípica;  
CVe (%): Coeficiente de variação experimental;  
CVr: Coeficiente de variação relativa.

\*Acurácias e herdabilidades de média de clones corrigidas de acordo com o arquivo. Fam

De acordo com a Tabela 5, a maior densidade ocorreu no local Cambará (408,98 Kg.m<sup>-3</sup>). De acordo com Shimoyama e Barrichelo (1989), a maior ou menor densidade depende das condições de manejo de solo, fertilidade e microclima. Oliveira (2014) reporta que ambientes desfavoráveis ao crescimento das espécies florestais, como baixa fertilidade, estão correlacionados com o aumento da densidade básica das plantas, uma vez que a atividade cambial e fisiológica da planta é reduzida. Em contrapartida, baixas densidades estão associadas a ambientes de boa distribuição hídrica, solos mais férteis e de boa qualidade.

Considerando esses aspectos, a maior fertilidade no sítio Cambará pode estar associada à ocupação anterior desse solo (Tabela 1), que era de plantio de *Eucalyptus*, enquanto as demais localidades tinham como atividade anterior ao presente experimento a pastagem (Tabela 1). Como o eucalipto apresenta profunda raiz pivotante e raízes adventícias, enquanto as gramíneas apenas raízes adventícias, o plantio anterior de *Eucalyptus* pode ter explorado mais a fertilidade do solo, deixando-o numa condição menos favorável para a instalação do experimento em relação aos solos dos sítios antes ocupados por pastagem. Dessa forma, nessas condições, os clones plantados no sítio Cambará apresentaram maior Db.

Como na análise conjunta, os valores de herdabilidade individual foram sempre altos entre os quatro sítios, variando de  $h^2g = 0,47$  no sítio Fortaleza a  $h^2g = 0,67$  para o sítio Capivara. Tais valores revelam o alto controle genético da característica Db. Além disso, os valores de acurácia nos sítios foram muito altos (RESENDE; DUARTE, 2007) e variaram de 0,97 a 0,99, constatando, mais uma vez, o rigor e a qualidade na montagem dos experimentos, assim como o alto número de repetições (30) do delineamento utilizado, que contribuiu para a elevação dos valores de acurácia.

As estimativas dos CVr's nos quatro locais, assim como na análise conjunta, foram sempre altos (próximos a unidade) no local Cambará e Fortaleza, e acima da unidade nos sítios Capivara e São João. Tais resultados

foram obtidos em virtude do alto controle genético e da ampla variabilidade genética desse caráter. Além disso, os valores de CVr foram sempre acima de 0,82, valor este de CVr, reportado por Resende e Duarte (2007), como ideal na seleção genética.

A correlação genética entre as características avaliadas foi estabelecida (Tabela 6). O índice VolxDB apresentou alta correlação genética com Vol e baixa com a Db. Esse fato corrobora com a herdabilidade para VolxDB ( $h^2g = 0,16$ ) que também foi similar à do Vol ( $h^2g = 0,15$ ). Esses dados destacam a necessidade da criação de um índice de peso de madeira equilibrado que não tenha as mesmas propriedades de apenas uma variável que lhe deu origem, e sim, das duas em conjunto.

Tabela 6 – Correlações genóticas entre os caracteres densidade básica (Db em Kg.m<sup>-3</sup>), diâmetro à altura do peito (DAP em cm), altura total (Ht em m), volume (Vol em m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>.ano), índice DAPxDB, VolxDB (Kg) e sobrevivência (Sobrev em %) para os clones de *Eucalyptus*, avaliados na análise conjunta entre os ambientes aos três anos de idade

	DAP	Ht	Vol	VolxDB	Sobrev	Db	DAPxDB
DAP		0,66	0,97	0,81	0,26	-0,27	0,49
Ht			0,77	0,71	0,19	-0,01	0,48
Vol				0,86	0,23	-0,22	0,52
VolxDB					0,22	0,26	0,86
Sobrev						0,06	0,22
Db							0,67
DAPxDB							

Destaca-se a alta correlação genética entre DAP e Vol (Tabela 6). Esse fato pode ser explicado, uma vez que o Vol é função quadrática do DAP. Em virtude dessa alta correlação genética, é possível praticar a seleção indireta dos clones de *Eucalyptus* visando ganhos em Vol, por meio do caráter DAP. Assim, evitam-se erros na medição da Ht como: calibragem do aparelho; distância do operador à árvore; balanço da árvore pelo vento, dificultando a visada no topo e nível de treinamento do operador com o aparelho (COUTO; BASTOS, 1988). A eficiência da seleção indireta foi calculada em 1,05. Pelo cálculo da eficiência da seleção indireta, constatou-se que  $\varphi_{x,y}$  é maior do que a herdabilidade individual do Vol. De acordo com Resende (2002), quando isso

ocorre, isto é, quando a eficiência é superior a unidade, a seleção indireta será mais vantajosa que a seleção direta.

Deve ficar claro que, para fins de melhoramento é necessário obter da informação em nível de indivíduo (medir a altura de cada árvore do experimento) para a seleção genética, enquanto que para estudos de inventário florestal, trabalha-se com médias (parcelas e altura dominante). Dessa maneira, as discussões aqui apresentadas valem apenas para a seleção genética individual e não para inventário florestal.

Além do estudo da eficiência da seleção indireta, na Tabela 7 constam os efeitos genéticos diretos e indiretos da análise de trilha do caráter DAP e Ht em relação à característica Vol. De acordo com esta análise, o DAP apresenta elevado efeito genético direto em Vol, havendo, de fato, uma relação de causa e efeito entre essas duas variáveis (CRUZ et al., 2004). O efeito genético direto do caráter Ht em relação ao Vol é relativamente baixo, e este caráter não afeta de forma indireta a relação DAP-Vol. Dessa forma, corroborando com os resultados apresentados acima, confirma-se que a seleção em Vol pode ser feita com base apenas no DAP.

Tabela 7 – Resultado da análise de trilha para os caracteres Log de Volume (LogVol em m<sup>3</sup>), Log de diâmetro à altura do peito (LogDAP em cm) e Log de Altura (LogHt em m), a partir das correlações genéticas entre os caracteres medidos em clones de *Eucalyptus* aos três anos de idade

Caracteres	Estimador	Estimativa
LogDAP	Efeito direto sobre o LogVol	0,78
	Efeito indireto sobre LogVol via LogHt	0,43
	Correlação genotípica entre LogDAP e LogVol	0,96
LogHt	Efeito direto sobre o LogVol	0,32
	Efeito indireto sobre LogVol via LogDAP	0,18
	Correlação genotípica entre LogHt e LogVol	0,76
R <sup>2</sup>	99%	

De acordo com Falconer (1987), a seleção indireta pode promover maiores ganhos em relação à direta se o caráter auxiliar apresentar maior herdabilidade que o principal, e se a correlação genética entre ambos for positiva e de alta magnitude, como é o caso do presente trabalho. Além disso,

com a seleção indireta por DAP, os custos e o tempo despendidos na medição da Ht para estimação do Vol serão evitados.

Considerando esses aspectos, a criação do índice DAPxDb que une os caracteres de crescimento da árvore e qualidade da madeira torna-se ideal numa cadeia produtiva de alto rendimento, uma vez que o DAP pode ser medido de modo rápido e confiável, assim como a medição indireta da densidade básica por meio do Pilodyn. A correlação genética entre DAP e Db foi negativa (-0,27). Esse fato indica que a seleção unicamente para DAP resultará em declínio para Db e vice-versa, acarretando em perda de capital, resultante da baixa qualidade do produto final.

Wei e Borralho (1997) também reportaram um valor negativo (-0,36 de correlação genética entre DAP e densidade básica num estudo com progênies de *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake. Resultados semelhantes ao do presente estudo foram encontrados, também, por Kube et al. (2001), que relataram correlação de -0,57 para DAP e densidade básica medida diretamente em progênies de *Eucalyptus nitens* (Deane e Maiden). Assim como os autores anteriormente citados, Bison et al. (2006), encontraram correlações genéticas negativas entre um caráter de crescimento e um de qualidade da madeira na avaliação de progênies híbridas de meios-irmãos de *E. grandis* x *E. urophylla*. De acordo com esses autores, as estimativas de correlações genéticas entre circunferência à altura do peito e densidade básica foram de -0,57 a -0,39, em três locais avaliados. Entretanto, Paula et al. (2002) e Reis et al. (2011), e constataram correlações genéticas positivas entre volume e densidade básica em estudos com progênies de *Eucalyptus*. De acordo com Reis et al. (2011), essas diferenças nas estimativas de correlações genéticas são esperadas, uma vez que dependem da variação genética existente na população avaliada. Além disso, como os referidos caracteres são controlados por vários genes, as estimativas das correlações podem variar, a depender dos genes que estão segregando (REIS et al., 2011). Dessa maneira, os dois caracteres devem ser considerados em combinação num programa de melhoramento para maximização de ganhos genéticos.

Dessa forma, os próximos resultados terão enfoque na Db e no índice de DAPxDb, objetivando constatar melhorias na seleção de genótipos superiores

de *Eucalyptus* em estudos de interação G x A, por meio, também, desse novo índice.

### 3.2 Correlações genéticas dos ambientes par a par

As correlações genéticas dos caracteres Db, DAP, Ht, Vol, índice VolxDB e índice DAPxDB quando os locais são estudados par a par, foram estabelecidas (Tabelas 8, 9, 10, 11, 12 e 13). Para o caráter Db todas as correlações foram muito altas, acima de 0,90 (Tabela 8). Para o caráter Ht, nenhuma correlação foi alta (Tabela 10). Considerando as características DAP (Tabela 9), Vol (Tabela 11) e VolxDB (Tabela 12), somente a correlação entre Cambará - Fortaleza, pode ser considerada alta (RESENDE; DUARTE, 2007). No entanto, para o índice DAPxDB (Tabela 13), as correlações entre os ambientes Cambará - Fortaleza (0,82), e Cambará - São João (0,70) foram consideradas elevadas.

Tabela 8 - Correlações genéticas entre os ambientes avaliados par a par, para a característica densidade básica (Db em Kg.m<sup>-3</sup>)

	Cambará	Capivara	Fortaleza	São João
Cambará	-	0,94	0,95	0,93
Capivara		-	0,94	0,90
Fortaleza			-	0,90
São João				-

Para o caráter Db nenhuma correlação genética entre os ambientes foi do tipo complexa (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992), não havendo, portanto, necessidade de separar clones específicos para determinadas áreas. Isso se dá em virtude do alto controle genético dessa característica ( $h^2g = 0,59$ ).

Tabela 9 - Correlações genéticas entre os ambientes avaliados par a par, para a característica diâmetro à altura do peito (DAP em cm)

	Cambará	Capivara	Fortaleza	São João
Cambará	-	0,47	0,72	0,61
Capivara		-	0,38	0,61
Fortaleza			-	0,60
São João				-

Neste caso, para o caráter DAP, apenas, a correlação genética entre os ambientes Cambará e Fortaleza foi alta, acima de 0,67 como estabelecido por Resende, (2007). Caso a seleção fosse embasada somente no DAP, 3 “zonas de melhoramento” (RESENDE, 2005) deveriam ser formadas, a saber: Cambará – Fortaleza, Capivara e São João.

Tabela 10 - Correlações genéticas entre os ambientes avaliados par a par, para a característica altura (Ht em m)

	Cambará	Capivara	Fortaleza	São João
Cambará	-	0,55	0,63	0,44
Capivara		-	0,33	0,28
Fortaleza			-	0,39
São João				-

Para a característica Ht, somente interações do tipo complexa foram constatadas, não existindo possibilidade de formar “zonas de melhoramento”.

Tabela 11 - Correlações genéticas entre os ambientes avaliados par a par, para a característica volume (Vol em m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>.ano)

	Cambará	Capivara	Fortaleza	São João
Cambará	-	0,47	0,67	0,54
Capivara		-	0,35	0,50
Fortaleza			-	0,48
São João				-

Assim como ocorreu para o caráter DAP, o estudo da interação genética dos ambientes par a par para o caráter Vol revelou a possibilidade da formação de 3 unidades de recomendação de clones (RESENDE, 2005) que são: Cambará – Fortaleza, Capivara e São João. Isso ocorreu em virtude da alta

correlação genética dos ambientes Cambará e Fortaleza, o que sugere que clones iguais podem ser plantados nessas duas localidades.

Tabela 12 - Correlações genéticas entre os ambientes avaliados par a par, para a característica VolxDB (Kg)

	Cambará	Capivara	Fortaleza	São João
Cambará	-	0,46	0,67	0,62
Capivara		-	0,33	0,52
Fortaleza			-	0,51
São João				-

A característica VolxDB apresentou comportamento semelhante ao Vol, com a formação de 3 “zonas de melhoramento”: Cambará – Fortaleza, Capivara e São João.

Tabela 13 - Correlações genéticas entre os ambientes avaliados par a par, para o índice DAPxDB

	Cambará	Capivara	Fortaleza	São João
Cambará	-	0,63	0,82	0,70
Capivara		-	0,56	0,65
Fortaleza			-	0,66
São João				-

De modo distinto do que ocorreu com os demais caracteres avaliados, para o índice DAPxDB, a correlação genética entre os ambientes Cambará e Fortaleza foi alta (0,82), assim como a correlação genética entre Cambará e São João (0,70), de acordo com o limite estabelecido por Resende (2007). Esse resultado indica que os mesmos clones plantados no sítio Cambará poderão ser plantados em Fortaleza e simultaneamente em São João, formando, assim, duas “zonas de melhoramento” (RESENDE, 2005): Cambará – Fortaleza – São João e Capivara. Para o ambiente Capivara, um programa de melhoramento distinto deverá ser estabelecido, em virtude da resposta diferenciada do comportamento dos clones nesse local. Essa estratificação em “zonas de melhoramento” distintas é importante para que a interação complexa não “corroa” os ganhos genéticos (MAIA et al., 2009; MARTINEZ et al., 2012).

Santos et al. (2015), em um estudo de interação G x A para produtividade em volume por  $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano$  de clones de *Eucalyptus* na mesma rede experimental do presente estudo, reportaram 3 “zonas e melhoramento” (Cambará-Fortaleza, Capivara e São João). No presente trabalho, por meio do índice DAPxDb criado, somente duas “zonas de melhoramento” foram obtidas, representando redução de custos e maior praticidade na seleção de genótipos elite. Assim, enfatiza-se a importância do índice criado, tanto em relação à medição precisa do DAP quanto da agregação de uma característica de qualidade da madeira, que resultou em redução das zonas de recomendação de clones.

Distintos autores reportam em estudos de interação G x A em *Eucalyptus* (RAYMOND, 1997; MUNERI; RAYMOND, 2000; OSORIO et al., 2001; HARDNER et al., 2010; SANTOS et al., 2015) que determinar a importância prática e magnitude da interação G x A é crítico para o delineamento de programas de melhoramento e para a tomada de decisões no estabelecimento dos plantios. Além disso, quando há interação G x A significativa é fundamental a separação de áreas específicas para recomendação, plantio ou teste de determinados materiais genéticos.

De acordo com Resende (2005), dentro das zonas a interação G x A será desprezível e, entre elas a interação não acarretará problemas para o melhorista. Desse modo, cada zona de melhoramento demanda um programa de melhoramento específico, sendo que o número destas zonas indicará o número mínimo de populações de melhoramento a serem empregadas pelos melhoristas (RESENDE, 2005). De forma semelhante, essa linha de pensamento pode ser utilizada para o número de "unidades de produção" onde é necessário o estabelecimento de testes clonais e seleção de clones específicos para plantios comerciais (SANTOS, 2012).

Esse resultado é de extrema relevância para redução de custos ao promover apenas duas frentes de melhoramento ao invés de três, como seria feito, caso a característica de interesse fosse o Vol, que tem sido, comumente, considerada pelas empresas. Além disso, ao analisar em conjunto, o critério de crescimento DAP, que é altamente correlacionado com Vol (0,97) e uma característica representativa de qualidade da madeira, a Db, a seleção de clones de *Eucalyptus* pode-se dar de forma eficiente (considera não só critérios

de crescimento, mas também de qualidade da madeira), tecnicamente correta e menos onerosa. Isso ocorre em virtude da redução de custos tanto em relação ao menor número de “zonas de melhoramento” obtidos, como em relação à rapidez e facilidade na medição do DAP (uma medição direta, precisa e sem a necessidade de grandes equipes de campo) e da profundidade de penetração do Pilodyn.

Frente ao apresentado, a seleção de genótipos específicos para cada uma dessas zonas conduzirá à maximização dos ganhos genéticos com seleção em relação ao índice DAPxDb.

### **3.3 Análise conjunta dos locais**

Um ordenamento dos 20 melhores clones para a seleção conjunta entre os quatro ambientes foi feito para a característica Db e o índice DAPxDb (Tabelas 14 e 15). No ordenamento para  $u + g + gem$  do índice DAPxDb, uma correção para os clones que estavam presentes nos quatro ambientes simultaneamente, foi feita.

O ordenamento dos melhores 20 clones para o caráter Db, de acordo com seu valor genotípico livre de interação ( $u + g$ ) (Tabela 14) é válido quando se deseja recomendar tais clones para plantio em qualquer área, desconsiderando o efeito do ambiente (RESENDE, 2004). Considerando esses aspectos, os cinco genótipos superiores recomendados para plantio são o 39465, 39821, 37346, 37387 e 39452 (as espécies e híbridos referentes a esses clones podem ser vistas na Tabela 11 do apêndice). O ganho predito com base na média desses cinco clones em relação à média geral dos experimentos é relativamente alto, da ordem de 42,14%, evidenciando que ganhos significativos com Db podem ser obtidos, se o melhoramento for feito em relação à população.

Como em um programa de melhoramento florestal há a necessidade de superar o clone plantado na atualidade, o ganho para o caráter Db da média dos cinco melhores clones foi calculado em relação à testemunha (clone 32864) e estimado na ordem de 25,12%. Assim, ganho relativamente alto pode

ser obtido, também, em relação à testemunha, uma vez que foram descobertos 109 clones superiores ao clone 32864 para o caráter Db.

Tabela 14 - Ordenamento dos clones por seus valores genotípicos e ganhos preditos para o caráter densidade básica (Db em Kg.m<sup>-3</sup>), na análise conjunta entre os ambientes

Ordem	Genótipo	g	u + g	Ganho	Nova média	Ganho acumulado em relação à média geral	Ganho individual em relação à média geral	Ganho acumulado em relação à média da testemunha	Ganho individual em relação à média da testemunha	u + g + gem	Ganho individual u + g + gem em relação à média geral	Ganho individual u + g + gem em relação à média da testemunha
1	39465	169,98	552,62	169,98	552,62	44,42%	44,42%	27,13%	27,13%	555,74	45,24%	27,57%
2	39821	165,18	547,82	167,58	550,22	43,79%	43,17%	26,58%	26,03%	550,85	43,96%	26,44%
3	37346	160,13	542,77	165,09	547,74	43,15%	41,85%	26,01%	24,87%	545,71	42,62%	25,26%
4	37387	156,21	538,86	162,87	545,52	42,57%	40,82%	25,50%	23,97%	541,73	41,57%	24,35%
5	39452	154,73	537,37	161,24	543,89	42,14%	40,44%	25,12%	23,62%	540,21	41,18%	24,00%
6	39781	151,74	534,38	159,66	542,30	41,73%	39,65%	24,76%	22,94%	537,17	40,38%	23,30%
7	6891	144,33	526,98	157,47	540,11	41,15%	37,72%	24,25%	21,23%	529,63	38,41%	21,57%
8	38623	142,50	525,15	155,60	538,24	40,66%	37,24%	23,82%	20,81%	527,77	37,93%	21,14%
9	20643	135,33	517,97	153,35	535,99	40,08%	35,37%	23,31%	19,16%	520,46	36,02%	19,47%
10	38624	131,41	514,05	151,15	533,80	39,50%	34,34%	22,80%	18,26%	516,46	34,97%	18,55%
11	39621	123,30	505,95	148,62	531,27	38,84%	32,22%	22,22%	16,39%	508,21	32,82%	16,66%
12	39626	118,86	501,51	146,14	528,79	38,19%	31,06%	21,65%	15,37%	503,69	31,63%	15,62%
13	39071	117,85	500,49	143,97	526,61	37,62%	30,80%	21,15%	15,14%	502,66	31,36%	15,38%
14	39668	114,11	496,75	141,83	524,48	37,07%	29,82%	20,66%	14,28%	498,85	30,37%	14,51%
15	38629	113,17	495,81	139,92	522,57	36,57%	29,57%	20,22%	14,06%	497,89	30,12%	14,29%
16	39670	113,07	495,71	138,24	520,89	36,13%	29,55%	19,83%	14,04%	497,79	30,09%	14,26%
17	39313	112,50	495,15	136,73	519,37	35,73%	29,40%	19,48%	13,91%	497,21	29,94%	14,13%
18	38626	111,98	494,63	135,35	518,00	35,37%	29,27%	19,17%	13,79%	496,68	29,80%	14,01%
19	39402	110,92	493,57	134,07	516,71	35,04%	28,99%	18,87%	13,55%	495,60	29,52%	13,76%
20	20677	109,03	491,67	132,82	515,46	34,71%	28,49%	18,58%	13,11%	493,67	29,02%	13,32%
110	32864	52,04	434,68	85,33	467,98	22,30%	13,60%	7,66%	0,00%	435,63	13,85%	0,00%

Ganho (u+g+em) dos 5 melhores clones em relação à média geral = 42,91%

Ganho (u+g+em) dos 5 melhores clones em relação à média da testemunha = 25,53%

Média Geral = 382,64

Além da análise dos valores genotípicos livre de interação ( $u + g$ ), ganhos foram calculados para os efeitos genotípicos médios ( $u + g + gem$ , em que  $gem$  é o efeito médio das interações com locais) (Tabela 14). O valor genotípico  $u + g + gem$  é ideal para recomendar clones que serão plantados nas quatro áreas estudadas, pois ele capitaliza uma interação média entre esses ambientes (RESENDE, 2007). Assim, o ganho genético em relação à média da população ao selecionar os cinco melhores clones foi de 42,91%. Em relação à testemunha (32864), o ganho acumulado dos cinco melhores clones foi de 25,53% (Tabela 14). Dessa forma, assim como na seleção dos materiais genéticos para o valor genotípico livre de interação, os ganhos foram expressivos, constatando que a população experimental se mostra ideal para o melhoramento considerando o caráter Db.

Para o índice DAPxDb o ordenamento dos 20 melhores clones para valor genotípico livre de interação ( $u + g$ ) foi feito e os ganhos podem ser observados na Tabela 15. Quando a média dos cinco melhores clones foi comparada com a média da população, um ganho relativamente alto de 30,89% pode ser obtido. No entanto, quando a média desses clones é comparada com a média da testemunha, o ganho é da ordem de 7,07%.

Não obstante à testemunha estar catalogada na 26<sup>a</sup> posição do ordenamento, o ganho dos cinco melhores materiais genéticos em relação a ela foi menor se comparado ao ganho obtido em relação à testemunha para o caráter Db e ao ganho em relação à população experimental para DAPxDb. Tal fato evidencia a plasticidade do clone 32864 e a necessidade de recorrer a novas estratégias de seleção e recursos genéticos, para superar a testemunha, obtendo ganhos superiores a 7,07%. Além disso, tais resultados evidenciam que para o caráter Db a população apresenta elevado potencial de ganho em relação à testemunha, o que não ocorre quando um caráter de crescimento é considerado na formação do índice DAPxDb. Assim, é necessária a busca por materiais genéticos com melhores características de crescimento.

Tabela 15 - Ordenamento dos clones por seus valores genotípicos e ganhos preditos para o DAPxDb, na análise conjunta entre os ambientes

Ordem	Genótipo	g	u + g	Ganho	Nova média	Ganho acumulado em relação à média geral	Ganho individual em relação à média geral	Ganho acumulado em relação à média da testemunha	Ganho individual em relação à média da testemunha	Genótipo *	u + g + gem	Ganho individual u + g + gem em relação à média geral	Ganho individual u + g + gem em relação à testemunha
1	39659	1,99	8,02	1,99	8,03	32,91%	32,91%	8,73%	8,73%	39095	7,87	30,31%	4,32%
2	32949	1,89	7,93	1,94	7,98	32,07%	31,23%	8,05%	7,36%	39438	7,79	28,98%	3,25%
3	39410	1,86	7,90	1,91	7,95	31,66%	30,83%	7,71%	7,03%	34039	7,72	27,87%	2,36%
4	39452	1,82	7,86	1,89	7,93	31,26%	30,07%	7,38%	6,41%	39352	7,69	27,32%	1,92%
5	39596	1,77	7,81	1,86	7,90	30,89%	29,38%	7,07%	5,84%	39690	7,63	26,42%	1,20%
6	39465	1,77	7,81	1,85	7,89	30,63%	29,35%	6,86%	5,81%	39445	7,58	25,47%	0,45%
7	39274	1,76	7,80	1,84	7,88	30,42%	29,15%	6,69%	5,65%	32864	7,54	24,92%	0,00%
8	38629	1,73	7,77	1,82	7,86	30,21%	28,72%	6,52%	5,30%	39461	7,51	24,39%	-0,42%
9	6891	1,72	7,76	1,81	7,85	30,01%	28,46%	6,36%	5,09%	39498	7,44	23,31%	-1,29%
10	39706	1,66	7,70	1,80	7,84	29,76%	27,51%	6,15%	4,31%	39789	7,39	22,41%	-2,01%
11	39095	1,63	7,67	1,78	7,82	29,51%	27,05%	5,95%	3,94%	39424	7,38	22,27%	-2,12%
12	39510	1,60	7,64	1,77	7,81	29,26%	26,45%	5,74%	3,45%	38904	7,37	22,12%	-2,23%
13	39621	1,58	7,62	1,75	7,79	29,02%	26,20%	5,55%	3,24%	38903	7,35	21,68%	-2,59%
14	39575	1,57	7,61	1,74	7,78	28,81%	26,08%	5,38%	3,14%	39427	7,33	21,42%	-2,80%
15	39438	1,56	7,60	1,73	7,77	28,62%	25,86%	5,22%	2,97%	39620	7,32	21,24%	-2,94%
16	39923	1,56	7,60	1,72	7,76	28,44%	25,85%	5,08%	2,96%	39634	7,29	20,78%	-3,31%
17	6808	1,54	7,57	1,71	7,75	28,27%	25,46%	4,93%	2,63%	39471	7,26	20,21%	-3,77%
18	34039	1,50	7,54	1,70	7,73	28,08%	24,87%	4,78%	2,16%	39021	7,16	18,56%	-5,09%
19	39352	1,47	7,51	1,68	7,72	27,89%	24,38%	4,62%	1,75%	39045	7,14	18,16%	-5,40%
20	39407	1,45	7,49	1,67	7,71	27,69%	24,07%	4,46%	1,50%	39209	7,12	17,97%	-5,56%
26	32864	1,34	7,38	1,61	7,65	26,66%	22,24%	3,62%	0,00%	39363	7,01	16,05%	-7,10%

Ganho (u+g+em) dos 5 melhores clones em relação à média geral = 28,18%

Ganho (u+g+em) dos 5 melhores clones em relação à média da testemunha = 2,61%

Média Geral = 6,04

\*correção para os clones presentes nos quatro ambientes simultaneamente.

Os ganhos referentes aos valores genotípicos  $u + g + gem$  para o índice DAPxDb foram computados (Tabela 15). O ganho em relação à média dos cinco melhores clones se manteve alto se comparado à população de melhoramento sendo da ordem de 28,18%. Em contrapartida, quando comparou-se a média desses mesmo clones com a média da testemunha, o ganho foi de 2,61%, evidenciando a plasticidade do genótipo 32864, que foi catalogado na 7ª posição (Tabela 15), e a necessidade de recorrer a novas fontes de germoplasma.

### 3.4 Índice de *rank* médio e coincidência

O índice de *rank* médio (RESENDE, 2007), adaptado de Mulamba e Mock (1978), foi utilizado para comparação dos ordenamentos dos caracteres Db, Vol, índice DAPxDb e índice VolxDb. Assim, para os cinco primeiros clones de cada característica, foi possível conhecer a posição de cada um para os demais caracteres (Tabelas 16, 17, 18 e 19).

Tabela 16 – Ordenamento comparativo dos cinco primeiros clones para o caráter densidade básica (Db em Kg.m<sup>-3</sup>)

Clone	Posição			
	Db	Vol	VolxDb	DAPxDb
39465	1	690	132	6
39821	2	860	853	680
37346	3	832	597	89
37387	4	823	554	84
39452	5	635	82	4

De acordo com a Tabela 16, observa-se que para se ter o clone com maior Db (39465), é preciso selecionar os 689 melhores clones para o caráter Vol. Tal resultado corrobora com a correlação genética negativa dessas duas características (-0,22, Tabela 6). Este dado reforça que os programas de melhoramento florestal não devem basear seu processo seletivo, apenas, em critérios relacionados ao crescimento, e que características de qualidade da madeira devem ser incluídas nas análises.

Resultado semelhante ocorre ao comparar o ordenamento para Db com VolxDB. O melhor clone para Db (39465) foi colocado na 132ª posição para VolxDB. No entanto, esse genótipo ocupa a 6ª posição para o índice DAPxDB, indicando que este índice representou melhor os critérios de crescimento e de qualidade da madeira em conjunto, se comparado aos caracteres Vol e VolxDB.

Tabela 17 – Ordenamento comparativo dos cinco primeiros clones para o caráter volume (Vol em m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>.ano)

Clone	Posição			
	Vol	VolxDB	Db	DAPxDB
39654	1	12	556	50
39569	2	13	519	71
39416	3	14	674	116
39659	4	1	125	1
39030	5	49	653	232

Observa-se na Tabela 17, que os cinco melhores clones para o caráter Vol foram ordenados em posições extremas para Db. O melhor posicionado para esta característica foi o clone 39659 (125), ocupando 4ª posição para Vol e 1ª posição para VolxDB e DAPxDB. Assim, observa-se que, apesar do ordenamento desse clone ter sido idêntico para os índices de peso de madeira DAPxDB e VolxDB, os demais clones foram diferentemente posicionados para essas duas características.

Constata-se que o ordenamento do índice VolxDB apresentou comportamento semelhante ao do Vol, visto que ordenou os clones em posições não tão baixas, como ocorreu com a Db e o DAPxDB. Este fato corrobora com a correlação genética relativamente alta entre VolxDB e Vol no presente estudo (0,86, Tabela 6). No entanto, o índice DAPxDB foi mais conciso ao possibilitar o ordenamento dos clones de forma mais ponderada entre as características Db e Vol (computado no DAP, em virtude da alta correlação genética, Tabela 6).

Tabela 18 – Ordenamento comparativo dos cinco primeiros clones para o índice DAPxDb

Clone	DAPxDb	Posição		
		Vol	VolxDB	Db
39659	1	4	1	125
39949	2	44	9	54
39410	3	28	5	59
39452	4	635	82	5
39596	5	47	15	55

Na Tabela 18, pode-se observar que para selecionar o melhor clone para DAPxDb, são necessários 124 bons clones para Db. Resultado distinto quando se considerava que para o melhor clone em Vol seriam necessários 555 clones para Db (Tabela 17). Com isso, constata-se a importância de agregar a qualidade da madeira na seleção de genótipos superiores.

Tabela 19 – Ordenamento comparativo dos cinco primeiros clones para o caráter VolxDB (Kg)

Clone	VolxDB	Vol	Posição	
			Db	DAPxDb
39659	1	4	125	1
39438	2	8	198	15
39095	3	7	155	11
39407	4	17	192	20
39410	5	28	59	3

O clone 39659 foi o 1 colocado para os índices de peso de madeira (DAPxDb e VolxDB) e 4 colocado para Vol (Tabela 19). Observa-se que o ordenamento que mais diverge dos demais é o do caráter Db, ou seja, apresenta as posições mais baixas para os clones ordenados em posições mais próximas de 1 para as demais características. Esse resultado evidencia que, apesar do DAPxDb ter se mostrado como um índice que ponderou relativamente bem os caracteres Vol e Db, ao contrário do índice VolxDB, ainda é necessário desenvolver um índice que agregue melhor as propriedades do caráter Db, dado que este caráter apresenta elevado controle genético e relevante importância para o melhoramento florestal.

O coeficiente de coincidência Kappa (COHEN, 1960) foi utilizado para avaliação do número de clones que se repetem entre os cem primeiros do ordenamento de uma característica e entre os cem melhores do ordenamento de outro caractere (Tabela 20).

Tabela 20 – Coeficiente de coincidência Kappa de Cohen (1960) feito com base no ordenamento dos 100 melhores e 12 como o número de clones coincidentes devido ao acaso (número definido com base na porcentagem da intensidade de seleção), para as características densidade básica (Db em Kg.m<sup>-3</sup>), diâmetro à altura do peito (DAP em cm), altura total (Ht em m), volume (Vol em m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>.ano), índice DAPxDb e VolxDb (Kg) para clones de *Eucalyptus*, avaliados na análise conjunta entre os ambientes aos três anos de idade

	Db	DAPxDb	Vol	VolxDb	DAP	Ht
Db	1	0,42	-0,03	0,12	-0,03	0,03
DAPxDb		1	0,37	0,64	0,32	0,30
Vol			1	0,60	0,82	0,55
VolxDb				1	0,59	0,44
DAP					1	0,43
Ht						1

De acordo com a Tabela 20, observa-se o alto valor de coincidência (0,82) entre os caracteres Vol e DAP, que corrobora com a elevada correlação genética desses dois caracteres na Tabela 6 (0,97). Não obstante a esse alto valor de coincidência, poucos foram os clones selecionados entre os cem melhores para o caráter Db, que se repetiram para os demais caracteres, como pode se concluir com base no índice de coincidência (Tabela 20).

Assim, com base nesses resultados, demonstra-se a necessidade de aliar caracteres relacionados à qualidade da madeira com características de crescimento, na seleção de genótipos superiores de *Eucalyptus*. A importância da agregação da qualidade da madeira na seleção de clones de *Eucalyptus* é ressaltada por vários autores (NUNES et al., 2002; SANTOS et al., 2006; ASSIS; MAFIA, 2007). Considerando que as análises para caracterização da qualidade do lenho são onerosas e requerem longos períodos de tempo para ficarem prontas, o uso do indicador universal de qualidade da madeira (QUEIROZ et al., 2004; GOMIDE et al., 2010; ROSSI et al., 2014), a densidade básica, se faz necessário.

Com isso, a união dessa importante característica física da madeira, com os critérios de crescimentos, como o Vol e DAP, possibilita uma seleção mais acurada. Considerando que a medição do DAP é rápida, confiável e direta, e a medição da densidade básica por meio do Pilodyn, também apresenta essas características, a inclusão do índice DAPxDb numa cadeia produtiva padronizada de alto rendimento se torna crucial para maximização de ganhos na produção de celulose.

Segundo Queiroz et al. (2004), ao se analisar características relacionadas à qualidade da madeira, significativas variações inter e intraespecíficas podem ser detectadas, ocorrendo em níveis de estrutura anatômica, composição química e propriedades físicas. Dessa forma, a inclusão de caracteres relacionados às propriedades tecnológicas da madeira na seleção de genótipos superiores, representa elevada possibilidade de ganho genético. Além disso, a não inclusão desses caracteres no programa de melhoramento leva a variações inesperadas na qualidade da madeira, que podem afetar o processo fabril industrial e, conseqüentemente, a qualidade do produto final (GOMIDE et al., 2010).

Dessa maneira, para esse estudo, o ordenamento final de seleção de clones para recomendação de plantio comercial, leva em consideração a característica DAPxDb, que une a magnitude dos caracteres de produtividade volumétrica indiretamente e densidade básica da madeira em um único índice. Além disso, tal índice foi reportado pela primeira vez na literatura em um estudo de interação G x A em clones de *Eucalyptus*, no presente trabalho.

### **3.5 Estabilidade e adaptabilidade**

Na Tabela 21, pode-se observar os resultados sobre a estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG) e estabilidade, adaptabilidade e produtividade simultaneamente (MHPRVG\*MG) referentes à característica Db. Na Tabela 22, têm-se os resultados sobre a MHVG, PRVG e MHPRVG\*MG referentes ao índice DAPxDb.

Tabela 21 - Ordenamento da estabilidade de valores genéticos (MHVG), adaptabilidade de valores genéticos (PRVG) e estabilidade e adaptabilidade simultaneamente (MHPRVG) para o caráter densidade básica (Db em Kg.m<sup>-3</sup>)

Ordem	Estabilidade		Adaptabilidade			Estabilidade e Adaptabilidade		
	Genótipo	MHVG	Genótipo	PRVG	PRVG* MG	Genótipo	MHPRVG	MHPRV G*MG
1	39781	572,24	<u>39821</u>	1,44	552,61	<u>39821</u>	1,44	552,35
2	<u>39465</u>	566,72	<u>39465</u>	1,44	552,08	<u>39465</u>	1,44	552,02
3	<u>39821</u>	555,72	<u>37346</u>	1,44	550,28	<u>37346</u>	1,44	550,20
4	<u>39452</u>	551,25	<u>37387</u>	1,43	545,79	<u>37387</u>	1,43	545,78
5	<u>37346</u>	543,88	<u>39452</u>	1,40	537,10	<u>39452</u>	1,40	536,73
6	37387	539,12	6891	1,40	536,60	6891	1,40	536,39
7	38623	538,28	39781	1,40	534,90	39781	1,40	534,90
8	20643	535,49	20643	1,37	525,10	20643	1,37	525,10
9	38626	529,56	38623	1,37	524,57	38623	1,37	524,44
10	39626	523,01	38624	1,35	517,75	38624	1,35	517,11
11	38624	520,17	39621	1,34	512,36	39621	1,34	512,21
12	6891	517,45	39071	1,33	510,00	39071	1,33	510,00
13	38629	508,37	39668	1,32	505,96	39668	1,32	505,96
14	20677	507,25	39313	1,31	502,94	39313	1,31	502,92
15	39071	506,60	39402	1,31	502,52	39402	1,31	502,52
16	37410	505,96	39626	1,31	500,86	39626	1,31	500,61
17	39668	502,59	39670	1,30	498,94	39674	1,30	498,77
18	39785	502,57	39674	1,30	498,77	39670	1,30	498,63
19	39670	501,65	20677	1,30	497,41	20677	1,30	497,41
20	39621	499,65	37410	1,30	496,14	37410	1,30	496,14
21	39923	499,33	38629	1,29	495,34	38629	1,29	495,29
22	39402	499,17	38626	1,29	495,01	38626	1,29	495,01
23	39753	497,63	38879	1,29	494,43	38879	1,29	493,70
24	39674	495,45	39314	1,29	492,69	39314	1,29	492,33
25	39788	491,60	39392	1,28	491,03	39392	1,28	491,03
26	39677	490,99	36061	1,28	488,62	36061	1,28	488,62
27	39392	487,76	39677	1,28	487,94	39677	1,28	487,92
28	38802	485,70	39734	1,28	487,91	39734	1,27	487,54
29	39313	485,54	39923	1,27	486,52	39923	1,27	486,43
30	39312	484,93	6061	1,27	485,83	6061	1,27	485,58
.	32864	434,69	32864	1,14	435,89	32864	1,14	435,79

Média Geral = 382,64

Ganho com relação à média geral (05 melhores) 43,06%

Ganho com relação à média da testemunha (05 melhores) 25,61%

Obs: Clones sublinhados são os cinco melhores do ordenamento de valores genotípicos preditos, na seleção conjunta entre os ambientes, presentes também no ordenamento da seleção para estabilidade, adaptabilidade e estabilidade e adaptabilidade (14 em 15, sendo 93%)

Com base na Tabela 21, constatou-se que os cinco melhores clones, em relação aos critérios PRVG, MHVG e MHPRVG não coincidem totalmente com o ordenamento de valores genotípicos preditos pela análise conjunta entre os ambientes (Tabela 14). A coincidência foi de 93% dentre os cinco melhores clones e houve inversão de ordem dentre os coincidentes. Esse fato mostra que a utilização desses novos atributos ou critérios de seleção, propicia um refinamento na seleção para o caráter Db.

Quando se computou a média dos cinco melhores clones para o critério MHPRVG\*MG (39821, 39465, 37346, 37387, 39452) o ganho foi relativamente alto e da ordem de 43,06% com relação à população de melhoramento e 25,61% em relação à testemunha comercial (Tabela 21). Ressalta-se o elevado ganho em relação à testemunha para o caráter Db. Com isso, quando comparado com a seleção pelos efeitos genotípicos médios dos 4 locais (u + g + gem) (Tabela 15), a seleção por MHPRVG\*MG proporcionou ganhos semelhantes aos ganhos proporcionados pela seleção por adaptabilidade, estabilidade e produtividade simultaneamente (Tabela 21). Este fato evidencia a equivalência do método utilizado, uma vez que os ganhos para u + g + gem e MHPRVG\*MG foram semelhantes.

Para os caracteres de alto controle genético como a Db, a análise de estabilidade e adaptabilidade não se faz necessária. Assim, para esse caráter, não é preciso corrigir o ordenamento de adaptabilidade e estabilidade para os clones presentes nos quatro locais, em virtude da alta correlação genética ( $rg_{loc} = 0,93$ , Tabela 4) entre os ambientes da rede experimental, para a característica Db.

Tabela 22 - Ordenamento da estabilidade de valores genéticos (MHVG), adaptabilidade de valores genéticos (PRVG) e estabilidade e adaptabilidade simultaneamente (MHPRVG) para o índice DAPxDb. Tabela corrigida para o ordenamento somente dos clones que estavam presentes em todos os 4 ambientes

Ordem	Estabilidade		Adaptabilidade			Estabilidade e Adaptabilidade		
	Genótipo	MHVG	Genótipo	PRVG	PRV G*MG	Genótipo	MHPRVG	MHPRVG *MG
1	<u>39095</u>	7,758	<u>39095</u>	1,300	7,854	<u>39095</u>	1,298	7,842
2	<u>34039</u>	7,689	<u>39438</u>	1,285	7,764	<u>39438</u>	1,283	7,751
3	<u>39438</u>	7,659	<u>34039</u>	1,283	7,751	<u>34039</u>	1,279	7,726
4	<u>39352</u>	7,575	<u>39352</u>	1,270	7,671	<u>39352</u>	1,268	7,658
5	<u>39690</u>	7,515	<u>39690</u>	1,263	7,631	<u>39690</u>	1,256	7,586
6	<u>32864</u>	7,512	<u>32864</u>	1,253	7,573	<u>32864</u>	1,249	7,548
7	39461	7,431	39445	1,250	7,552	39445	1,244	7,514
8	39445	7,425	39461	1,243	7,512	39461	1,241	7,496
9	39498	7,335	39498	1,229	7,427	39498	1,228	7,419
10	38903	7,320	38903	1,221	7,379	39424	1,219	7,364
11	39424	7,289	39424	1,220	7,373	38903	1,217	7,352
12	39634	7,276	39789	1,218	7,357	39789	1,214	7,333
13	39620	7,272	38904	1,217	7,350	39620	1,213	7,325
14	39471	7,244	39620	1,214	7,332	38904	1,212	7,319
15	39789	7,235	39634	1,213	7,331	39634	1,209	7,300
16	38904	7,233	39471	1,210	7,310	39427	1,205	7,279
17	39427	7,185	39427	1,208	7,301	39471	1,201	7,255
18	38889	7,068	39021	1,182	7,144	39021	1,182	7,138
19	39021	7,061	38889	1,181	7,133	38889	1,179	7,118
20	39517	7,031	39045	1,177	7,113	39045	1,174	7,094
21	39045	7,008	39209	1,174	7,095	39209	1,172	7,077
22	39032	6,996	39517	1,174	7,091	39032	1,167	7,048
23	39363	6,992	39032	1,171	7,073	39517	1,165	7,036
24	39209	6,988	38871	1,169	7,063	38871	1,165	7,034
25	38871	6,983	39363	1,166	7,042	39363	1,162	7,017
26	39700	6,979	39700	1,164	7,033	39700	1,162	7,017
27	39541	6,955	39541	1,159	7,004	39541	1,157	6,990
28	39177	6,906	39177	1,157	6,993	39177	1,155	6,975
29	39560	6,848	39091	1,146	6,922	39560	1,143	6,905
30	39492	6,825	39560	1,146	6,922	39091	1,143	6,902

Média Geral = 6,04

Ganho com relação à média geral (05 melhores) 27,69%

Ganho com relação à média da testemunha (05 melhores) 2,19%

Obs: Clones sublinhados são os cinco melhores do ordenamento de efeitos genotípicos médios (u + g + gem) na seleção conjunta entre os ambientes, presentes também no ordenamento da seleção para estabilidade, adaptabilidade e estabilidade e adaptabilidade (15 em 15, 100%).

O estudo da MHVG é baseado na média harmônica dos dados. Portanto, quanto menor for o desvio padrão do comportamento genotípico através dos locais, maior será a média harmônica de seus valores genotípicos através dos ambientes (RESENDE, 2007). Assim, a seleção pelos maiores valores da média harmônica dos valores genotípicos (Tabela 22) implica, simultaneamente, pela seleção por produtividade e estabilidade.

Os valores de PRVG e MHPRVG indicam a superioridade média do genótipo em relação à média do ambiente em que for plantado (RESENDE, 2007). Considerando esses aspectos, o clone 39095 responde 1,298 vezes a média do ambiente em que for plantado (Tabela 22).

De acordo com a Tabela 22, os cinco melhores clones, em relação aos critérios PRVG, MHVG e MHPRVG coincidem totalmente com o ordenamento de efeitos genotípicos médios entre os ambientes (Tabela 15). A coincidência foi de 100% dentre os cinco melhores clones e houve inversão de ordem dentre os coincidentes. Esse resultado mostra, mais uma vez, a equivalência do método utilizado no presente estudo, já que assim como o ordenamento por  $u + g + gem$  foi igual ao do MHPRVG\*MG, os ganhos foram similares.

O ganho com a seleção dos cinco melhores clones (39095, 39438, 34039, 39352, 39690) em relação à população de melhoramento para o critério MHPRVG\*MG foi de 27,69% e em relação à testemunha foi 2,19%. Apesar de ganho alto em relação a população, o ganho em relação à testemunha foi baixo, evidenciando a plasticidade do clone 32864 e a necessidade de recorrer a novas fontes de variabilidade genética. Para  $u + g + gem$ , ganhos de 28,18% e 2,61% (Tabela 15) foram obtidos. Assim, apesar de semelhantes os ganhos por  $u + g + gem$  e MHPRVG\*MG, este último critério possibilitou ganhos ligeiramente menores. Tal fato pode ser explicado, uma vez que o método MHPRVG\*MG, além de apresentar os valores genotípicos acrescidos por um efeito médio entre os quatro ambientes, ele também fornece os valores genéticos já descontados (penalizados) da instabilidade e capitalizados pela adaptabilidade (RESENDE, 2007). Dessa forma, ressalta-se a importância do estudo da estabilidade e adaptabilidade em caracteres com baixa - moderada tendendo a alta correlação genética entre ambientes, como é o caso do índice DAPxDb ( $rgloc = 0,67$ , Tabela 4).

Segundo Neto et al. (2013), a seleção baseada nos critérios de MHPRVG é crucial para direcionar cruzamentos controlados, avaliar as fases do programa de melhoramento e recomendar os genótipos superiores para o uso comercial. Além disso, a adoção desses critérios supera a seleção baseada somente no ordenamento da média de produtividade em todos os locais. Dessa forma, clones que foram selecionados como superiores levando-se em conta somente a produtividade média em todos os locais, foram

alocados em posições diferentes no ordenamento pela seleção simultânea por produtividade, estabilidade e adaptabilidade.

#### 4 – CONCLUSÕES

Para o caráter Db não existe interação G x A significativa ( $rg_{loc} = 0,93$ ), dado que é uma característica de alto controle genético ( $h^2_g = 0,59$ ). Portanto, análises de estabilidade e adaptabilidade não são necessárias para esse caráter.

A correlação genética entre os ambientes para o índice DAPxDb foi de moderada a alta ( $rg_{loc} = 0,67$ ). Assim, estudos de adaptabilidade e estabilidade, e delimitação de “zonas de melhoramento” foram feitos. Com a análise par a par dos locais, duas “zonas de melhoramento” foram estabelecidas (Cambará-Fortaleza-São João e Capivara).

A seleção genética foi feita com altas acurácias para todas as características analisadas. Isso ocorreu em virtude do alto número de repetições (30) do presente experimento.

Com a seleção por estabilidade, adaptabilidade e produtividade em DAPxDb simultaneamente, os cinco melhores clones (39095, 39438, 34039, 39352, 39690) foram *E. urophylla* x *E. grandis*, *E. urophylla* x *E. grandis*, *E. saligna*, *E. urophylla* e *E. grandis*. O ganho em relação à população de melhoramento para o critério MHPRVG\*MG dos cinco melhores clones foi de 27,69% e em relação à testemunha foi 2,19%.

Além disso, o presente trabalho reportou, pela primeira vez na literatura, um estudo de interação G x A do índice de peso de madeira DAPxDb em clones de *Eucalyptus*.

## 5 – REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ASSIS, T. F.; MAFIA, R. G. Hibridação e clonagem. In: Borém, A. (ed.) **Biocnologia Florestal**. Viçosa [s.n.], p. 93-121, 2007.

BISON, O.; RAMALHO, M. A. P.; REZENDE, D. S. P.; AGUIAR, M.; RESENDE, M. D. V. Comparison Between Open Pollinated Progenies and Hybrids Performance in *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla*. **Silvae Genetica**, v. 55, p. 4-5, 2006.

BISON, O.; RAMALHO, M. A. P.; REZENDE, G. D. S. P.; AGUIAR, A. M.; RESENDE, M. D. V. Dialelo parcial entre clones de *Eucalyptus camaldulensis* e clones de *E. urophylla*, *E. grandis* e *E. saligna*. **Revista Árvore**, v. 33, n. 3, p. 395-402, 2009.

CAIXETA, R. P.; TRUGILHO, P. F.; ROSADO, S. C. S.; LIMA, J. T. Propriedades e classificação da madeira aplicada à seleção de genótipos de *Eucalyptus*. **Revista Árvore**, v. 27, n. 1, p. 43-51, 2003.

COHEN, J. A coefficient of agreement for nominal scales. **Educational and Psychological Measurement**, v. 20, p. 37-46, 1960.

CAGNELUTTI, FILHO, A.; STORCK, L. Estatísticas de avaliação da precisão experimental em ensaios de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 1, p. 17-24, 2007.

COUTO, A. M.; TRUGILHO, P. F.; NEVES, T. A.; PROTÁSIO, T. P.; SÁ, V. A. Modeling of basic density of wood from *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla* using nondestructive methods. **Cerne**, v. 19, n. 1, p. 27-34, 2013.

COUTO, H. T. Z.; BASTOS, N. L. M. Erros de medição de altura em povoamentos de *Eucalyptus* em região plana. **IPEF**, n. 39, p. 21-31, 1988.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 1994. 390p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**, Viçosa: UFV, 2004. 480p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**, Viçosa: UFV, 2012. 585p.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Trad. De Martinho de Almeida e Silva e José Carlos Silva. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 1987. 279p.

FONSECA, S. M.; RESENDE, M. D. V.; ALFENAS, A. C.; GUIMARÃES, L. M. S.; ASSIS, T. F.; GRATTAPAGLIA, D. **Manual prático de melhoramento genético do eucalipto**. Viçosa, MG: UFV. 2010. 200 p.

GOMIDE, J. L.; NETO, H. F.; REGAZZI, A. J. Análise de critérios de qualidade da madeira de eucalipto para produção de celulose kraft. **Revista Árvore**, v. 34, n. 2, p. 339-344, 2010.

GOUVÊA, A. F. G.; TRUGILHO, P. F.; GOMIDE, J. L.; SILVA, J. R. M.; ANDRADE, C. R.; ALVES, I. C. N. Determinação da densidade básica da madeira de *Eucalyptus* por diferentes métodos não destrutivos. **Revista Árvore**, v. 35, n. 2, p. 349-358, 2011.

GREAVES, B. L.; BORRALHO, N. M. G.; RAYMOND, C. A.; FARRINGTON, A. Use of a Pilodyn for the indirect selection of basic density in *Eucalyptus nitens*. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 26, n. 9, p. 1643-1650, 1996.

HARDNER, C. M.; DIETERS, M.; DALE, G.; DELACY, I.; BASFORD, K. E. Patterns of genotype-by-environment interaction in diameter at breast height at age 3 for eucalypt hybrid clones grown for reforestation of lands affected by salinity. **Tree Genetics & Genomes**, v. 6, p. 833-851, 2010.

HARDNER, C.; DIETERS, M.; DELACY, I.; NEAL, J.; FLETCHER, S.; DALE, G.; BASFORD, K. Identifying deployment zones for *Eucalyptus camaldulensis* x *E. globulus* and x *E. grandis* hybrids using factor analytic modelling of genotype by environment interaction. **Australian Forestry**, v. 74, n. 1, p. 30-35, 2011.

JÚNIOR, J. E. P.; STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V.; JÚNIOR, P. R. Avaliação Simultânea de Produtividade, Adaptabilidade e Estabilidade genotípica de *Eucalyptus grandis* em Distintos Ambientes do Estado de São Paulo. **Boletim de Pesquisa Florestal**, n. 53, p. 79-108, 2006.

KUBE, P. D.; RAYMOND, C. A.; BANHAM, P. W. Genetic parameters for diameter, basic density, cellulose content and fibre properties for *Eucalyptus nitens*. **Forest Genetics**, v. 8, n. 4, p. 285-294, 2001.

LEITE, H. G.; GUIMARÃES, D. P.; CAMPOS, J. C. C. Descrição e emprego de um modelo para estimar múltiplos volumes de árvores. **Revista Árvore**, v. 19, n.1, p. 75-79, 1995.

MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D. V.; PAIVA, J. R.; CAVALCANTI, J. J. V.; BARROS, L. M.. Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 39, n. 1, p. 43-50, 2009.

MARTINEZ, D. T.; RESENDE, M. D. V.; COSTA, R. B.; HIGA, A. R.; SANTOS, G. A.; FIER, I. S. N. Estudo da interação genótipo x ambiente em progênies de *Pinus taeda* por meio da análise de parâmetros genéticos. **Floresta**, PR, v. 42, n. 3, p. 539-552, 2012.

MITCHELL, H. L. **A concept of intrinsic wood quality, and nondestructive methods for determining quality in standing timber.** Forest Products Laboratory, U. S. Department of Agriculture, Madison S. Wisconsin, 1961.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, n. 7, p. 40–51, 1978.

MUNERI, A.; RAYMOND, C. A.; Genetic parameters and genotype-by-environment interactions for basic density, pilodyn penetration and stem diameter in *Eucalyptus globulus*. **Forest Genetics**, v. 7, n. 4, p. 317–328, 2000.

NETO, J. T. F.; MOURA, E. F.; RESENDE, M. D. V.; FILHO, P. C.; AUGUSTO, S. G. Genetic parameters and simultaneous selection for root yield, adaptability and stability of cassava genotypes. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 48, n. 12, p. 1562-1568, 2013.

NEVES, A. T.; PROTÁSIO, T. P.; TRUGILHO, P. F.; VALLE, M. L. A.; SOUSA, L. C.; VIEIRA, C. M. M. Qualidade da madeira de clones de *Eucalyptus* em diferentes idades para a produção de bioenergia. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 56, n. 2, p. 139-148, 2013.

NUNES, G. H. S.; RESENDE, G. D. S. P.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. Implicações da interação genótipo x ambientes na seleção de clones de eucalipto. **Cerne**, v. 8, n. 01, p. 49-58, 2002.

OLIVEIRA, G. M. S. **Densidade da madeira em Minas Gerais: amostragem, espacialização e relação com variáveis ambientais.** 2014. 126f. Tese de doutorado. Universidade Federal de Lavras, 2014.

OSORIO, L. F.; WHITE, T. L.; HUBER, D. A. Age Trends of Heritabilities and Genotype-by-Environment Interactions for Growth Traits and Wood Density from Clonal Trials of *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Silvae Genetica**, v. 50, n.1, 2001.

PAULA, R. C.; PIRES, I. E.; BORGES, R. C. G.; CRUZ, C. D. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 2, p. 159-165, 2002.

PROTÁSIO, T. P.; GOULART, S. L.; NEVES, T. A.; TRUGILHO, P. F.; RAMALHO, F. M. G.; QUEIROZ, L. M. R. S. B. Qualidade da madeira e do carvão vegetal oriundos de floresta plantada em Minas Gerais. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 34, n. 78, p. 111-123, 2014.

QUEIROZ, S. C. S.; GOMIDE, J. L.; COLODETTE, J. L.; OLIVEIRA, R. C. Influência da densidade básica da madeira na qualidade da polpa kraft de clones híbridos de *Eucalyptus grandis* w. Hill ex Maiden x *Eucalyptus urophylla* S. T. Blake. **Revista Árvore**, v. 28, n. 6, p. 901-909, 2004.

- RAYMOND, C. A.; SCHIMLEK, L. R.; MUNERI, A.; MICHELL, A. J. Genetic parameters and genotype-by-environment interactions for pulp yield predicted using near infrared reflectance analysis and pulp productivity in *Eucalyptus globulus*. **Forest Genetics**, v. 8, n. 3, p. 213–224, 2001.
- RAYMOND, C. A.; VOLKER, W.; WILLIAMS, E. R. Provenance variation, genotype by environment interactions and age-age correlations for *Eucalyptus regnans* on nine sites in south eastern Australia. **Forest Genetics**, v. 4, n. 4, p. 235–251, 1997.
- RAYMOND, C. A.; APIOLAZA, L. A. Incorporating wood quality and deployment traits in *Eucalyptus globulus* and *Eucalyptus nitens*. In: WALTER C.; CARSON, M. **Plantation Forest Biotechnology for the 21st Century**. 2004, pp 87-99.
- REIS, C. A. F.; GONÇALVES, F. M. A.; RAMALHO, M. A. P.; ROSADO, A. M. Seleção de progênies de eucalipto pelo índice Z por MQM e Blup. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 5, p. 517-523, 2011.
- RESENDE, M. D. V.; HIGA, A. R. Maximização da eficiência da seleção em testes de progênies de *Eucalyptus* através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. Embrapa Florestas. **Boletim de Pesquisa Florestal**, n. 28/29, p. 37-55, 1994.
- RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.
- RESENDE, M. D. V. Métodos Estatísticos Ótimos na Análise de Experimentos de Campo. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 60 p. (**Embrapa Florestas Documentos 100**).
- RESENDE, M. D. V. **Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes**. Brasília: Embrapa informações tecnológicas, 2002. 975p.
- RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 562p.
- RESENDE, M.D.V. Melhoramento de Essências Florestais. In: BOREM, A. **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. Viçosa, Editora UFV, 2005. 717-780.
- ROSADO, A. M. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 7, p. 964-971, jul. 2012.
- ROSSI, S.; CAIRO, E.; KRAUSE, C.; DESLAURIERS, A. Growth and basic wood properties of black spruce along an alti-latitudinal gradient in Quebec, Canada. **Annals of Forest Science**. Publicado on line em 10 de julho de 2014.

SANTOS, G. A. **Interação genótipos x ambientes para produtividade de híbridos multi-espécies de eucalipto no Rio Grande do Sul.** 2012. 129f. Tese de doutorado. Universidade Federal do Paraná, 2012.

SANTOS, G. A.; XAVIER, A.; LEITE, H. G. Desempenho silvicultural de clones de *Eucalyptus grandis* em relação às árvores matrizes. **Revista Árvore**, v. 30, n. 5, p. 737-747. 2006.

SANTOS, G. A.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, L. D.; HIGA, A.; ASSIS, T. F. Adaptabilidade de híbridos multiespécies de *Eucalyptus* ao Estado do Rio Grande do Sul. **Revista Árvore**, v. 37, n. 4, p. 759-769, 2013.

SANTOS, G. A.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, L. D.; HIGA, A.; ASSIS, T. F. Interação genótipos x ambientes para produtividade de clones de *Eucalyptus* no Estado do Rio Grande do Sul. **Revista Árvore**, v. 39, n. 1, p. 000-000, 2015.

SILVA, L. D. Melhoramento genético de *Eucalyptus benthamii* Maiden et Cabbage visando a produção de madeira serrada em áreas de ocorrência de geadas severas. 2008. 275f. Tese de doutorado. Universidade Federal do Paraná, 2008.

SHI-JUN, W. U.; JIAN-MIN, X. U.; GUANG-YOU, L. I.; VUOKKO, R.; ZHAO-HUA, L. U.; BAO-QI, L. I.; WEI, W. Use of the pilodyn for assessing wood properties in standing trees of *Eucalyptus* clones. **Journal of Forestry Research**, v. 1, n. 21, p. 68-72, 2010.

SHIMOYAMA, V. R. S.; BARRICHELO, L. E. G. **Densidade básica da madeira, melhoramento e manejo florestal.** **Série Técnica.** - IPEF v.6 n. 20, p. 1 – 22, 1989.

STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V.; CARPANEZZI, A. A. Controle genético e estimativa de ganho genético para peso de massa foliar em erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.). **Boletim de Pesquisa Florestal**, n. 38, p. 5-12, 1999.

THIERSCH, C. R.; SCOLFORO, J. R.; OLIVEIRA, A. D.; REZENDE, G. D. S. P.; MAESTRI, R. O uso de modelos matemáticos na estimativa da densidade básica da madeira em plantios de clones de *Eucalyptus sp.* **Cerne**, v. 12, n. 3, p. 264-278, jul./set. 2006.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento.** Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, p. 486, 1992.

WEI, X.; BORRALHO, N. M. G. Genetic Control of Wood Basic Density and Bark Thickness and Their Relationships with Growth Traits of *Eucalyptus urophylla* in South East China. **Silvae Genetica**. v. 46, n. 4, 1997.

WRIGHT, S. A correlation and causation. **Journal of Agricultural Research**. vol. 20, n. 55, p. 557-585. 1921.

## **CAPÍTULO 2: AVALIAÇÃO DE CRITÉRIOS PARA SELEÇÃO DE PESOS DE MADEIRA EM CLONES DE *Eucalyptus*.**

### **1 – INTRODUÇÃO**

Parte do aumento da produção florestal é atribuída aos programas de melhoramento genético (COSTA et al., 2015). Nesse cenário, a avaliação, caracterização e seleção de genótipos superiores são etapas fundamentais em um programa de melhoramento florestal que visa à maximização de ganhos genéticos (RESENDE et al., 1990; RESENDE, 2000). Para isso, é fundamental que o melhorista defina corretamente o objetivo da seleção e os critérios que usará para conduzir a população de melhoramento de modo adequado e gerar ganhos significativos em relação ao produto comercial final.

Assim, com o intuito de adotar critérios mais elaborados para seleção de genótipos superiores, considerando várias características simultaneamente, a teoria de índice de seleção pode ser empregada (RESENDE et al., 2014a). Tal teoria foi descrita primeiramente por Smith (1936) e posteriormente por Hazel (1943). De acordo com Freitas et al. (2012), índices permitem o uso de um único valor para efetuar a seleção dos genótipos, uma vez que a análise é realizada por meio de combinações lineares dos dados fenotípicos dos diversos caracteres em estudo, cujos coeficientes de ponderação são estimados de modo a maximizar a correlação entre o índice e os valores genéticos verdadeiros.

Além disso, o índice de seleção é mais eficiente que a seleção direta, pois possibilita a distribuição dos ganhos nas diversas características, de forma mais homogênea e adequada aos propósitos do programa de melhoramento, gerando um ganho total maior (CRUZ, 1990; RESENDE et al., 1990; PAULA et al., 2002; MARTINS et al., 2003a; MARTINS et al., 2003b; COSTA et al., 2004; MARTINS et al., 2006; OLIVEIRA et al., 2008; VASCONCELOS et al., 2010; NEVES et al., 2011; REIS et al., 2011; FREITAS et al., 2012). Dessa maneira, essas ações podem contribuir sobremaneira para a maximização do custo/benefício do programa de melhoramento (RESENDE et al., 2004).

Diversos índices de seleção têm sido utilizados para a avaliação multivariada de caracteres de interesse em diferentes culturas, em especial, no *Eucalyptus* (RESENDE et al., 1990; PAULA et al., 2002; MARTINS et al., 2003a; MARTINS et al., 2003b; MARTINS et al., 2006; REIS, 2010; REIS et al., 2011). Apesar de sua importância, esses índices são baseados em valores fenotípicos e não consideram as correlações genotípicas e relações de causa e efeito entre as variáveis estudadas. De acordo com Resende et al. (2014b), o uso de modelos mistos multivariados com características múltiplas e matriz de covariância não estruturada é, teoricamente, o mais eficiente possível, permitindo considerar a completa heterogeneidade de variâncias e covariâncias. Entretanto, na prática, tal abordagem não se verifica, em virtude da dificuldade na convergência da análise iterativa e a superparametrização (RESENDE et al., 2014b).

Diante do apresentado, o uso de modelagem de equações estruturais é uma alternativa que permite representar de modo eficiente o modelo multicaracterístico padrão (RESENDE et al., 2014b). Com uma rede funcional das características estudadas, é possível estabelecer relações de causa e efeito entre as variáveis de interesse e compor índices de seleção ótimos, utilizando os valores genotípicos preditos pela análise univariada por procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança residual ou restrita/melhor predição linear não viciada) (RESENDE et al., 2014b; RESENDE; VIANA, 2014).

Dentro desse contexto, o presente trabalho objetivou estudar a eficiência de uma nova classe de critérios de seleção baseados em correlações parciais, efeito direto da análise de trilha, correlações ordinárias e herdabilidade para peso de madeira de *Eucalyptus*, utilizando valores genotípicos preditos via metodologia de modelos mistos.

## **2 – MATERIAL E MÉTODOS**

### **2.1 Rede experimental**

Os experimentos foram instalados nas áreas da empresa CMPC Celulose Riograndense, nos municípios de Minas do Leão (horto florestal Cambará), Encruzilhada do Sul (horto florestal Capivara), Dom Feliciano (horto florestal Fortaleza) e Vila Nova do Sul (horto florestal São João), todos localizados no estado do Rio Grande do Sul. Uma rede de testes clonais com 864 clones de *Eucalyptus* foi implantada no ano de 2007 e, como testemunha comparativa, foi utilizado o principal clone comercial cultivado pela empresa (clone 32864). As árvores foram plantadas no espaçamento de 3,5 x 2,6. Em cada sítio um experimento no delineamento de blocos ao acaso foi estabelecido, com parcela de árvore única e 30 repetições.

## **2.2 Coleta de dados**

Para a estimativa indireta da densidade básica, o método do Pilodyn foi utilizado aos três anos de idade. Esse método consistiu na penetração de uma agulha de aço com 2,5 mm de diâmetro na face exterior do tronco, impulsionada por uma mola com força constante de 6 joules (GREAVES et al., 1996). Para tal, foi necessário descascar previamente uma secção retangular do tronco de aproximadamente 3 cm de comprimento, por 2 cm de largura na altura de 1,3 metros do solo, de forma que a agulha de aço penetra-se apenas no lenho da árvore. Depois de encostado o aparelho ao tronco, disparou-se o gatilho e mediu-se a penetração da agulha no lenho da árvore, em milímetros, através de um visor numérico presente no aparelho.

O Pilodyn foi utilizado, duas vezes, nas faces norte e sul da árvore, a fim de reduzir possíveis problemas com variações da anatomia das plantas, tais como nós internos, bolsas de resina, entre outros. Caso o resultado de algum dos dois acionamentos fosse diferente, era realizado um terceiro acionamento e descartava-se o número discrepante. Para efeito das análises, o número considerado foi a média dos dois acionamentos realizados.

Os dados de profundidade de penetração (mm) do Pilodyn foram convertidos para densidade básica em  $\text{Kg.m}^{-3}$  pela multiplicação por um fator de conversão. Tal fator foi encontrado considerando:

$$\frac{1}{\bar{P}} \times F = \bar{D}$$

Onde:  $\bar{P}$  = Profundidade de penetração média do experimento;  $F$  = fator de conversão a ser encontrado;  $\bar{D}$  = 370 Kg.m<sup>-3</sup>. Densidade básica média da madeira de *Eucalyptus* aos 3 anos de idade (Glêison Augusto dos Santos, comunicação pessoal).

Com isso, a densidade básica medida indiretamente pelo Pilodyn e convertida para Kg.m<sup>-3</sup> (Db) é dada para cada indivíduo como:

$$Db = \frac{1}{P} \times F$$

Onde:  $Db$  = densidade básica medida indiretamente pelo Pilodyn e convertida para Kg.m<sup>-3</sup>;  $P$  = profundidade de penetração do Pilodyn em cada árvore individualmente;  $F$  = fator de conversão para Kg.m<sup>-3</sup>.

Os dados de crescimento das árvores foram coletados aos três anos de idade assim como os da densidade básica. Foram mensurados o diâmetro à altura do peito (DAP) e a altura total (Ht) das árvores dos experimentos. O DAP foi mensurado com o auxílio de uma fita diamétrica e a altura foi obtida com o uso do relascópio.

Para o cálculo do volume sem casca (Vol) foi utilizado o modelo de Leite et al., (1995), conforme apresentado abaixo:

$$V = 0,000048 * DAP^{1,720483} * altura^{1,180736} * e^{(-3,00555)*(tx/dap)} * \{1 - (d/dap)^{1+0,228531*d}\} + \epsilon$$

Onde: DAP: diâmetro a 1,3 metros de altura; altura: altura total;  $tx = 0$ , para volume com casca e 1 para volume sem casca;  $d$ : diâmetro comercial superior;  $\epsilon$  = erro experimental.

### 2.3 Índice DAPxDb fenotípico ou IF (DAPxDb)

Um índice DAPxDb foi criado pela multiplicação da densidade básica da madeira com o DAP de cada árvore.

$$IF (DAP \times Db) = \left( \frac{DAP}{S_{DAP}} \right) \times \left( \frac{Db}{S_{Db}} \right)$$

Onde:  $IF (DAP \times Db)$  = índice de peso de madeira fenotípico;  $Db$  = densidade básica medida indiretamente pelo Pilodyn e convertida para  $\text{Kg.m}^{-3}$ ;  $DAP$  = diâmetro à altura do peito;  $S_{DAP}$  = desvio padrão da variável diâmetro à altura do peito;  $S_{Db}$  = desvio padrão da variável densidade básica.

Pesos econômicos relativos iguais foram atribuídos aos dois caracteres ( $DAP$  e  $Db$ ), ou seja, este índice de peso de madeira foi tomado como caráter objetivo.

## 2.4 Índice $Vol \times Db$ fenotípico ou $IF (Vol \times Db)$

Um índice de peso de madeira,  $Vol \times Db$ , foi utilizado, com o objetivo de criar um ordenamento que una a produtividade no campo (volume em  $\text{m}^3$ ), com a densidade da madeira (medida indiretamente pela profundidade de penetração da agulha do Pilodyn e convertida para  $\text{Kg.m}^{-3}$ ). Dessa forma, com este índice será possível obter a biomassa de cada árvore em  $\text{Kg}$  ao final dos 3 anos de crescimento.

$$IF (Vol \times Db) = Db \times Vol_{sc}$$

Onde:  $IF (Vol \times Db)$  = índice de peso de madeira fenotípico;  $Db$  = densidade básica medida indiretamente pelo Pilodyn e convertida para  $\text{Kg.m}^{-3}$ ;  $Vol_{sc}$  = Volume sem casca de madeira em  $\text{m}^3$ .

Dessa maneira, pesos econômicos relativos iguais foram atribuídos aos dois caracteres ( $Vol$  e  $Db$ ), ou seja, este índice de peso de madeira foi tomado como caráter objetivo.

## 2.5 Análises estatísticas

O modelo estatístico utilizado é dado por:  
 $y = Xr + Zg + Hb + Wge + e$ , em que:

$y, r, g, b, ge, e$  = vetores de dados, de efeitos de repetições (fixos), de efeitos genotípicos (aleatório), dos efeitos de bloco (aleatório), de efeitos da interação genótipos x ambientes (G x A) (aleatório) e de erros aleatórios, respectivamente.

$X, Z, H$  e  $W$  = matrizes de incidência para  $r, g, b$  e  $ge$ , respectivamente.

Distribuições e estruturas de médias e variâncias:

$$E \begin{bmatrix} y \\ g \\ b \\ ge \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xr \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \quad Var \begin{bmatrix} g \\ b \\ ge \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I\sigma_g^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_b^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{ge}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Equações de modelo misto:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'H & X'W \\ Z'X & Z'Z + I\lambda_1 & Z'H & Z'W \\ H'X & H'Z & H'H + I\lambda_2 & H'W \\ W'X & W'Z & W'H & W'W + I\lambda_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{r} \\ \hat{g} \\ \hat{b} \\ \hat{ge} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ H'y \\ W'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} = \frac{1 - h_g^2 - c_b^2 - c_{ge}^2}{h_g^2}; \quad \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_b^2} = \frac{1 - h_g^2 - c_b^2 - c_{ge}^2}{c_b^2}; \quad \lambda_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{ge}^2} = \frac{1 - h_g^2 - c_b^2 - c_{ge}^2}{c_{ge}^2}$$

$$h_g^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_b^2 + \sigma_{ge}^2 + \sigma_e^2} : \text{herdabilidade individual no sentido amplo de parcelas}$$

individuais na repetição;

$$c_b^2 = \frac{\sigma_b^2}{\sigma_g^2 + \sigma_b^2 + \sigma_{ge}^2 + \sigma_e^2} : \text{correlação devida ao ambiente comum do bloco;}$$

$$c_{ge}^2 = \frac{\sigma_{ge}^2}{\sigma_g^2 + \sigma_b^2 + \sigma_{ge}^2 + \sigma_e^2} : \text{coeficiente de determinação dos efeitos da interação G}$$

x A;

$$\sigma_g^2 = \text{variância genotípica;}$$

$$\sigma_b^2 = \text{variância ambiental entre blocos;}$$

$$\sigma_{ge}^2 = \text{variância da interação G x A;}$$

$\sigma_e^2$  = variância residual entre parcelas;

$$r_{gloc} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{ge}^2} = \frac{h_g^2}{h_g^2 + c_{ge}^2} : \text{ correlação genotípica dos materiais genéticos}$$

através dos ambientes.

Estimadores de componentes de variância por REML via algoritmo EM:

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{r}' X'y - \hat{g}' Z'y - \hat{b}' H'y - \hat{g}\hat{e}' W'y] / [N - r(x)]$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = [\hat{g}'\hat{g} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(C^{22})] / q$$

$$\hat{\sigma}_b^2 = [\hat{b}'\hat{b} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(C^{33})] / s$$

$$\hat{\sigma}_{ge}^2 = [\hat{g}\hat{e}'\hat{g}\hat{e} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(C^{44})] / n \text{ em que:}$$

$C^{22}$ ,  $C^{33}$  e  $C^{44}$  advém de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} & C_{14} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} & C_{24} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} & C_{34} \\ C_{41} & C_{42} & C_{43} & C_{44} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} & C^{14} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} & C^{24} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} & C^{34} \\ C^{41} & C^{42} & C^{43} & C^{44} \end{bmatrix}$$

C: matriz dos coeficientes das equações de modelo misto; tr: operador traço matricial; r(x): posto da matriz X; N,q,s,n = número total de dados, de clones, de blocos e de combinações G x A, respectivamente.

Nesse modelo, os valores genotípicos preditos livres da interação, considerando todos os locais, são dados por  $u + g$ , em que  $u$  é a média de todos os locais. Esses valores preditos para cada variável, de forma univariada, serão utilizados nos índices de seleção.

Além disso, obteve-se, também, a correlação genotípica entre as variáveis analisadas.

Todas as análises foram realizadas utilizando o programa de Seleção Genética Computadorizada - Selegen-REML/BLUP.

## 2.6 Índice DAPxDb genotípico ou IG (DAPxDb)

Um índice de DAPxDb genotípico foi criado com os valores genotípicos obtidos da análise univariada dos caracteres DAP e Db.

$$IG (DAPxDb) = \left( \frac{VG_{DAP}}{S_{VG_{DAP}}} \right) \times \left( \frac{VG_{Db}}{S_{VG_{Db}}} \right)$$

Onde:  $IG (DAPxDb)$  = índice de peso de madeira genotípico;  $VG_{Db}$  = valor genotípico da densidade básica em  $\text{Kg.m}^{-3}$ ;  $VG_{DAP}$  = valor genotípico do diâmetro à altura do peito em cm;  $S_{VG_{DAP}}$  = desvio padrão do valor genotípico do diâmetro à altura do peito;  $S_{VG_{Db}}$  = desvio padrão do valor genotípico da densidade básica.

Pesos econômicos relativos iguais foram atribuídos aos dois caracteres (DAP e Db).

A acurácia desse índice foi obtida pela variância do índice como proporção da variância do índice ótimo e sua acurácia estimada via REML/BLUP:

$$Ac_{IG} = \frac{desv(IG) \times Ac(IVR)}{desv(IVR)}$$

Onde:  $Ac_{IG}$  = acurácia do índice genotípico;  $desv(IG)$  = desvio padrão do índice genotípico;  $Ac(IVR)$  = acurácia do índice ótimo baseado no conceito de variável relacional;  $desv(IVR)$  = desvio padrão do índice ótimo baseado no conceito de variável relacional.

## 2.7 VolxDb genotípico ou IG (VolxDb)

Um índice de VolxDb genotípico foi criado com os valores genotípicos obtidos da análise univariada dos caracteres Vol e Db.

$$IG (VolxDb) = VG_{Db} \times VG_{Vol_{sc}}$$

Onde:  $IG (Vol \times Db)$  = índice peso de madeira genotípico;  $VG_{Db}$  = valor genotípico da densidade básica em  $Kg.m^{-3}$ ;  $VG_{Vol_{sc}}$  = valor genotípico do volume sem casca de madeira em  $m^3$ .

Pesos econômicos relativos iguais foram atribuídos aos dois caracteres (Vol e Db).

A acurácia desse índice foi obtida pela variância do índice como proporção da variância do índice ótimo e sua acurácia estimada via REML/BLUP:

$$Ac_{IG} = \frac{desv(IG) \times Ac(IVR)}{desv(IVR)}$$

Onde:  $Ac_{IG}$  = acurácia do índice genotípico;  $desv(IG)$  = desvio padrão do índice genotípico;  $Ac(IVR)$  = acurácia do índice ótimo baseado no conceito de variável relacional;  $desv(IVR)$  = desvio padrão do índice ótimo baseado no conceito de variável relacional.

## 2.8 Índice ótimo, herdabilidades e correlações de uma variável relacional (VR) de Resende et al. (2014b)

Segundo Resende et al. (2014b), dada uma variável relacional do tipo  $Y = W/X$  é possível estimar a herdabilidade de  $Y$  via as herdabilidades e correlações genéticas e fenotípicas envolvendo  $W$  e  $X$ . Usando a escala logarítmica, ou seja, fazendo-se  $Y^* = \log Y$ ,  $X^* = \log X$  e  $W^* = \log W$ , tem-se que  $\log Y = \log W - \log X$ , ou seja,  $Y^* = W^* - X^*$ . Desenvolvendo-se as relações genéticas e fenotípicas entre  $Y^*$  e  $W^*$ , bem como entre  $Y^*$  e  $X^*$ , tem-se que a herdabilidade da variável relacional é:

$$h_{Y^*}^2 = \frac{h_{W^*}^2 (1 + k_h^2 k^2 - 2k_h k r_{G_{W^*X^*}})}{1 + k^2 - 2k r_{P_{W^*X^*}}}$$

Onde:  $h_{Y^*}^2$  = herdabilidade da variável relacional;  $h_{W^*}^2$  = herdabilidade individual estimada na escala original da variável W;  $k_h^2$  = relação entre a herdabilidade da variável X estimada na escala original e a herdabilidade calculada da variável relacional;  $k^2$  = elasticidade ou relação entre variâncias;  $k_h$  = raiz quadrada de  $k_h^2$ ;  $k$  = raiz quadrada de  $k^2$ ;  $r_{G_{W^*X^*}}$  = correlação genotípica entre as variáveis constituintes do índice ótimo (W e X), calculadas na escala original;  $r_{P_{W^*X^*}}$  = correlação fenotípica entre as variáveis constituintes do índice ótimo (W e X), calculadas na escala original.

As correlações genotípicas entre a variável relacional e as variáveis constituintes são dadas por:

$$r_{G_{Y^*W^*}} = \frac{1 - r_{G_{W^*X^*}} k_h k}{\sqrt{(1 + k_h^2 k^2 - 2r_{G_{W^*X^*}} k_h k)}}$$

$$r_{G_{Y^*X^*}} = \frac{r_{G_{W^*X^*}} - k_h k}{\sqrt{(1 + k_h^2 k^2 - 2r_{G_{W^*X^*}} k_h k)}}$$

Onde:  $r_{G_{Y^*W^*}}$  = correlação genotípica entre Y\* e W\*;  $r_{G_{Y^*X^*}}$  = correlação genotípica entre Y\* e X\*;  $r_{G_{W^*X^*}}$  = correlação genotípica entre as variáveis constituintes do índice ótimo (W e X), calculadas na escala original;  $k_h$  = raiz quadrada de  $k_h^2$ ;  $k$  = raiz quadrada de  $k^2$ ;  $k_h^2$  = relação entre a herdabilidade da variável X estimada na escala original e a herdabilidade calculada da variável relacional;  $k^2$  = elasticidade ou relação entre variâncias.

As correlações fenotípicas entre a variável relacional e as variáveis constituintes são dadas por:

$$r_{P_{Y^*W^*}} = \frac{1 - kr_{P_{W^*X^*}}}{\sqrt{(1 + k^2 - 2kr_{P_{W^*X^*}})}}$$

$$r_{P_{Y^*X^*}} = \frac{r_{P_{W^*X^*}} - k}{\sqrt{(1 + k^2 - 2kr_{P_{W^*X^*}})}}$$

Onde:  $r_{P_{Y^*W^*}}$  = correlação fenotípica entre  $Y^*$  e  $W^*$ ;  $r_{P_{Y^*X^*}}$  = correlação fenotípica entre  $Y^*$  e  $X^*$ ;  $k$  = raiz quadrada de  $k^2$ ;  $r_{P_{W^*X^*}}$  = correlação fenotípica entre as variáveis constituintes do índice ótimo ( $W$  e  $X$ ), calculadas na escala original;  $k^2$  = elasticidade ou relação entre variâncias.

Em que:

$$k^2 = \frac{\text{Variância fenotípica de } X^* \text{ (na escala log aritmica)}}{\text{Variância fenotípica de } W^* \text{ (na escala log aritmica)}} = \frac{(\text{Coeficiente de Variação de } X)^2}{(\text{Coeficiente de Variação de } W)^2}$$

$$k_h^2 = \frac{h_{X^*}^2}{h_{Y^*}^2}$$

Como reportado por Resende et al. (2014b), o desenvolvimento algébrico foi feito em termos de logaritmo. As estimativas de herdabilidade para  $W$  e  $X$ , e correlações entre elas são de mesma ordem se calculadas nas unidades originais ou em seus logaritmos, enquanto  $k$  ( $k^2$  é denominado elasticidade ou relação entre variâncias), em logaritmos é equivalente a proporção dos coeficientes de variação de  $X$  e  $W$  nas unidades originais. Assim, o conhecimento dos vários parâmetros para  $W$  e  $X$  na escala original, torna possível uma análise das respostas correlacionadas e diretas com seleção para qualquer das três características. Desvios padrões na escala logarítmica são equivalentes à coeficientes de variação na escala original. E as correlações e herdabilidades estimadas na escala logarítmica podem ser tomadas como equivalentes àquelas das unidades originais.

Variáveis multiplicativas do tipo  $Y = W \cdot X$  podem ser consideradas de forma similar, usando  $Y^* = \log(W) - \log(1/X)$ . Assim, as mesmas fórmulas podem ser aplicadas, uma vez que  $W$  e  $1/X$  terão suas herdabilidades e correlações genéticas estimadas. Dessa forma, para o índice da variável relacional (IVR), a variável  $W$  será o DAP, e/ou Vol, enquanto a variável  $X$  será sempre a Db.

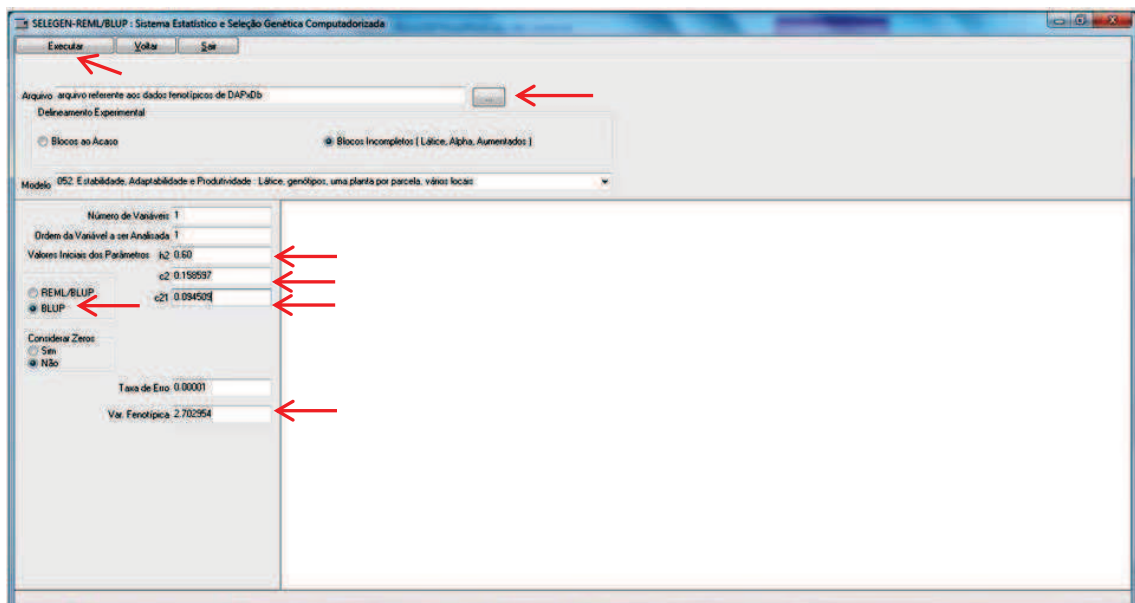
A acurácia da variável relacional é dada pela fórmula:

$$r_{gg} = \sqrt{\frac{n \times h_{Y^*}^2}{1 + (n-1) \times h_{Y^*}^2}}$$

Em que:  $r_{gg}$  = acurácia da variável relacional;  $n$  = número de indivíduos por clone penalizado pela sobrevivência média do experimento e  $h_{Y^*}^2$  = herdabilidade da variável relacional.

Uma outra forma de obter sua acurácia e de modo correto, é pelo uso do programa de Seleção Genética Computadorizada - Selegen-REML/BLUP (Figura 1). Deve-se marcar a opção BLUP, preenchendo-se os campos de herdabilidade com a  $h_{Y^*}^2$ , os componentes do REML/BLUP e o arquivo de dados do índice relacional fenotípico (IF). Com isso, basta executar e visualizar os valores genotípicos de IVR. A sua acurácia deverá ser a média das acurácias de todos os clones no arquivo .FAM.

Figura 1 – Tela do programa de Seleção Genética Computadorizada - Selegen-REML/BLUP, representativa do procedimento de obtenção do valor genotípico e acurácia do índice baseado no conceito de variável relacional e herdabilidade ótima (IVR)



## 2.9 Índice de Seleção I1

Conforme reportado por Viana e Resende (2014), os valores genéticos preditos para cada caráter pela análise univariada podem ser utilizados para composição de índices de seleção considerando um caráter objetivo e caracteres auxiliares.

Sendo o caráter objetivo o peso de madeira (DAPxDb), e os caracteres auxiliares o DAP e a Db, um índice de seleção pode ser derivado usando essas três informações:

$$I_1 = b_1 g_o + b_2 g_{a1} + b_3 g_{a2}$$

Em que  $g_o$  é o valor genotípico padronizado do caráter objetivo e  $g_{ai}$  o valor genotípico padronizado dos caracteres auxiliares. Os coeficientes de ponderação ( $b_i$ ) do índice são dados por (VIANA; RESENDE, 2014):

$b = P^{-1}C$ , em que:

$$P = \begin{bmatrix} r_{\hat{g}_o}^2 & r_{\hat{g}_o}^2 r_{\hat{g}_{a1}}^2 r_{\hat{g}_o \hat{g}_{a1}} & r_{\hat{g}_o}^2 r_{\hat{g}_{a2}}^2 r_{\hat{g}_o \hat{g}_{a2}} \\ & r_{\hat{g}_{a1}}^2 & r_{\hat{g}_{a1}}^2 r_{\hat{g}_{a2}}^2 r_{\hat{g}_{a1} \hat{g}_{a2}} \\ \text{Simétrica} & & r_{\hat{g}_{a2}}^2 \end{bmatrix}$$

$$C = \begin{bmatrix} r_{\hat{g}_o}^2 \\ r_{\hat{g}_{a1}}^2 r_{\hat{g}_o \hat{g}_{a1}} \\ r_{\hat{g}_{a2}}^2 r_{\hat{g}_o \hat{g}_{a2}} \end{bmatrix} : \text{vetor de covariância genética entre o valor genético predito}$$

do caráter objetivo e as três fontes de informação (valores genéticos preditos padronizados para os caracteres objetivo e auxiliares), em que  $r_{\hat{g}_o}^2$  é a confiabilidade da seleção com base no caráter objetivo;  $r_{\hat{g}_{a1}}^2$  é a confiabilidade da seleção com base no caráter auxiliar 1;  $r_{\hat{g}_{a2}}^2$  é a confiabilidade da seleção com base no caráter auxiliar 2;  $r_{\hat{g}_o \hat{g}_{a1}}$  é a correlação genética entre o caráter objetivo e o auxiliar 1;  $r_{\hat{g}_o \hat{g}_{a2}}$  é a correlação genética entre o caráter objetivo e o auxiliar 2; e  $r_{\hat{g}_{a1} \hat{g}_{a2}}$  é a correlação genética entre os dois caracteres auxiliares.

A confiabilidade do índice pode ser dada pela variância do índice sobre a variância aditiva do agregado biológico ou caráter objetivo:

$$r_{gg}^2 = \text{Var}(\text{Índice}) / \sigma_g^2$$

Com padronização dos valores genéticos preditos tem-se  $\sigma_g^2 = 1$  e  $r_{gg}^2 = Var(\acute{I}ndice)$ .

Assim, a variância do índice é dada por:

$$Var(\acute{I}ndice) = b'Pb$$

Conseqüentemente, a acurácia de I1 é dada pela raiz da confiabilidade.

## 2.10 Índice de Seleção I2

Um índice de seleção multivariado pode ser construído usando as três variáveis (peso de madeira dado por DAPxDb, DAP e Db), e as correlações parciais entre elas, a confiabilidade delas ( $r_g^2$ ) e seus valores genéticos preditos, sem determinar o vetor b de pesos (VIANA; RESENDE, 2014). O índice é dado por:

$$I_2 = b_1g_{o+} + b_2g_{a1+} + b_3g_{a2}$$

$$b_1 = r_{\hat{g}_o\hat{g}_o}^p \frac{r_{\hat{g}_o}^2}{r_{\hat{g}_o}^2} = 1$$

$$b_2 = r_{\hat{g}_o\hat{g}_{a1}}^p \frac{r_{\hat{g}_{a1}}^2}{r_{\hat{g}_o}^2}$$

$$b_3 = r_{\hat{g}_o\hat{g}_{a2}}^p \frac{r_{\hat{g}_{a2}}^2}{r_{\hat{g}_o}^2}$$

Em que  $r_{\hat{g}_o\hat{g}_{ai}}^p$  é uma correlação parcial.

As correlações parciais entre o caráter objetivo e o auxiliar 1, livre do efeito do caráter auxiliar 2 e o caráter objetivo e o auxiliar 2, livre do efeito do caráter auxiliar 1 é dada pela fórmula geral (VIANA; RESENDE, 2014):

$$r_{(x,y).Z} = \frac{r_{(x,y)} - r_{(x,z)}r_{(y,z)}}{\sqrt{(1 - r_{(x,z)}^2)(1 - r_{(y,z)}^2)}}$$

Em que  $r_{(x,y)}$  é a correlação total entre X e Y, e que no presente estudo será a correlação genética.

A acurácia deste índice foi calculada com base na fórmula:

$$r_{gg} = \frac{desv(escoreI_2)}{desv(escoreI_{maior})}$$

Onde:  $r_{gg}$  = Acurácia do índice;  $desv(escoreI_2)$  = desvio padrão do escore do índice I2 e  $desv(escoreI_{maior})$  = desvio padrão do escore do índice de maior variância.

### 2.11 Índice de Seleção I3

Utilizando-se o mesmo raciocínio do item anterior, um índice de seleção multivariado pode ser estabelecido usando as três variáveis (peso de madeira dado por DAPxDb, DAP e Db), e as correlações genéticas entre elas, a confiabilidade delas ( $r_g^2$ ) e seus valores genéticos preditos, sem determinar o vetor b de pesos. O índice é dado por:

$$I_3 = b_1g_{o+} + b_2g_{a1+} + b_3g_{a2}$$

$$b_1 = r_{\hat{g}_o\hat{g}_o} \frac{r_{\hat{g}_o}^2}{r_{\hat{g}_o}^2} = 1$$

$$b_2 = r_{\hat{g}_o\hat{g}_{a1}} \frac{r_{\hat{g}_{a1}}^2}{r_{\hat{g}_o}^2}$$

$$b_3 = r_{\hat{g}_o\hat{g}_{a2}} \frac{r_{\hat{g}_{a2}}^2}{r_{\hat{g}_o}^2}$$

Em que  $r_{\hat{g}_o\hat{g}_{ai}}$  é, agora, uma correlação genotípica ordinária.

$$r_{gg} = \frac{desv(escoreI_3)}{desv(escoreI_{maior})}$$

Onde:  $r_{gg}$  = Acurácia do índice;  $desv(scoreI_3)$  = desvio padrão do escore do índice I3 e  $desv(scoreI_{maior})$  = desvio padrão do escore do índice de maior variância.

## 2.12 Índice de Seleção I4

Seguindo a mesma estratégia do item anterior, um índice de seleção multivariado foi sugerido por Resende et al. (2014b), pelo uso do efeito direto da análise de trilha das variáveis DAP e Db em relação ao caráter objetivo peso de madeira em função de DAPxDb, utilizando a confiabilidade delas ( $r_g^2$ ) e seus valores genéticos preditos, sem determinar o vetor b de pesos. O índice é dado por:

$$I_4 = b_1g_{o+} + b_2g_{a1+} + b_3g_{a2}$$

$$b_1 = r_{\hat{g}_o\hat{g}_o}^t \frac{r_{\hat{g}_o}^2}{r_{\hat{g}_o}^2} = 1$$

$$b_2 = r_{\hat{g}_o\hat{g}_{a1}}^t \frac{r_{\hat{g}_{a1}}^2}{r_{\hat{g}_o}^2}$$

$$b_3 = r_{\hat{g}_o\hat{g}_{a2}}^t \frac{r_{\hat{g}_{a2}}^2}{r_{\hat{g}_o}^2}$$

Em que  $r_{\hat{g}_o\hat{g}_{ai}}^t$  é o efeito direto da análise de trilha de cada variável auxiliar em relação ao caráter objetivo peso de madeira (DAPxDb).

$$r_{gg} = \frac{desv(scoreI_4)}{desv(scoreI_{maior})}$$

Onde:  $r_{gg}$  = Acurácia do índice;  $desv(scoreI_4)$  = desvio padrão do escore do índice I4 e  $desv(scoreI_{maior})$  = desvio padrão do escore do índice de maior variância.

### 2.13 Coeficiente de coincidência Kappa de Cohen (1960)

A coincidência entre os ordenamentos gerados pela utilização dos índices analisados foi calculada de acordo com o índice Kappa ou índice  $k$  reportado por Cohen (1960), que é dado por:

$$k = \frac{f_o - f_e}{N - f_e}$$

Sendo:  $k$  = índice de coincidência de Kappa;  $f_o$  = número observado de clones coincidentes nos  $N$  primeiros colocados;  $f_e$  = número esperado de clones coincidentes devido ao acaso, que para o presente estudo foi 12;  $N$  = número de pares de clones selecionados em cada critério, que no presente estudo serão os 100 primeiros de cada ordenamento. O número de clones coincidentes devido ao acaso é dado pela proporção da intensidade de seleção (100), que corresponde a 12% de 864 clones, logo o  $f_e$  é 12.

### 2.14 Coeficiente Alfa de Cronbach (1951) modificado por Resende et al. (2014b)

Como citado por Resende et al. (2014b), uma comparação entre índices de seleção alternativos pode ser feita pelo grau de covariância das variáveis entre si. Dessa forma, o Coeficiente Alfa de Cronbach (1951) funciona como um indicativo de consistência interna de um índice envolvendo  $n$  variáveis. Sua fórmula é dada por:

$$\alpha = \frac{n - 1}{n} \left( 1 - \frac{\sum v_i^2}{v_T^2} \right)$$

Em que:  $\sum v_i^2$  = soma das variâncias das  $n$  variáveis e  $v_T^2$  = variância total dos escores do índice de seleção.

### 2.15 Eficiência da seleção indireta

Considerando o ganho genético indireto numa característica  $y$ , em função da seleção na característica  $x$ , a eficiência na seleção indireta em relação à direta é dada pela expressão abaixo reportada por Resende (2002):

$$\text{Eficiência da seleção indireta} = \frac{\varphi_{x,y}}{h_y^2};$$

Em que:

$$\varphi_{x,y} = r_{g_{x,y}} \times h_x \times h_y$$

Onde:  $\varphi_{x,y}$  = equivale ao produto das acurácias (associadas à seleção massal) e da correlação genética entre os dois caracteres.  $h_y^2$  = herdabilidade da característica  $y$ .

## 2.16 Análise de trilha entre os caracteres peso de madeira, DAP e Db

A estimação dos coeficientes de trilha (efeitos diretos e indiretos), proposto por Wright (1921) pode ser feita por meio das correlações genéticas lineares entre os caracteres, considerando o caráter LogDAPxDb como a variável básica e LogDAP e LogDb como as variáveis explicativas. Em virtude da estrutura multiplicativa da variável principal, foi necessário encontrar as correlações genéticas entre as variáveis utilizando-as logaritmizadas, para atender ao critério de aditividade de um modelo de regressão linear múltipla. Segundo Cruz et al. (2012), os efeitos diretos e indiretos da análise de trilha podem ser estimados pela solução do sistema de equações descrito abaixo:

$$W = J \cdot L$$

$$\begin{bmatrix} r_{01} \\ r_{02} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 & r_{12} \\ r_{12} & 1 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \hat{p}_{01} \\ \hat{p}_{02} \end{bmatrix}$$

Em que  $r_{01}$  é a correlação genotípica entre o caráter objetivo (LogDAPxDb) e o auxiliar 1 (LogDAP),  $r_{02}$  é a correlação genotípica entre o caráter objetivo e o auxiliar 2 (LogDb),  $r_{12}$  é a correlação genotípica entre os caracteres auxiliares e  $\hat{p}_{01}$  e  $\hat{p}_{02}$  são os efeitos diretos da análise de trilha referentes às duas variáveis auxiliares LogDAP e LogDb, respectivamente. Dessa forma, para encontrar os efeitos diretos basta inverter a matriz de correlações genotípicas (J) e multiplicá-la pelo vetor W:

$$L = J^{-1} \cdot W$$

Para encontrar os efeitos indiretos resolvem-se as equações abaixo (CRUZ et al., 2012):

$$\text{Efeito indireto de LogDAP em LogDAPxDb via LogDb} = \hat{p}_{01} \cdot r_{12}$$

$$\text{Efeito indireto de LogDb em LogDAPxDb via LogDAP} = \hat{p}_{02} \cdot r_{12}$$

O coeficiente de determinação tanto do diagrama de trilha quanto do modelo de regressão linear múltipla de LogDAPxDb em função de LogDAP e LogDb é dado por (CRUZ et al., 2012):

$$R_{0.12}^2 = (\hat{p}_{01} \cdot r_{01} + \hat{p}_{02} \cdot r_{02})$$

### 3 – RESULTADOS E DISCUSSÕES

#### 3.1 Parâmetros genéticos e correlações genotípicas

Os parâmetros genéticos das características analisadas foram estimados (Tabela 1). Como o presente trabalho objetiva avaliar, apenas, os diferentes critérios de seleção, os parâmetros genéticos relacionados à interação G x A não serão reportados nesse estudo.

Tabela 1 - Estimativas de parâmetros genéticos (REML individual), modelo 52, para os caracteres densidade básica (Db em Kg.m<sup>-3</sup>), diâmetro à altura do peito (DAP em cm), altura total (Ht em m), volume (Vol em m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>.ano), índice fenotípico DAPxDb (IF DAPxDb) e índice fenotípico VolxDb (IF VolxDb) (Kg) para clones de *Eucalyptus*, avaliados na análise conjunta entre os ambientes aos três anos de idade

	Db	DAP	Ht	Vol	IF DAPxDb	IF VolxDb
h <sup>2</sup> g*	0,59	0,18	0,07	0,15	0,23	0,16
h <sup>2</sup> mg**	0,95	0,70	0,54	0,65	0,78	0,67
Acgen**	0,97	0,84	0,73	0,80	0,88	0,82
c <sup>2</sup> bloc	0,24	0,03	0,08	0,05	0,15	0,07
Média geral	382,64	13,26	14,72	0,08	6,03	44,92
CVgi%	12,39	8,16	5,09	17,89	12,04	19,20
CVe%	9,70	15,71	16,50	37,80	20,20	40,08
CVr	1,27	0,51	0,30	0,47	0,59	0,47

h<sup>2</sup>g: Coeficientes de herdabilidade individual no sentido amplo, livre da interação; h<sup>2</sup>mg: Herdabilidade da média de clone; Acgen: Acurácia genética na seleção de clones; C<sup>2</sup>bloc: Coeficiente de determinação do bloco; h<sup>2</sup>mg : Herdabilidade ajustada da média de genótipos, assumindo sobrevivência completa; Média geral: Média geral dos caracteres entre os

diferentes ambientes; CVgi (%): Coeficiente de variação genotípica; CVe (%): Coeficiente de variação experimental; CVr: Coeficiente de variação relativa.

\*Herdabilidades corrigidas para variância de bloco (herdabilidade ajustada).

\*\*Acurácias e herdabilidades de média de clones corrigidas de acordo com o arquivo. Fam

As estimativas das herdabilidades individuais dos caracteres estudados podem ser consideradas baixa ( $h^2g = 0,07$  para Ht), moderada (de 0,15 para o caráter Vol a 0,23 para o IF DAPxDb) e alta (0,59 para o caráter Db) de acordo com classificação reportada por Resende (2002). Dessa forma, para a característica Db, que apresenta elevado controle genético, a seleção individual com base, apenas, no fenótipo é eficiente (WEI; BORRALHO, 1997). Em relação aos demais caracteres, a seleção deve ser baseada em delineamentos experimentais controlados, com repetições, de modo que os efeitos que não sejam de origem genética possam ser retirados, tornando a predição do valor genotípico possível.

Não obstante à estimação das herdabilidades individuais no sentido amplo, constata-se que o valor desse parâmetro para IF VolxDb (0,16), foi semelhante à herdabilidade da característica Vol (0,15). Assim, destaca-se a necessidade de desenvolver um índice para peso de madeira que possibilite a estimação de uma herdabilidade mais equilibrada, ou seja, que não se assemelhe a apenas uma das características constituintes do índice. O mesmo raciocínio pode ser aplicado para o IF DAPxDb. Essa análise será feita nos tópicos posteriores.

As acurácias de predição dos valores genéticos dos clones foram altas (Tabela 1). De acordo com Resende e Duarte (2007), acurácias acima de 0,70 são suficientes para avaliações numa população de melhoramento, e quando o objetivo é a avaliação do Valor de Cultivo e Uso, as acurácias devem ser superiores a 0,90. No presente trabalho, acurácia acima de 0,90 foi obtida apenas para Db (0,97). Entretanto, os demais valores desse parâmetro são altos, variando de 0,73 para o caráter Ht a 0,88 para o IF DAPxDb. Esses valores elevados de acurácia (RESENDE, 2007) justificam a excelente qualidade experimental, o cuidado e o rigor técnico na montagem e avaliação dos experimentos. Além disso, o elevado número de repetições (30) utilizado contribuiu para os altos valores de acurácia e, conseqüentemente, garantia de

resultados fidedignos dos ordenamentos dos clones por seus valores genéticos preditos.

Os coeficientes de variação genéticos (CVgi%) variaram de 19,20% para IF VolxDB a 5,09% para Ht. Rosado et al. (2009), em um estudo com base em modelos mistos (REML/BLUP) em progênies de *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake, relataram CVgi's% entre famílias de 3,87% para altura a 12,11% para volume. Miranda et al. (2015), reportaram valores semelhantes ao do presente estudo (variando de 9,67% para altura a 22,45% para volume) de CVgi% estimados via metodologia de modelos mistos, entre progênies de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden aos 24 meses de idade. Dessa forma, com os valores de CVgi's% encontrados no presente trabalho há boa possibilidade de ganho com a seleção (MAIA et al., 2009)

Além do CVgi%, observa-se que o valor de coeficiente de variação ambiental (CVe%) para o IF VolxDB (40,08) foi duas vezes maior do que o CVe% do IF DAPxDB (20,20). Além disso, a acurácia de predição dos valores genéticos do IF VolxDB (0,82) foi relativamente menor do que a acurácia de predição do IF DAPxDB (0,88). Esses resultados evidenciam que o IF DAPxDB é mais acurado do que o IF VolxDB. Tal fato corrobora com o maior valor de CVe% do caráter Vol em relação ao CVe% da característica DAP, sendo o CVe% do Vol 2,4 vezes maior do que o CVe% do DAP (Tabela 1). Considerando que as características de crescimento Vol e DAP compõem os índices de peso de madeira IF VolxDB e IF DAPxDB, respectivamente, pela multiplicação com o caráter Db, a diferença de acurácia e de CVe% entre esses dois índices está relacionada à maior imprecisão na estimação do Vol. Dessa forma, dado que a equação de estimação de Vol é composta por DAP e Ht, a inclusão deste último caráter na estimação do Vol levou ao maior valor de CVe% e menor valor de acurácia do IF VolxDB em relação ao IF DAPxDB.

A estimação das correlações genotípicas entre os caracteres foi feita (Tabela 2) e constatou-se um valor elevado de correlação entre DAP e Vol (0,97).

Tabela 2 – Correlações genóticas entre os caracteres densidade básica (Db em Kg.m<sup>-3</sup>), diâmetro à altura do peito (DAP em cm), altura total (Ht em m), volume (Vol em m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>.ano), índices fenotípicos DAPxDb (IF DAPxDb) e VolxDb (IF VolxDb) (Kg) para os clones de *Eucalyptus*, avaliados na análise conjunta entre os ambientes aos três anos de idade

	DAP	Ht	Vol	IF VolxDb	Db	IF DAPxDb
DAP		0,66	0,97	0,81	-0,27	0,49
Ht			0,77	0,71	-0,01	0,48
Vol				0,86	-0,22	0,52
IF VolxDb					0,26	0,86
Db						0,67
IF DAPxDb						

A alta correlação genotípica entre DAP e Vol é explicável dado que o Vol é função quadrática do DAP. Considerando esses aspectos, é possível praticar a seleção indireta dos clones de *Eucalyptus* visando ganhos em Vol, por meio do caráter DAP. Assim, evitam-se erros na medição da Ht como: calibragem do aparelho; distância do operador à árvore; balanço da árvore pelo vento, dificultando a visada no topo e nível de treinamento do operador com o aparelho (COUTO; BASTOS, 1988). Para corroborar com essas afirmações, calculou-se a eficiência da seleção indireta, que vale 1,05. Com isso, constatou-se que  $\varphi_{x,y}$  é maior do que a herdabilidade individual do Vol. De acordo com Resende (2002), quando isso ocorre, isto é, quando a eficiência é superior à unidade, a seleção indireta será mais vantajosa que a seleção direta.

Segundo Falconer (1987), a seleção indireta pode promover maiores ganhos em relação à direta se o caráter auxiliar apresentar maior herdabilidade que o principal, e se a correlação genética entre ambos for positiva e de alta magnitude, como é o caso do presente trabalho. Além disso, com a seleção indireta por DAP, os custos e o tempo despendidos na medição da Ht para estimação do Vol, serão evitados.

Os valores negativos de correlação genética entre Db e DAP e Db e Vol, explicitam a necessidade do estudo de índices de seleção que envolvam caracteres de qualidade da madeira e de crescimento, simultaneamente (RODRIGUES et al., 2008). Valores negativos (WEI; BORRALHO, 1997; KUBE et al., 2001; BISON et al., 2006) e positivos (PAULA et al., 2002; REIS et al., 2011) de correlação genética entre densidade básica em *Eucalyptus* e caracteres de crescimento foram reportados por distintos autores. Assim, as

discrepâncias nas correlações genéticas em cada trabalho citado são ocasionadas pela variação genética existente na população avaliada e dos diferentes genes que estão segregando em relação ao controle dos caracteres de crescimento e qualidade da madeira (REIS et al., 2011). Dessa forma, as análises posteriores de critérios de seleção serão fundamentais para estudar a precisão dos índices compostos por DAP e por Vol. Com isso, a partir dos resultados obtidos, a tomada de decisão para uso de um índice ou outro será facilitada.

### **3.2 Herdabilidades e correlações de uma variável relacional (VR)**

Variáveis relacionais podem ser utilizadas para tornar a seleção de genótipos superiores mais precisa, quando duas variáveis apresentam correlação genética positiva, porém a seleção em uma delas ocorre no sentido contrário ou vice-versa. Para isto, basta criar uma nova variável dividindo a coluna de dados da primeira variável pela coluna da variável na qual a seleção deve ocorrer no sentido oposto (VIANA; RESENDE, 2014). Cavalcanti e Resende (2010) reportaram o uso da variável produção de castanha por unidade de área para selecionar plantas concomitantemente mais produtivas e anãs.

As herdabilidades dos índices de variável relacional (IVR) de peso de madeira foram calculadas. Além disso, calcularam-se as correlações genotípicas e fenotípicas do IVR com as variáveis constituintes desse índice (Tabela 3).

Tabela 3 – Herdabilidades e correlações das variáveis relacionais DAPxDB (IVR DAPxDB) e VolxDB (IVR VolxDB)

	IVR DAPxDB	IVR VolxDB
$h_{Y^*}^2$	0,60	0,34
$r_{G_{Y^*}W^*}$	0,58	0,65
$r_{G_{Y^*}X^*}$	-0,63	-0,61
$r_{P_{Y^*}W^*}$	0,30	0,70
$r_{P_{Y^*}X^*}$	-0,37	-0,18
$k^2$	1,05	0,53
$k_h^2$	1,02	1,77
$k$	1,03	0,72
$k_h$	1,01	1,33

$h_{Y^*}^2$  = herdabilidade do IVR;  $r_{G_{Y^*}W^*}$  = correlação genotípica do IVR com a variável  $W^*$ , que para IVR DAPxDB é o DAP e para IVR VolxDB é o Vol;  $r_{G_{Y^*}X^*}$  = correlação genotípica do IVR com a variável  $X^*$ , que para ambos os índices é a 1/Db;  $r_{P_{Y^*}W^*}$  = correlação fenotípica do IVR com a variável  $W^*$ , que para IVR DAPxDB é o DAP e para IVR VolxDB é o Vol;  $r_{P_{Y^*}X^*}$  = correlação fenotípica do IVR com a variável  $X^*$  que para ambos os índices é a 1/Db;  $k^2$  = elasticidade ou relação entre variâncias, sendo a variância fenotípica de  $X$  (sempre Db) no numerador e a variância fenotípica de  $W$  (ora DAP, ora Vol) no denominador.  $k_h^2$  = relação entre a herdabilidade da variável  $X$  (Db) estimada na escala original e a herdabilidade calculada da variável relacional;  $k$  = raiz quadrada de  $k^2$ ;  $k_h$  = raiz quadrada de  $k_h^2$ .

Ao compararem-se as herdabilidades dos índices de peso de madeira fenotípicos da Tabela 1, IF DAPxDB (0,23) e IF VolxDB (0,16), com as herdabilidades dos IVR's (Tabela 3) IVR DAPxDB (0,60) e IVR VolxDB (0,34), constata-se elevação no controle genético e portanto, maior eficiência dos IVR's. Para IVR DAPxDB, houve um acréscimo de 36,75% na herdabilidade em relação ao índice fenotípico, enquanto que para IVR VolxDB esse acréscimo foi de 17,96%. Esses resultados evidenciam que os IVR's foram mais eficientes do que os índices fenotípicos em ponderar os valores genéticos de cada variável em estudo, distribuindo melhor os efeitos de cada uma no índice como um todo.

Com a utilização do IVR, há uma melhoria no controle genético dos pesos de madeira, isto é, a herdabilidade calculada funciona como um

indicador da precisão dos índices. Assim, o índice fenotípico DAPxDb (IF DAPxDb), que exibiu herdabilidade moderada (RESENDE, 2002), é menos acurado do que o IVR DAPxDb, que apresenta alto controle genético (Tabelas 1 e 3).

Observa-se que a herdabilidade calculada (ótima) do índice IVR VolxDb foi inferior à herdabilidade de IVR DAPxDb (Tabela 3). Esse fato pode ser explicado, uma vez que o coeficiente de elasticidade ( $K^2$ ) de IVR VolxDb (0,53) foi menor do que o  $K^2$  de IVR DAPxDb (1,05) (Tabela 3). Com isso, o índice IVR VolxDb teve sua herdabilidade calculada penalizada pela maior variância do caráter Vol se comparado com a variância do DAP. Assim, o índice IVR DAPxDb é mais preciso e ideal para a seleção de genótipos superiores em relação ao IVR VolxDb, em virtude da maior precisão na medição do DAP se comparado à estimação do Vol, que exige a medição de uma outra variável, a Ht. Dessa forma, os demais resultados e ganhos com seleção serão apresentados com foco em DAPxDb.

As correlações entre IVR e suas respectivas variáveis constituintes foram calculadas (Tabela 3). Ao comparar as correlações genotípicas das variáveis constituintes de cada índice de peso de madeira fenotípico com esses mesmos índices (Tabela 2), com as correlações do IVR (Tabela 3), constata-se que houve modificações nos valores de correlação. O valor negativo de correlação entre Db e IVR DAPxDb se justifica, uma vez que para efeito de cálculos da variável relacional foi preciso efetuar as análises considerando  $1/Db$ . Portanto, para comparações, deve-se observar a magnitude da correlação, e não o sinal. Assim, evidencia-se que com o uso do logarítmico da variável relacional, o índice de seleção não mais apresenta correlação elevada somente com uma das variáveis componentes desse índice, e sim, um maior equilíbrio entre as duas variáveis que o compõe. O IVR DAPxDb apresentou correlação genotípica com o DAP da ordem de 0,58 e com o Db de -0,63 (Tabela 3), enquanto a correlação genética do IF DAPxDb com o DAP é 0,49 e com o Db 0,67 (Tabela 2).

### **3.3 Eficiência dos índices de seleção**

A eficiência dos índices foi estudada com base nas suas acurácias e valores do Coeficiente Alfa de Cronbach (1951) modificado por Resende et al. (2014b). Estes valores podem ser observados na Tabela 4.

Tabela 4 – Acurácias e Coeficientes Alfa de Cronbach (1951) para os índices IVR, I1, I2, I3, I4, IF e IG, que são baseados nos conceitos de variável relacional (RESENDE et al. 2014b), blup multivariado (VIANA; RESENDE, 2014), correlação parcial (VIANA; RESENDE, 2014), correlação ordinária, efeito direto da análise de trilha (RESENDE et al. 2014b), índice fenotípico e índice genotípico, respectivamente

Conceito	Índice	Acurácia	Alfa <sup>(1)</sup>
Correlação parcial	I2	1,00	0,18
Blup mult	I1	0,97	0,20
VR	IVR DAPxDb	0,96	0,50
Genotípico	IG DAPxDb	0,95	0,50
Trilha	I4	0,92	0,20
VR	IVR VolxDb	0,91	_(2)
Fenotípico	IF DAPxDb	0,88	0,50
Fenotípico	IF VolxDb	0,82	_(2)
Correlação ordinária	I3	0,79	0,21
Genotípico	IG VolxDb	0,78	0,49

VR: Variável relacional.

Blup mult: blup multivariado.

Trilha: efeito direto da análise de trilha.

<sup>(1)</sup> Coeficiente Alfa de Cronbach (1951) modificado por Resende et al. (2014b).

<sup>(2)</sup> Valor negativo.

De acordo com os valores de acurácia na Tabela 4, pode-se concluir que, os índices mais eficientes são o I2, I1 e o IVR DAPxDb. Em seguida, tem-se os índices IG DAPxDb e I4, enquanto o I3 apresenta o menor valor de acurácia, juntamente com o IG VolxDb. De modo geral, as acurácias de predição foram altas. Este resultado foi obtido em virtude do elevado número de repetições e rigor na montagem e execução do experimento. De acordo com Resende e Duarte (2007), acurácias acima de 0,90 são consideradas muito altas e garantem a seleção fidedigna de materiais genéticos superiores.

Esse resultado corrobora com o fato de que correlações parciais e análises de trilhas, as quais compõem os índices I2 e I4, respectivamente, são

procedimentos mais eficientes do que correlações ordinárias de Pearson, que compõe o índice I3, pois são correlações condicionais ao contrário desta última (CRUZ et al., 2012; RESENDE et al., 2014b). Dessa forma, na composição dos índices I2 e I4, os valores genotípicos são ponderados de forma ótima (Tabela 5) e as correlações consideradas são ímpares (RESENDE et al., 2014b), não havendo, portanto, superestimação ou subestimação do escore do índice.

Tabela 5 – Coeficientes de ponderação ( $b_i$ ) para os índices I1, I2, I3 e I4, que são baseados nos conceitos de blup multivariado (VIANA; RESENDE, 2014), correlação parcial (VIANA; RESENDE, 2014), correlação ordinária e efeito direto da análise de trilha (RESENDE et al. 2014b), respectivamente

Índices	Coeficientes de ponderação ( $b_i$ ) <sup>(1)</sup>		
	$b_1$	$b_2$	$b_3$
I1	0,57	0,36	0,42
I2	1	0,92	1,08
I3	1	0,47	0,75
I4	1	0,72	0,96

<sup>(1)</sup>  $b_1$  refere-se ao valor genotípico padronizado do caráter objetivo peso de madeira em função de DAPxDb,  $b_2$  ao valor genotípico padronizado do caráter auxiliar DAP e  $b_3$  ao valor genotípico padronizado do caráter auxiliar Db.

Como reportado por Resende et al. (2014b), para a análise de um vetor multivariado de observações de várias características, o modelo misto multivariado é, teoricamente, o mais eficiente, pois permite considerar a completa heterogeneidade de variâncias e covariâncias. Ainda de acordo com esses autores, na prática, o uso do modelo misto multivariado não se verifica, em virtude da convergência problemática da análise iterativa e superparametrização. Dessa forma, é importante o uso de índices ótimos de seleção que incorporem o conceito de blup multivariado (I1 e IVR), pela maximização global, utilização das correlações genotípicas e herdabilidades, assim como os índices baseados no conceito de equações estruturais (I2 e I4) (RESENDE et al., 2014b). Assim, essa nova abordagem torna-se crucial para otimização do processo seletivo, gerando os mesmos resultados do modelo misto multivariado, com menos esforço e elevada acurácia.

Considerando os resultados obtidos no presente estudo, em que os índices I2 (baseado em correlação parcial), I1 (conceito do blup multivariado) e IVR DAPxDb (baseado em variável relacional) apresentam as maiores

acurácias (Tabela 4), constata-se a eficácia e eficiência da abordagem utilizada e a otimização do processo de seleção multicaracterístico, sem a necessidade de ajustar um REML/BLUP multivariado simultâneo para todas as variáveis (RESENDE et al., 2014b). Nesse contexto, os índices desenvolvidos no presente trabalho podem ser utilizados para qualquer espécie e em qualquer situação, com o objetivo de otimizar o processo de seleção de materiais genéticos superiores.

Segundo Resende et al. (2014b), o uso de equações estruturais (análise de trilha) se assemelha ao uso de matrizes de correlações parciais em lugar de matrizes de correlações totais. Dessa forma, reduz-se a complexidade do modelo multivariado misto, por trabalhar com correlações limpas entre cada par de variáveis, tornando de posto completo as matrizes de covariâncias (RESENDE et al., 2014b). No presente estudo, o índice de maior eficiência foi o I2, que é baseado nas correlações parciais entre o caráter peso de madeira com DAP e Db. Entretanto, o I4, baseado no efeito direto da análise de trilha, também apresentou acurácia elevada assim como o I1 (baseado no conceito de blup multivariado). Assim, constata-se a equivalência no uso de modelos de equações estruturais e correlações parciais, uma vez que as análises de trilha dependem das correlações parciais, como relatado por Resende et al. (2014b).

Com isso, para escolha do índice a ser utilizado é preciso considerar o I2 I1 e IVR DAPxDb, pois apresentaram os maiores valores de acurácia, sendo o IVR DAPxDb ligeiramente superior, já que apresentou maior consistência interna medida pelo coeficiente alfa.

A consistência interna de um índice pode ser estudada pelo grau de covariância das variáveis entre si. O Coeficiente Alfa de Cronbach (1951) pode ser utilizado como indicativo de consistência de um índice envolvendo estas variáveis (RESENDE et al., 2014b). Assim, quanto maior o valor do coeficiente, mais confiável é o índice. Os índices que apresentam as maiores consistências internas são o IVR DAPxDb, o IG DAPxDb e o IF DAPxDb (0,50). De acordo com Resende et al. (2014b) maior será o coeficiente alfa, quanto menor for a variância específica de cada variável e maior for a variância total que elas produzem em conjunto. Dessa forma, quando a soma das variâncias das variáveis individuais se reduz, aumenta a variância que elas têm em comum, ou seja, aquela que garante a congruência ou consistência interna do índice

(RESENDE et al., 2014b). Assim, constata-se que as variáveis constituintes desses índices se combinam bem, ou seja, covariam nessas ocasiões de uso dos índices (RESENDE et al., 2014b).

O IG DAPxDb apresentou acurácia elevada e maior do que o IF DAPxDb. Dessa forma, o índice com o uso de valores genotípicos mostra-se mais eficiente em relação ao índice fenotípico. Resende (2002) relata que o uso de valores genotípicos será vantajoso quando as correlações genotípicas das variáveis são próximas de zero e quando as acurácias de predição dos valores genéticos para cada caráter individualmente forem altas. Tais condições para sucesso no uso do índice genotípico são evidenciadas no presente estudo, em que a correlação genética entre DAP e Db é nula (-0,27) (Tabela 2) e as acurácias de predição para essas duas características são elevadas (0,97 para Db e 0,84 para DAP) (Tabela 1). Caso essas condições não sejam atendidas, deve-se recorrer ao índice I1 ou IVR, o qual leva em consideração a precisão de cada variável, suas correlações e a relação entre variâncias das variáveis constituintes do índice.

No presente experimento, o índice genotípico de peso de madeira em função de DAPxDb, que considera apenas a herdabilidade dos caracteres, foi tão eficiente quanto o IVR DAPxDb, o qual pondera os valores genotípicos pelas herdabilidades e correlações entre as variáveis de forma ótima. Entretanto, como o IVR DAPxDb é ótimo pelos motivos supracitados, este foi mais eficiente (Tabela 4) e deve ser utilizado, principalmente, em experimentos nos quais as variáveis constituintes do índice possuam correlações genotípicas não nulas.

O contrário do que ocorreu com IG DAPxDb (acurácia de 0,95) pode ser observado na Tabela 4, onde o IG VolxDb (acurácia de 0,78) é o índice menos eficiente juntamente com IF DAPxDb, o I3 e o seu correspondente o IF VolxDb. Este resultado pode ser explicado dado que, as condições para uso de índices genotípicos citadas por Resende et al. (2002) não são atendidas como no caso de IG DAPxDb, em virtude da imprecisão intrínseca do caráter Vol.

De acordo com a Tabela 4, fica explícito que apenas multiplicar colunas, criar uma variável relacional fenotípica e gerar os resultados por meio do *software* não é a melhor opção, uma vez que os índices fenotípicos foram os menos acurados. Para isso, têm-se formas mais eficientes de avaliar caracteres

dessa natureza, seja pelo uso dos índices genotípicos (esses podem corresponder bem ao IVR em algumas situações), ou de forma ótima, pelo uso do IVR DAPxDb, I1 ou I2.

Assim, com a abordagem aqui reportada pela primeira vez na literatura, evitam-se os problemas das análises baseadas em modelos mistos multivariados, obtendo-se resultados fidedignos, de forma rápida e fácil.

Um comparativo geral entre os índices estudados foi feito pelo cálculo do coeficiente de coincidência Kappa (COHEN, 1960) (Tabela 6).

Tabela 6 - Coeficientes de coincidência Kappa de Cohen (1960) do ordenamento dos 100 melhores clones, sendo 12 o número de clones presentes, entre os 100, devido ao acaso para os índices IVR, I1, I2, I3, I4, IF e IG, que são baseados nos conceitos de variável relacional (RESENDE et al. 2014b), blup multivariado (VIANA; RESENDE, 2014), correlação parcial (VIANA; RESENDE, 2014), correlação ordinária, efeito direto da análise de trilha (RESENDE et al. 2014b), índice fenotípico e índice genotípico, respectivamente

	IFDAPxDB	IGDAPxDB	IVRDAPxDB	IFVolxDB	IGVolxDB	IVRVolxDB	I1	I2	I3	I4
IFDAPxDB	-	0,74	0,97	0,64	0,73	0,66	0,93	0,92	0,93	0,92
IGDAPxDB		-	0,78	0,47	0,57	0,49	0,80	0,72	0,81	0,80
IVRDAPxDB			-	0,66	0,76	0,67	0,94	0,93	0,94	0,93
IFVolxDB				-	0,71	0,99	0,63	0,61	0,61	0,60
IGVolxDB					-	0,75	0,78	0,80	0,76	0,77
IVRVolxDB						-	0,63	0,61	0,61	0,60
I1							-	0,99	0,98	0,98
I2								-	0,97	0,98
I3									-	0,99
I4										-

De acordo com a Tabela 6, observa-se que os menores valores de coincidência foram observados entre os índices de peso de madeira compostos por DAP e Vol. Assim, para tomada de decisão, deve-se optar pelos índices compostos por DAP (IVR DAPxDb e I2), sabendo-se que os resultados seriam totalmente distintos caso o caráter Vol fosse utilizado. No entanto, essa decisão é facilitada, pois tem-se a Tabela 4 para auxiliar na constatação de que os índices compostos por DAP foram sempre mais acurados e de maior consistência interna. Ademais, com a não utilização da variável Vol, há otimização na coleta de dados, redução de custos e as análises ficam mais acuradas, em virtude da ausência dos erros de medição da altura (Ht) (COUTO & BASTOS, 1988; ROCHA et al., 2007).

A coincidência foi sempre elevada entre os índices I, entretanto, não significa que esses índices se equivalem. Segundo a Tabela 6, o coeficiente k entre o melhor índice (I2) e o pior (I3) é 0,97. Contudo, a acurácia é o verdadeiro valor a ser considerado. A mesma observação pode ser feita para valores elevados de índice kappa, que não refletem a equivalência dos índices para IF DAPxDb e IVR DAPxDb (0,97). Assim, apesar do valor k fornecer uma importante noção do ordenamento dos índices, deve-se ter cautela ao avaliá-lo e sempre analisar os ordenamentos em conjunto com acurácias.

### **3.4 Ganhos com seleção**

Os 20 melhores clones para IF DAPxDb e IG DAPxDb foram ordenados de acordo com o valor de seus escores (apêndice). Além disso, os ganhos para cada situação foram computados (Tabela 7).

Tabela 7 - Ganhos genéticos preditos com a seleção e acurácias referentes aos índices de peso de madeira fenotípicos (IF DAPxDb e IF VolxDb), genotípicos (IG DAPxDb e IG VolxDb), de variável relacional (IVR DAPxDb e IVR VolxDb) e índices  $I_1$ ,  $I_2$ ,  $I_3$  e  $I_4$  <sup>(1)</sup>

Índices	Acurácia	Ganho em relação à média da população		Ganho em relação à média da testemunha	
		1º colocado	Cinco primeiros	1º colocado	Cinco primeiros
IVR VolxDb	0,91	72,47%	63,40%	28,29%	21,54%
IF VolxDb	0,82	61,15%	51,40%	23,41%	15,94%
IG VolxDb	0,78	59,77%	53,01%	18,66%	13,64%
IG DAPxDb	0,95	38,48%	36,67%	11,46%	10,00%
IVR DAPxDb	0,96	37,54%	36,00%	10,80%	8,55%
IF DAPxDb	0,88	32,91%	30,89%	8,73%	7,07%
$I_3$	0,79	22,76%	22,27%	6,25%	5,83%
$I_1$	0,97	21,74%	20,47%	5,98%	4,88%
$I_4$	0,92	20,85%	20,33%	5,60%	5,15%
$I_2$	1,00	20,18%	19,11%	5,57%	4,62%

<sup>(1)</sup>  $I_1$  = índice composto pelas correlações genotípicas e acurácias de predição de acordo com Viana & Resende (2014);  $I_2$  = índice formado pelas correlações parciais de acordo com Viana & Resende (2014);  $I_3$  = índice composto pelas correlações ordinárias;  $I_4$  = índice elaborado com os efeitos diretos da análise de trilha segundo Resende et al. (2014b).

Ao comparar o ganho genético obtido com a seleção dos cinco melhores clones em relação à média da população, o índice IG DAPxDb proporcionou um acréscimo de 5,78% em relação ao IF DAPxDb. O mesmo ocorreu quando se analisou os ganhos dos cinco melhores clones em relação à média da testemunha, com um acréscimo de 2,93% ao utilizar o IG DAPxDb em relação ao IF DAPxDb. O ganho genético proporcionado pelo uso desses dois índices ao selecionar o melhor clone de cada ordenamento foi analisado. O índice IG DAPxDb possibilitou acréscimo de 5,58% de ganho genético em relação à população e 2,73% a mais de ganho em relação à média da testemunha (Tabela 7). Assim, constata-se que ao utilizar os valores genotípicos obtidos da análise univariada na criação de um índice de seleção, os ganhos genéticos com a seleção aumentaram em relação ao índice fenotípico (IF DAPxDb), no presente estudo. O índice IVR DAPxDb proporcionou ganhos similares aos do IG DAPxDb, sendo de 36% com a seleção dos cinco melhores clones em relação à média da população e de 8,55% em relação à média da testemunha.

Ao utilizar o índice de IG VolxDb o ganho genético em relação à população de melhoramento ao selecionar os cinco melhores clones aumentou

em 1,61% se comparado ao IF VolxDB. No entanto, quando se computou a diferença de ganho desses dois índices em relação à testemunha houve um decréscimo de -2,30% ao utilizar o IG VolxDB. Decréscimo em relação ao ganho utilizando-se o IF VolxDB foi constatado, novamente, ao calcular o ganho com a seleção do melhor clone para IG VolxDB em relação à população (-1,38%) e à testemunha (-4,75%).

Dessa forma, ao contrário do que foi reportado acima para o índice IG DAPxDB, o uso do índice genotípico reduziu os ganhos em algumas situações e elevou-os somente quando selecionou-se os cinco melhores clones e calculou-se o ganho em relação à população de melhoramento. Tal fato pode ser explicado pela menor acurácia do índice IG VolxDB em relação ao IF VolxDB (Tabela 4).

Com os maiores ganhos obtidos nesse experimento, o IVR VolxDB possibilitou um acréscimo de 12% e 5,6% em relação ao IF VolxDB, para a média da população e da testemunha, respectivamente. Os ganhos superiores aos do IVR DAPxDB podem ser explicados dado que o caráter Vol apresenta maior CVg(%) em relação ao DAP (Tabela 1). Entretanto, como discutido anteriormente, a variável Vol está sujeita aos erros de medição da Ht, e portanto, deve-se optar pelo uso de índices que contenham o DAP ao invés de Vol, que conseqüentemente apresentaram as maiores acurácias e consistências internas (Tabela 4).

Os ganhos proporcionados pelos escores do índice I1 podem ser observados na Tabela 7. O ganho acumulado dos cinco melhores clones em reação à média da população foi de 20,47% e em relação à testemunha foi de 4,88%. Como ocorreu para todos os índices analisados nesse trabalho, os ganhos em relação à testemunha foram sempre menores se comparados aos ganhos para a média da população. Esse fato pode ser explicado uma vez que o clone testemunha 32864 (*E. saligna* Sm.) é bem adaptado à região do Estado do Rio Grande do Sul, apresentando alta plasticidade (Glêison Augusto dos Santos, comunicação pessoal, 2015). Dessa forma, superá-lo e conseguir ganhos semelhantes aos obtidos para a população experimental é tarefa difícil.

A correlação parcial entre DAP e peso em DAPxDB livre do efeito de Db foi 0,97, enquanto a correlação parcial entre Db e peso em DAPxDB livre do efeito de DAP foi 0,97. O índice formado pode ser observado na Tabela 5,

referente aos pesos de cada variável. Os ganhos foram estimados (Tabela 7) e se mostraram semelhantes aos ganhos obtidos para o índice I1. Ao utilizar um índice composto por um caráter objetivo e caracteres auxiliares, pretende-se maximizar os ganhos pelo uso de caracteres que sejam altamente correlacionados com o objetivo, tornando a seleção mais completa (CRUZ et al., 2012).

Para isso, utilizar correlações parciais com os valores genotípicos ao invés de correlações genotípicas ordinárias de Pearson é mais eficiente para compor o índice, dado que o efeito de outra variável pode ser desconsiderado, restando, então, a verdadeira correlação entre uma determinada característica e um caráter objetivo (CRUZ et al., 2012; VIANA; RESENDE, 2014). Apesar desses aspectos, os ordenamentos e os ganhos para I2 foram semelhantes ao do índice I3 (Tabelas 6 e 7), que possui correlação genotípica ordinária em sua composição. Entretanto, a acurácia deve ser considerada para escolha de índices de seleção. Portanto, o I2 que foi o mais eficiente (Tabela 4), deve ser utilizado.

O índice I3 foi formado pela utilização das correlações genéticas ordinárias entre DAP e Db com o caráter objetivo peso de madeira, no lugar das correlações parciais anteriormente utilizadas. Os ganhos foram calculados (Tabela 7) e apresentaram ligeiro aumento em relação aos índices I1, I2 e I4.

O pequeno aumento nos ganhos em relação aos índices I1, I2 e I4 pode ser explicado pelo uso da correlação genotípica ordinária entre os caracteres auxiliares e o caráter objetivo, que é maior para o caráter Db ( $r_g = 0,67$ ) em relação ao caráter DAP ( $r_g = 0,49$ ). Com isso, o coeficiente de ponderação do valor genotípico de Db foi maior do que o do DAP (Tabela 5). Ou seja, com o uso da correlação ordinária, houve superestimação no valor do escore. Assim, a contribuição do caráter Db no índice criado foi mais efetiva, proporcionando ganhos ligeiramente superiores em relação aos demais índices I, dado que Db apresenta maior valor de herdabilidade se comparado ao DAP. Apesar dos ganhos, para escolha entre o I2 e I3, deve-se utilizar o índice que considera as correlações parciais, pois apresenta maior valor de acurácia (Tabela 4).

Pela primeira vez na literatura, foram utilizados índices de seleção ótimos baseados em valores genotípicos preditos por REML/BLUP, variável relacional, blup multivariado, correlações parciais e efeitos diretos da análise de

trilha como parte do cálculo dos ponderadores. A análise de trilha é de grande importância para identificação dos efeitos diretos e indiretos de determinados caracteres em uma variável considerada principal (CRUZ et al., 2012). Assim, tal abordagem é mais eficiente do que a correlação de Pearson, pois permite estudar a influência de um conjunto de variáveis em relação a uma principal além de estimar os efeitos diretos e indiretos.

Dessa forma, a análise de trilha é filosoficamente uma análise de correlação, mas matematicamente uma regressão múltipla (CRUZ et al., 2004). Como um dos requisitos da regressão múltipla é que haja aditividade entre os efeitos do modelo, foi preciso efetuar os cálculos e as correlações genotípicas ordinárias considerando o logarítmico de cada caráter, dado que a variável principal (peso de madeira) apresenta estrutura multiplicativa. Assim, os efeitos diretos foram estimados (Tabela 8) e o índice foi elaborado (Tabela 5).

Tabela 8 – Resultado da análise de trilha para os caracteres peso de madeira (DAPxDb), DAP (cm) e Db (Kg.m<sup>-3</sup>)

Caracteres	Estimador	Estimativa
LogDAP	Efeito direto sobre o LogDAPxDb	0,76
	Efeito indireto sobre LogDAPxDb via LogDb	-0,20
	Correlação genotípica entre LogDAP e LogDAPxDb	0,52
LogDb	Efeito direto sobre o LogDAPxDb	0,87
	Efeito indireto sobre LogDAPxDb via LogDAP	-0,23
	Correlação genotípica entre LogDb e LogDAPxDb	0,66
R <sup>2</sup>	98,50%	

De acordo com a Tabela 8, os efeitos diretos das duas variáveis DAP e Db sobre a variável principal peso de madeira foram elevados, sendo tais efeitos maiores para o caráter Db. Cabe ressaltar o alto valor do coeficiente de determinação do modelo de regressão múltipla (98,50%), demonstrando que apenas as duas variáveis DAP e Db explicam de forma satisfatória as relações de causa e efeito com o caráter peso de madeira.

Os coeficientes da análise de trilha foram estimados com base nas correlações genotípicas ordinárias dos caracteres, calculadas pela abordagem REML/BLUP. Silva et al. (2009) relatam que a análise de trilha torna-se mais efetiva quando baseada em valores genotípicos preditos do que quando

aplicada sobre valores fenotípicos, aumentando assim, a eficiência do programa de melhoramento. Brasileiro et al. (2013), estudaram a consistência das análises de trilha utilizando-se correlações fenotípicas e genotípicas e concluíram que nos casos desbalanceados, o uso da correlação genética gera resultados mais consistentes. Dessa forma, vale ressaltar o rigor das análises feitas no presente estudo pela utilização das correlações genotípicas obtidas via procedimento REML/BLUP tanto para o índice I4 quanto para os demais.

Os ganhos genéticos com a seleção pelo índice I4 (Tabela 7) foram similares aos obtidos para os índices I1, I2 e I3, da mesma forma como na coincidência dos ordenamentos. Assim, no presente estudo, o uso dos índices I não produziu resultados significativamente diferentes em relação ao ganho com seleção, sendo o índice IVR DAPxDb o mais acurado, de rápida obtenção dos dados no campo e de maiores ganhos dentre os mais precisos.

Ademais, tais índices representam um grande avanço nos estudos biométricos multivariados, por serem baseados em valores genotípicos preditos via metodologia de modelos mistos, correlações parciais, blup multivariado e efeito direto da análise de trilha (RESENDE, 2004; RESENDE et al., 2014b), e não em valores fenotípicos apenas, como os índices de seleção comumente utilizados. Tal fato é reforçado por Resende et al. (2014b), os quais relatam que a complexa relação entre variáveis não pode ser adequadamente representada, apenas, por associações lineares simétricas, usadas nos componentes de covariância e correlação dos modelos multicaracterísticos tradicionais.

## **5 – CONCLUSÕES**

Os índices de peso de madeira mais eficientes foram o I2 (baseado em correlação parcial), I1 (conceito de blup multivariado) e IVR DAPxDb, com acurácias de 1,00, 0,97 e 0,96 respectivamente, sendo o IVR DAPxDb de maior consistência interna e maiores ganhos com seleção.

O uso de índices baseados em conceitos de variáveis relacionais, correlações parciais e efeitos diretos das análises de trilha são alternativas eficientes e eficazes na seleção de genótipos superiores de *Eucalyptus* com

base em diversos caracteres, sem a necessidade de estabelecer procedimentos complexos de modelos multivariados mistos.

## 6 – REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BISON, O.; RAMALHO, M. A. P.; REZENDE, D. S. P.; AGUIAR, M.; RESENDE, M. D. V. Comparison Between Open Pollinated Progenies and Hybrids Performance in *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla*. **Silvae Genetica**, v. 55, p. 4-5, 2006.

BRASILEIRO, B. P.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Consistency of the results of path analysis among sugarcane experiments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 13, p. 113-119, 2013.

CAVALCANTI, J. J. V.; RESENDE, M. D. V. Seleção precoce intensiva: uma nova estratégia para o programa de melhoramento genético do cajueiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 32, n. 4, p. 1279-1284, 2010.

COHEN, J. A coefficient of agreement for nominal scales. **Educational and Psychological Measurement**, v. 20, p. 37-46, 1960.

COSTA, M. M.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ARRIEL, N. H. C.; BÁRBARO, I. M.; MUNIZ, F. R. S. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, n. 11, p. 1095-1102, 2004.

COSTA, R. B.; MARTINEZ, D. T.; SILVA, J. C.; ALMEIDA, B. C. Variabilidade e ganhos genéticos com diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus camaldulensis*. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 58, p. 69-74, 2015.

COUTO, H. T. Z.; BASTOS, N. L. M. Erros de medição de altura em povoamentos de *Eucalyptus* em região plana. **IPEF**, v. 1, n. 39, p. 21-31, 1988.

CRUZ, C. D. Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas. 1990. 188f. Tese de Doutorado – Esalq. Piracicaba, 1990.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**, Viçosa: UFV, 2004. 480p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**, Viçosa: UFV, 2012. 514p.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Trad. De Martinho de Almeida e Silva e José Carlos Silva. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 1987. 279p.

FONSECA, S. M.; RESENDE, M. D. V.; ALFENAS, A. C.; GUIMARÃES, L. M. S.; ASSIS, T. F.; GRATTAPAGLIA, D. **Manual prático de melhoramento genético do eucalipto**. Viçosa, MG: UFV. 200 p, 2010.

FREITAS, J. P. X.; OLIVEIRA, E. J.; JESUS, O. N.; NETO, A. J. C.; SANTOS, L. R. Formação de população base para seleção recorrente em maracujazeiro-amarelo com uso de índices de seleção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 3, p. 393-401, 2012.

GREAVES, B. L.; BORRALHO, N. M. G.; RAYMOND, C. A.; FARRINGTON, A. Use of a Pilodyn for the indirect selection of basic density in *Eucalyptus nitens*. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 26, n. 9, p. 1643-1650, 1996.

HAZEL, L. V. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v. 28, p. 476-490, 1943.

KUBE, P. D.; RAYMOND, C. A.; BANHAM, P. W. Genetic parameters for diameter, basic density, cellulose content and fibre properties for *Eucalyptus nitens*. **Forest Genetics**, v. 8, n. 4, p. 285-294, 2001.

LEITE, H. G.; GUIMARÃES, D. P.; CAMPOS, J. C. C. Descrição e emprego de um modelo para estimar múltiplos volumes de árvores. **Revista Árvore**, v. 19, n. 1, p. 75-79, 1995.

MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D. V.; PAIVA, J. R.; CAVALCANTI, J. J. V.; BARROS, L. M.. Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 39, n. 1, p. 43-50, 2009.

MARTINS, I. S.; CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; PIRES, I. E. Eficiência da seleção univariada direta e indireta e de índices de seleção em *Eucalyptus grandis*. **Revista Árvore**, v. 27, n. 3, p. 327-333, 2003a.

MARTINS, I. S.; CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; PIRES, I. E.; MARTINS, R. C. C. Avaliação de critérios multivariados aplicados na seleção em *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Floresta e Ambiente**, v. 10, n. 1, p. 38-47, 2003b.

MARTINS, I. S.; MARTINS, R. C. C.; PINHO, D. S. Alternativas de índices de seleção em uma população de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Cerne**, v. 12, p. 287-291, 2006.

MIRANDA, A. C.; MORAES, M. L. T.; SILVA, P. H. M.; SEBBENN, A. M. Ganhos genéticos na seleção pelo método do índice multiefeitos em progênies polinização livre de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Scientia Forestalis**, v. 43, n. 105, 2015.

NEVES, L. G.; BRUCKNER, C. H.; CRUZ, C. D.; VIANA, A. P.; BARELLI, M. A. A. Predição de ganhos, com diferentes índices de seleção, para características de frutos do maracujazeiro - amarelo. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 33, n. 4, p. 1322-1330, 2011.

OLIVEIRA, E. J.; SANTOS, V. S.; LIMA, D. S.; MACHADO, M. D.; LUCENA, R. S.; MOTTA, T. B. N.; CASTELLEN, M. S. Seleção em progênies de maracujazeiro-amarelo com base em índices multivariados. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 11, p. 1543-1549, 2008.

PAULA, R. C.; PIRES, I. E.; BORGES, R. C. G.; CRUZ, C. D. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 2, p. 159-165, 2002.

REIS, C. A. F. Proposta de índice de seleção no melhoramento genético do eucalipto. 2010. 90f. Tese de Doutorado - Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, 2010.

REIS, C. A. F.; GONÇALVES, F. M. A.; RAMALHO, M. A. P.; ROSADO, A. M. Seleção de progênies de eucalipto pelo índice Z por MQM e Blup. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 5, p. 517-523, 2011.

RESENDE, M. D. V.; OLIVEIRA, E. B.; HIGA, A. R. Utilização de índices de seleção no melhoramento de eucalipto. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, v. 1, n. 21, p.1-13, 1990.

RESENDE, M. D. V. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 101p. (Embrapa Florestas. Documentos, 47). ISSN 1517-536X.

RESENDE, M. D. V. **Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes**. Brasília: Embrapa informações tecnológicas, 2002. 975p.

RESENDE, M. D. V. Novas abordagens estatísticas na análise de experimentos e campo. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 60 p. (**Embrapa Florestas documentos 100**).

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.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e Estatística na Análise de Experimentos e no Melhoramento Genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 562p.

RESENDE, M. A. V.; FREITAS, J. A.; LANZA, M. A.; RESENDE, M. D. V.; AZEVEDO, C. F. Divergência genética e índice de seleção via BLUP em acessos de algodoeiro para características tecnológicas da fibra. **Pesquisa Agropecuária Tropical** (Agricultural Research in the Tropics), v. 44, n. 3, p. 334-340, 2014a.

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. Viçosa: Suprema, 2014b. 881p.

ROCHA, M. G. B.; PIRES, I. E.; ROCHA, R. B.; XAVIER, A.; CRUZ, C. D. Seleção de genitores de *Eucalyptus grandis* e de *Eucalyptus urophylla* para produção de híbridos interespecíficos utilizando Reml/ Blup e informação de divergência genética. **Revista Árvore**, v. 31, n. 6 p. 977-987, 2007.

RODRIGUES, E. A. C.; ROSADO, S. C. S.; TRUGILHO, P. F.; SANTOS, A. M. Seleção de clones de *Eucalyptus* para as propriedades físicas da madeira avaliadas em árvores no campo. **Cerne**, v. 14, n. 2, p. 147-152, 2008.

ROSADO, A. M.; ROSADO, T. B.; JÚNIOR, M. F. R. R.; BHERING, L. L.; CRUZ, C. D. Ganhos genéticos preditos por diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus urophylla*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 12, p. 1653-1659, 2009.

SILVA, F. L.; PEDROZO, C. A.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A.; COSTA, P. M. A.; VIEIRA, M. S. Análise de trilha para os componentes de produção de cana-de-açúcar via blup. **Ceres**, v. 56, n. 3, p. 308-314, 2009.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Ann Eugen**, London, v. 7, p. 240-250, 1936.

VASCONCELOS, E. S.; FERREIRA, R. P.; CRUZ, C. D.; MOREIRA, A.; RASSINI, J. B.; FREITAS, A. R. Estimativas de ganho genético por diferentes critérios de seleção em genótipos de alfafa. **Revista Ceres**, v. 57, n. 2, p. 205-210, 2010.

VIANA, A. P.; RESENDE, M. D. V. **Genética Quantitativa no Melhoramento de Fruteiras**. Rio de Janeiro: Interciência, 2014. 296p.

WEI, X.; BORRALHO, N. M. G. Genetic Control of Wood Basic Density and Bark Thickness and Their Relationships with Growth Traits of *Eucalyptus urophylla* in South East China. **Silvae Genetica**. v. 46, n. 4, 1997.

WRIGHT, S. A correlation and causation. **Journal of Agricultural Research**. vol. 20, n. 55, p. 557-585. 1921.

#### 4 – CONCLUSÕES GERAIS

A seleção dos materiais genéticos foi feita com altas acurácias para todas as características analisadas. Isso correu em virtude do elevado número de repetições (30) utilizadas, do rigor na montagem e elaboração do presente experimento.

O caráter Db apresentou elevado controle genético com herdabilidade individual ( $h^2g$ ) de 0,59. Os demais valores de herdabilidade podem ser considerados moderados, variando de  $h^2g = 0,15$  para Vol,  $h^2g = 0,16$  para IF VolxDB a  $h^2g = 0,23$  para IF DAPxDB e baixos de  $h^2g = 0,02$  para sobrevivência a  $h^2g = 0,07$  para Ht.

A seleção indireta para Vol com base no DAP é eficiente, e com o uso do índice de peso de madeira DAPxDB duas “zonas de melhoramento” (Cambará-Fortaleza-São João e Capivara) foram obtidas dentre os quatro locais estudados. Dessa forma, há possibilidade de redução de custos com a não necessidade de medição da Ht e com o menor número de áreas para recomendação de clones.

Com a seleção dos cinco melhores clones com base na adaptabilidade, estabilidade e produtividade em peso de madeira (DAPxDB), o ganho em relação à população de melhoramento para o critério MHPRVG\*MG foi de 27,69% e em relação à testemunha foi 2,19%. Assim, é preciso buscar novas fontes de germoplasma para obter maiores ganhos em relação ao clone atualmente plantado pela empresa.

Os índices sugeridos apresentaram acurácias elevadas, com destaque para os baseados em correlação parcial, conceito de blup multivariado e variável relacional em DAPxDB, com as maiores acurácias, 1,00, 0,97 e 0,96, respectivamente. Com isso, estes foram elencados como os mais eficientes.

O uso de índices de seleção compostos por valores genotípicos preditos de cada variável e o caráter objetivo, ponderados pelas correlações parciais e confiabilidades de seleção, apresenta-se como uma forma viável para seleção multicaracterística de genótipos superiores, sem a necessidade de elaboração complexa de modelos multivariados mistos. Esta nova classe de índices de seleção foi abordada pela primeira vez na literatura, no presente estudo.

## 5 – APÊNDICE

Tabela 1 - Ordenamento dos clones por seus valores genotípicos e ganhos preditos para o índice DAPxDb fenotípico

Ordem	Genótipo	u + g	Ganho*	Nova média	Ganho acumulado em relação à média geral	Ganho individual em relação à média geral	Ganho acumulado em relação à média da testemunha	Ganho individual em relação à média da testemunha
1	39659	8,02	1,99	8,03	32,91%	32,91%	8,73%	8,73%
2	32949	7,93	1,94	7,98	32,07%	31,23%	8,05%	7,36%
3	39410	7,90	1,91	7,95	31,66%	30,83%	7,71%	7,03%
4	39452	7,86	1,89	7,93	31,26%	30,07%	7,38%	6,41%
5	39596	7,81	1,86	7,90	30,89%	29,38%	7,07%	5,84%
6	39465	7,81	1,85	7,89	30,63%	29,35%	6,86%	5,81%
7	39274	7,80	1,84	7,88	30,42%	29,15%	6,69%	5,65%
8	38629	7,77	1,82	7,86	30,21%	28,72%	6,52%	5,30%
9	6891	7,76	1,81	7,85	30,01%	28,46%	6,36%	5,09%
10	39706	7,70	1,80	7,84	29,76%	27,51%	6,15%	4,31%
11	39095	7,67	1,78	7,82	29,51%	27,05%	5,95%	3,94%
12	39510	7,64	1,77	7,81	29,26%	26,45%	5,74%	3,45%
13	39621	7,62	1,75	7,79	29,02%	26,20%	5,55%	3,24%
14	39575	7,61	1,74	7,78	28,81%	26,08%	5,38%	3,14%
15	39438	7,60	1,73	7,77	28,62%	25,86%	5,22%	2,97%
16	39923	7,60	1,72	7,76	28,44%	25,85%	5,08%	2,96%
17	6808	7,57	1,71	7,75	28,27%	25,46%	4,93%	2,63%
18	34039	7,54	1,70	7,73	28,08%	24,87%	4,78%	2,16%
19	39352	7,51	1,68	7,72	27,89%	24,38%	4,62%	1,75%
20	39407	7,49	1,67	7,71	27,69%	24,07%	4,46%	1,50%
26	32864	7,38	1,61	7,65	26,66%	22,24%	3,62%	0,00%
Média Geral = 6,04								

\*acumulado

Tabela 2 - Ordenamento dos clones por seus valores genotípicos e ganhos preditos para o índice DAPxDb genotípico

Ordem	Genótipo	Escore	Ganho*	Nova média	Ganho acumulado em relação à média geral	Ganho individual em relação à média geral	Ganho acumulado em relação à média da testemunha	Ganho individual em relação à média da testemunha
1	6891	165,77	46,07	165,77	38,49%	38,49%	11,46%	11,46%
2	39465	165,06	45,72	165,42	38,19%	37,90%	11,23%	10,99%
3	39452	163,67	45,13	164,84	37,71%	36,73%	10,84%	10,05%
4	39781	163,06	44,69	164,39	37,34%	36,22%	10,54%	9,64%
5	32949	160,41	43,90	163,60	36,67%	34,01%	10,00%	7,86%
6	38629	160,40	43,36	163,06	36,23%	34,00%	9,64%	7,85%
7	39659	158,62	42,73	162,43	35,70%	32,51%	9,22%	6,66%
8	39606	156,96	42,04	161,75	35,12%	31,13%	8,76%	5,54%
9	39923	155,41	41,34	161,04	34,54%	29,83%	8,28%	4,50%
10	39706	155,00	40,74	160,44	34,03%	29,49%	7,88%	4,22%
11	39274	154,90	40,23	159,93	33,61%	29,41%	7,54%	4,16%
12	20643	154,56	39,79	159,49	33,24%	29,12%	7,24%	3,93%
13	39504	154,34	39,39	159,09	32,91%	28,94%	6,97%	3,78%
14	36190	153,73	39,01	158,71	32,59%	28,43%	6,71%	3,37%
15	39095	153,72	38,67	158,37	32,31%	28,42%	6,49%	3,36%
16	39912	153,59	38,37	158,08	32,06%	28,31%	6,29%	3,27%
17	39785	152,68	38,06	157,76	31,79%	27,55%	6,08%	2,66%
18	39510	152,37	37,76	157,46	31,54%	27,29%	5,88%	2,45%
19	34039	151,99	37,47	157,17	31,30%	26,97%	5,68%	2,20%
20	6808	151,73	37,20	156,90	31,08%	26,76%	5,50%	2,02%
32	32864	148,72	34,69	154,39	28,98%	24,24%	3,81%	0,00%

Média Geral = 119,70

\*acumulado

Tabela 3 - Ordenamento dos clones por seus valores fenotípicos e ganhos preditos para o índice de VolxDb fenotípico

Ordem	Genótipo	u + g	Ganho*	Nova média	Ganho acumulado em relação à média geral	Ganho individual em relação à média geral	Ganho acumulado em relação à média da testemunha	Ganho individual em relação à média da testemunha
1	39659	55,80	21,17	55,80	61,15%	61,15%	23,41%	23,41%
2	39438	52,24	19,39	54,02	56,00%	50,85%	19,46%	15,52%
3	39095	51,74	18,63	53,26	53,80%	49,41%	17,78%	14,41%
4	39407	51,25	18,13	52,76	52,35%	48,01%	16,67%	13,34%
5	39410	51,11	17,80	52,43	51,40%	47,60%	15,94%	13,03%
6	39274	50,92	17,55	52,17	50,68%	47,04%	15,39%	12,60%
7	6808	50,49	17,31	51,93	49,98%	45,81%	14,85%	11,66%
8	39706	50,12	17,08	51,71	49,33%	44,75%	14,35%	10,85%
9	32949	50,00	16,89	51,52	48,78%	44,39%	13,93%	10,58%
10	39575	49,80	16,72	51,35	48,28%	43,83%	13,55%	10,14%
11	39510	49,64	16,56	51,19	47,83%	43,34%	13,21%	9,77%
12	39654	49,13	16,39	51,02	47,34%	41,89%	12,83%	8,66%
13	39569	48,66	16,21	50,84	46,82%	40,54%	12,43%	7,62%
14	39416	48,32	16,03	50,66	46,30%	39,55%	12,03%	6,87%
15	39596	48,20	15,87	50,49	45,82%	39,20%	11,67%	6,60%
16	6815	48,09	15,72	50,34	45,39%	38,89%	11,34%	6,36%
17	39445	47,92	15,57	50,20	44,98%	38,38%	11,02%	5,97%
18	39789	47,90	15,45	50,07	44,61%	38,33%	10,74%	5,93%
19	39045	47,75	15,32	49,95	44,25%	37,89%	10,47%	5,59%
20	38903	47,72	15,21	49,84	43,93%	37,81%	10,22%	5,53%
37	32864	45,21	13,54	48,17	39,11%	30,58%	6,53%	0,00%

Média Geral = 34,62

\*acumulado

Tabela 4 - Ordenamento dos clones por seus valores genotípicos e ganhos preditos para o índice de VolxDB genotípico

Ordem	Genótipo	Escore	Ganho*	Nova média	Ganho acumulado em relação à média geral	Ganho individual em relação à média geral	Ganho acumulado em relação à média da testemunha	Ganho individual em relação à média da testemunha
1	39659	54,00	20,20	54,00	59,77%	59,77%	18,66%	18,66%
2	39410	51,94	19,17	52,97	56,72%	53,67%	16,39%	14,13%
3	39095	51,51	18,68	52,48	55,28%	52,40%	15,32%	13,18%
4	32949	50,58	18,21	52,01	53,87%	49,64%	14,28%	11,14%
5	39596	50,56	17,92	51,72	53,01%	49,58%	13,64%	11,09%
6	39706	50,38	17,69	51,49	52,35%	49,04%	13,15%	10,69%
7	39438	50,18	17,51	51,31	51,79%	48,47%	12,74%	10,27%
8	6808	49,98	17,34	51,14	51,30%	47,87%	12,37%	9,82%
9	39274	49,65	17,18	50,98	50,82%	46,91%	12,01%	9,11%
10	39510	48,97	16,98	50,78	50,22%	44,89%	11,57%	7,61%
11	39407	48,66	16,78	50,58	49,66%	43,98%	11,15%	6,93%
12	39912	48,04	16,57	50,37	49,03%	42,13%	10,68%	5,56%
13	39575	47,90	16,38	50,18	48,47%	41,72%	10,26%	5,26%
14	38629	47,60	16,20	50,00	47,92%	40,82%	9,86%	4,59%
15	38903	47,51	16,03	49,83	47,43%	40,56%	9,49%	4,39%
16	6815	47,45	15,88	49,68	46,99%	40,38%	9,17%	4,26%
17	39445	47,44	15,75	49,55	46,60%	40,37%	8,88%	4,25%
18	36190	47,41	15,63	49,43	46,25%	40,27%	8,62%	4,17%
19	38904	47,41	15,53	49,33	45,93%	40,26%	8,38%	4,17%
20	39045	47,07	15,41	49,21	45,60%	39,26%	8,14%	3,43%
31	32864	45,51	-	-	-	-	-	-

Média Geral = 33,80

\*acumulado

Tabela 5 - Ordenamento dos clones para o índice de variável relacional em função de DAPxDb (IVR DAPxDb)

Ordem	Genótipo	u + g	Ganho*	Nova média	Ganho acumulado em relação à média geral	Ganho individual em relação à média geral	Ganho acumulado em relação à média da testemunha	Ganho individual em relação à média da testemunha
1	39659	8,2994	2,265	8,2994	37,54%	37,54%	10,80%	10,80%
2	39410	8,2785	2,2546	8,289	37,36%	37,19%	10,66%	10,52%
3	39596	8,1647	2,2132	8,2475	36,68%	35,30%	10,11%	9,00%
4	32949	8,1562	2,1904	8,2247	36,30%	35,16%	9,80%	8,89%
5	6808	8,1307	2,1716	8,2059	35,99%	34,74%	9,55%	8,55%
6	39452	8,1105	2,1557	8,19	35,72%	34,41%	9,34%	8,28%
7	6891	8,0912	2,1415	8,1759	35,49%	34,09%	9,15%	8,02%
8	39465	8,0479	2,1256	8,1599	35,23%	33,37%	8,94%	7,44%
9	39274	8,0431	2,1126	8,1469	35,01%	33,29%	8,76%	7,38%
10	39912	8,026	2,1005	8,1348	34,81%	33,01%	8,60%	7,15%
11	38629	8,0058	2,0888	8,1231	34,62%	32,67%	8,45%	6,88%
12	36190	8,0013	2,0786	8,113	34,45%	32,60%	8,31%	6,82%
13	6815	7,9679	2,0674	8,1018	34,26%	32,04%	8,16%	6,37%
14	39510	7,9583	2,0572	8,0915	34,09%	31,88%	8,02%	6,25%
15	39706	7,9248	2,0461	8,0804	33,91%	31,33%	7,88%	5,80%
16	39095	7,8637	2,0325	8,0669	33,68%	30,32%	7,70%	4,98%
17	39621	7,8283	2,0185	8,0528	33,45%	29,73%	7,51%	4,51%
18	39575	7,8257	2,0059	8,0402	33,24%	29,69%	7,34%	4,48%
19	39923	7,8148	1,994	8,0284	33,04%	29,51%	7,18%	4,33%
20	39420	7,8143	1,9833	8,0177	32,87%	29,50%	7,04%	4,32%
32	32864	7,4904	1,8502	7,8846	30,66%	24,13%	5,26%	0,00%

Média Geral = 6,03

\*acumulado

Tabela 6 - Ordenamento dos clones por seus escores e ganhos preditos para o índice I1

Ordem	Genótipo	Escore	Ganho*	Nova média	Ganho acumulado em relação à média geral	Ganho individual em relação à média geral	Ganho acumulado em relação à média da testemunha	Ganho individual em relação à média da testemunha
1	39659	17,15	3,06	17,15	21,74%	21,74%	5,98%	5,98%
2	32949	17,01	2,99	17,08	21,22%	20,70%	5,53%	5,08%
3	39465	16,91	2,93	17,02	20,82%	20,01%	5,18%	4,48%
4	39452	16,91	2,90	17,00	20,61%	20,00%	5,00%	4,47%
5	6891	16,90	2,88	16,98	20,47%	19,90%	4,88%	4,38%
6	38629	16,78	2,85	16,94	20,23%	19,06%	4,67%	3,65%
7	39274	16,75	2,82	16,91	20,04%	18,86%	4,50%	3,48%
8	39706	16,74	2,80	16,89	19,88%	18,77%	4,37%	3,40%
9	39095	16,69	2,78	16,87	19,72%	18,41%	4,22%	3,09%
10	39621	16,66	2,76	16,85	19,57%	18,24%	4,09%	2,94%
11	39510	16,60	2,73	16,83	19,41%	17,79%	3,95%	2,55%
12	38873	16,54	2,71	16,80	19,24%	17,37%	3,81%	2,18%
13	39438	16,53	2,69	16,78	19,09%	17,30%	3,68%	2,12%
14	6808	16,50	2,67	16,76	18,95%	17,06%	3,55%	1,91%
15	39596	16,47	2,65	16,74	18,81%	16,88%	3,43%	1,75%
16	39923	16,47	2,63	16,72	18,69%	16,88%	3,33%	1,75%
17	39912	16,43	2,62	16,71	18,56%	16,61%	3,22%	1,52%
18	39781	16,43	2,60	16,69	18,45%	16,58%	3,12%	1,50%
19	36190	16,42	2,59	16,68	18,35%	16,50%	3,03%	1,42%
20	39575	16,41	2,57	16,66	18,26%	16,48%	2,95%	1,40%
28	32864	16,19	2,47	16,56	17,50%	14,87%	2,30%	0,00%

Média Geral = 14,09

\*acumulado

Tabela 7- Ordenamento dos clones por seus escores e ganhos preditos para o índice I2

Ordem	Genótipo	Escore	Ganho*	Nova média	Ganho acumulado em relação à média geral	Ganho individual em relação à média geral	Ganho acumulado em relação à média da testemunha	Ganho individual em relação à média da testemunha
1	39659	38,26	6,43	38,26	20,18%	20,18%	5,57%	5,57%
2	32949	37,96	6,27	38,11	19,71%	19,24%	5,15%	4,74%
3	39465	37,80	6,17	38,01	19,39%	18,74%	4,87%	4,30%
4	6891	37,80	6,12	37,96	19,23%	18,74%	4,73%	4,30%
5	39452	37,77	6,08	37,92	19,11%	18,63%	4,62%	4,20%
6	38629	37,48	6,01	37,85	18,88%	17,73%	4,42%	3,41%
7	39706	37,42	5,95	37,79	18,69%	17,55%	4,25%	3,26%
8	39274	37,39	5,90	37,74	18,53%	17,44%	4,12%	3,16%
9	39095	37,31	5,85	37,69	18,38%	17,21%	3,99%	2,96%
10	39621	37,30	5,81	37,65	18,26%	17,16%	3,88%	2,91%
11	38873	37,24	5,78	37,61	18,14%	16,97%	3,78%	2,75%
12	39510	37,12	5,74	37,57	18,01%	16,59%	3,66%	2,41%
13	39438	36,97	5,69	37,53	17,87%	16,11%	3,53%	1,99%
14	39781	36,91	5,64	37,48	17,73%	15,94%	3,41%	1,84%
15	6808	36,90	5,61	37,44	17,61%	15,90%	3,31%	1,80%
16	39314	36,83	5,57	37,40	17,49%	15,69%	3,20%	1,62%
17	39923	36,82	5,53	37,37	17,38%	15,65%	3,11%	1,59%
18	39912	36,81	5,50	37,34	17,28%	15,63%	3,02%	1,57%
19	36190	36,77	5,47	37,31	17,19%	15,49%	2,94%	1,45%
20	39596	36,66	5,44	37,28	17,09%	15,15%	2,85%	1,15%
30	32864	36,24	5,15	36,99	16,19%	13,84%	2,06%	0,00%

Média Geral = 31,84

\*acumulado

Tabela 8 - Ordenamento dos clones por seus escores e ganhos preditos para o índice I3

Ordem	Genótipo	Escore	Ganho*	Nova média	Ganho acumulado em relação à média geral	Ganho individual em relação à média geral	Ganho acumulado em relação à média da testemunha	Ganho individual em relação à média da testemunha
1	39465	27,59	5,11	27,59	22,76%	22,76%	6,25%	6,25%
2	39452	27,54	5,09	27,56	22,65%	22,54%	6,15%	6,06%
3	39659	27,47	5,06	27,53	22,51%	22,24%	6,04%	5,80%
4	6891	27,44	5,04	27,51	22,40%	22,09%	5,94%	5,67%
5	32949	27,36	5,01	27,48	22,27%	21,75%	5,83%	5,38%
6	38629	27,15	4,95	27,43	22,03%	20,83%	5,62%	4,58%
7	39621	26,99	4,89	27,36	21,75%	20,09%	5,38%	3,94%
8	39274	26,91	4,83	27,31	21,50%	19,74%	5,16%	3,64%
9	39706	26,79	4,77	27,25	21,25%	19,19%	4,94%	3,16%
10	39781	26,69	4,72	27,19	21,00%	18,77%	4,73%	2,80%
11	39095	26,69	4,67	27,15	20,79%	18,76%	4,55%	2,79%
12	39923	26,65	4,63	27,11	20,61%	18,57%	4,39%	2,62%
13	39596	26,61	4,59	27,07	20,44%	18,41%	4,24%	2,49%
14	39510	26,56	4,56	27,03	20,28%	18,19%	4,10%	2,30%
15	39410	26,48	4,52	26,99	20,11%	17,80%	3,96%	1,96%
16	39575	26,44	4,49	26,96	19,96%	17,65%	3,83%	1,83%
17	6808	26,43	4,45	26,93	19,82%	17,59%	3,71%	1,77%
18	39438	26,41	4,43	26,90	19,69%	17,53%	3,60%	1,73%
19	34039	26,36	4,40	26,87	19,57%	17,31%	3,49%	1,53%
20	36190	26,35	4,37	26,85	19,45%	17,24%	3,39%	1,48%
30	32864	25,97	4,14	26,61	18,41%	15,54%	2,49%	0,00%

Média Geral = 22,47

\*acumulado

Tabela 9 - Ordenamento dos clones por seus escores e ganhos preditos para o índice I4

Ordem	Genótipo	Escore	Ganho*	Nova média	Ganho acumulado em relação à média geral	Ganho individual em relação à média geral	Ganho acumulado em relação à média da testemunha	Ganho individual em relação à média da testemunha
1	39659	33,75	5,82	33,75	20,85%	20,85%	5,60%	5,60%
2	39465	33,62	5,76	33,69	20,62%	20,39%	5,40%	5,19%
3	39452	33,57	5,72	33,65	20,48%	20,20%	5,27%	5,03%
4	32949	33,55	5,70	33,63	20,39%	20,14%	5,20%	4,98%
5	6891	33,54	5,68	33,61	20,33%	20,09%	5,15%	4,93%
6	38629	33,22	5,61	33,54	20,10%	18,93%	4,94%	3,92%
7	39621	33,05	5,54	33,47	19,85%	18,33%	4,72%	3,39%
8	39274	33,03	5,49	33,42	19,65%	18,25%	4,54%	3,32%
9	39706	32,98	5,44	33,37	19,47%	18,09%	4,39%	3,18%
10	39095	32,87	5,39	33,32	19,30%	17,71%	4,24%	2,85%
11	39781	32,72	5,33	33,26	19,10%	17,14%	4,07%	2,36%
12	39510	32,71	5,29	33,22	18,93%	17,11%	3,92%	2,33%
13	38873	32,66	5,25	33,17	18,78%	16,92%	3,79%	2,17%
14	39923	32,62	5,21	33,13	18,64%	16,78%	3,66%	2,04%
15	39438	32,55	5,17	33,10	18,50%	16,55%	3,54%	1,84%
16	6808	32,53	5,13	33,06	18,37%	16,47%	3,43%	1,77%
17	39596	32,50	5,10	33,03	18,25%	16,35%	3,33%	1,67%
18	39314	32,46	5,07	33,00	18,14%	16,21%	3,23%	1,54%
19	39912	32,45	5,04	32,97	18,04%	16,18%	3,14%	1,51%
20	36190	32,43	5,01	32,94	17,94%	16,12%	3,05%	1,47%
30	32864	31,96	4,75	32,68	17,00%	14,44%	2,23%	0,00%

Média Geral = 27,93

\*acumulado

Tabela 10 - Ordenamento dos clones para o índice de variável relacional em função de VolxDB (IVR VolxDB)

Ordem	Genótipo	u + g	Ganho*	Nova média	Ganho acumulado em relação à média geral	Ganho individual em relação à média geral	Ganho acumulado em relação à média da testemunha	Ganho individual em relação à média da testemunha
1	39659	7,4234	3,1193	7,4234	72,47%	72,47%	28,29%	28,29%
2	39410	7,1147	2,965	7,2691	68,89%	65,30%	25,62%	22,95%
3	39596	6,9165	2,8474	7,1515	66,16%	60,70%	23,59%	19,53%
4	32949	6,887	2,7813	7,0854	64,62%	60,01%	22,44%	19,02%
5	6808	6,8239	2,729	7,0331	63,40%	58,54%	21,54%	17,93%
6	39452	6,7637	2,6841	6,9882	62,36%	57,14%	20,77%	16,89%
7	6891	6,7289	2,647	6,9512	61,50%	56,34%	20,13%	16,28%
8	39465	6,7028	2,616	6,9201	60,78%	55,73%	19,59%	15,83%
9	39274	6,6533	2,5864	6,8905	60,09%	54,58%	19,08%	14,98%
10	39912	6,5847	2,5558	6,8599	59,38%	52,99%	18,55%	13,79%
11	38629	6,5435	2,527	6,8311	58,71%	52,03%	18,05%	13,08%
12	36190	6,543	2,503	6,8071	58,15%	52,02%	17,64%	13,07%
13	6815	6,4442	2,4751	6,7792	57,51%	49,72%	17,15%	11,36%
14	39510	6,4342	2,4504	6,7546	56,93%	49,49%	16,73%	11,19%
15	39706	6,4247	2,4285	6,7326	56,42%	49,27%	16,35%	11,03%
16	39095	6,3899	2,407	6,7112	55,92%	48,46%	15,98%	10,43%
17	39621	6,3402	2,3852	6,6893	55,42%	47,31%	15,60%	9,57%
18	39575	6,3042	2,3638	6,6679	54,92%	46,47%	15,23%	8,94%
19	39923	6,273	2,343	6,6471	54,44%	45,74%	14,87%	8,41%
20	39420	6,1943	2,3204	6,6245	53,91%	43,92%	14,48%	7,05%
41	32864	5,7866	1,9975	6,3016	46,41%	34,44%	8,90%	0,00%

Média Geral = 4,30

\*acumulado

Tabela 11 – Espécies e híbridos dos clones ordenados entre os dez melhores para os índices estudados

Clone	Espécie/Híbrido	Clone	Espécie/Híbrido
39659	<i>E. urophylla</i>	39424	<i>E. urophylla</i>
39923	<i>E. urophylla</i>	39410	<i>E. grandis</i> x <i>E. urophylla</i>
39912	<i>E. urophylla</i>	39407	<i>E. grandis</i> x <i>E. urophylla</i>
39821	<i>E. deanei</i>	39352	<i>E. urophylla</i>
39781	<i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>	39274	<i>E. grandis</i> x <i>E. saligna</i>
39706	<i>E. grandis</i>	39095	<i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>
39690	<i>E. grandis</i>	38903	<i>E. saligna</i> x ( <i>E. grandis</i> x <i>E. urophylla</i> )
39626	<i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>	38840	<i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>
39621	<i>E. urophylla</i> x <i>E. saligna</i>	38629	<i>E. urophylla</i> x <i>E. maidenii</i>
39606	<i>E. grandis</i> x <i>E. saligna</i>	38626	<i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>
39596	<i>E. grandis</i> x <i>E. saligna</i>	38624	<i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>
39575	<i>E. grandis</i> x <i>E. saligna</i>	38623	<i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>
39510	<i>E. urophylla</i>	37387	<i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>
39498	<i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>	37346	<i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>
39465	<i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>	34039	<i>E. saligna</i>
39461	<i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>	32949	<i>E. saligna</i>
39452	<i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>	20643	<i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>
39445	<i>E. urophylla</i>	6891	<i>E. grandis</i> x <i>E. camaldulensis</i>
39438	<i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>	6808	<i>E. grandis</i>