

**SUELLEN SALES DE OLIVEIRA SANTOS**

**USO DA COVARIÁVEL NÚMERO DE VIZINHOS NA ANÁLISE GENÉTICA DE  
TESTE CLONAL E DE PROGÊNIES DE *Eucalyptus dunnii***

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*.

Orientador: Leonardo Lopes Bhering

Coorientador: Andrei Caíque Pires Nunes

**VIÇOSA - MINAS GERAIS  
2021**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade  
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

S237u Santos, Suellen Sales de Oliveira, 1996-  
2021 Uso da covariável número de vizinhos na análise genética  
de teste clonal e de progênies de *Eucalyptus dunnii* / Suellen  
Sales de Oliveira Santos. – Viçosa, MG, 2021.  
1 dissertação eletrônica (72 f.): il. (algumas color.).

Orientador: Leonardo Lopes Bhering.  
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa,  
Departamento de Biologia Geral, 2021.

Inclui bibliografia.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2021.163>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. Eucalipto - Melhoramento genético. 2. Modelos mistos.  
3. Clonagem. I. Bhering, Leonardo Lopes, 1980-.  
II. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Biologia  
Geral. Programa de Pós-Graduação em Genética e  
Melhoramento. III. Título.

CDD 22.ed. 583.766

Bibliotecário(a) responsável: Alice Regina Pinto CRB6 2523


SUELLEN SALES DE OLIVEIRA SANTOS

USO DA COVARIÁVEL NÚMERO DE VIZINHOS NA ANÁLISE GENÉTICA DE  
TESTE CLONAL E DE PROGÊNIES DE *Eucalyptus dunnii*

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: 30 de julho de 2021.

Assentimento:

  
Suellen Sales de Oliveira Santos  
Autora

  
Leonardo Lopes Bhering  
Orientador

*Aos meus queridos pais*

*Dedico.*

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus pela infinita graça e misericórdia, por sempre me preencher de alegria, amor e compreensão.

Aos meus pais Jacy e Consola, pelo amor, boa educação e oportunidade para ingressar na vida acadêmica.

A minha querida irmã Stefânia pela torcida, amor e amparo em todos os momentos. Por me inspirar e orgulhar.

Aos irmãos de alma Wassali e Ângela por compartilhar a vida na pós-graduação, por me dar ânimo e pela convivência tão agradável.

Ao meu namorado Antônio, por ser luz e fortaleza e me apoiar nas minhas escolhas. Por me ensinar a caminhar do ritmo da vida com paciência e amor.

A Tia Gracinha pela alegria dessa conquista mesmo na dor.

A minha amiga Prof. Natane pelo incentivo ao mestrado e pelos exemplos de comprometimento com a pesquisa.

Ao JSC por me ensinar a servir com humildade e amor. A minha querida Equipe de Acolhimento por me fazer caminhar para o bem e pelo suporte físico e espiritual nas crises de ansiedade e depressão.

À Universidade Federal de Viçosa, e ao Programa de Genética e Melhoramento, pela formação acadêmica e oportunidade de crescimento intelectual e profissional.

Aos funcionários da secretaria do PPGGM, Marco Tulio e Odilon, pela atenção e eficiência.

Aos grandes amigos da graduação, em especial TAMILIS, Carol V., Carol M., Wesley e Thiara que foram incentivadores e conselheiros.

À CMPC Celulose Riograndense e ao Osmarino que contribuíram grandemente para a conquista desse título, por ter disponibilizado seu conjunto de dados para o desenvolvimento desse trabalho.

Ao professor Leonardo Bhering pela orientação séria e comprometida, pela amizade e confiança depositada em mim. Pelos bons exemplos e prontidão em ajudar.

Ao meu coorientador Prof. Andrei Nunes, pela orientação excepcional neste trabalho. Pelos ensinamentos e principalmente por valorizar minha pesquisa e incentivar a melhorar sempre.

Aos professores que participaram da banca examinadora Paulo Teodoro e Larissa Teodoro e ao Pós-Doutorando Rodrigo Alves, por suas contribuições oportunas, que certamente enriqueceram o trabalho.

Aos queridos amigos do Laboratório de Biometria pela amizade e descontração. Em especial a Michelle, Marco e Filipe pela ajuda constante.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), pela concessão da bolsa de estudos.

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

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

*“A voz de Deus nos diz constantemente: uma falsa ciência faz um homem ateu, mas uma verdadeira ciência leva o homem a Deus”*

(Voltaire)

## RESUMO

SANTOS, Suellen Sales de Oliveira, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2021. **Uso da covariável número de vizinhos na análise genética de teste clonal e de progênies de *Eucalyptus dunnii***. Orientador: Leonardo Lopes Bhering. Coorientador: Andrei Caíque Pires Nunes

As análises biométricas empregadas nos programas de melhoramento genético de espécies de *Eucalyptus* têm possibilitado a tomada de decisões de forma acurada pelos pesquisadores. O objetivo deste trabalho foi testar o uso da covariável número de vizinhos na correção dos efeitos de competição entre plantas em análises de testes clonais e de testes de progênies de *Eucalyptus dunnii*. A covariável foi testada em um teste de progênies de 97 famílias com idade de 3 anos, instalado em dois locais, seguindo espaçamentos de 3,85 × 1,95 m e 3,00 × 2,50 m e um teste clonal em três locais com 75 clones e idade de 3,5 anos, ambos conduzidos na empresa CMPC Celulose Riograndense em delineamento de blocos casualizados, 20 repetições e uma planta por parcela. No teste de progênies a covariável provocou mudanças na significância dos efeitos de genótipo e interação G×A, impactando na existência de variabilidade além de demonstrar que grande parte da variação de DAP é devida a competição intergenotípica, sendo mais influenciada pelos vizinhos mais próximos a planta focal. Além disso, mudanças no ordenamento dos indivíduos também foram observadas e aumento da acurácia seletiva em 4%. Nos testes clonais, o uso da covariável impactou na mudança do ranking, evidenciando que muitos materiais que foram selecionados na verdade não são superiores, mas foram beneficiados por não considerar a competição. Baixas correlações de spearman de 0,21 e 0,33 foram encontradas comparando os rankings de 8 e 2 vizinhos com o ranking sem a covariável para a característica IMA. O ordenamento dos clones selecionados para esta característica utilizando 2 vizinhos diferiu cerca de 35% dos clones selecionados sem o uso da covariável. Para densidade básica foram encontrados valores baixíssimos de correlação de spearman de 0,08 e 0,03. Assim, as covariáveis funcionam como uma forma de penalizar os indivíduos que se tornaram superiores pelo fato de terem menos vizinhos vivos e não devido a seu potencial genético. As covariáveis tiveram impacto nas estimativas dos parâmetros genéticos e componentes

de variância, diminuindo a variância residual e da interação  $G \times A$  e aumentando a herdabilidade e a acurácia de seleção. Portanto o uso das covariáveis é de suma importância na seleção em testes clonais e de progênies pois tornam as análises mais acuradas.

Palavras-chave: Melhoramento Florestal. Modelos Mistos. Eucalipto. Clonagem

## ABSTRACT

SANTOS, Suellen Sales de Oliveira, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2021. **Use of the number of neighbors covariate in the genetic analysis of clonal testing and progenies of *Eucalyptus dunnii***. Adviser: Leonardo Lopes Bhering. Co-adviser: Andrei Caíque Pires Nunes.

Biometric analyzes employed in breeding programs for *Eucalyptus* species have enabled researchers to make accurate decisions. The objective of this work was to test the use of the covariable number of neighbors in the correction of competition effects between plants in clonal and progeny tests analyzes of *Eucalyptus dunnii*. The covariate was tested in a progeny test of 97 families aged 3 years, installed in two locations, following spacings of  $3.85 \times 1.95$  m and  $3.00 \times 2.50$  m and a clonal test in three locations with 75 clones and 3.5 years old, both conducted at the company CMPC Celulose Riograndense in a randomized block design, 20 replications and one plant per plot. In the progeny test, the covariate caused changes in the significance of the effects of genotype and G×A interaction, impacting the existence of variability in addition to demonstrating that a large part of the DAP variation is due to intergenotypic competition, being more fluent by the closest neighbors to the plant focal. Furthermore, changes in the ordering of individuals were also observed and an increase in selective accuracy by 4%. In clonal tests, the use of the covariate impacted the ranking change, showing that many materials that were selected are actually not superior, but benefited from not considering the competition. Low spearman correlations of 0.21 and 0.33 were found comparing the rankings of 8 and 2 neighbors with the ranking without the covariate for the IMA characteristic. The ordering of clones selected for this trait using 2 neighbors differed about 35% from the clones selected without the use of the covariate. For basic density, very low spearman correlation values of 0.08 and 0.03 were found. Thus, covariates work as a way to penalize individuals who have become superior because they have fewer living neighbors and not because of their genetic potential. The covariates had an impact on the estimates of genetic parameters and variance components, decreasing the residual variance and G×A interaction and increasing heritability and selection accuracy. Therefore, the use of covariates is of

paramount importance in selection in clonal and progeny tests as they make the analyzes more accurate.

Keywords: Forest Improvement. Mixed Models. Eucalyptus. Cloning

## SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO GERAL.....	13
1.1	Melhoramento florestal.....	13
1.2	Teste de progênies .....	14
1.3	Testes clonais .....	15
1.4	Competição intergenotípica e intragenotípica .....	16
2	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	18
CAPÍTULO 1: USO DA COVARIÁVEL NÚMERO DE VIZINHOS NA ANÁLISE GENÉTICA DE TESTE DE PROGÊNIES E PROCEDÊNCIAS DE <i>Eucalyptus dunnii</i> .....		
	ABSTRACT.....	22
	RESUMO.....	23
1	INTRODUÇÃO.....	24
2	OBJETIVO GERAL.....	25
3	OBJETIVOS ESPECÍFICOS .....	25
4	MATERIAL E MÉTODOS.....	25
4.1	Origem dos dados .....	25
4.2	Coleta de dados.....	26
4.3	Contagem de vizinhos.....	27
4.3.1	Considerando todos os vizinhos de uma árvore-focal .....	27
4.3.2	Considerando os vizinhos mais próximos de uma árvore-focal .....	27
4.4	Análise de Covariância .....	28
4.5	Modelos Estatísticos .....	29
4.6	Ganho com seleção .....	30
5	RESULTADOS .....	30
5.1	Análise de Covariância.....	31
5.2	Teste da razão de verossimilhança (LRT) .....	31
5.3	Estimativa de parâmetros genéticos .....	32
5.4	Seleção de potenciais genitores e clones.....	38
5.5	Seleção de famílias .....	40
6	DISCUSSÃO .....	41
6.1	Teste da razão de verossimilhança (LRT) .....	41
6.2	Estimativa de parâmetros genéticos.....	42

6.3	Ordenamento dos indivíduos .....	44
6.4	8 vizinhos vs 2 vizinhos .....	45
7-	CONCLUSÕES .....	46
8-	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	46
CAPÍTULO 2: USO DA COVARIÁVEL NÚMERO DE VIZINHOS NA ANÁLISE GENÉTICA DE TESTE CLONAL DE <i>Eucalyptus dunnii</i> .....		
	RESUMO.....	49
	ABSTRACT.....	50
1-	INTRODUÇÃO.....	51
2-	OBJETIVOS.....	52
3-	OBJETIVOS ESPECÍFICOS .....	52
4-	MATERIAIS E MÉTODOS .....	52
4.1	Origem dos dados .....	52
4.2	Coleta dos dados .....	53
4.3	Contagem do número de vizinhos .....	55
4.4	Análise de Covariância .....	56
4.5	Modelos Estatísticos .....	57
5-	RESULTADOS .....	58
5.1	Pressupostos para análise de covariância.....	58
5.2	Teste da Razão de verossimilhança (LRT) .....	59
5.3	Estimativa de parâmetros genéticos.....	61
5.4	Ordenamento dos clones .....	63
6-	DISCUSSÃO .....	67
6.1	Teste da razão de verossimilhança (LRT) .....	67
6.2	Estimativa de parâmetros genéticos.....	68
6.3	Ordenamento dos clones .....	69
7-	CONCLUSÃO.....	70
8-	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	70

## **1 INTRODUÇÃO GERAL**

### **1.1 Melhoramento florestal**

O sucesso de um programa de melhoramento de plantas depende de uma série de fatores multidisciplinares e requer um adequado planejamento e condução criteriosa de suas várias etapas. Na fase de avaliação a campo dos genótipos sob seleção é fundamental adotar um delineamento experimental que permita a identificação dos indivíduos superiores e que viabilize uma precisão compatível com o objetivo almejado no programa (LEONARDECZ NETO et al., 2003). Os dados produzidos na experimentação, além de orientar as atividades de seleção, são frequentemente utilizados para estimar parâmetros genéticos úteis para nortear a tomada de decisão no melhoramento. Tanto em espécies anuais como perenes, um dos fatores que pode dificultar o trabalho do melhorista é a competição entre plantas de um mesmo clone ou progênie, ou de clones e progênies diferentes.

Os experimentos florestais comumente utilizam um número reduzido de plantas por parcela ou parcelas de planta única, com o objetivo de aumentar a eficiência estatística do delineamento. Dessa forma, é possível diminuir a unidade experimental e, por consequência, a variância dentro dos blocos, tornando-se mais vantajoso aumentar o número de repetições para aumentar a acurácia seletiva. No entanto, parcelas pequenas contribuem para o aumento das interações entre indivíduos vizinhos de genótipos diferentes, devido à competição. Assim, o desempenho de uma progênie ou clone pode ser super ou subestimada devido à maior ou menor agressividade competitiva de seu vizinho além das perdas da parcela por causas aleatórias (PAVAN et al., 2012).

A competição florestal consiste em uma relação direta entre o aumento da demanda pelos recursos necessários para o crescimento das plantas e a diminuição de sua disponibilidade (WEBER et al., 2018). Água, luz e nutrientes são alguns dos recursos naturais pelos quais as plantas competem entre si (VATRAZ et al., 2016), podendo afetar o crescimento e aumentar a mortalidade em povoamentos (OLIVEIRA et al., 2021). Espera-se que as plantas vizinhas a uma planta ausente ou mesmo a uma planta dominada tenham mais espaço para crescer. Este espaço pode ser o volume de solo a ser explorado ou a parte aérea da planta com mais superfície para o cultivo da copa. Logo, as plantas dominadas terão crescimento inferior em comparação com outras e, portanto, devem competir em menor grau em relação às plantas vizinhas. Uma vez estabelecida a superioridade de um indivíduo, mesmo que pequena, haverá distorção da

performance dos competidores, não permitindo que o genótipo suprimido expresse sua real condição genotípica.

No manejo florestal têm sido amplamente empregada o efeito da competição no crescimento das árvores utilizando índices de competição na modelagem do crescimento e produção de árvores individuais (PELTONIEMI, 2011), para estimar mortalidade (ZHAO et al., 2006), crescimento diamétrico (ROITMAN, 2011; CUNHA, 2013; VANCLAY et al., 2013; ORELLANA, 2014) e área basal (BOLLANDSAS; NAESSET, 2009; CONTRERAS; AFFLECK; CHUNG, 2011; PEDERSEN et al., 2013). Porém, no melhoramento florestal os modelos para a estimação dos valores genéticos consideram que o desenvolvimento da árvore é devido exclusivamente ao seu potencial genético individual e ao efeito ambiental, ambos estimados por métodos que, na maioria das vezes, desconsideram os efeitos da competição e mortalidade. Por esta razão, torna-se evidente estabelecer rotinas de análises que incluam a competição de forma menos complexa para tornar a análises mais acuradas.

## **1.2 Teste de progênes**

O sucesso do melhoramento genético de *Eucalyptus* está associado à capacidade de acerto na escolha dos melhores genitores para continuidade dos ciclos subseqüentes de seleção, recombinação e geração de populações melhoradas (CRUZ; CARNEIRO, 2003). Para a identificação dos indivíduos de interesse, é necessária a avaliação genética dos candidatos à seleção, com base nos valores genéticos aditivos dos indivíduos, os quais serão utilizados na recombinação e depois clonados (RESENDE, 2002a).

Allard (1971) define o teste de progênes como avaliação do genótipo dos progenitores com base no fenótipo de seus descendentes. Eles compõem a fase inicial dos programas de melhoramento florestal como uma das estratégias mais úteis para o melhorista, podendo ser instalados a partir de sementes de polinizações livres (meio - irmãos) ou polinização controlada (irmãos completos). Com base nesses testes pode-se determinar o valor reprodutivo dos indivíduos selecionados, estimar parâmetros genéticos, para a seleção de novos indivíduos superiores e produzir sementes em pomar de sementes por mudas (KAGEYAMA e VENCOSKY, 1983; CRUZ, 2005).

É comum nos testes de progênes grande desbalanceamento de dados, em virtude da alta taxa de mortalidade. Dessa maneira, tem-se utilizado modelos mistos com procedimentos de Predição Linear não Viesada dos efeitos genotípicos e da Máxima Verossimilhança Restrita

(REML/BLUP) para estimar parâmetros genéticos e predizer componentes de médias, com o objetivo de selecionar os indivíduos com base nos seus valores genéticos, e obter maior eficiência seletiva (RESENDE, 2002). De acordo com Pires et al. (2017), o uso do teste de progênes aliado ao procedimento REML/BLUP, possibilita a seleção em diferente estágios e otimiza o processo com a seleção de famílias e indivíduos por seus valores genéticos aditivos, propiciando identificar indivíduos com mérito genético. Após a etapa dos testes de progênes, os indivíduos poderão ser selecionados para a clonagem ou cruzados e depois comparados nos testes clonais.

### **1.3 Testes clonais**

Os testes clonais constituem a fase subsequente ao teste de progênes do ciclo de melhoramento florestal. Nessa etapa, os materiais provenientes dos testes de progênes são avaliados para a obtenção dos genótipos comerciais.

De modo geral, o teste clonal busca a confirmação ou comparação de clones de árvores selecionadas em condições de campo, instalados segundo um delineamento experimental, em locais representativos para indicação do desempenho do futuro plantio, com os clones selecionados (FLAMPTON; FOSTER, 1993). A finalidade principal é confrontar os tipos de propágulos, avaliar o desempenho clonal, conhecer as interações “clones × ambientes”, avaliar os parâmetros genéticos, avaliar o efeito “C” (efeito-clonagem) e evidenciar o “desempenho” da futura floresta clonal a ser formada (XAVIER et al., 2009). No entanto, o teste clonal, não garante o comportamento esperado dos materiais selecionados, passando por discrepância devido aos problemas associados com a propagação vegetativa e ao grau de variação ambiental, no local onde o teste é realizado (FLAMPTON; FOSTER, 1993).

Os testes clonais devem ser instalados com maior número possível de ambientes, na existência de material disponível. Normalmente quando há um grande número de materiais, são realizados em dois estágios: (I) estágio inicial, visando eliminação dos clones com menor potencial produtivo, (II) estágio final ou de recomendação de genótipos para plantios comerciais. O primeiro estágio deve ser instalado em parcelas lineares e em um menor número de locais. Por outro lado, o estágio final exige maior rigor experimental, muitas vezes sendo necessária a utilização de parcelas quadradas, com bordadura e com maior número de plantas, visando minimizar os efeitos de competição intraclonal. Em ambos os estágios, os

delineamentos a serem utilizados devem ser o de blocos casualizados (quando o número de materiais for pequeno) ou látice (quando o número de materiais for elevado).

#### 1.4 Competição intergenotípica e intragenotípica

A competição é um fenômeno que ocorre durante o crescimento e desenvolvimento de árvores florestais, normalmente após o fechamento da copa (DONG et. al, 2020). Ela pode ser definida como a interação biológica que ocorre entre dois ou mais indivíduos quando os recursos são limitados (McNAUGHTON; WOLF, 1973).

Durante a fase de crescimento, a competição por recursos não ocorre entre todas as plantas na população, mas sim entre o indivíduo em questão e as plantas que estão em seu entorno (FLORENTINE; FOX, 2003). Quando os recursos suprem as necessidades de ambas plantas possíveis competidoras, elas não irão competir por recursos, entretanto, quando os recursos necessários para seu crescimento decrescem abaixo de sua demanda, afetando seu crescimento, a competição entre plantas tem início (WEBER et al., 2018).

Existem duas formas de competição entre as árvores, a competição denominada intragenotípica ou autocompetição, é observada entre indivíduos de mesma espécie onde os indivíduos possuem a mesma constituição genética; e a competição intergenotípica, também denominada de alocompetição, na qual as plantas são geneticamente diferentes (FUTUYMA, 1992).

A competição pode ser classificada quanto ao modo que as plantas competidoras interagem. A competição por exploração ocorre quando um indivíduo utiliza um determinado recurso, tornando-o indisponível para os demais, e os que competem podem realmente nunca se encontrarem. Já na competição por interferência, dois indivíduos interagem e um sai prejudicado pelo outro (FUTUYAMA, 1992).

É comum em espécies de rápido crescimento, como o eucalipto, ser sensível à competição, e seus efeitos são variáveis de acordo com o estágio de desenvolvimento das plantas e sua constituição genética (CASTRO; GARCIA, 1996; KUVA et al., 2003). Martins et al. (2014), trabalhando com *Eucalyptus* spp., concluíram que os clones diferem na capacidade de exercer e sofrer competição, fato esse esperado visto que a competição influencia no desempenho dos genótipos de maneira diferenciada entre eles (PAVAN et al., 2012), interferindo diretamente na produtividade final.

Quando as relações entre plantas são consideradas nas análises, assume-se que o crescimento dos indivíduos está correlacionado com seus vizinhos, devido ao microambiente comum ou pelo gradiente de recursos criado pelo desenvolvimento destes (LEONARDECZ NETO et al., 2003). Assim, uma árvore pode ter seu desempenho estimulado ou suprimido devido a um maior ou menor grau de competição com seu vizinho, o que pode diretamente influenciar na seleção genética. Apesar da importância da competição no melhoramento do eucalipto, ainda são escassas as informações sobre o seu efeito e a viabilidade do emprego em plantios para fins de seleção. Por isso, torna-se imprescindível estudos que abordem a competição na escolha de materiais superiores.

## 2 – REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALVES, R. S. et al. Multiple-trait BLUP: a suitable strategy for genetic selection of Eucalyptus. **Tree Genetics & Genomes**, v. 14, n. 5, p. 77, 2018.
- ALLARD, R. W. (Ed). **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Blücher, 1971. 381 p. resperspective of biometric advances. **Forest Science**, v. 46, n. 9, p. 1585–1593, 2016.
- APIOLAZA, L. A. Densidade básica de pinheiro radiata na Nova Zelândia: fatores genéticos e ambientais. **Genética e genomas de árvores**, v. 8, n. 1, pág. 87-96, 2012.
- ASSIS, T.F. **Estimativas de herdabilidade e correlações em progênes jovens de Eucalyptus grandis W. Hill ex Maiden**. 1980. 38 f. Dissertação (Mestrado)- Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1980.
- ALI, A. NAEEM, M. DAR, T. A.; IDERRS, M. KHAN, M. M. A.; UDDIN, M.; DANTU, P. K.; SINGH, T. B. **Nutrient uptake, removal, and cycling in Eucalyptus species**. In: NAEEM, M.; ANSARI, A. A.; GILL, S. S. *Essential Plant Nutrients*. Springer, Cham., 2017. pp. 37-45.
- ASSIS, T. F., BAUER, J. F.; TAFAREL, G. Sintetização de híbridos de *Eucalyptus* por cruzamentos controlados. **Ciência Florestal**, v. 3, p.161-170, 1993.
- ASSIS, T. F.; MAFIA, R. G. **Hibridação e clonagem**. In: Borém, A. (ed.) *Biotecnologia Florestal*. Viçosa [s.n.], p. 93-121, 2007.
- CAPPA, E. P. et al. A novel individual-tree mixed model to account for competition and environmental heterogeneity: a Bayesian approach. **Tree Genetics and Genomes**, v. 11, n. 6, p. 15, 2015.
- CAPPA, E. P.; CANTET, R. J. C. Direct and Competition Additive Effects in Tree Breeding: Bayesian Estimation From an Individual Tree Mixed Model. **Silvae Genetica**, v. 57, n. 1–6, p. 45–56, 1 dez. 2008.
- CASTRO, C. R. T.; GARCIA, R. Competição entre plantas com ênfase no recurso luz. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 26, n. 1, p. 167-174, jan./fev. 1996.
- CASTRO, C. A. O.; RESENDE, R. T.; BHERING, L. P.; CRUZ, C. D. Breve histórico do melhoramento genético do eucalipto no Brasil sob a ótica dos avanços biométricos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.46, n.9, p.1585-1593, 2016.
- CUNHA, T. A. Competição assimétrica e o incremento diamétrico de árvores individuais de *Cedrella odorata* L. na Amazônia ocidental. **Acta Amazonica**, Manaus, v. 43, n. 1, p. 9-18, jan. 2013.
- COSTA E SILVA, J.; KERR, R. J. Accounting for competition in genetic analysis, with particular emphasis on forest genetic trials. **Tree Genetics and Genomes**, v. 9, n. 1, p. 1–17, 2013.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2003. v.2. 585 p.

CRUZ, C.D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 2005. 394 p.

CRUZ, C. D. **Princípios de Genética Quantitativa**. Viçosa, MG: UFV. 2010.394p.

DE OLIVEIRA, E. K. B.; REZENDE, A. V.; MAZZEI, L.; JÚNIOR, L. S. M.; CASTRO, R. V. O.; D'OLIVEIRA, M. V. N.; BARROS, Q. S. Competition indices after reduced impact logging in the Brazilian Amazon. **Journal of Environmental Management**, v. 281, p. 111898, 2021.

DONG, L.; Xie, Y., WU, HX, SUN, X. Os modelos espaciais e de competição aumentam a eficiência dos testes de progênie do lariço japonês. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 50, n. 12, pág. 1373-1382, 2020.

FLAMPTON Jr., L. J.; FOSTER, G. S. Field testing vegetative propagules. In: AHUJA, M. R.; LIBBY, W. J. (Eds.) **Clonal forestry I, genetics and biotechnology**. Springer: Verlag Berlin Heidelberg, 1993. p. 110-134.

FLORENTINE, S.K.; FOX, J.E.D. Competition between *Eucalyptus victrix* seedlings and grass species. **Ecological Research**, Tokyo, v. 18, n. 1, p. 25-39, 2003.

FUTUYAMA, D. J. **Biologia evolutiva**. [S. l.]: Sociedade Brasileira de Genética, 1992.

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

HODGE, GR; DVORAK, WS Variação de procedência e parâmetros genéticos dentro da proveniência em *Eucalyptus urophylla* em 125 locais de teste no Brasil, Colômbia, México, África do Sul e Venezuela. **Tree Genetics & Genomes**, v. 11, n. 3, pág. 57, 2015.

KAGEYAMA, P.Y.; VENCOVSKY, R. Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* Hill Maiden. **IPEF**, Piracicaba, v.24, p. 9-26, 1983.

KUVA, M. A.; GRAVENA, R.; PITELLI, R.A.; CHRISTOFFOLETI, P.J.; ALVES, P.L.C.A. Períodos de interferência das plantas daninhas na cultura da cana-de-açúcar. III – 52 Capim-braquiária (*Brachiaria decumbens*) e capim-colonião (*Panicum maximum*). **Planta Daninha**, Rio de Janeiro, v. 21, n. 1, p. 37-44, 2003.

PEREIRA, A. R.; ANGELOCCI, L. R.; SENTELHAS, P. C. **Agrometeorologia fundamentos e aplicações práticas**. Guaíba: Agropecuária, 2002. 478p.

PAVAN, B. E.; PAULA, R. C.; PERECIN, D.; CANDIDO, L. S.; SCARPINATI, E. A. Efeito competitivo em testes de progênies de eucalipto. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 22, n. 3, p. 433-443. 2012.

LEONARDECZ NETO, E.; VENCOVSKY, R.; SEBBENN, A.M. Ajuste para competição entre plantas em teste de progênies e procedências de essências florestais. **Scientia Florestalis**, Piracicaba, n. 63. p. 136-149. 2003.

LUU, T. C.; BINKLEY, D.; STAPE, J. L. Neighborhood uniformity increases growth of individual Eucalyptus trees. **Forest Ecology and Management**, v. 289, p. 90–97, 2013.

MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D. V.; PAIVA, J. R.; CAVALCANTI, J. J. V.; BARROS, L. M. B. 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, G.S.; MOURA, G.P.L.; RAMALHO, M.A.P.; GONÇALVES, F.M.A. Performance of Eucalyptus Clones in Auto and Allocompetition. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 63, n.1-2, p.9-15, 2014.

McNAUGHTON, S. J.; WOLF, L. L. **General ecology**. New York: Holt, Rinehart and Winston, 1973. 710 p.

MORI, E. S. **Efeitos da competição intra-genotípica na seleção de árvores superiores de *Eucalyptus saligna* (Smith)**. Piracicaba, 1987. 87p. Dissertação (Mestrado). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. Universidade de São Paulo.

NETO, E. L. **Competição intergenotípica na análise de testes de progênie em essências florestais**. [s.l.] Universidade de São Paulo, 2002.

ODA-SOUZA, M. et al. Aplicação de métodos geoestatísticos para identificação de dependência espacial na análise de dados de um ensaio de espaçamento florestal em delineamento sistemático tipo leque. **Revista Arvore**, v. 32, n. 3, p. 499–509, 2008.

OLIVEIRA, T. W. G. de et al. Stability and adaptability for wood volume in the selection of *Eucalyptus saligna* in three environments. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 53, n. 5, p. 611-619, 2018.

PIRES, N. C. A.; NIETO, V. M.; SANTOS G.A.; BAQUERO L. S. (eds.). **Mejoramiento genético de eucalipto**. Corporación Nacional de Investigación y Fomento Forestal-CONIF®. Bogotá D.C., Colombia. p.280, 2017.

PELTONIEMI, M.; MÄKIPÄÄ, R. Quantifying distance-independent tree competition for predicting Norway spruce mortality in unmanaged forests. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 261, p. 30-42, jan. 2011

RESENDE, Marcos Deon Vilela; STURION, José Alfredo; MENDES, Silvino. Genética e melhoramento da Erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.). **EMBRAPA-CNPQ**. Documentos, 1995.

RESENDE, R. T. et al. Assessing the expected response to genomic selection of individuals and families in *Eucalyptus* breeding with an additive-dominant model. **Heredity**, v. 119, n. 4, p. 245–255, 2017.

RESENDE, M. D. V. **Utilização de índices de seleção no melhoramento de eucalipto**: Boletim de Pesquisa Florestal. [s.l.: s.n.].

RESENDE, M. D. V. **SELEGEN-REML/BLUP - Seleção genética computadorizada: manual do usuário**. Colombo: Embrapa – CNPF, 2002a b. 67p.

ROSADO, A. M. et al. Ganhos genéticos preditos por diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus urophylla*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 12, p. 1653–1659, 2009.

ROITMAN, I. **Modelagem espacial e temporal na mata de galeria do gama- DF**. 2011. 169 f. Tese (Doutorado em Ecologia) - Universidade Federal de Brasília, Brasília, 2011.

SCARPINATI, E. A.; PERECIN, D.; PAULA, R. C.; BONINE, V. C. A.; PAVAN, B. E.; CANDIDO, L. S. Influência do modelo de análise estatística e da forma das parcelas experimentais na seleção de clones de *Eucalyptus* spp. **Revista Árvore** v. 33, p. 769-776, 2009

VANCLAY, J. K. Experiment designs to evaluate inter- and intra-specific interactions in mixed plantings of forest trees. **Forest Ecology and Management**, v. 233, n. 2–3, p. 366–374, 2006.

VISMARA, E. S.; MEHTÄTALO, L.; BATISTA, J. L. F. Linear mixed-effects models and calibration applied to volume models in two rotations of *Eucalyptus grandis* plantations. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 46, n. 1, p. 132-141, 2016.

VATRAZ, S.; ALDER, D.; SILVA, J. N. M. Índices de competição dependentes da distância do estrato arbóreo na Amazônia brasileira. **Espacios , Caracas**, v. 37, n. 27, p. 3, 2018.

WEBER, P.; BUGMANN, H.; FONTI, P.; RIGLING, A. Using a retrospective dynamic competition index to reconstruct forest succession. **Forest Ecology and Management**, v. 254, n. 1, p. 96- 106, 2018.

YU, S.; PRÍNCIPE, J. C. Understanding autoencoders with information theoretic concepts. **Neural Networks**, v. 117, p. 104–123, 2019.

ZHAO, D. et al. Modeling neighborhood effects on the growth and survival of individual trees in a natural temperate species rich forest. **Ecological Modelling**, Amsterdam, v. 196, n. 1, p. 90-102, jul. 2006.

## **CAPÍTULO 1: USO DA COVARIÁVEL NÚMERO DE VIZINHOS NA ANÁLISE GENÉTICA DE TESTE DE PROGÊNIES E PROCEDÊNCIAS DE *Eucalyptus dunnii***

### **ABSTRACT**

The usual analyzes of forest experiments usually do not take into account the effects of competition between plants and can lead to a bias in the estimation of genetic parameters as well as the choice of superior materials. This study aimed to analyze differences in estimated genetic parameters, ordering and predicted genetic and genotypic values using models with and without the covariate number of living neighbors. For this, the maximum of 8 plants surrounding the focal plant was considered as a covariate in the statistical model, varying from 0 to 8 depending on the survival of the neighbors. The experiments were established in two locations at the company CMPC Celulose Riograndense, in the State of Rio Grande do Sul, in 2014. A total of 97 progenies were arranged in a randomized block design, one plant in the plot. The use of the number of neighbors covariate reduced the residual variance and the variance of the G×A interaction and increased the accuracy of selection of progenies by around 4%. The use of the covariate provided an increase in genetic gain and changes in the ordering of progenies, suggesting that some materials are benefited when competition is not considered in the analysis and may exhibit a false superiority, as they were favored due to neighboring faults. Changes in the significance of genetic effects were observed after adjustment for the covariate, implying the existence of a genetic difference between the progenies, essential for selection. The effect of the G×A interaction was also changed, to the change in determining the number of improvement zones within the program. Therefore, the covariate number of neighbors should be used in the initial stages of the breeding program with the objective of increasing the efficiency in the selection of the best genetic materials experiments.

Keywords: Competition covariates, Genetic improvement, Intergenotypic competition, Quantitative genetics.

## RESUMO

As análises usuais de experimentos florestais normalmente não levam em consideração os efeitos da competição entre plantas e podem ocasionar um viés nas estimativas de parâmetros genéticos bem como a escolha dos materiais superiores. Este estudo teve como objetivo analisar diferenças em parâmetros genéticos estimados, ordenamento e valores genéticos e genotípicos preditos utilizando modelos com e sem a covariável número de vizinhos vivos. Para isso foi levado em consideração como covariável no modelo estatístico o máximo de 8 plantas circundantes à planta-focal, variando de 0 a 8 conforme a sobrevivência dos vizinhos. Os experimentos foram estabelecidos em dois locais na empresa CMPC Celulose Riograndense, no Estado do Rio Grande do Sul, no ano de 2014. Um total de 97 progênies foram dispostas em delineamento de blocos casualizados, uma planta na parcela. O uso da covariável número de vizinhos reduziu a variância residual e a variância da interação  $G \times A$  e aumentou a acurácia de seleção das progênies em torno de 4%. O uso da covariável proporcionou aumento no ganho genético e mudanças no ordenamento das progênies, sugerindo que alguns materiais são beneficiados quando a competição não é considerada na análise e podem exibir uma falsa superioridade, uma vez que foram favorecidos em função das falhas vizinhas. Mudanças na significância dos efeitos genéticos foram observadas após o ajuste pela covariável, implicando na existência de diferença genética entre as progênies, fundamental para seleção. O efeito da interação  $G \times A$  também foi alterado, à alteração na determinação do número de zonas de melhoramento dentro do programa. Diante disso, a covariável número de vizinhos deve ser utilizados em fases iniciais do programa de melhoramento com o objetivo de e aumentar a eficiência na seleção dos melhores materiais genéticos.

Palavras-chave: Covariável de competição, Melhoramento genético, Competição intergenotípica, Genética Quantitativa.

## 1– INTRODUÇÃO

O estudo da variação de origem genética e não genética é um dos principais objetivos da genética quantitativa e também um dos mais complexos (FALCONER, 1987). Na etapa de testes de progênies é comum utilizar parcelas pequenas na experimentação florestal devido ao grande número de materiais testados, porém não consideram o aumento da competição intergenotípica que isto acarreta. Tratando de espécies ou materiais genéticos diferentes, a competição pode resultar na diminuição da produção, comprometendo o rendimento econômico ou, no caso de experimentos para fins de melhoramento, resultar na escolha de indivíduos inferiores (LEONARDE CZ NETO et al., 2003).

A competição é causada por fatores genéticos e ambientais e se dá devido aos genótipos e ao arranjo espacial das árvores vizinhas (CAPPÀ et al., 2016). Em experimentos florestais o crescimento dos indivíduos da parcela está correlacionado aos seus vizinhos devido ao microambiente em comum e a falta de espaço induzida por uma alta densidade intraespecífica (LEONARDECZ -NETO et al. 2003; PAVAN et al., 2012).

É possível discriminar os efeitos de competição em testes de progênie, mas são necessários modelos estatístico-genéticos que ajustem os dados referentes à variável resposta, minimizando o viés produzido pelo desenvolvimento não igualitário da vizinhança. No entanto, nos modelos utilizados para análises em testes de progênies não é comum considerar os efeitos da competição, por não haver rotinas estabelecidas e métodos práticos para corrigir esse tipo de interferência, podendo causar redução da capacidade de identificar a variação genética e a precisão de predição do valor genético (YE; JAYAWICKRAMA, 2008).

Essa interferência se dá no favorecimento de determinadas plantas em função da ausência de competição devido as falhas ou genótipos mais agressivos que tendem a ter suas performances superestimadas uma vez que competem com genótipos mais sensíveis (RESENDE et al., 2005). Por esta via, é possível incorporar o componente competição por meio de covariáveis ao modelo e tornar as análises estatísticas mais acuradas.

A competição, geralmente, não é incluída nas rotinas de análises, dada a dificuldade de obtenção de estimativas do nível de competição. Isso pode diminuir a eficiência no processo seletivo, já que os resultados podem apresentar distorções devidas a efeitos não isolados pelo modelo utilizado, podendo levar a erro na determinação dos indivíduos superiores, na estimação

de parâmetros. Assim, com o uso de modelos incluindo a competição, espera-se isolar de forma mais eficiente a variação devida ao ambiente, fazendo com que a análise expresse a realidade experimental.

## **2– OBJETIVO GERAL**

Avaliar o impacto do uso da covariável número de vizinhos na seleção genética em dois testes de progênes e procedências de *Eucalyptus dunnii* estabelecidos em dois locais diferentes.

## **3– OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

Os objetivos específicos são:

- i. Analisar os parâmetros genéticos estimados por modelos com e sem uso a covariável número de vizinhos;
- ii. Comparar o ordenamento de genótipos superiores, bem como o ganho genético predito a partir de modelos com e sem uso da covariável;
- iii. Testar modelos com o uso de oito e dois vizinhos por árvore-alvo;
- iv. Verificar a interação genótipos por ambientes com o uso de modelos que contenham a covariável número de vizinhos e modelos que não a contenham.

## **4– MATERIAL E MÉTODOS**

### **4.1 Origem dos dados**

O presente trabalho foi desenvolvido com conjunto de dados experimentais obtidos em áreas de plantio da empresa CMPC Celulose Riograndense, localizados nos municípios de Barra do Ribeiro e Encruzilhada do Sul. O plantio seguiu o espaçamento de  $3,85 \times 1,95$  m e  $3,00 \times 2,50$  m, totalizando uma área de  $7,50$  m<sup>2</sup> por planta. Foram utilizadas neste estudo 97 famílias de meios irmãos de *E. dunnii* originadas de diversas procedências, colhidas em Pomares de Sementes por Mudanças (PSM) da CMPC Celulose Riograndense. Os experimentos foram implantados no ano de 2014, sendo que o delineamento adotado foi em blocos casualizados em esquema fatorial. Foram alocadas 72 famílias de *E. dunnii* em Barra do

Ribeiro e 97 em Encruzilhada do Sul, cada família com 20 repetições, considerando uma árvore por parcela. As testemunhas utilizadas nestes ensaios foram clones comerciais da empresa plantados dentro do experimento nos dois locais também com 20 repetições e parcela de árvore única, sendo eles: *E. saligna*, *E. benthamii*, *E. dunnii* e *E. urophylla*.

## 4.2 Coleta de dados

O diâmetro à altura do peito (DAP – medido a 1,30 m da superfície do solo) e a altura total (Ht) foram mensurados nas árvores dos experimentos aos três anos de idade. A mensuração do DAP foi realizada por meio do uso de uma fita diamétrica e a altura foi obtida com o uso do relascópio. Para calcular o volume da árvore VOL, foi utilizada a equação de Schumacher e Hall (1934) conforme descrita abaixo:

$$VOL = \frac{\pi \times DAP^2 \times Ht \times f}{40000}$$

Onde:

VOL= volume da árvore em m<sup>3</sup>;

DAP= diâmetro à altura do peito em cm;

Ht= altura total das árvores em m;

f= fator de forma adotado (0,405);

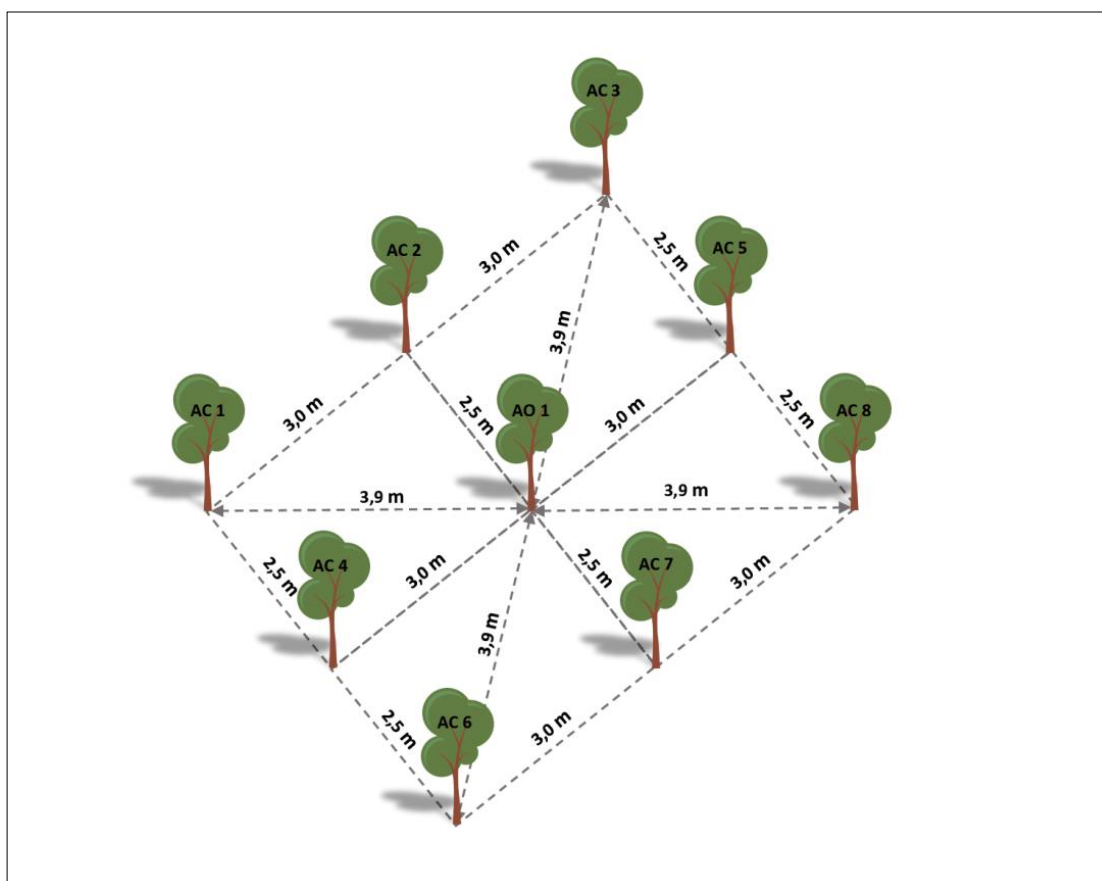
$\pi$  = razão entre a circunferência e diâmetro de um círculo (3,14159).

A sobrevivência foi avaliada a partir da contagem do número de árvores vivas por família no experimento, no momento das medições de DAP e Ht (três anos de idade). Para este caráter foi aplicado o código 1 para as árvores vivas e código 0 para as árvores mortas.

### 4.3 Contagem de vizinhos

#### 4.3.1 Considerando todos os vizinhos de uma árvore-focal

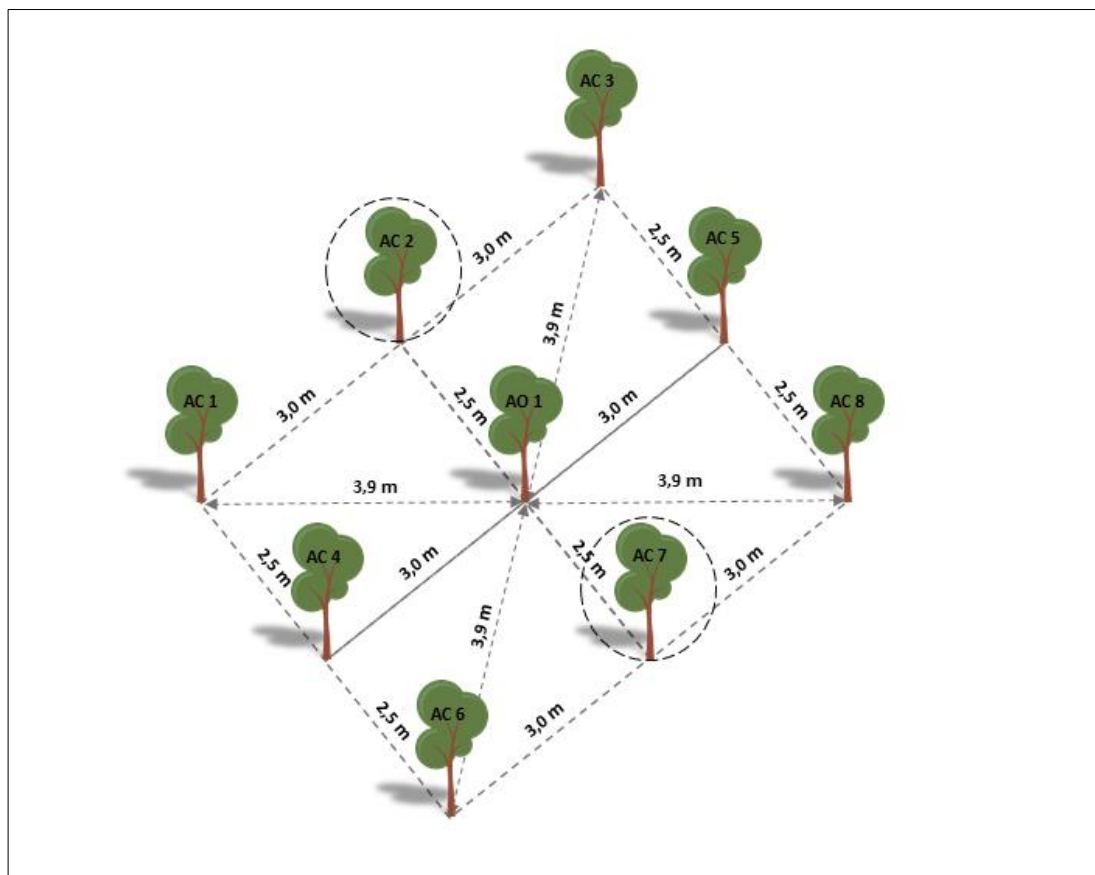
A análise foi realizada mediante a contagem do número de vizinhos vivos de cada indivíduo do teste, considerando que cada indivíduo  $Y_{ijk}$  = valor do k-ésimo indivíduo no j-ésimo bloco da i-ésima progênie; possa apresentar no máximo 8 vizinhos (Figura 1).



**Figura 1.** Croqui da distribuição das árvores no campo no ambiente (B)- espaçamento  $3 \times 2,5$ m, com 7 árvores competidoras. AO1= árvore- focal; AC=árvore competidora.

#### 4.3.2 Considerando os vizinhos mais próximos de uma árvore-focal

A análise de vizinhança foi feita pela contagem do número de vizinhos vivos de cada progênie considerando o menor espaçamento entre o competidor e o indivíduo  $Y_{ijk}$ , apresentando no máximo 2 vizinhos (Figura 2).



**Figura 2.** Croqui da distribuição das árvores no campo no ambiente (B)- espaçamento 3 × 2,5m, com 2 árvores competidoras. AO1= árvore focal; AC=árvore competidora.

#### 4.4 Análise de Covariância

O modelo linear para descrição do valor individual, comumente utilizado em um delineamento em blocos casualizados, indica que uma dada variável resposta é função dos efeitos de ambiente comum (bloco), do potencial genético (família), do indivíduo na parcela (desvio do fenótipo dentro) e de um resíduo dado pela variação que é decorrente de efeitos não mensurados ou que não são isolados no delineamento. Os fatores não incluídos no modelo matemático, e nas análises, geram inadequação do modelo. Não sendo o efeito do fator isolado do resíduo, ele poderá levar a um viés nas estimativas dos parâmetros (LEONARDECZ NETO et al., 2003).

Um dos métodos utilizados para ajustar a variável resposta, quando influenciada por uma variável adicional, é a análise de covariância. Este método permite corrigir os dados de uma forma tal que as variações devidas à covariável sejam minimizadas, ou até mesmo anuladas, deste modo, fornecendo estimativas corretas dos componentes de variância e de outros parâmetros por meio desta obtidos (RESENDE, 2000).

As pressuposições desejadas para se proceder a análise, incluindo uma covariável, conforme Bhering e Teodoro (2021) são as seguintes:

I. A covariável é uma variável quantitativa, medida sem erro e independente dos tratamentos;

II. O resíduo deve ser normalmente distribuído com média zero e variância comum.

Para verificar as duas pressuposições deve-se realizar a análise de variância para a covariável, e verificar se existe diferença significativa entre os tratamentos, em caso negativo, conclui-se que a variação foi aleatória, e, portanto, a análise de covariância deve ser aplicada (BHERING e TEODORO, 2021).

As análises de variância das covariáveis foram efetuadas por meio do software RBio utilizando o modelo:

$$Y_{ij} = m + t_i + r_j + e_{ij}$$

Em que:

$Y_{ij}$  : é a variável dependente obtida no tratamento i no bloco j;

m: média geral do ensaio;

$t_i$  : efeito do i-simo genótipo;

$r_j$ : efeito do j-ésimo bloco;

$e_{ij}$ : erro aleatório.

#### 4.5 Modelos Estatísticos

Para avaliar o efeito do uso da covariável, os caracteres foram analisados por meio de dois modelos mistos implementados no software Selegen REML/BLUP (RESENDE 2016), adequado aos testes de progênies e procedências de meios irmãos sob delineamento de blocos completos casualizados, em vários locais e uma planta na parcela. O modelo estatístico M1 foi:

M1:  $y = Xr + \beta Cov + Za + Wp + Ti + e$ , em que:

y é o vetor de dados, “r” é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, “g” é o vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como

aleatórios), “p” é o vetor dos efeitos de procedências (assumidos como aleatórios), “i” é vetor dos efeitos da interação genótipo × ambiente (aleatórios) e “e” o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente  $\beta$  refere-se à regressão associada à covariável Cov. As letras romanas maiúsculas (X, Z, W e T) representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O modelo estatístico M2 pode ser apresentado como:

$$M2: y = Xr + Za + Wp + Ti + e, \text{ em que:}$$

y é o vetor de dados, “r” é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, “a” é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), “p” é o vetor dos efeitos de procedências (assumidos como aleatórios), “i” é vetor dos efeitos da interação genótipos x ambiente (aleatórios), e “e” o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas (X, Z, W e T) representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Os componentes de variância e parâmetros genéticos foram estimados para o caracteres IMA, DAP e volume. A significância do modelo estatístico foi obtida pela Análise de Deviance (ANADEV), pelo teste da razão da máxima verossimilhança (LRT) (RESENDE, 2007). O teste LRT foi elaborado com auxílio do software Selegen REML/BLUP (RESENDE 2016).

#### 4.6 Ganho com seleção

O ganho de seleção foi calculado por:

$$\text{Ganho}(\%) = 100 \times \left( \frac{M_i - M_p}{M_p} \right)$$

Onde:

M<sub>i</sub> = Média genotípica dos indivíduos selecionados;

M<sub>p</sub> = Média genotípica das progênes

## 5– RESULTADOS

## 5.1 Análise de Covariância

Para que uma covariável possa ser considerada, deve-se garantir que ela não seja afetada pelo tratamento. Verificou-se que as covariáveis 8 e 2 vizinhos vivos não apresentaram interações significativas com os tratamentos, ou seja, não são afetadas pelos mesmos e desprovidas de erro. Conclui-se, portanto que a variação foi aleatória e a análise de covariância pode ser aplicada para ajustar as médias dos tratamentos para as variáveis de interesse (Tabela 1).

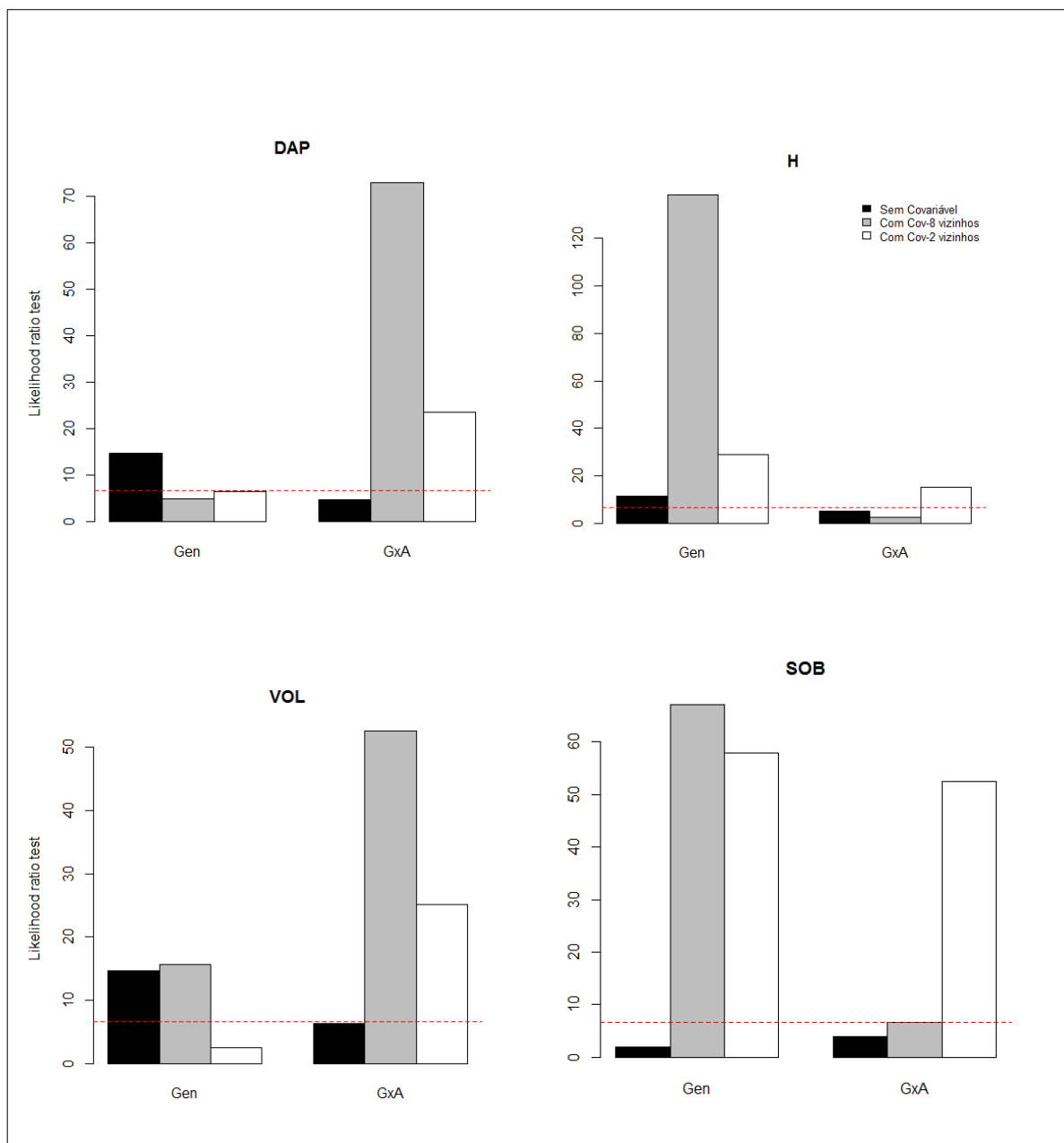
**Tabela 1.** Número de tratamentos utilizados na rede experimental em dois ambientes (ambiente A: Barra do Ribeiro e ambiente B: Encruzilhada do Sul).

		LOCAL 1					LOCAL 2				
		FV	GL	SQ	QM	F	FV	GL	SQ	QM	F
Cov-8	Rep	19		530,1	27,89	26,51 *	Rep	19	1497,70	78,83	61,98*
	Trat	71		80,5	1,13	<u>1,07</u> <sup>ns</sup>	Trat	96	110,0	1,15	<u>0,91</u> <sup>ns</sup>
	Res	1349		1419,1	1,05		Res	1824	2319,70	1,27	
		LOCAL 1					LOCAL 2				
		FV	GL	SQ	QM	F	FV	GL	SQ	QM	F
Cov-2	Rep	19		1,96	0,1029	0,477 <sup>ns</sup>	Rep	19	12,3	0,6494	2,66 <sup>ns</sup>
	Trat	71		16,66	0,2346	<u>1,08</u> <sup>ns</sup>	Trat	96	21,9	0,2282	<u>0,93</u> <sup>ns</sup>
	Res	1349		290,84	0,2156		Res	1824	445	0,2439	

<sup>ns</sup>: não significativo e \*: significativo ao nível de probabilidade de 0,05 de acordo com o teste Qui-quadrado.

## 5.2 Teste da razão de verossimilhança (LRT)

Ao incorporar a covariável número de vizinhos, o efeito genético aditivo deixou de ser significativo para DAP e o efeito da interação G×A assumiu valores significativos após sua inclusão. Em relação à altura, o uso da covariável não alterou a significância do efeito genético, porém a interação G×A passou a ser significativa quando foram considerados 2 vizinhos como covariável. Para o volume, as covariáveis 8 e 2 vizinhos tornaram o efeito da interação G×A significativa e destaca-se a covariável 2 que levou o efeito genético a não significativo. Houveram diferenças em ambos os efeitos para sobrevivência após a inclusão das covariáveis nas análises (Figura2).



**Figura 3.** Teste da razão de verossimilhança (LRT), com e sem o uso da covariável número de vizinhos, com 8 e 2 vizinhos, utilizando o teste Qui-Quadrado com 1 grau de liberdade ( $p < 0,01$ ) (representado pela linha tracejada) dos efeitos genéticos (Gen) e interação entre progênies e ambientes ( $G \times A$ ), obtidas na análise conjunta dos ambientes de *E. dunnii* aos 3 anos.

### 5.3 Estimativa de parâmetros genéticos

Foram observados valores de herdabilidade no sentido restrito moderados para diâmetro à altura do peito (DAP), altura (H) e volume (VOL) na análise sem covariável e um pequeno aumento ao utilizar número de vizinhos 8 e 2 respectivamente. Valores classificados como baixos foram observados para o caráter sobrevivência (Tabela 2).

A herdabilidade de médias de progênes ( $h^2_{mp}$ ), avaliada de forma conjunta nos dois ambientes, apresentou valores acima de 0,50 para todas as características avaliadas exceto sobrevivência que apresentou valores moderados quando obtidos com 8 e 2 vizinhos. Estes valores demonstram que há potencial em se realizar a seleção a partir de médias de clones.

As acurácias dos valores genéticos preditos aumentaram de 3 a 9% para todas as características avaliadas depois da inclusão da covariável no modelo estatístico. Não houve diferença relevante ao adotar todos os vizinhos ou apenas os mais próximos da planta focal. Para todos os caracteres, as acurácias apresentaram valores variando de 0,71 a 0,77, exceto para sobrevivência com valores variando de 0,50 a 0,59 considerados medianos (Tabela 2).

As características DAP, H, VOL e SOB, apresentaram correlações genotípicas entre o desempenho das progênes nos dois ambientes (*rgloc*) diferenciadas de acordo com o modelo utilizado. Foi verificado um aumento de 5 a 20% quando a covariável foi utilizada.

Em relação aos componentes de variância, o uso da covariável proporcionou aumento na variância genética aditiva ( $\sigma_a^2$ ) em todas as características. Já a variância entre progênes ( $\sigma_p^2$ ) e variância da interação genótipos  $\times$  ambientes ( $\sigma_{g \times a}^2$ ) tiveram efeito inverso para as características avaliadas. Além disso, o uso das covariáveis causou uma redução na variância residual ( $\sigma_e^2$ ) (Tabela 2) implicando em melhoria experimental proporcionando dados mais confiáveis para seleção.

Foram observados valores de herdabilidade no sentido restrito moderados para diâmetro à altura do peito (DAP), altura (H) e volume (VOL) na análise sem covariável e um pequeno aumento ao utilizar número de vizinhos 8 e 2 respectivamente. Valores classificados como baixos foram observados para o caráter sobrevivência (Tabela 2).

A herdabilidade de médias de progênes ( $h^2_{mp}$ ), avaliada de forma conjunta nos dois ambientes, apresentou valores acima de 0,50 para todas as características avaliadas exceto sobrevivência que apresentou valores moderados quando obtidos com 8 e 2 vizinhos. Estes valores demonstram que há potencial em se realizar a seleção a partir de médias de clones.

As acurácias dos valores genéticos preditos aumentaram de 3 a 9% para todas as características avaliadas depois da inclusão da covariável no modelo estatístico. Não houve diferença relevante ao adotar todos os vizinhos ou apenas os mais próximos da planta focal. Para todos os caracteres, as acurácias apresentaram valores variando de 0,71 a 0,77, exceto para sobrevivência com valores variando de 0,50 a 0,59 considerados medianos (Tabela 2).

As características DAP, H, VOL e SOB, apresentaram correlações genóticas entre o desempenho das progênies nos dois ambientes (*rgloc*) diferenciadas de acordo com o modelo utilizado. Foi verificado um aumento de 5 a 20% quando a covariável foi utilizada.

Em relação aos componentes de variância, o uso da covariável proporcionou aumento na variância genética aditiva ( $\sigma_a^2$ ) em todas as características. Já a variância entre progênies ( $\sigma_p^2$ ) e variância da interação genótipos  $\times$  ambientes ( $\sigma_{g \times a}^2$ ) tiveram efeito inverso para as características avaliadas. Além disso, o uso das covariáveis causou uma redução na variância residual ( $\sigma_e^2$ ) (Tabela 2) implicando em melhoria experimental proporcionando dados mais confiáveis para seleção.

**Tabela 2.** Estimativas de parâmetros genéticos (REML individual), para os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP em cm), altura total (H em m), incremento médio anual (IMA, em m<sup>3</sup> ha<sup>-1</sup> ano<sup>-1</sup>) e sobrevivência (SOB) para clones de *E. dunni*, avaliados na análise conjunta entre os ambientes.

Parâmetros/ Componentes	DAP			H			IMA			SOB		
	Sem Cov	Cov (8)	Cov (2)	Sem Cov	Cov (8)	Cov (2)	Sem Cov	Cov (8)	Cov (2)	Sem Cov	Cov (8)	Cov (2)
$\sigma_a^2$	3,20	3,54	3,50	1,17	1,31	1,31	130,38	143,96	142,4	0,0059	0,0085	0,00785
$\sigma_p^2$	1,86	1,65	1,62	0,81	0,70	0,70	73,44	63,42	64,03	0,0163	0,0146	0,0142
$\sigma_{gxa}^2$	0,29	0,24	0,23	0,13	0,09	0,09	13,79	11,98	11,78	0,0020	0,0012	0,00138
$\sigma_e^2$	10,19	9,86	9,98	4,60	4,51	4,51	39,96	383,57	389,43	0,1057	0,1263	0,1044
<i>Acgen</i>	0,74	0,77	0,77	0,71	0,75	0,74	0,74	0,77	0,77	0,50	0,59	0,56
$h^2a$	0,20	0,23	0,22	0,17	0,19	0,20	0,21	0,24	0,23	0,05	0,06	0,06
$h^2mp$	-	0,59	0,59	-	0,56	0,55	-	0,59	0,59	-	0,34	0,32
$c^2proc$	0,02	-	-	0,00	-	-	0,00	-	-	0,00	-	-
$c^2int$	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,01
<i>rgloc</i>	0,73	0,78	0,78	0,68	0,77	0,77	0,70	0,75	0,75	0,43	0,63	0,58
<b>Média Geral</b>	<b>13,74</b>			<b>14,50</b>			<b>43,80</b>			<b>0,87</b>		

$\sigma_a^2$ : variância genética aditiva;  $\sigma_p^2$ : variância entre progênies;  $\sigma_{gxa}^2$ : variância da interação genótipos × ambientes;  $\sigma_e^2$ : variância residual; *Acgen*: acurácia da seleção de genótipos;  $h^2a$ : herdabilidade individual no sentido restrito;  $h^2mp$ : herdabilidade da média de progênies;  $c^2parc$ : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;  $c^2proc$ : coeficiente de determinação dos efeitos de populações;  $c^2int$ : coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo × ambiente; *rgloc*: correlação genotípica entre os ambientes; média geral do experimento.

#### 5.4 Seleção de potenciais genitores e clones

Após as análises dos components de variância, , foi obtido o ordenamento dos 20 melhores indivíduos potenciais genitores na seleção conjunta dos dois ambientes com valores genéticos aditivos preditos ( $u+a$ ) (Tabela 3) e os 20 melhores indivíduos potenciais clones com base nos valores genotípicos preditos ( $u+g$ ) para a variável IMA aos três anos (Tabela 4).

Neste estudo, os valores genéticos preditos para IMA ( $u+a$ ) aumentaram com o uso das covariáveis indicando que os ganhos com a seleção seriam subestimados nesses locais sem o ajuste dos dados com a covariável. O indivíduo 2509 da família 87 apresentou maior ganho a partir da média geral das progênies, exibindo aumento de 61,71% para 64,5% e 66,04% ao utilizar as covariáveis 8 e 2 vizinhos, respectivamente. Os ganhos acumulados dos 5 melhores materiais em relação a média das progênies (43,78) tiveram aumentos progressivos com o uso das covariáveis de 49% para 51% e 52% quando utilizou 8 e 2 vizinhos respectivamente (Tabela 3).

Os resultados de ganho genético tiveram amplitudes diferentes na análise com e sem covariáveis. Na análise sem covariável a amplitude apresentou valor de 11,94, aumentando para 12,25 e 12,89 quando utilizamos as covariáveis 8 e 2 vizinhos respectivamente.

**Tabela 3.** Relação dos 20 melhores indivíduos potenciais genitores e ganhos preditos para o caráter IMA em relação à média geral das progênes para a variável IMA ( $m^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ ) aos 3 anos de idade sem covariável e com covariáveis 8 e 2.

Ordem/ método	*sem cov				**cov 8 vizinhos				***cov 2 vizinhos			
	Família	Indivíduo	(u + a)	GS%	Família	Indivíduo	(u + a)	GS%	Família	Indivíduo	(u + a)	GS%
1	87	2509	70,81	61,71	87	2509	72,05	64,5	87	2509	72,71	66,04
2	96	1512	64,63	47,59	96	1512	66,75	52,4	12	1439	65,97	50,66
3	12	1439	64,27	46,79	21	721	65,09	48,59	96	1512	65,8	50,27
4	96	1680	63,95	46,05	12	1439	64,77	47,87	96	1680	65,06	48,57
5	21	721	63,67	45,41	96	1680	63,26	44,42	21	721	64,87	48,14
6	74	887	61,89	41,34	86	2842	62,92	43,65	74	887	63,06	44,01
7	28	854	61,72	40,95	74	887	62,75	43,27	86	2842	62,86	43,55
8	86	2842	61,59	40,66	28	854	62,07	41,7	28	854	62,45	42,62
9	96	2934	60,62	38,44	62	1813	61,96	41,45	62	1813	62,12	41,86
10	17	2448	60,54	38,27	64	2825	61,61	40,65	17	2448	61,52	40,49
11	62	1813	60,28	37,67	96	2934	61,6	40,64	64	2825	61,43	40,29
12	96	443	60,2	37,49	96	443	61,56	40,55	96	2934	61,42	40,26
13	64	2825	59,98	36,98	17	2448	61,5	40,4	95	1596	61,06	39,44
14	95	1596	59,92	36,84	75	1009	61,1	39,49	96	443	60,99	39,29
15	75	1009	59,78	36,52	95	1596	60,95	39,16	75	1009	60,71	38,65
16	31	2462	59,51	35,92	86	831	60,81	38,83	31	2462	60,38	37,88
17	86	1013	59,30	35,44	86	1013	60,57	38,28	86	1013	60,31	37,74
18	86	831	59,04	34,84	86	2766	60,38	37,86	86	831	60,02	37,08
19	86	2766	58,93	34,57	31	2462	60,28	37,63	86	2766	59,95	36,91
20	21	1532	58,87	34,44	64	<u>2331</u>	59,8	36,52	64	<u>1404</u>	59,82	36,61
Amplitude	11,94				12,25				12,89			
*Ganho acumulado das 5 melhores progênes em relação a média das progênes (43,787): 49,51%												
**Ganho acumulado das 5 melhores progênes em relação a média das progênes (43,787): 51,55%												
***Ganho acumulado das 5 melhores progênes em relação a média das progênes (43,787): 52,53%												

Em geral, a classificação dos 20 principais potenciais genitores variou ligeiramente com a adoção das covariáveis de competição. A coincidência entre os 20 melhores indivíduos dos 3 rankings foi de 95%, variando apenas a última posição no ordenamento dos clones. Os indivíduos pertencentes a família 86 predominaram igualmente independente da metodologia adotada, demonstrando valor aditivo de alta capacidade na transmissão de seu mérito genético aos descendentes. A correlação de spearman foi maior entre os rankings sem covariável e covariável 2 vizinhos (0,694) do que quando foi comparado a covariável 8 vizinhos com o ranking sem a covariável (0,673). O valor de correlação entre os 20 melhores indivíduos dos rankings utilizando as covariável 8 e 2 vizinhos foi acima de 90%, indicando que houveram alterações mínimas na posição dos indivíduos selecionados.

A avaliação dos ganhos genéticos com seleção foi realizada para a seleção dos melhores potenciais clones, a partir da comparação entre seus valores genotípicos preditos livres de interação (u+g) em relação à média das progênes (43,787) e à média fenotípica das testemunhas comerciais (*E. saligna*, *E. benthamii*, *E. dunnii* e *E. urophylla* (46,58). O índice (u+g) é utilizado para a recomendação de genótipos materiais genéticos utilizados como testemunhas que por sua vez apresentam alto grau de melhoramento e são os clones comerciais da empresa. O indivíduo 2509 se manteve na primeira posição do ranking, nas 3 metodologias, tornando possível a sua introdução em plantios em maior escala com ganhos em IMA superiores a 49% (Tabelas 4).

A coincidência entre os 20 clones selecionados foi de 80% nos rankings sem covariável e covariável 8 vizinhos. Maiores valores de coincidência entre os clones foram encontrados entre os rankings sem covariável e covariável 2 vizinhos (90%) e 85% para os rankings de 8 e 2 vizinhos. O maior valor de correlação de spearman encontrado foi entre os rankings sem covariável e covariável 2 (0,738) que demonstra que o ordenamento dos materiais foi mais semelhante que os demais rankings. Em contrapartida valores de correlação de spearman de 0,260 e 0,546 foram encontrados entre o ranking

**Tabela 4.** Relação dos 20 melhores indivíduos potenciais clones e ganhos preditos para o caráter IMA em relação à média geral das progênes para a variável IMA ( $m^3 ha^{-1} ano^{-1}$ ) aos 3 anos de idade sem covariável e com covariáveis 8 e 2.

Ordem/ Modelo	sem cov				cov 8 vizinhos				cov 2 vizinhos			
	Família	Indivíduo	(u + g)	GSt%	Família	Indivíduo	(u + g)	GSt%	Família	Indivíduo	(u + g)	GSt%
1	87	2509	70,63	49,71	87	2509	73,60	56,00	87	2509	73,67	56,15
2	12	1439	64,38	36,45	12	1439	66,44	40,81	12	1439	66,37	40,67
3	21	721	62,92	33,36	96	1512	64,88	37,52	62	1813	64,74	37,21
4	96	1512	62,15	31,74	21	721	64,03	35,71	21	721	63,90	35,44
5	62	1813	62,22	31,87	62	1813	64,00	35,64	96	1512	63,96	35,57
6	96	1680	62,43	32,32	28	854	64,24	36,16	96	1680	64,17	36,01
7	28	854	60,88	29,05	86	2842	61,25	29,83	28	854	61,13	29,56
8	86	2842	58,79	24,61	96	1680	62,88	33,27	86	2842	62,93	33,38
9	74	887	58,90	24,83	74	887	60,33	27,87	74	887	60,29	27,78
10	95	1596	60,16	27,52	95	1596	60,03	27,24	95	1596	59,91	26,99
11	75	1009	58,22	23,40	75	1009	61,91	31,22	75	1009	61,79	30,97
12	17	2448	58,05	23,05	17	2448	59,63	26,38	17	2448	59,52	26,15
13	18	1220	57,89	22,70	45	29	59,45	26,02	18	1220	59,39	25,87
14	92	1510	57,81	22,54	18	1220	59,29	25,67	92	1510	59,18	25,44
15	96	2934	57,46	21,79	64	2825	61,57	30,50	35	270	61,51	30,38
16	64	2825	59,73	26,60	19	322	58,91	24,87	46	2808	58,99	25,03
17	46	2808	57,17	21,17	35	270	60,70	28,65	64	2825	60,62	28,49
18	86	1013	56,05	18,79	86	831	58,54	24,08	45	1468	58,49	23,97
19	35	270	56,68	20,14	92	1510	58,13	23,21	45	29	65,22	38,23
20	45	1468	56,50	19,76	96	2934	65,26	38,32	96	2934	58,03	23,00

GSt (%): ganho individual de seleção em relação à média fenotípica da melhor testemunha (47,18); u + g: valor genético predito.

### 5.5 Seleção de famílias

Em geral, a classificação das 20 principais famílias variou ligeiramente com a adoção das covariáveis de competição. Porém os valores genéticos preditos para IMA ( $u+a$ ) aumentaram com o uso das covariáveis indicando que os ganhos com a seleção seriam subestimados nesses locais sem o ajuste dos dados via análise usual (Tabela 5). A família 96 aparece em destaque nos 3 rankings ocupando a primeira posição em todos eles. Observa-se que a família 69 só foi selecionada no ranking utilizando a covariável 8 vizinhos e a família 46 apareceu somente nos rankings sem covariável e covariável 2 vizinhos. A coincidência entre as famílias selecionadas foi de 95%, uma vez que apenas a última família selecionada diferiu nos 3 rankings apresentados.

**Tabela 5.** Relação das 20 famílias de meio-irmãos com base nos preditos para o caráter IMA em relação à média geral das progênies para a variável IMA ( $m_3$  ha<sup>-1</sup> ano<sup>-1</sup>) aos 3 anos de idade sem covariável e com covariáveis 8 e 2.

Ordem/ Modelos	sem cov			cov 8 vizinhos			cov 2 vizinhos		
	Família	(u + a)	GS%	Família	(u + a)	GS%	Família	(u + a)	GS%
1	96	61,73	40,98	96	62,91	43,68	96	62,82	43,46
2	64	61,09	39,51	87	61,27	39,93	64	61,52	40,50
3	74	60,19	37,46	64	61,26	39,91	74	61,07	39,47
4	87	59,74	36,44	31	60,57	38,32	87	60,85	38,97
5	31	59,21	35,23	74	60,56	38,31	31	60,43	38,00
6	17	57,96	32,37	17	59,19	35,19	17	58,92	34,55
7	86	57,26	30,76	86	58,35	33,26	86	58,03	32,53
8	93	56,30	28,58	93	57,90	32,23	93	57,63	31,62
9	21	56,05	28,01	21	56,92	30,00	9	57,10	30,39
10	9	55,91	27,69	9	56,75	29,60	21	56,85	29,82
11	94	54,85	25,27	94	56,43	28,88	94	55,63	27,05
12	55	54,47	24,41	55	55,40	26,52	55	55,05	25,71
13	28	53,72	22,69	75	54,20	23,79	28	53,83	22,94
14	75	53,48	22,14	89	53,37	21,88	75	53,73	22,71
15	89	52,24	19,29	63	53,32	21,77	91	53,31	21,75
16	3	52,18	19,16	3	53,24	21,60	89	53,04	21,14
17	63	52,05	18,86	91	53,19	21,47	3	53,00	21,05
18	91	51,92	18,58	28	53,03	21,11	63	52,87	20,73
19	95	51,66	17,99	95	52,72	20,40	95	52,58	20,09
20	<u>46</u>	51,53	17,68	<u>69</u>	51,34	17,25	<u>46</u>	52,05	18,88

GS (%): ganho individual de seleção em relação à média geral das progênies (43,7872) em porcentagem;  
u + a: valor genético aditivo predito

A correlação de spearman foi considerada altíssima (0,98) quando comparamos os rankings sem covariável e covariável 2, que mostra que poucas famílias ocuparam posições diferentes nestes ordenamentos. Já a correlação entre os rankings sem covariável e covariável 8 e entre covariável 2 e covariável 8 foram considerados baixos e iguais a 0,60.

## **6– DISCUSSÃO**

### **6.1 Teste da razão de verossimilhança (LRT)**

Um dos grandes desafios do melhoramento é recomendar genótipos superiores para as plantações em escala comercial que consigam abranger vários locais distintos (COUTINHO, 2017). Assim, analisar a interação G×A e seus efeitos é importante de modo que diferentes estratégias podem ser adotadas, afim de explorar os efeitos da interação em cada ambiente (PIRES et al., 2011).

Sem a correção pelo uso da covariável, a interação genótipos × ambientes não apresentou diferenças significativas. A partir do uso da covariável essa interação passa a ser significativa indicando que existem diferenças quanto ao desempenho das progênies em relação aos diversos ambientes. Para contornar isso podem ser estabelecidas zonas são de modo que, dentro delas a interação G×A seja mínima e cada uma seguirá um programa de melhoramento específico (RESENDE, 2005). Quando a seleção é realizada simultaneamente em diferentes ambientes quando na verdade deveria ter sido feita em cada ambiente individual, há uma redução do ganho genético uma vez que a interação G×A provoca uma resposta diferencial dos genótipos em relação a estabilidade e adaptabilidade (SANTOS et al., 2016; TEODORO et al., 2016).

A mudança ocorrida na significância dos efeitos genéticos das progênies a partir do uso das covariáveis indicam a existência ou não de diferenças genéticas entre os materiais que é um requisito fundamental para a seleção objetivando ganho genético. Quando existe diferença significativa entre progênies significa que seus efeitos explicam parte da variação total, o que demonstra a possibilidade de obtenção de ganhos mediante a seleção dessas características.

No caso da característica DAP a correção feita pela covariável muda completamente a decisão do melhorista em relação à diferença genética das progênies, podendo ter um impacto

ainda maior no caso da seleção indireta que muitas vezes é utilizada para inferir sobre caracteres de baixa herdabilidade e difícil medição e identificação (GOLDENBERG, 1968); (MARTINS et al., 2003); (ISHIBASHI, 2018). Correlações genéticas altas e positivas variando de 0,90 a 0,97 entre DAP, altura, volume e IMA foram encontradas por Santos (2019) para o mesmo teste de progênies, evidenciando que a seleção com base no DAP pode ser realizada sem que haja perda nos ganhos fenotípicos e genotípicos das demais variáveis. Portanto, caso apenas DAP fosse utilizado na seleção, devido a facilidade de sua obtenção, a diferença genética entre os materiais seria desconsiderada.

## 6.2 Estimativa de parâmetros genéticos

A herdabilidade individual obtida pela covariável não foi significativamente alterada pela análise sem ajuste ou com ajuste por covariáveis. Resultados semelhantes foram vistos por Resende et al. (2005) e Ishibashi et al. (2017) testando diversos modelos de competição em experimentos com eucalipto e pinus. Esses autores não obtiveram reduções nas estimativas de herdabilidade entre a análise tradicional indicando que a competição no conjunto de dados estudado a competição era puramente ambiental.

Um dos parâmetros genéticos que possui maior importância é a herdabilidade que quantifica a fração da variação fenotípica de natureza herdável ao longo das gerações de melhoramento, passível de ser explorada na seleção (RESENDE, 2002). A herdabilidade no sentido restrito apresentou valores moderados e a sobrevivência apresentou herdabilidade baixa em todas as análises o que indica que este é um caráter fortemente influenciado pelo ambiente neste teste de progênies do presente estudo (NUNES, 2018; SANTOS, 2019).

A superioridade da herdabilidade média de progênies ( $h^2_{mg}$ ) em relação à herdabilidade genética aditiva ( $h^2_a$ ) tem sido observada em muito trabalhos com diferentes espécies em *Pinus maximinoi* (ETTORI; SATO; SHIMIZU, 2004) e *Eucalyptus cloeziana* (BERTI et al., 2011) e sugerem maiores possibilidades de ganhos pela seleção das melhores progênies do que dentro de progênies (SATO et al., 2007). A  $h^2_{mg}$  é estimada quando se usam médias como unidade de avaliação e de seleção e possui maior nível de precisão, em razão da diminuição dos erros experimentais e incremento do número de repetições (PINTO et al., 2014); (VENCOVSKY, 1992). Assim, pode-se assumir que a seleção pode ser mais eficiente com base nas médias de progênies do que em plantas individuais e que as herdabilidades estimadas nesse trabalho para crescimento e produtividade em *E. dunnii*, são adequadas para a possibilidade de obtenção de ganhos genotípicos com a seleção. Ou seja, com esse valor de herdabilidade, a seleção

individual com base apenas no fenótipo pode ser considerada eficiente (RESENDE, 2007; MAIA et al., 2009; RAMALHO et al., 2012; ROSADO et al., 2012).

Considerando a escala de magnitude de acurácias proposta por Resende e Duarte (2007), os valores genéticos das características de crescimento avaliadas nesse estudo foram preditos com médias acurácias. Ao incorporar as covariáveis nas análises foi observado um aumento dos valores deste parâmetro, evidenciando que as herdabilidades estimadas para as características de crescimento, são adequadas e demonstram a possibilidade de obtenção de ganhos genotípicos com a seleção dos melhores clones, sobretudo quando utiliza as covariáveis número de vizinhos vivos. Este fato reforça a importância da inclusão do fator competição na avaliação e seleção em testes de progênies.

O aumento da correlação genética (*rgloc*) após a inclusão das covariáveis demonstra que as mudanças de ordenamento de genótipos nos diferentes ambientes diminuem ao se considerar as covariáveis. Alta ou baixa *rgloc* é devida à complexidade de cada característica em interagir com o ambiente (GION et al., 2011) e quanto maior for *rgloc*, menor será a interação GxA do tipo complexa. Essa interação genótipos × ambientes (G×A) refere-se aos diferentes comportamentos dos genótipos em relação às variações ambientais (FALCONER, 1987). Os resultados encontrados apontam para um baixo *c<sup>2</sup>int* e consequentemente alta correlação entre o desempenho das progênies nos ambientes na análise conjunta entre os locais mediante a utilização das três metodologias propostas. Quando isso ocorre, constata-se que a interação é de natureza simples, ou seja, devida à mudança de variabilidade genética de um ambiente para outro não se configurando como sendo um problema para o melhorista, podendo ser utilizada a seleção dos indivíduos e/ou famílias com base em todos locais mediante ordenamento de seus valores genotípicos ( $u + g$ ) (PUPIN et al., 2015; GALLO et al., 2018).

Na seleção de genótipos superiores em programas de melhoramento existe a necessidade de que os modelos utilizados apresentem resultados com acurácia alta, ou seja, que as estimativas estejam próximas do valor real, e que a mesma esteja ligada às estimativas dos componentes da variância. Os valores para a acurácia de seleção foram elevados para praticamente todas as características analisadas (baixo apenas para sobrevivência) e aumentaram com o uso das covariáveis, demonstrando que a inclusão da competição torna a análise um reflexo do evento biológico, descrito de forma inferior via análise usual.

A natureza herdável de um caráter é determinada pela variância genética aditiva ( $\sigma_a^2$ ) presente naquela geração. Com isso, nota-se um aumento generalizado da variância genética devido a maior influência da alocompetição (competição entre genótipos diferentes), pois em

parcelas de planta única a competição intergenotípica tende a aumentar e cada genótipo responde de forma diferente à competição, resultando neste aumento (SCARPINATI et al., 2009). Na análise sem a covariável, como este efeito não é considerado a variância genética aditiva é menor.

A competição entre diferentes genótipos pode causar uma dominância em determinados materiais sobre outros, fazendo aumentar o erro experimental e amplitude entre os genótipos, O uso das covariáveis reduziram a variância residual ( $\sigma_e^2$ ) para DAP e H implicando em melhoria ambiental (PAVAN, 2012). Sendo assim a covariável assume um papel importante para melhoria na seleção dos materiais, corrigindo o erro experimental ao retirar a influência das plantas ausentes nas plantas adjacentes.

O uso das covariáveis causaram redução generalizada na variância de interação GxA ( $\sigma_{g \times a}^2$ ). Estes resultados sugerem que a competição entre materiais diferentes além de acentuar a magnitude genotípica dos materiais aumenta a diferença de um determinado genótipo em suas diferentes parcelas, conforme a agressividade competitiva de seu vizinho. Logo, quando o efeito da competição entre os diferentes materiais é corrigido pela covariável de competição intergenotípica, as estimativas do erro experimental tendem a diminuir como foi observado.

Outros autores também observaram o mesmo efeito da competição intergenotípica, Leornadecz-Neto et al, (2003), em teste de progênies obtiveram reduções significativas nas variâncias, em diferentes graus, nas diferentes espécies estudadas. Lins (2004) observou o mesmo efeito em três espécies arbóreas nativas do Brasil. Já, Scarpinati (2007) notou que a variância genotípica aumentou conforme o arranjo experimental (tamanho da parcela experimental) propiciando uma maior competição intergenotípica, porém esta sofreu redução, quando aplicada ao modelo matemático uma covariável de correção da competição.

### **6.3 Ordenamento dos indivíduos**

O uso das covariáveis ocasionaram mudanças no ranking dos melhores indivíduos, porém, sua não utilização pode acarretar em não contemplar indivíduos ou famílias que foram prejudicadas pela competição como foi comprovado neste estudo, indicando a importância de incluir o uso de covariáveis nas análises de rotina. Os ganhos obtidos após a inclusão das covariáveis foram maiores comparados com as análises sem seu uso. O aumento dos ganhos em relação às testemunhas comerciais e média de progênies ao se utilizar as covariáveis confirma que os mesmos seriam subestimados sem incorporar a competição nas análises.

Os ganhos obtidos pela seleção de famílias são inferiores ao de nível individual, uma vez que a seleção individual capitaliza  $\frac{3}{4}$  da variância aditiva enquanto a seleção entre famílias apenas  $\frac{1}{4}$ . Isso significa que realizar a seleção de toda uma família pode ocasionar o cruzamento de indivíduos aparentados, resultando na perda de alelos favoráveis e na diminuição do vigor (BERTI et al., 2011).

Apesar da alta coincidência entre os rankings, valores de correlação de spearman diferiram entre os rankings, indicando que os genótipos e suas famílias mudaram de posição a partir do uso da covariável. Os rankings utilizando 2 vizinhos foram, de forma geral, os mais semelhantes em relação a posição no ordenamento ao ranking sem a covariável.

É importante mencionar que houve aumento dos ganhos em relação às testemunhas comerciais e média de progênies ao se utilizar as covariáveis. Esses ganhos seriam subestimados sem incorporar a competição nas análises.

#### **6.4 8 vizinhos vs 2 vizinhos**

Comparando as análises utilizando 8 e 2 vizinhos não foram constatadas diferenças expressivas que justifiquem a escolha de mais ou menos vizinhos utilizando covariável. Definir uma zona exata em que ocorre a influência de árvores vizinhas competidoras é uma atividade complexa (TONINI, 2007). Entretanto é mais realista assumir que a competição decresce com o aumento da distância uma vez que existe melhoria já comprovadas na predição de modelos de crescimento quando o sombreamento causado por árvores mais próximas é levado em consideração no cálculo de competição como demonstra Boivin et al (2010). A melhoria nas predições está associada ao fato de que a competição influencia o tamanho da copa de cada árvore individual, o que reflete na interceptação de luz, capacidade fotossintética e até mesmo na sobrevivência (THORPE et al., 2010).

Este estudo demonstrou que ao utilizar apenas os vizinhos mais próximos aumentamos a competição através da disposição entre plantas, intensificando-se as diferenças entre os genótipos, e como consequência, a amplitude entre o melhor genitor e o pior como foi observado também por Scarpinati et al, (2009). Este fato demonstra que ao incorporar a competição nas análises, as diferenças entre os genótipos tornam-se mais evidentes e como consequência, a amplitude entre o melhor e pior genitor aumenta, como também foi constatado por Scarpinati et al. (2009) que encontrou amplitudes variando de 9 a 20 m<sup>3</sup> ha<sup>-1</sup> ano<sup>-1</sup> em estudos de competição.

## 7– CONCLUSÕES

O uso da covariável número de vizinhos ocasionou melhoria nas análises devido a diminuição do erro experimental e aumento da acurácia, demonstrando que a inclusão da competição intergenotípica reflete mais fielmente a realidade das relações entre plantas nos testes de progênies.

Com a inclusão da covariável o efeito da interação genótipos x ambiente passou a ser significativo, além de demonstrar que grande parte da variação de DAP é devida a competição intergenotípica, sendo mais influenciada pelos vizinhos mais próximos a planta focal.

Houveram mudanças na escolha dos materiais após a inclusão das covariáveis e aumento da magnitude genotípica dos materiais, sugerindo que a competição atua de forma expressiva aos 3 anos.

## 8– REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BERTI, C. L. F. et al, Variação genética, herdabilidades e ganhos na seleção para caracteres de crescimento e forma em teste de progênies de polinização aberta de *Eucalyptus cloeziana*, **Revista do Instituto Florestal**, v. 23, n. 1, p. 13–26, 2011.

BOIVIN, F.; PAQUETTE, A.; PAPAİK, M. J.; THIFFAULT, N.; MESSIER, C. Do position an species identity of neighbours matter in 8-15 years-old post harvest mesic stands in the boreal mixedwood? **Forest Ecology and Management**, v. 260, n. 7, p.1124-1131, 2010.

ETTORI, L. C.; SATO, A. S.; SHIMIZU, J. Y. Variação genética em procedências e progênies mexicanas de *Pinus maximinoi*. **Revista do Instituto Florestal**, v. 16, n. 1, p. 1–9, 2004.

FALCONER, D. S. **Introdução a genética quantitativa**, Viçosa: Viçosa UFV, 1987.

FURLAN, R. A. **Seleção de clones de eucalipto para tolerância à seca no nordeste do Brasil**, 2018, 99 f. Tese (Doutorado em Ciência Florestal) – Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agronômicas, Botucatu, 2018.

GALLO, R. et al. Growth and wood quality traits in the genetic selection of potential *Eucalyptus dunnii* Maiden clones for pulp production. **Industrial Crops and Products**, v. 123, n. May, p. 434–441, 2018.

GION, J. M. et al. Comprehensive genetic dissection of wood properties in a widely-grown tropical tree: *Eucalyptus*, **BMC Genomics**, v. 12, n. 5, p. 301, 2011.

GOLDENBERG, J. B. El empleo de la correlación en el mejoramento genético de las plantas. **Fitotecnia Latinoamericana**, v. 5, n. 2, p. 1-8, 1968.

ISHIBASHI, V. **Ajuste de efeitos de competição na seleção genética de Pinus taeda L**, 2017, Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Paraná, Paraná, PR, 2017.

VENCOVSKY, R. **Genética biométrica no fitomelhoramento**, Ribeirão Preto: Ribeirão Preto Sbg, 1992.

LEONARDECZ-NETO, E.; VENCOVSKY, R.; SEBBENN, A. M. Ajuste para a competição entre plantas em teste de progênes e procedências de essências florestais. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 63, p. 136-149, 2003.

LI, C. et al. Genetic parameters for growth and wood mechanical properties in *Eucalyptus cloeziana* F, Muell. **International Journal on the Biology, Biotechnology, and Management of Afforestation and Reforestation**, Dordrecht, v. 48, n. 1, p. 33-49, 2017.

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

MARTINS, I. S.; CRUZ, C. D.; REGAZZI, A.; J.; e 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, 2003.

PAVAN, B.; E. et al. Efeito competitivo em testes de progênes de eucalipto, **Ciencia Florestal**, v.22, n.3,p.433-443, 2012.

PAVAN, B, E, **Competição em testes de progênes de eucalipto e suas implicações na seleção e no melhoramento**, Tese (Doutorado)- Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, Câmpus de Jaboticabal, São Paulo, SP, 2009,

PIRES, N. C. A.; NIETO, V. M.; SANTOS G. A.; BAQUERO L. S. (eds.). **Mejoramiento genético de eucalipto. Corporación Nacional de Investigación y Fomento Forestal-CONIF®**. Bogotá D.C., Colombia. p.280, 2017.

PINTO, D.; S. Seleção precoce para características de crescimento em testes clonais de *Eucalyptus urophylla*. **Scientia Forestalis/Forest Sciences**, v. 42, n. 102, 2014.

PUPIN, S.; D. S., A.V.D. A.; ZARUMA, D. U. G.; MIRANDA, A. C.; DA SILVA, P. H. M.; MRINO, C. L; SEBBENN, M. L.; DE MORAES, M. L.T. Produtividade, estabilidade e adaptabilidade em progênes de polinização aberta de *Eucalyptus urophylla* ST Blake. **Scientia Forestalis**, v.43, n.105, p.127-134, 2015.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. **Genética na agropecuária**, 5. ed. Lavras: Editora UFLA, 2012.

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

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n.4, p. 330-339, 2016.

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

RESENDE, R. T.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. F.; TAKAHASHI, E. K. Acurácia preditiva de testes clonais de *Eucalyptus* spp, utilizando efeitos aditivos do parentesco validação cruzada. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 45, n. 113, p. 39-47, 2017.

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

ROSADO, A. M.; ROSADO, T. B.; ALVES, A. A.; LAVIOLA, B.G.; BHERING, L.L. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e 68 adaptabilidade, **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.47, n.7, p.964-971, jul, 2012.

SANTOS, O. P.D. **Produtividade, qualidade da madeira e interação genótipo x ambiente do Eucalyptus dunnii Maiden no Sul do Brasil**, 2019. Dissertação (Mestrado)- Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, 2019.

SATO, A. S. et al, Seleção dentro de progênies de *Eucalyptus resinifera* aos 21 anos de idade em Luiz Antônio – SP. **Revista do Instituto Florestal**, v.19, n.1, p.93-100, 2007.

SCARPINATI, E. A. **Influência do modelo de análise estatística e da forma das parcelas experimentais na seleção de clones de Eucalyptus spp**, Jaboticabal, 2007, 58f. Dissertação (mestrado em Agronomia)-Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2007.

SCARPINATI, E.A.; PERECIN, D.; PAULA, R. C. D.; BONINE, C. A. V.; PAVAN, B. E.; CANDIDO, L. S. Influência do modelo de análise estatística e da forma das parcelas experimentais na seleção de clones de *Eucalyptus* spp, **Revista árvore**, v. 33, n.4, p.769-776, 2009.

THORPE, H. C.; ASTRUP, R.; TROWBRIDGE, A.; COATES, K. D. Competition and tree crowns: a neighborhood analysis of three boreal tree species, **Forest Ecology and Management**, v.259, n.8, p. 1586-1596, 2010.

TONINI, H. Índices de competição e uso na modelagem do crescimento de árvores, **Embrapa Roraima- Documentos (INFOTECA-E)**, 2007.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa, In: PATERNIANI, E. E VIEGAS, G. P. (coord.). **Melhoramento e Produção de Milho no Brasil**, 2 ed. Campinas, Fundação Cargill,1987,p.137-2.

## CAPÍTULO 2: USO DA COVARIÁVEL NÚMERO DE VIZINHOS NA ANÁLISE GENÉTICA DE TESTE CLONAL DE *Eucalyptus dunnii*

### RESUMO

O presente trabalho teve como objetivo determinar o impacto da covariável número de vizinhos vivos em três locais, no estado do Rio Grande do Sul. Os experimentos foram conduzidos nas áreas da empresa CMPC Celulose Riograndense, nos municípios de Lavras do Sul, Dom Feliciano e São Jerônimo. Os testes clonais de *Eucalyptus dunnii* continham um total de 75 diferentes clones de eucalipto, plantados em espaçamento de 3,50 × 2,14 m com delineamento de blocos ao acaso, parcela de árvore única e 20 repetições. Como testemunha, foi utilizado o clone comercial de *E. dunnii* (D25). O diâmetro à altura do peito (DAP), a altura total das árvores (Ht), a sobrevivência, o volume (VOL), o incremento médio anual (IMA) e penetração de Pilodyn dos testes foram mensurados. A partir dos dados coletados, foram realizadas análises genéticas utilizando o software Selegen REML/BLUP. Constatou-se que a significância dos efeitos de genótipo e da interação  $G \times A$  foram modificados para algumas variáveis a partir da utilização das covariáveis de competição. Maiores valores de acurácia e herdabilidade foram encontrados após a utilização das covariáveis indicando maior confiabilidade na seleção. Valores de correlação genética entre os ambientes foram maiores após o ajuste, possibilitando a seleção com base em todos os locais com base em seus valores genotípicos preditos e maior uniformidade dos materiais considerando os três locais. Baixos coeficientes de correlação de Spearman foram encontrados entre os rankings com e sem as covariáveis, indicando variações expressivas no ordenamento dos indivíduos selecionados. Essa mudança na escolha dos clones superiores reforça a importância da inclusão das covariáveis nas análises genéticas em testes clonais, como possibilidade de ponderar pelo número de vizinhos vivos uma possível superioridade causada pela morte dos indivíduos circundantes e não por mérito genético.

Palavras-chave: Melhoramento florestal; Interação Genótipos × Ambientes ( $G \times A$ ); Testes clonais; Covariável de competição

## ABSTRACT

This study aimed to determine the impact of the covariate number of living neighbors in three locations in the state of Rio Grande do Sul. The experiments were carried out in the areas of the company CMPC Celulose Riograndense, in the municipalities of Lavras do Sul, Dom Feliciano and São Jerome. The clonal tests of *Eucalyptus dunnii* contained a total of 75 different eucalyptus clones, planted at a spacing of  $3.50 \times 2.14$  m in a randomized block design, single-tree plot and 20 replicates. As a control, the commercial clone of *E. dunnii* (D25) was used. Diameter at breast height (DBH), total tree height (Ht), survival, volume (VOL), mean annual increment (IMA) and Pilodyn penetration of the tests were measured. From the data collected, genetic analyzes were performed using the Selegen REML/BLUP software. It was found that the significance of the effects of genotype and  $G \times A$  interaction were modified for some variables from the use of competition covariates. The accuracy and heritability values found after using the covariates were higher, indicating greater reliability in the selection and that more of the phenotypic variation is attributed to genotypic variation after adjustment via the covariate. Genetic correlation values between environments were higher after adjustment, enabling selection based on all locations based on their predicted genotypic values and greater uniformity of materials considering the three locations. Low Spearman correlation coefficients were found between the rankings with and without the covariates, indicating expressive variations in the ordering of selected individuals. Clones 1,4, 22, 26, 29, 32, 35 and 48 were selected after adjusting the covariates for the IMA characteristic and 16, 18, 23 and 42 for the basic density. This change in the choice of superior clones reinforces the importance of including covariates in genetic analyzes in clonal tests, as the possibility of considering by the number of living neighbors a possible superiority caused by the death of surrounding individuals and not by genetic merit.

Keywords: Forest improvement; Genotypes  $\times$  Environments Interaction ( $G \times A$ ); Clonal tests; Competition covariate

## 1– INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento genético no Brasil, consideraram durante décadas apenas a taxa de crescimento das árvores representadas pelo incremento médio anual (GOMIDE et al., 2005). Recentemente o termo qualidade da madeira tem assumido um aspecto fundamental nos diferentes segmentos do mercado, possibilitando a geração de produtos com alta qualidade (SEGURA et al., 2017).

Para a indústria de celulose e papel, a qualidade é caracterizada pela determinação da densidade básica, teor de lignina, teor de extrativos, tamanho das fibras, rendimento da polpação e consumo de madeira para produção de celulose (GOMIDE et al., 2010). Neste contexto, a realização dessas análises em programas de melhoramento de eucalipto torna-se indispensável para a determinação da qualidade, objetivando a maximização de ganhos na produção de celulose (CAIXETA et al., 2003; GOMIDE et al., 2010; PROTÁSIO et al., 2014).

Dentre os diversos componentes da qualidade da madeira, a densidade básica pode ser considerada um índice universal pois é capaz de fornecer informações indiretas sobre outras características tecnológicas (NUNES et al., 2017; GOMIDE et al., 2014). No entanto sua determinação muitas vezes é realizada por métodos caros, destrutivos e demorados o que inviabiliza sua utilização (RAYMOND E APIOLAZA, 2004). Uma alternativa é fazer uso de métodos em árvores vivas, com o emprego de resistógrafo, pilodyn, densitometria de raios X e espectroscopia no infravermelho próximo (NIRS) (PÁDUA, 2009; DIAS, 2011; GOUVÊA et al., 2011; ARANTES et al., 2016).

A densidade é uma característica influenciada principalmente pela genética da espécie, ambiente e a interação entre esses dois fatores (RUY, 1998). Apesar da relevância da interação G×A, poucos são os trabalhos que abordam essa interação considerando características de qualidade da madeira com o clima, solo, disponibilidade hídrica, radiação solar, ventos, relevo e localização geográfica. Devido à competição intergenotípica esses recursos não estão disponíveis igualmente entre as plantas e ao competir de maneira diferenciada, os genótipos mais agressivos podem expressar maior capacidade de aproveitamento do ambiente, resultando em incrementos na produtividade (SCARPINATI et al., 2019).

Existe ainda uma relação entre competição e distância entre árvores representada pelo espaçamento nos plantios, diretamente ligada com a produtividade e qualidade da madeira. O estresse competitivo tende a aumentar à medida que a área útil da planta diminuiu como reportado por Thorpe et al (2010) utilizando dois espaçamentos diferentes. O aumento da densidade de

plântio intensifica a competição e acarreta maiores taxas de árvores dominadas e mortalidade, o que tem efeito direto no crescimento e produtividade e pode resultar na baixa densidade da madeira (MALAN, 1995; MORAIS, 2006); (MOULIN et al.,2017; JUNIOR et al.; 2021). Interações genéticas diferenciadas também foram observadas em estudos com vizinhos que são mais influentes em relação a planta-focal de acordo com a distância entre as árvores

Nos testes clonais é comum alta densidade de plântio em função do número de materiais a serem testados. Essa diminuição da distância entre plantas é um fator predominante nos efeitos da competição e que pode influenciar na escolha dos materiais superiores (THORP et al., 2010).

## **2– OBJETIVOS**

Avaliar o impacto do uso da covariável número de vizinhos na seleção genética em teste clonal de *Eucalyptus dunnii* estabelecidos em 3 locais diferentes.

## **3– OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

Os objetivos específicos são:

- I. Analisar os parâmetros genéticos estimados por modelos com e sem uso a covariável número de vizinhos;
- II. Comparar o ordenamento de genótipos superiores, bem como o ganho genético predito a partir de modelos com e sem uso da covariável;
- III. Testar modelos com o uso de oito e dois vizinhos por árvore-alvo;
- IV. Verificar a interação genótipos por ambientes com o uso de modelos com e sem a covariável número de vizinhos vivos.

## **4- MATERIAIS E MÉTODOS**

### **4.1 Origem dos dados**

A área experimental da empresa CMPC Celulose Riograndense está localizada nos municípios de Lavras do Sul (TC1), Dom Feliciano (TC2) e São Jerônimo (TC3) no estado do Rio Grande do Sul. Os testes clonais seguiram o espaçamento de 3,50 × 2,14 m, totalizando uma área de 7,50 m<sup>2</sup> por planta. Foram utilizadas neste estudo 75 clones *E. dunnii* no TC1, 48 no TC2 e 37 no TC3, sendo os últimos clones comuns nos três testes. A instalação ocorreu no ano de 2013 em delineamento de blocos casualizados, com 20 repetições, parcela de planta única e bordadura dupla. As testemunhas utilizadas nestes ensaios foram 7 clones comerciais (*E. saligna*, *E. benthamii*, *E. urophylla* x *E. grandis* e três clones de *E. dunnii*) da empresa plantados dentro do experimento nos 3 testes seguindo o mesmo número de repetições, delineamento e número de árvores por parcela, dos demais clones testados. As informações sobre os tratamentos utilizadas neste estudo estão disponíveis na Tabela 1.

#### 4.2 Coleta dos dados

Os dados foram mensurados aos 3,5 anos de idade, o diâmetro à altura do peito (DAP – medido a 1,30 m da superfície do solo) e a altura total (Ht) das árvores dos experimentos. A mensuração do DAP foi realizada por meio do uso de uma fita diamétrica e a altura foi obtida com o uso do relascópio. Para calcular o volume da árvore VOL, foi utilizada a equação de Schumacher e Hall (1934) conforme descrita abaixo:

$$VOL = \frac{\pi \times DAP^2 \times Ht \times f}{40000}$$

Onde:

VOL= volume da árvore em m<sup>3</sup>;

DAP= diâmetro à altura do peito em cm;

Ht= altura total das árvores em m;

f= fator de forma adotado (0,405);

$\pi$  = razão entre a circunferência e diâmetro de um círculo (3,14159).

A sobrevivência foi avaliada a partir da contagem do número de árvores vivas por família no experimento, no momento das medições de DAP e Ht (3,5 anos de idade). Para este caráter foi aplicado o código 1 para as árvores vivas e código 0 para as árvores mortas.

A densidade básica foi determinada pelo método indireto do Pilodyn. Esse método consiste 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 71 de 6 joules (GREAVES et al., 1996). Uma secção retangular da casca no tronco com dimensões de 3 cm de comprimento e 2 cm de largura foi retirada na altura de 1,3 metros do solo (DAP), para permitir a penetração agulha de aço apenas no lenho da árvore. Através do disparo do gatilho do aparelho no tronco, foi medido a penetração da agulha em milímetros.

Foi realizada uma medição na face norte e outra na face sul da árvore, em virtude da madeira ser um material anisotrópico e apresentar características anatômicas diferentes ao longo do lenho, tais como nós internos, bolsas de resina, entre outros. Quando o resultado de alguma das duas leituras foi discrepante, foi realizada uma terceira leitura, desconsiderando a leitura anterior. Para as análises foi considerada a média das duas leituras.

Os dados de profundidade de penetração em milímetros (mm) coletados no equipamento foram convertidos para densidade básica em quilograma por metro cúbico ( $\text{Kg m}^{-3}$ ) por meio da multiplicação por um fator de conversão, proposto por Nunes (2015):

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

Onde:

$\bar{P}$  = Profundidade de penetração média do experimento;

F = fator de conversão a ser encontrado;

$\bar{D}$  =  $420 \text{ Kg m}^{-3}$ , densidade básica média da madeira de *E. dunnii* constatada em estudos anteriores na empresa

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 pelo Pilodyn e convertida para  $\text{Kg m}^{-3}$ ;

$P$  = profundidade de penetração do Pilodyn em cada árvore individualmente;

$F$  = fator de conversão para  $\text{Kg m}^{-3}$ .

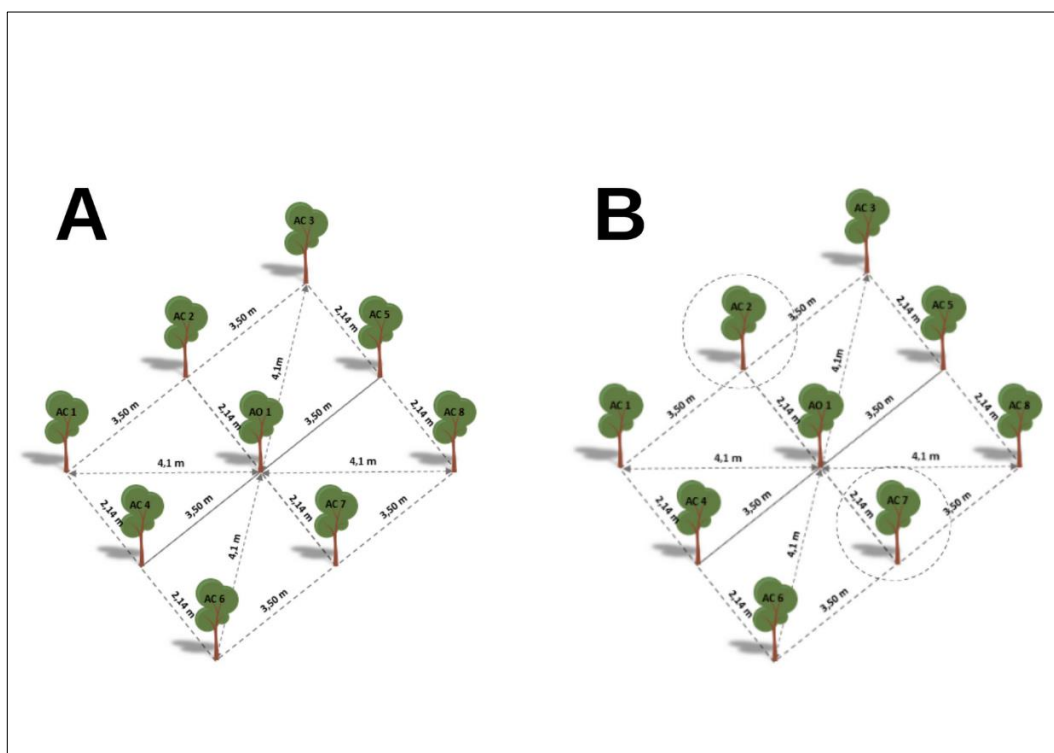
### 4.3 Contagem do número de vizinhos

#### 4.3.1 Considerando todos os vizinhos de uma árvore-focal

A análise foi realizada mediante a contagem do número de vizinhos vivos de cada clone, considerando que cada indivíduo possa apresentar no máximo 8 vizinhos (figura 1).

#### 4.3.2 Considerando os vizinhos mais próximos de uma árvore-focal

A análise foi realizada mediante a contagem do número de vizinhos vivos de cada clone, considerando que cada indivíduo possa apresentar no máximo 2 vizinhos (figura 1).



**Figura 1.** Croqui da distribuição das árvores no campo dos testes clonais com espaçamento  $3,50 \times 2,17\text{m}$ . A: considerando 8 árvores competidoras e B: considerando 2 árvores competidoras. AO1= árvore objeto e AC=árvore competidora.

#### 4.4 Análise de Covariância

Para ajustar a variável resposta, quando influenciada por uma variável adicional, utiliza-se normalmente a análise de covariância. Este método permite corrigir os dados de uma forma tal que as variações devidas à covariável sejam minimizadas, ou até mesmo anuladas, deste modo, é possível obter estimativas corretas dos componentes de variância e de outros parâmetros por meio desta obtidos (RESENDE, 2000).

As pressuposições desejadas para se proceder a análise, incluindo uma covariável, conforme Bhering e Teodoro (2021) são as seguintes:

- I. A covariável é uma variável quantitativa, medida sem erro e independente dos tratamentos;
- II. O resíduo deve ser normalmente distribuído com média zero e variância comum.

Para verificar as duas pressuposições deve-se realizar a análise de variância para a covariável, e verificar se existe diferença significativa entre os tratamentos, em caso negativo, conclui-se que a variação foi aleatória, e, portanto, a análise de covariância deve ser aplicada (BHERING e TEODORO, 2021).

As análises de variância das covariáveis foram efetuadas por meio do software RBio utilizando o modelo em DBC:

$$Y_{ij} = m + t_i + r_j + e_{ij}$$

Em que:

$Y_{ij}$  : é a variável dependente obtida no tratamento  $i$  no bloco  $j$ ;

$m$ : média geral do ensaio;

$t_i$  : efeito do  $i$ -simo genótipo;

$r_j$ : efeito do  $j$ -ésimo bloco;

$e_{ij}$ : erro aleatório

#### 4.5 Modelos Estatísticos

Para avaliar o efeito do uso da covariável, os caracteres serão analisados pelo procedimento REML/BLUP, proposto por Resende (2002), adequado aos testes de progênes e procedências de meios irmãos sob delineamento de blocos completos casualizados, em vários locais e uma planta na parcela. O modelo estatístico utilizado será:

$$y = Xr + \beta Cov + Zg + Wp + Ti + e, \text{ em que:}$$

$y$  é o vetor de dados, “ $r$ ” é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, “ $g$ ” é o vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como aleatórios), “ $p$ ” é o vetor dos efeitos de procedências (assumidos como aleatórios), “ $i$ ” é vetor dos efeitos da interação genótipo  $\times$  ambiente (aleatórios) e “ $e$ ” o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente  $\beta$  refere-se à regressão associada à covariável Cov. As letras romanas maiúsculas (X, Z, W e T) representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Para fins de comparação, os dados, que não considera a covariável número de vizinhos. O modelo estatístico será:

$$y = Xr + Zg + Wi + e, \text{ em que:}$$

$y$  é o vetor de dados, “ $r$ ” é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, “ $g$ ” é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), “ $i$ ” é vetor dos efeitos da interação genótipo  $\times$  ambiente (aleatórios), e “ $e$ ” o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas (X, Z e W) representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Os componentes de variância e parâmetros genéticos foram estimados para o caracteres IMA, DAP e volume. A significância do modelo estatístico foi obtida pela Análise de Deviance (ANADEV), pelo teste da razão da máxima verossimilhança (LRT) (RESENDE, 2007). As deviances serão obtidas conforme descrito por Resende (2007).

## 5– RESULTADOS

### 5.1 Pressupostos para análise de covariância

Verificou-se que as covariáveis 8 e 2 vizinhos não apresentaram interações significativas com os tratamentos, ou seja, não são afetadas pelos mesmos e desprovidas de erro no teste clonal localizado em Lavras do Sul (Tabela 1).

**Tabela 1.** Análise de Variância das covariáveis 8 e 2 vizinhos (ANCOVA) em Lavras do Sul (horto florestal Rincão dos Soares).

	FV	GL	SQ	QM	F
Cov-8	Rep	19	201	10,58	5,498*
	Trat	75	135,40	1,80	<u>0,94</u> <sup>ns</sup>
	Res	1425	2742,10	1,92	
	FV	GL	SQ	QM	F
Cov-2	Rep	19	31,10	1,63	3,69*
	Trat	75	28,40	0,37	<u>0,85</u> <sup>ns</sup>
	Res	1425	632,6	0,44	

<sup>ns</sup>: não significativo e \*: significativo ao nível de probabilidade de 0,05 de acordo com o teste Qui-quadrado. Qui-quadrado tabelado: 3,84

Não foram observadas interações significativas entre a covariável e os tratamentos para o teste clonal em Dom Feliciano como mostra a Tabela 2.

**Tabela 2.** Análise de Variância das covariáveis 8 e 2 vizinhos (ANCOVA) em Dom Feliciano (horto florestal Quitéria).

	FV	GL	SQ	QM	F
Cov-8	Rep	19	137,6	7,24	3,74*
	Trat	48	87,10	1,81	<u>0,93</u> <sup>ns</sup>
	Res	912	1764,80	1,93	
	FV	GL	SQ	QM	F
Cov-2	Rep	19	17,0	0,89	2,15*
	Trat	48	22,2	0,46	<u>1,12</u> <sup>ns</sup>
	Res	912	378,9	0,41	

<sup>ns</sup>: não significativo e \*: significativo ao nível de probabilidade de 0,05 de acordo com o teste Qui-quadrado. Qui-quadrado tabelado: 3,84

Resultados semelhantes foram encontrados no teste clonal localizado em São Jerônimo, indicando não existir interação significativa segundo o valor de F para  $p < 0,05$ .

**Tabela 3.** Análise de Variância das covariáveis 8 e 2 vizinhos (ANCOVA) em São Jerônimo (horto florestal Ramos).

	FV	GL	SQ	QM	F
Cov-8	Rep	19	191	10,05	5,15*
	Trat	37	60,60	1,63	<u>0,84</u> <sup>ns</sup>
	Res	703	1370,8	1,95	
	FV	GL	SQ	QM	F
Cov-2	Rep	19	22,34	1,17	2,70*
	Trat	37	14,85	0,40	<u>0,92</u> <sup>ns</sup>
	Res	703	305,91	0,43	

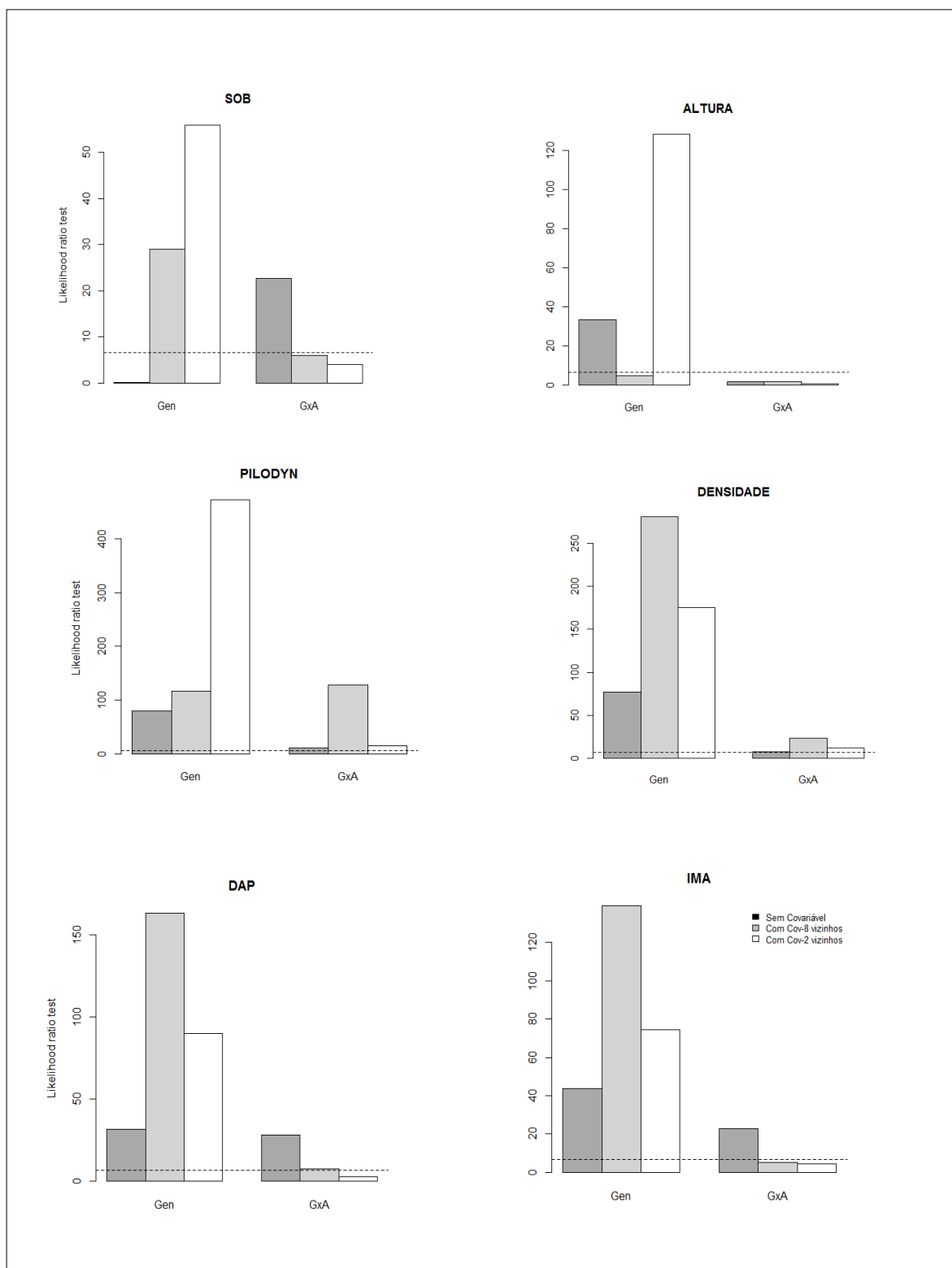
<sup>ns</sup>: não significativo e \*: significativo ao nível de probabilidade de 0,05 de acordo com o teste Qui-quadrado. Qui-quadrado tabelado: 3,84

Conclui-se, portanto que a variação foi aleatória e as covariáveis podem ser utilizadas para as variáveis de interesse em todos os 3 locais.

## 5.2 Teste da Razão de verossimilhança (LRT)

A significância do efeito genético foi alterada ao incorporar as covariáveis número de vizinhos nas análises para a variável sobrevivência que passou a ser significativa e altura que se tornou não significativa a partir da utilização da covariável 2 vizinhos. O efeito da interação genótipos  $\times$  ambientes deixou de ser significativo para DAP quando foi utilizado a covariável 2 vizinhos. Resultados semelhantes foram encontrados para IMA e SOB que tiveram valores de LRT não significativos depois da inclusão das covariáveis no modelo. As variáveis Pilodyn e Densidade mantiveram os valores de LRT significativos para ambos os efeitos depois da utilização das covariáveis (Figura 2).

**Figura 2.** Teste da razão de verossimilhança (LRT), com e sem o uso da covariável número de vizinhos, com 8 e 2 vizinhos, utilizando o teste Qui-Quadrado com 1 grau de liberdade ( $p < 0,01$ ) (representado pela linha tracejada) dos efeitos genéticos (Gen) e interação entre clones e ambientes (GxA), obtidas na análise conjunta dos ambientes de *E. dunnii* aos 3,5 anos.



### 5.3 Estimativa de parâmetros genéticos

Foram observados maiores valores de variância genética ( $\sigma_g^2$ ) e menores de variância da interação G×A ( $\sigma_{g \times a}^2$ ) após a utilização dos modelos com covariáveis. Maiores valores de variância fenotípica individual ( $\sigma_f^2$ ) e residual ( $\sigma_e^2$ ) foram encontrados após o ajuste pelas covariáveis (Tabela 4).

Neste estudo foram observados maiores valores de herdabilidade ao considerar as covariáveis nas análises. Valores moderados de herdabilidade individual no sentido amplo livre da interação para Pilodyn e densidade básica (Db), incremento médio anual (IMA) e diâmetro à altura do peito (DAP). Valores de herdabilidade baixos foram observados para os caracteres altura total (H) e sobrevivência (SOB), indicando ser características fortemente influenciado pelo ambiente nos casos de testes clonais.

Os valores genéticos das características de crescimento e qualidade da madeira avaliadas nesse estudo foram preditos com altas acurácias. Valores entre 0,95 e 0,85 foram observados para estas características, podendo ser classificadas como de alta precisão os caracteres DAP e H, VOL e IMA, e, de precisão muito alta, Pilodyn e Db. 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

A correlação genotípica entre os ambientes, foram em sua maioria, consideradas altas, sobretudo após a utilização das covariáveis e variaram de 0,68 a 0,99. O aumento verificado nessa estimativa após o ajuste das covariáveis indica maior estabilidade das características nos três ambientes, possibilitando a seleção com base em todos os locais mediante seus valores genotípicos.

**Tabela 4** - Estimativas de parâmetros genéticos (REML individual), para os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP em cm), altura total (H em m), incremento médio anual (IMA, em m<sup>3</sup> ha<sup>-1</sup> ano<sup>-1</sup>), Pilodyn (mm) densidade básica (Db em Kg m<sup>3</sup>) para clones de *E. dunnii*, avaliados na análise conjunta entre os ambientes.

Parâmetros/ Componentes	DAP (cm)			H (m)			IMA (m <sup>3</sup> ha <sup>-1</sup> ano <sup>-1</sup> )		
	Sem Cov	Cov (8)	Cov (2)	Sem Cov	Cov (8)	Cov (2)	Sem Cov	Cov (8)	Cov (2)
$\sigma_g^2$	2,29	2,99	3,13	0,52	0,69	0,70	112,97	143,08	146,65
$\sigma_{g \times a}^2$	1,06	0,07	0,07	0,08	0,01	0,01	35,92	2,42	3,18
$\sigma_e^2$	12,45	14,13	14,44	5,40	6,77	6,82	485,83	558,29	572,93
$\sigma_f^2$	15,80	17,25	17,69	6,01	7,69	7,74	634,73	704,55	723,32
<i>Acgen</i>	0,81	0,90	0,90	0,80	0,83	0,83	0,85	0,91	0,91
$h^2g$	0,15	0,17	0,18	0,09	0,09	0,09	0,18	0,20	0,20
$h^2mg$	0,77	0,39	0,39	0,80	0,23	0,23	0,82	0,43	0,43
<i>rgloc</i>	0,68	0,98	0,98	0,86	0,98	0,98	0,76	0,98	0,98
<b>Média Geral</b>		<b>15,55</b>		<b>15,50</b>			<b>51,07</b>		

Parâmetros/ Componentes	Pilodyn (mm)			Db (Kg m <sup>3</sup> )			SOB		
	Sem Cov	Cov (8)	Cov (2)	Sem Cov	Cov (8)	Cov (2)	Sem Cov	Cov (8)	Cov (2)
$\sigma_g^2$	1,39	1,74	1,91	902,70	1251,29	1276,29	0,0007	0,0095	0,0090
$\sigma_{g \times a}^2$	0,20	0,09	0,01	117,27	14,68	8,36	0,0084	0,0006	0,0006
$\sigma_e^2$	2,98	3,15	3,14	2204,44	2327,74	2323,82	0,1998	0,1929	0,1951
$\sigma_f^2$	4,57	5,14	5,23	3224,42	3715,96	3729,59	0,2089	0,2045	0,2060
<i>Acgen</i>	0,90	0,93	0,95	0,89	0,93	0,94	0,70	0,78	0,77
$h^2g$	0,30	0,34	0,36	0,28	0,34	0,34	0,0034	0,0466	0,0435
$h^2mg$	0,91	0,60	0,63	0,91	0,60	0,61	0,0886	0,0028	0,1200
<i>rgloc</i>	0,87	0,95	0,98	0,89	0,99	0,99	0,77	0,94	0,93
<b>Média Geral</b>		<b>16,50</b>		<b>434,54</b>			<b>0,70</b>		

$\sigma_g^2$ : variância genotípica;  $\sigma_{g \times a}^2$ : variância da interação genótipos × ambientes;  $\sigma_e^2$ : variância residual;  $\sigma_f^2$ : variância fenotípica individual;  $h^2g$ : herdabilidade no sentido amplo;  $h^2mg$ : herdabilidade média de genótipo, assumindo a sobrevivência como completa; *Acgen*: acurácia da seleção de clones; *rgloc*: correlação genotípica entre os ambientes; Média Geral: Média geral dos caracteres entre os ambientes

#### 5.4 Ordenamento dos clones

Foram ordenados os 20 melhores clones de acordo com os valores genotípicos livres de interação (u+g) na análise conjunta dos 3 ambientes para a característica IMA (tabela 4) e Densidade básica.

Os valores genotípicos bem como os ganhos genéticos para a característica IMA encontrados após a utilização das covariáveis foram maiores que nas análises sem o ajuste demonstrando que a não utilização das covariáveis subestima esses valores. Foi observado também o aumento da amplitude entre o melhor e o pior clone selecionado, variando de 11,83 a 26,67 evidenciando que ao incluir a competição via covariáveis número de vizinhos, as diferenças entre os melhores e os piores genótipos ficam mais evidentes corroborando com os resultados de Scarpinati et al. (2009) com valores de amplitude variando de 9,32 a 19,98 utilizando covariáveis de competição.

Os 5 clones superiores selecionados pela análise sem a covariável foram 11, 9, 34, 54 e 14 e também foram encontrados no ranking para análise com covariável 8 e 2, permutando apenas a posição ocupada, exceto o clone 34 que ocupou a 8ª posição em ambas as análises com as covariáveis de competição. O ganho predito com base na média dos 5 melhores clones em relação a melhor testemunha (clone 80) foram diferentes nos três ordenamentos variando de 16 a 47%, considerados altos, evidenciando que maiores ganhos com o IMA podem ser obtidos quando as covariáveis são utilizadas.

Além da diferença no ganho predito, a testemunha comercial aparece em posições diferentes quando foi utilizado 8 vizinhos como covariável em comparação com o a análise sem o ajuste, não sendo observada entre os 20 melhores clones quando foi utilizado a covariável 2 vizinhos. Os materiais 1,4, 22, 26, 29, 32, 35 e 48 apareceram do ranking para a variável IMA após o ajuste feito pelas covariáveis o que confirma mudanças significativas e reforça a importância de incorporar essas covariáveis nas análises rotineiras.

Os 20 melhores clones foram ordenados para densidade básica de acordo com os valores genotípicos preditos (u+g) (Tabela 6). Os clones 16, 18, 23 e 42 foram selecionados apenas depois do ajuste pelas covariáveis e os clones 51 e 68 foram excluídos da seleção após o ajuste.

**Tabela 5** - Ordenamento dos clones por seus valores genotípicos (u+g) e ganhos preditos para IMA ( $m^3 ha^{-1} ano^{-1}$ ), na análise conjunta entre os 3 ambientes.

Ordem/ método	*sem cov			**cov 8 vizinhos			***cov 2 vizinhos		
	Genótipo	IMA (u + g)	GSt%	Genótipo	IMA (u + g)	GSt%	Genótipo	IMA (u + g)	GSt%
1	11	49,40	28,22	9	67,08	59,12	9	66,89	65,85
2	9	46,80	21,46	11	62,85	49,08	11	62,66	55,36
3	34	43,07	11,78	14	58,57	38,92	14	58,55	45,18
4	54	42,66	10,72	47	56,15	33,19	47	56,18	39,29
5	14	41,84	8,58	54	52,62	24,81	54	52,74	30,76
6	47	41,07	6,60	<u>35</u>	46,66	10,68	35	46,63	15,62
7	20	40,59	5,36	70	45,90	8,88	70	45,95	13,93
8	70	40,06	3,97	34	45,64	8,26	34	45,63	13,14
9	<u>27</u>	39,83	3,38	58	45,17	7,14	58	45,05	11,70
10	63	39,73	3,11	63	44,94	6,60	63	45,00	11,58
11	58	39,72	3,09	<u>22</u>	44,40	5,32	<u>22</u>	44,49	10,30
12	<u>8</u>	39,14	1,59	<u>4</u>	43,63	3,48	<u>4</u>	43,75	8,48
13	<u>21</u>	39,04	1,33	20	43,02	2,04	20	43,09	6,84
14	<b>80(t)</b>	38,53	0,00	<u>29</u>	42,92	1,80	29	42,98	6,56
15	65	38,22	-0,80	<u>48</u>	42,68	1,23	<u>48</u>	42,66	5,78
16	57	38,11	-1,10	<b>80(t)</b>	42,16	0,00	65	41,44	2,74
17	<u>40</u>	37,78	-1,95	65	41,26	-2,14	<u>32</u>	41,07	1,84
18	<u>25</u>	37,68	-2,19	<u>32</u>	41,05	-2,64	57	41,07	1,84
19	<u>66</u>	37,59	-2,44	57	40,98	-2,80	<u>1</u>	40,35	0,05
20	<u>33</u>	37,57	-2,48	<u>1</u>	40,17	-4,72	<u>26</u>	40,22	-0,28
Amplitude		11,83			26,91			26,67	
		*Ganho (u+g) dos 5 melhores clones em relação à testemunha (38,53): 16,15%							
		** Ganho (u+g) dos 5 melhores clones em relação à testemunha (42,16): 41,02%							
		*** Ganho (u+g) dos 5 melhores clones em relação à testemunha (40,33): 47,28%							

**Tabela 6** - Ordenamento dos clones por seus valores genotípicos (u+g) e ganhos preditos para Db (Kg m<sup>3</sup>) na análise conjunta entre os 3 ambientes.

Ordem/ método	*sem cov			**cov 8 vizinhos			***cov 2 vizinhos		
	Genótipo	Db (u + g)	GSt%	Genótipo	Db (u + g)	GSt%	Genótipo	Db (u + g)	GSt%
1	12	505,05	20,82	46	538,69	33,93	46	537,54	23,02
2	46	501,88	20,06	12	514,16	27,83	12	514,15	17,67
3	34	494,83	18,37	34	512,10	27,32	34	511,69	17,10
4	43	479,81	14,78	40	504,34	25,39	40	504,39	15,43
5	40	476,43	13,97	27	488,28	21,40	27	489,01	11,91
6	65	474,26	13,45	19	484,43	20,44	43	484,82	10,95
7	74	471,38	12,76	43	483,48	20,20	19	483,19	10,58
8	36	468,05	11,97	8	477,20	18,64	8	477,23	9,22
9	75	467,86	11,92	24	471,78	17,29	24	472,83	8,21
10	27	463,67	10,92	36	470,66	17,02	36	469,97	7,56
11	24	463,17	10,80	65	467,80	16,31	65	469,27	7,40
12	8	463,05	10,77	<u>18</u>	466,87	16,07	18	466,55	6,77
13	64	460,83	10,24	9	464,68	15,53	9	464,83	6,38
14	6	456,00	9,08	6	463,45	15,22	74	463,03	5,97
15	19	455,61	8,99	74	462,33	14,95	6	462,47	5,84
16	<u>68</u>	453,43	8,47	75	459,38	14,21	42	460,24	5,33
17	9	453,35	8,45	<u>16</u>	456,63	13,53	75	458,08	4,83
18	<u>51</u>	452,50	8,25	17	455,93	13,36	17	456,63	4,50
19	17	450,58	7,79	64	452,57	12,52	16	456,29	4,43
20	<u>42</u>	449,50	7,53	<u>23</u>	450,47	12,00	23	451,45	3,32
Amplitude		55,55			88,22			86,09	
*Ganho (u+g) dos 5 melhores clones em relação à testemunha (418,02): 17,60%									
** Ganho (u+g) dos 5 melhores clones em relação à testemunha (402,21): 27,17,02%									
*** Ganho (u+g) dos 5 melhores clones em relação à testemunha (436,21): 17,02%									

O ganho predito com base na média dos 5 melhores clones em relação a melhor testemunha (clone 80) variou de 17 a 27%, considerados altos, deixando evidente que maiores ganhos com a densidade podem ser obtidos quando as covariáveis são utilizadas.

A alta correlação de Spearman ( $r$ ) (0,84) encontrada entre o ordenamento obtido pelo uso das covariáveis 8 e 2, indicam que houveram poucas alterações no ordenamento dos clones para seleção para a variável IMA. Baixos valores de correlação de 0,21 e 0,33 foram encontrados entre os rankings de covariável 8  $\times$  sem covariável e covariável 2  $\times$  sem covariável, respectivamente. Em relação a densidade básica, os coeficientes exibiram valores baixíssimos de correlação (0,08) e (0,03) indicando extrema diferença nas posições ocupadas pelos clones, exceto quando comparamos os rankings entre covariável 8 e 2 que se mostraram semelhantes no ordenamento dos materiais com valor de correlação de spearman de 0,75.

Alguns indivíduos que seriam selecionados sem ajuste dos dados, principalmente os mais próximos das falhas causadas pela mortalidade das árvores, deixaram de ser selecionados após o ajuste dos dados como aconteceu com o clone 8, ocupando a 12<sup>o</sup> posição no ranking sem o uso da covariável e que não foi selecionado após o ajuste. Contudo, alguns indivíduos que foram selecionados antes pelo ajuste de dados e que não estavam próximos às falhas, permaneceram na seleção, como é o caso dos indivíduos 9 e 11 e 54 que ocuparam as primeiras posições independente de usar ou não o ajuste. Em relação a variável IMA, 35% dos clones entre os 20 selecionados na análise sem covariável não estão presentes no ranking da covariável 8 vizinhos. Essa diferença é ainda maior quando comparamos com o ranking utilizando 2 vizinhos, chegando a 40%. Para o ordenamento com base na densidade básica as diferenças são menores, com 15% dos clones diferentes entre o ranking sem a covariável e covariável 8 vizinhos e 20% quando comparamos com o ranking utilizando 2 vizinhos como covariável no modelo.

**Figura 2.** Detalhe do teste clonal que demonstra os indivíduos que seriam selecionados para IMA antes do ajuste pela covariável, após o ajuste e que permanece selecionado após o ajuste dos dados.

X	X	X	X	X	X	X	X	X	8	X	X	X	X	X
X	X	X	X	X	X	X	X	54	X	X	X	X	35	X
X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
X	26	54	X	X	X	X	X	X	X	11	X	X	X	9
X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
X	X	X	X	X	X	X	X	X	9	X	X	X	X	X
X	X	X	X	8	X	X	11	X	X	11	X	X	X	X
20	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X

	Selecionado antes e depois do ajuste
	Selecionado depois do ajuste
	Selecionado antes do ajuste
	Falha

## 6- DISCUSSÃO

### 6.1 Teste da razão de verossimilhança (LRT)

Sem a correção pelo uso da covariável, a interação genótipos  $\times$  ambientes mostrou-se significativa para a variável IMA, passando a ser não significativa após a inclusão das covariáveis. A mudança da significância após o ajuste indica que os genótipos dos 3 ambientes poderiam estar em apenas uma zona de melhoramento. Quando a interação  $G \times A$  é significativa mais zonas necessitam ser estabelecidas de modo que, dentro delas essa interação seja mínima e cada uma seguirá um programa de melhoramento específico (RESENDE, 2016).

A mudança ocorrida na significância dos efeitos genéticos dos clones a partir do uso das covariáveis só foram observadas na variável sobrevivência, provavelmente porque ela está

intimamente relacionada com o número de vizinhos vivos que é utilizada como covariável neste estudo. A existência de diferença significativa entre os genótipos indica que seus efeitos explicam parte da variação total, o que demonstra a possibilidade de obtenção de ganhos mediante a seleção dessa característica.

## 6.2 Estimativa de parâmetros genéticos

Ao avaliar os clones de *Eucalyptus* aos 3,5 anos de idade sob o uso das covariáveis observa-se um aumento da variância genotípica ( $\sigma_g^2$ ) em torno de 30% para as variáveis analisadas, com destaque para a densidade básica que teve a variância genotípica aumentada em torno de 40%. Scarpinati et al. (2009) analisando clones de eucalipto aos 3 anos de idade observaram que houve uma tendência no aumento da variância genotípica e variância fenotípica ( $\sigma_f^2$ ) causada pelo aumento da competição intergenotípica ao utilizar parcelas de tamanho menor e favorecer o aumento no nível de competição. O aumento da  $\sigma_g^2$  e  $\sigma_f^2$  demonstram que os dados ajustados pelas covariáveis aumentam a variação entre o melhor e o pior material genético e favorece a discriminação dos clones (AMARAL, 2016).

O aumento das variâncias implicou também no aumento da herdabilidade  $h_g^2$  que reflete o quanto da variação fenotípica é atribuída a variação genotípica, ou seja, as covariáveis foram capazes de elevar os valores de herdabilidade, indicando que as diferenças fenotípicas entre os indivíduos são causadas por diferenças genéticas entre os mesmos (SILVEIRA, 2007); (FALCONER e MACKAY, 1996).

Era esperado uma diminuição da variância residual após o ajuste com as covariáveis como observado por LeonardeczNeto et al. (2003), Ye e Jayawickrama (2008) e Pavan et al. (2012), porém um aumento foi observado por Ishibashi et al. (2017) utilizando diferentes covariáveis de competição em *Pinus taeda*.

Após o ajuste houve um expressivo aumento da correlação genética dos ambientes ( $rgloc$ ) acompanhado da diminuição da variância da interação genótipos  $\times$  ambientes ( $\sigma_{g \times a}^2$ ) que demonstram maior estabilidade dos genótipos nos três ambientes quando a competição é levada em consideração. Quando ocorre o contrário, ou seja, valores baixos para  $rgloc$  sugere que a performance relativa dos clones não é consistente nos ambientes da rede experimental, e

surge a interação G×A sendo necessário separar áreas específicas para determinados genótipos, para não prejudicar a seleção dos clones superiores (OSORIO et al., 2001).

O uso das covariáveis possibilitaram o aumento da acurácia de seleção de clones que mede a correlação entre o valor genético verdadeiro e o valor predito e permite discernir o método que conduz a maiores possibilidades de ganho (RESENDE et. al, 1995); (LEONARDECZ-NETO et. Al, 1999). 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).

### **6.3 Ordenamento dos clones**

Dentre os dois tipos de competição, intergenotípica e intra-genotípica, a intergenotípica é a mais importante para o teste genético, pois faz com que a amplitude entre os materiais aumente (JÚNIOR et. al, 2020). Esta é uma contribuição importante para futuros testes genéticos na seleção de genótipos superiores, pois como a competição influencia o desempenho dos materiais de forma diferenciada entre eles, isso pode levar à supressão de alguns genótipos que poderiam ser promissores, ou na supervalorização de materiais altamente competitivos (PAVAN et al., 2012). Os valores genéticos preditos para IMA utilizando a covariável mostraram um aumento no valor genético predito dos indivíduos e apenas 65% destes materiais foram encontrados no ranking sem covariável. As baixas correlações encontradas entre o ordenamento dos clones com e sem a covariável, indicam que existem diferenças importantes na posição dos genótipos e que a competição é um fator de extrema relevância em análise genética em testes clonais.

Os materiais genéticos podem apresentar aptidões diferenciadas com ou sem aumento do crescimento, ocasionadas pela falta de competição em virtude das falhas também observados por Pavan et al. (2012) e Ishibashi et al. (2017) em testes de progênies com idades superiores ao deste estudo. Alguns indivíduos podem ser selecionados sem ajuste dos dados, principalmente os mais próximos das falhas, e deixam de ser selecionados após o ajuste, como é o caso do genótipo 8 que provavelmente foi selecionado por ter sido beneficiado pela morte ou baixa competitividade de seus vizinhos e não pelo fato de ser geneticamente superior. Contudo, alguns indivíduos que foram selecionados previamente pelo ajuste e que não estavam próximos às vizinhas mortas, podem permanecer selecionados como foi o caso dos genótipos

9, 11 e 54 que ocupam posição de destaque nos rankings independente de corrigir ou não pela covariável, ou ainda o clone 20 que também foi selecionado antes e depois do ajuste, mas ocupa posições medianas nos rankings, variando de 7° a 13°. Devido a capacidade de se manter nas posições iniciais dos rankings antes e depois do ajuste, como o caso dos clones 9, 11 e 54, eles podem ser considerados materiais verdadeiramente superiores, pois não foram penalizados pela covariável.

A explicação para essas mudanças pode ser justificada pela idade do teste clonal, porém Nunes et al. (2018), estudando um teste clonal de eucalipto em parcelas lineares nas fases iniciais e parcelas quadradas nas fases finais, observaram que o efeito da competição atua diretamente sobre os indivíduos na fase final. Mas ressalta que a avaliação do efeito competitivo deve ser realizada em testes de progênies e clonais para garantir uma seleção adequada e eficiente. Conforme mostram os autores citados, esse ajuste para competição deve ocorrer a partir do momento em que a competição interfere na seleção do material genético, corroborando com este trabalho. Portanto o ajuste de modelos utilizando as covariáveis deve ser incluído no procedimento de rotina na análise para a seleção de clones.

## **7– CONCLUSÃO**

O uso das covariáveis número de vizinhos é eficiente para corrigir os efeitos da competição em testes clonais devido à melhoria na precisão experimental e eficiência da seleção aos 3,5 anos de idade, com aumento da acurácia e herdabilidade respectivamente.

As covariáveis reduziram a variância da interação G×A e ocasionaram aumento da correlação genotípica do desempenho das progênies nos três ambientes permitindo a eficiência da seleção simultânea para todos os locais. Além disso, a covariável teve impacto na significância dos efeitos da interação genótipos × ambientes, reforçando a escolha de somente uma zona de melhoramento.

Mudanças significativas no ranking foram observadas após o uso das covariáveis, demonstrando que diversos clones podem ser selecionados em virtude de melhores condições de crescimento devido as falhas das plantas vizinhas, e não devido ao seu mérito genético

## **8– REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

AMARAL, R. G. **Competição intergenotípica em clones comerciais de *Eucalyptus* spp. e seleção para plantios multiclonais**. Dissertação (Mestrado em Agronomia)- à Faculdade de Engenharia , Ilha Solteira, 2016.

BHERING, L.L, e TEODORO, P. E., **Estatística Experimental no Rbio**. 1.ed. – Curitiba: Brazil Publishing, 2021. DOI: 10.31012/ 978-65-5861-360-2 , ISBN: 978-65-5861-360-2.

SCARPINATI, E. A., PERECIN, D., PAULA, R. C. D., BONINE, C. A. V., PAVAN, B. E., CANDIDO, L. S. Influência do modelo de análise estatística e da forma das parcelas experimentais na seleção de clones de *Eucalyptus* spp, **Revista árvore**, v. 33, n.4, p.769-776, 2009.

FONSECA, S. M. ; RESENDE, M. D. V. ; ALFENAS, A. C. ; GUIMARAES, L. M. S.; ASSIS, T. F. ; GRATTAPAGLIA, D. (2010) **Manual prático de melhoramento genético do eucalipto**. 1. ed. Viçosa: Editora UFV, 200 p

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**, Viçosa, v. 27, n. 1, p. 43-51, 2003.

JUNIOR, H.J.E.; SOUSA, J. M. R.; GUERRA, S. P. S. Efeito da adubação mineral e densidade de plantio nas características dendrométricas de plantações de eucalipto de rápido crescimento. **Ciência Florestal**, v. 31, n. 1, p. 350-366, 2021.

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

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**, Colombo, v. 34, n. 78, p. 111-123, 2014.

MOULIN, J. C., Arantes, MDC, Oliveira, JGL, Campinhos, E., Gomes, F., Vidaurre, GB, 2017. Efeito do espaçamento, idade e irrigação sobre o volume e densidade básica em eucalipto. **Floresta e Ambiente**, Seropédica, v. 24, p. 1-10, 2017.

MORAIS, V. M. **Dinâmica de crescimento de eucalipto clonal sob diferentes espaçamentos, na região noroeste do Estado de Minas Gerais**. 2006. 75 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2006.

SCARPINATI, E.A.; PERECIN, D.; PAULA, R.C.; BONINE, C.A.V.; PAVAN, B.E.; CANDIDO, L.S. Influência do modelo de análise estatística e da forma das parcelas experimentais na seleção de clones de *Eucalyptus* spp. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 33, n. 4, p. 769-776, 2019

SEGURA, T.; PIMENTA, L.R.; MATTIAZZO, F.B; SILVA, F.M.; CRUZ, J.A.; SOUZA, L.O. Programa de controle da qualidade da madeira na Eldorado Brasil Celulose. **O PAPEL**, v. 78, n. 7, p. 82-89, 2017.

MALAN, F. A. *Eucalyptus* improvement for lumber production. In: SEMINÁRIO INTERNACIONAL DE UTILIZAÇÃO DA MADEIRA DE EUCALIPTO PARA SERRARIA,1., 1995, São Paulo. **Anais** [...]. Piracicaba: IPEF/IPT, 1995. p. 1-19.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding, **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. V. 16, n. 4, p. 330-339, 2016.

RESENDE, R. T.; MARCATTI, G. E.; PINTO, D. S.; TAKAHASHI, E. K.; CRUZ, C. D.; RESENDE, M. D. V. Competição intra-genotípica de clones de eucalipto gerada pela heterogeneidade ambiental pode otimizar a produtividade em povoamentos florestais. **Forest Ecology and Management**, v. 380, p. 50-58, 2016.

SILVEIRA, G. D. **Estimativas de parâmetros genéticos visando seleção de genótipos segregantes de soja**. Tese (Doutorado em Agronomia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, 2007.