

ANDREI CAÍQUE PIRES NUNES

**ANÁLISES BIOMÉTRICAS NA OTIMIZAÇÃO DO MELHORAMENTO  
GENÉTICO DE *Eucalyptus* spp.**

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

VIÇOSA  
MINAS GERAIS – BRASIL  
2018

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

T

N972a  
2018  
Nunes, Andrei Caíque Pires, 1991-  
Análises biométricas na otimização do melhoramento  
genético de *Eucalyptus* spp. / Andrei Caíque Pires Nunes. –  
Viçosa, MG, 2018.  
xi,115f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Inclui apêndices.

Orientador: Marcos Deon Vilela de Resende.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.

Inclui bibliografia.

1. Eucalipto - Melhoramento genético. 2. Biometria.  
3. Genética quantitativa. I. Universidade Federal de Viçosa.  
Departamento de Engenharia Florestal. Programa de  
Pós-graduação em Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22 ed. 634.973766

ANDREI CAÍQUE PIRES NUNES

**ANÁLISES BIOMÉTRICAS NA OTIMIZAÇÃO DO MELHORAMENTO  
GENÉTICO DE *Eucalyptus* spp.**

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

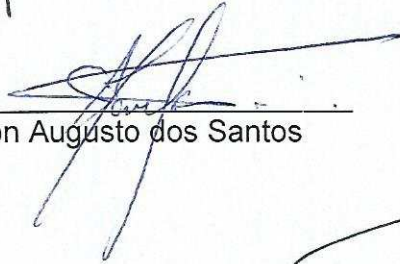
APROVADA: 15 de janeiro de 2018.



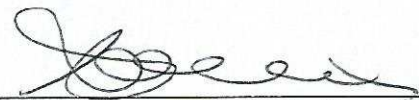
Alice Pita Barbosa




Thais Roseli Corrêa



Glêison Augusto dos Santos



Marcos Antônio Sattler



Leonardo Lopes Bhering  
(Presidente da banca examinadora)

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

## AGRADECIMENTOS

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

Ao CNPq, pelo apoio financeiro fundamental para realização deste trabalho.

Ao professor Marcos Deon Vilela de Resende, pela orientação e parceria, contribuindo, de forma singular, para o meu desenvolvimento profissional.

Ao professor Glêison Augusto dos Santos, pelos diversos trabalhos realizados em conjunto e ensinamentos, os quais foram fundamentais para a minha formação.

Ao professor Leonardo Lopes Bhering, pela participação como presidente da banca examinadora.

Às empresas CMPC Celulose Riograndense e Cenibra pela parceria, disponibilização de dados e discussões profissionais sobre este trabalho.

Aos avaliadores Alice Pita Barbosa, Thais Roseli Corrêa e Marcos Antônio Sattler por participarem da banca examinadora.

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

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

Aos funcionários da secretaria do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, Marco Tulio e Odilon, pelo apoio profissional e pela atenção.

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

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

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

## BIOGRAFIA

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

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

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

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

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

Em agosto de 2015, ingressou no Programa de Pós-graduação, em nível de Doutorado, em Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa, onde desenvolveu atividades de pesquisa em melhoramento genético do eucalipto, submetendo-se à defesa de tese em janeiro de 2018.

## RESUMO

NUNES, Andrei Caíque Pires, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, janeiro de 2018. **Análises biométricas na otimização do melhoramento genético de *Eucalyptus* spp.** Orientador: Marcos Deon Vilela de Resende.

As análises biométricas empregadas nos programas de melhoramento genético de espécies de *Eucalyptus* têm possibilitado a tomada de decisões por parte dos pesquisadores de forma acurada. Esses trabalhos vêm provendo relevantes informações sobre procedimentos e estratégias de melhoramento florestal. Levando em conta a necessidade de ampliação das informações acerca do entendimento de fenômenos biológicos impactantes na rotina de programas de melhoramento do eucalipto, esse estudo objetivou aplicar ferramentas biométricas para entendimento e resolução de problemas práticos, assim como propor novas estratégias para otimização de processos inerentes a esses programas. Dois diferentes experimentos clonais foram conduzidos na empresa CMPC Celulose Riograndense e um teste de progênies na empresa Cenibra. A partir do estudo do desempenho de clones de eucalipto em arranjos experimentais de parcela de planta única/*single-tree-plot* (PPU/STP) e parcelas quadradas/*square plot* (PQ/SP) realizados na CMPC Celulose Riograndense, foi possível constatar uma taxa de decréscimo de produtividade estimada para clones agressivos plantados em PPU em relação a PQ de 26%. Ademais, experimentos de eucalipto em PPU e PQ apresentam alta correspondência em termos de ordenamento genético. A partir da avaliação da habilidade competitiva de clones em PPU e PQ foram constatadas as seguintes classes de competição de clones: clones agressivos, homeostáticos e sensíveis à competição. Baseado nessas classes, foi proposto o plantio multiclonal otimizado, o qual propõe a combinação de clones agressivos e homeostáticos no plantio comercial, como uma forma de incrementar a produtividade média total do plantio. Avaliando-se o comportamento da interação genótipo por ambientes em testes clonais instalados na empresa CMPC Celulose Riograndense aos três e nove anos, constatou-se que o padrão de estratificação ambiental se modificou com o tempo para o caráter incremento médio anual (IMA,  $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$ ). A causa da mudança

da estratificação ao longo do tempo ocorreu devido ao caráter volumétrico em questão. Índices de seleção envolvendo caracteres de qualidade da madeira apresentam maior potencial de detecção de estratificação ambiental de forma precoce aos três anos. A estratificação em zonas de melhoramento se deu em virtude de similaridade de solos entre os ambientes avaliados. O uso de ferramentas biométricas possibilitou a otimização de seleção de um teste de progênies de famílias de irmãos completos de eucalipto instalados nas áreas da empresa Cenibra. Diversos cenários de montagem de pomares de sementes por mudas foram simulados. O cenário que maximizou os ganhos e minimizou a endogamia foi composto pelas sete melhores famílias com os melhores dez indivíduos em cada uma. Neste experimento constatou-se que os genótipos mais produtivos eram híbridos triplos, demonstrando a importância da busca pela heterose no melhoramento do eucalipto via cruzamento de genótipos superiores e divergentes geneticamente. Os resultados favoráveis em termos de ganho com seleção nas simulações dos cenários indicaram que, futuramente, este experimento poderá ser transformado em pomares de sementes por mudas. A correta utilização de ferramentas de Genética Quantitativa e Estatística permitiram a otimização dos programas de melhoramento do eucalipto propostos no presente trabalho, demonstrando a importância das análises biométricas na obtenção de resultados práticos, geração de novos conceitos e estratégias e tomadas de decisão acertadas pelo pesquisador.

## ABSTRACT

NUNES, Andrei Caíque Pires, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, January, 2018. **Biometric analyzes in the optimization of *Eucalyptus* spp genetic breeding.** Advisor: Marcos Deon Vilela de Resende.

Biometric analyzes used in the breeding programs of *Eucalyptus* species have allowed the researchers making decisions accurately. These works have provided relevant information on forest improvement procedures and strategies. Taking into account the need to expand information about the understanding of biological phenomena impacting the routine of eucalypt breeding programs, this study aimed to apply biometric tools to understand and solve practical problems, as well as to propose new strategies for optimization of inherent processes to these programs. Two different clonal experiments were conducted at CMPC Celulose Riograndense and a progeny test at Cenibra. From the study of the performance of eucalyptus clones in experimental arrangements of single-tree-plot (STP) and square plots (SP) performed at CMPC Celulose Riograndense, it was possible to observe an estimated rate of decrease of productivity for aggressive clones planted in STP of 26%. In addition, experiments of eucalyptus in STP and SP present high correspondence in terms of genetic ranking. From the evaluation of the competitive ability of clones in STP and SP, the following competition classes of clones were observed: aggressive, homeostatic and sensitive clones to competition. Based on these classes, it was proposed the optimized multiclonal plantation, which relies on the combination of aggressive and homeostatic clones in the commercial stand, as a way to increase the average total productivity of the plantation. Evaluating the behavior of genotype by environmental interaction in clonal tests installed at the company CMPC Celulose Riograndense at three and nine years, it was verified that the environmental stratification pattern changed over time for the mean annual increment (MAI,  $\text{m}^3.\text{ha}^{-1}.\text{year}^{-1}$ ). The cause stratification changing of over time occurred because of the volumetric character in question. Selection indices involving wood quality characters present greater potential for detection of environmental stratification early at three years. The stratification in areas of improvement was due to the similarity of soils between the evaluated environments. The use of biometric tools enabled the selection optimization of a

progeny test composed by full-sib families of *Eucalyptus* trees installed in the areas of Cenibra. Several scenarios for assembling seed orchards by seedlings were simulated. The chosen scenario maximized gains and minimized inbreeding by choosing seven best families with the best ten individuals in each. In this experiment it was verified that the most productive genotypes were three-way-cross hybrids, demonstrating the importance of heterosis search in the improvement of eucalyptus via crossing of superior and genetically divergent genotypes. The favorable results in terms of gain with selection in the simulations of the scenarios indicated that, in the future, this experiment could be transformed into seed orchards by seedlings. The correct use of Quantitative Genetics and Statistical Genetics tools allowed the optimization of *Eucalyptus* breeding programs proposed in the present study, demonstrating the importance of biometric analysis in obtaining practical results, generation of new concepts and strategies, and decision making made by the researcher.

## ÍNDICE

|  |           |
|--|-----------|
| <b>1 – INTRODUÇÃO GERAL</b> .....  | <b>1</b>  |
| 1.1 O gênero <i>Eucalyptus</i> L'Hér e sua importância econômica .....   | 1         |
| 1.2 O melhoramento genético de espécies do gênero <i>Eucalyptus</i> L'Hér .....  | 4         |
| 1.3 Análises biométricas no melhoramento genético florestal .....  | 10        |
| 1.4 Experimentação no melhoramento genético florestal .....  | 14        |
| <b>2 – OBJETIVOS</b> .....   | <b>19</b> |
| <b>3 – REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....  | <b>20</b> |
| <b>CAPÍTULO 1: SINGLE-TREE-PLOT, SQUARE PLOT AND A PROPOSITION OF FOREST ASSEMBLING BASED ON COMPETITION CLASSES OF <i>Eucalyptus</i> CLONES</b> ..... | <b>24</b> |
| <b>1 – ABSTRACT</b> .....  | <b>24</b> |
| <b>2 – RESUMO</b> .....  | <b>25</b> |
| <b>3 – INTRODUCTION</b> .....  | <b>26</b> |
| <b>4 – MATERIAL AND METHODS</b> .....  | <b>28</b> |
| 4.1 Experimental design .....  | 28        |
| 4.2 Trait measurements.....  | 29        |
| 4.3 Statistical analysis .....   | 30        |
| <b>5 – RESULTS</b> .....   | <b>31</b> |
| 5.1 Genetic parameters and coincidence rank between STP and SP trials...31   |           |
| 5.2 Ranking of clones in the STP and SP trials .....   | 33        |
| 5.3 Direct and indirect genotypic values and yield differences in STP and SP trials .....  | 36        |
| <b>6 – DISCUSSION</b> .....  | <b>39</b> |
| 6.1 Genetic parameters and coincidence rank between the STP and SP trials .....  | 39        |
| 6.2 Ranking of clones in STP and SP trials .....   | 42        |
| 6.3 Direct and indirect genotypic values and yield differences in STP and SP trials .....  | 43        |
| <b>7 – CONCLUSION</b> .....  | <b>46</b> |
| <b>8 – REFERENCES</b> .....  | <b>47</b> |
| <b>CAPÍTULO 2: INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR LOCAIS AOS TRÊS E NOVE ANOS EM CLONES DE <i>Eucalyptus</i></b> .....  | <b>52</b> |

|   |           |
|---|-----------|
| <b>1 – RESUMO .....</b>   | <b>52</b> |
| <b>2 – ABSTRACT .....</b>   | <b>53</b> |
| <b>3 – INTRODUÇÃO.....</b>  | <b>54</b> |
| <b>4 – MATERIAL E MÉTODOS.....</b>  | <b>55</b> |
| 4.1 Rede experimental.....  | 55        |
| 4.2 Delineamento experimental e coleta de dados.....  | 57        |
| 4.3 Modelos estatísticos .....  | 58        |
| 4.3.1 Modelo estatístico para avaliação da interação G x A em cada idade .....  | 58        |
| 4.3.2 Modelo estatístico para análise de teste clonal por local em cada idade .....                                       | 59        |
| 4.3.3 Modelo estatístico para avaliar a rede experimental nos três ambientes e nas duas idades.....                       | 59        |
| 4.3.4 Análise de ganhos genéticos, estabilidade e adaptabilidade .....  | 60        |
| <b>5 – RESULTADOS E DISCUSSÃO.....</b>  | <b>60</b> |
| 5.1 Parâmetros genéticos da análise de interação G x A por idade.....   | 60        |
| 5.2 Zonas de melhoramento.....  | 65        |
| 5.3 Ganhos com seleção .....  | 67        |
| 5.4 Adaptabilidade e estabilidade.....  | 70        |
| <b>6 – CONCLUSÃO.....</b>   | <b>73</b> |
| <b>7 – REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....</b>   | <b>74</b> |
| <b>CAPÍTULO 3: AVALIAÇÃO GENÉTICA DE PROGÊNIES DE IRMÃOS COMPLETOS DE <i>Eucalyptus</i> E OTIMIZAÇÃO DE SELEÇÃO .....</b> | <b>78</b> |
| <b>1 – RESUMO .....</b>   | <b>78</b> |
| <b>2 – ABSTRACT .....</b>   | <b>79</b> |
| <b>3 – INTRODUÇÃO.....</b>  | <b>80</b> |
| <b>4 – MATERIAL E MÉTODOS.....</b>  | <b>82</b> |
| 4.1 Rede experimental.....  | 82        |
| 4.2 Coleta de dados.....  | 83        |
| 4.3 Delineamento experimental, famílias e modelo estatístico .....  | 83        |
| 4.4 Otimização de seleção .....   | 86        |
| <b>5 – RESULTADOS E DISCUSSÃO.....</b>  | <b>87</b> |
| 5.1 Parâmetros genéticos.....   | 87        |
| 5.2 Seleção de potenciais genitores e clones.....   | 90        |

|  |            |
|--|------------|
| 5.3 Seleção das famílias.....                                    | 93         |
| 5.4 Otimização de seleção via tamanho efetivo populacional ..... | 94         |
| <b>6 – CONCLUSÃO .....</b>                                       | <b>98</b>  |
| <b>7 – REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....</b>                      | <b>99</b>  |
| <b>4 – CONCLUSÕES GERAIS .....</b>                               | <b>104</b> |
| <b>5 – APÊNDICE .....</b>  | <b>106</b> |

## 1 – INTRODUÇÃO GERAL

### 1.1 O gênero *Eucalyptus* L'Hér e sua importância econômica

O gênero *Eucalyptus* L'Hér compreende mais de 900 espécies, arbóreas e arbustivas, nativas da Austrália e de Ilhas do Pacífico localizadas ao norte da mesma (Ali et al. 2017). No gênero encontram-se várias espécies de relevância econômica como *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden, *Eucalyptus globulus* Labill., *Eucalyptus nitens* H. Deane & Maiden e *Eucalyptus deglupta* Blume (Ladiges et al. 2003). Na Austrália, as espécies de *Eucalyptus* são encontradas em uma ampla diversidade de ambientes, os quais variam de zonas semiáridas a zonas de elevada pluviosidade, de áreas ao nível do mar a regiões alpinas, e dos trópicos a latitudes de 43° para o sul (Grattapaglia e Kirst, 2008).

O eucalipto pertence à divisão Angiospermae, classe Dicotyledonea, ordem Myrtales, família Myrtaceae e gênero *Eucalyptus* (Fonseca et al. 2010). As espécies deste gênero são endêmicas da Austrália e algumas ocorrem na Indonésia (*E. urophylla* S. T. Blake, *E. deglupta* Blume Blume) e em Papua Nova Guiné (*E. deglupta* Blume Blume) (Grattapaglia e Kirst 2008; Fonseca et al. 2010; Vale et al. 2014). Ademais, as espécies *E. tereticornis* Smith, *E. pellita* F. Muell e *E. brassiana* S. T. Blake ocorrem na Austrália e também em Papua Nova Guiné (Fonseca et al. 2010).

A classificação taxonômica do eucalipto, segundo Cronquist (1988), caracteriza as espécies desse gênero como pertencentes à divisão Magnoliophyta, Classe Magnoliopsida, Subclasse Rosidae, Ordem Myrtales, Família Myrtaceae e Gênero *Eucalyptus*. Além disso, o *Eucalyptus* é subdividido em subgêneros, seções e espécies. Estas classificações dentro do gênero são de grande relevância no direcionamento de cruzamentos. Na Tabela 1 encontram-se os subgêneros e algumas espécies pertencentes a estes subgêneros adaptado de Vale et al. (2014).

Tabela 1 – Subgêneros de *Eucalyptus* e exemplos de espécies

| <b>Subgênero (número de espécies)</b>     | <b>Algumas espécies</b>   |
|---|---|
| <i>Blakella</i> (por volta de 9)          | <i>E. papuana</i> F. Muell  |
| <i>Eudesmia</i> (aproximadamente 15)      |   |
| <i>Gaubea</i> (2)                         |   |
| <i>Idiogenes</i> (1)                      | <i>E. cloeziana</i>   |
| <i>Monocalyptus</i> (por volta de 100)    | <i>E. fastigata</i> Deane & Maiden<br><i>E. fraxinoides</i> Deane & Maiden<br><i>E. obliqua</i> L' Hér<br><i>E. pilularis</i> Smith<br><i>E. regnans</i> F. Muell   |
| <i>Telocalyptus</i> (4)                   | <i>E. deglupta</i> Blume Blume  |
| <i>Symphomyrtus</i> (aproximadamente 300) | <i>E. alba</i> Reinw. Ex Blume<br><i>E. astringens</i> Maiden (Maiden)<br><i>E. benthamii</i> Maiden & Cabbage<br><i>E. botryoides</i> Smith<br><i>E. camaldulensis</i> Dehnh<br><i>E. dunnii</i> Maiden<br><i>E. globulus</i> Labill<br><i>E. grandis</i> Hill ex Maiden<br><i>E. pellita</i> F. Muell<br><i>E. saligna</i> Smith<br><i>E. urophylla</i> S. T. Blake<br><i>E. viminalis</i> Labill |

Fonte: adaptado de Vale et al. (2014)

*Corymbia* foi por muito tempo classificado como um subgênero de *Eucalyptus*, entretanto Hill e Johnson (1995) propuseram a subdivisão e alocação de *Corymbia* como um novo gênero. Segundo Vale et al. (2014), estudos moleculares da década de 1990 reportaram maior similaridade entre os gêneros *Corymbia* e *Angophora* do que *Corymbia* e *Eucalyptus*. Apesar dessa classificação, o termo eucalipto tem sido informalmente utilizado para se referir as espécies dos gêneros *Eucalyptus* e *Corymbia*.

O nome eucalipto significa “verdadeira cobertura” em grego pode ser traduzido por: eu (bem) e kalipto (cobrir), o que se refere à estrutura globular arredondada de seu fruto, ou seja, o opérculo que protege bem suas sementes (Vale et al. 2014). O eucalipto foi descoberto pelos ingleses em 1788 na Austrália

e desde então tem sido adotado em plantios florestais em todo o mundo, sendo plantado comercialmente em vários países (Fonseca et al. 2010).

Cerca de 80% das florestas australianas são povoadas por espécies do gênero *Eucalyptus*. Nas zonas em que ocorrem florestas puras de eucalipto, é possível identificar diferenciações ecológicas entre esses povoamentos. Segundo Vale et al (2014), os principais tipos de florestas de *Eucalyptus* naturais são: Florestas de savana aberta (estado de Queensland); Floresta xerófita de esclerófitas (região ocidental da Austrália); “Malle” (áreas secas ao sul, vizinhas ao deserto central); Floresta higrófila de esclerófitos (região leste, sul, em solos profundos e com alta precipitação).

No primeiro trimestre dos anos 1800, os eucaliptos foram introduzidos na Índia, França, Chile, África do Sul e Portugal, onde começaram a ser utilizados para plantio devido ao seu rápido crescimento e boa adaptabilidade (Doughty 2000). Nas últimas décadas, *Eucalyptus*, juntamente com *Pinus L.*, são os táxons arbóreos cultivados de maior relevância econômica no mundo (OECD 2014). Cerca de 26% de toda a área mundial de floresta plantada (54,3 milhões de hectares – ha) consiste de *Eucalyptus*, sendo a Índia e o Brasil os detentores das maiores áreas de plantio (Indufor 2012).

O setor florestal brasileiro é um dos mais desenvolvidos e competitivos do mundo e assume um relevante papel no desenvolvimento econômico do país. Atualmente, as florestas de eucalipto plantadas no Brasil ocupam 5,56 milhões de ha, o que representa 71,9% da área total de florestas plantadas. Em 2014, o Brasil manteve a liderança no ranking global de produtividade dos plantios de eucalipto, exibindo uma produtividade média de  $39 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$  (IBÁ, 2015). A cadeia produtiva exibe uma grande diversidade de produtos, sendo o segmento de papel e celulose o mais representativo, uma vez que concentra 72,5% de toda a área plantada de *Eucalyptus* (ABRAF, 2013). Em 2014, o Brasil ocupou a 4ª posição entre os maiores produtores mundiais de celulose, com uma produção de 16,46 milhões de toneladas (IBÁ, 2015).

A elevada produtividade das florestas de *Eucalyptus* se deve, em grande parte, aos programas de melhoramento florestal. O melhoramento do eucalipto teve início por volta das décadas de 1960 e 1970, e se desenvolveu rapidamente

em países como o Brasil, África do Sul, Portugal e Chile (Eldridge et al. 1994). No Brasil, os programas de melhoramento florestal possibilitaram um desenvolvimento notável da produtividade de eucalipto (5,7% ao ano de 1970 a 2008) (IBÁ, 2015).

A propagação clonal e o melhoramento híbrido consistem das principais ferramentas para o melhoramento do eucalipto. Combinadas, essas ferramentas têm contribuído com elevados ganhos genéticos para características de crescimento e adaptabilidade (Grattapaglia e Kirst, 2008). Apesar desse progresso, Grattapaglia e Kirst (2008) afirmam que, do ponto de vista genético, as espécies do gênero *Eucalyptus* ainda se encontram nos estágios iniciais de melhoramento quando comparadas a outras espécies cultivadas.

## **1.2 O melhoramento genético de espécies do gênero *Eucalyptus* L'Hér**

O melhoramento do eucalipto tem colocado a indústria florestal brasileira em posição de destaque, principalmente no setor de celulose e papel. Grande parte do aumento em produtividade e qualidade da madeira é resultante da produção de híbridos interespecíficos de *Eucalyptus*, seguida da clonagem dos melhores indivíduos das progênies geradas (Assis, Mafia 2007; Santos et al. 2013). Tal situação ocorre com sucesso, ao longo dos anos, com o uso dos híbridos entre *E. urophylla* x *E. grandis*, os quais apresentam características favoráveis de adaptação, capacidade de enraizamento, resistência ao cancro do eucalipto e elevada produtividade (Assis et al. 1993; Assis, Mafia 2007; Batista et al. 2014; Castro et al. 2016).

Todo programa de melhoramento deve apresentar um objetivo de seleção com uma boa integração entre floresta x indústria, no qual será priorizado e redirecionado todas as estratégias de melhoramento a serem utilizadas. É necessário, também, ter uma visão de longo prazo sobre as tendências de mercado, visando atender as demandas gerais e específicas atuais e a criação de novos produtos de mercado (Fonseca et al. 2010). Toda essa preocupação direcionará qual ou quais os genótipos que serão mais adequados para o processo de formação de florestas clonais comerciais.

Com isso, um programa de melhoramento genético de espécies florestais tem sido baseado na seleção de espécies/procedências e na seleção individual dentro de populações-base, explorando a variabilidade natural existente entre populações e entre indivíduos (Ferreira, 1992). O melhorista também deve atuar na seleção de indivíduos na população-base para obter a população de cruzamentos e no controle dos cruzamentos para originar a nova população-base (Higa et al. 1991).

No planejamento da composição dos híbridos, é importante buscar o maior grau de complementariedade possível em relação aos objetivos e metas a serem atingidos, buscando também genótipos bem adaptados aos locais de plantios para assegurar a obtenção de clones candidatos de alto potencial de crescimento e adaptação (Assis, Mafia 2007). Nesse processo, a clonagem é o método de propagação dos híbridos, os quais devem ser compostos por espécies de fácil enraizamento, pois, isso faz com que aumente o número de árvores selecionadas e o número de clones efetivamente propagados e utilizados nos plantios comerciais (Fonseca et al. 2010).

De forma geral, a sintetização de híbridos inter e intraespecíficos do gênero *Eucalyptus* tem assumido grande importância como ferramenta na produção de florestas de qualidade superior (Assis et al. 1993, Resende 2005). Tal destaque, ocorrente principalmente em híbridos de *Eucalyptus urophylla* x *Eucalyptus grandis*, se deve ao rápido crescimento das espécies e ampla base genética do gênero (Mauri et al. 2015). Assim, a hibridação tem sido utilizada para geração de materiais genéticos portadores de características florestais favoráveis, capitalizando a heterose entre as diferentes espécies e gerando indivíduos resistentes a doenças e com elevado crescimento volumétrico (Assis et al. 1993, Assis e Mafia 2007).

O aproveitamento da heterose nos programas de melhoramento do eucalipto tem sido constatado em diferentes cruzamentos. O binômio hibridação e clonagem tem possibilitado a adoção dos cruzamentos entre espécies diferentes do gênero *Eucalyptus*, seguida da multiplicação em massa dos indivíduos mais heteróticos (Assis et al. 1993). Dessa maneira, a hibridação acompanhada da clonagem são ferramentas importantes na produção de florestas de eucalipto.

O cruzamento entre espécies divergentes tem sido utilizado com sucesso na geração de materiais resistentes ao cancro, via cruzamento do eucalipto *E. grandis* com *E. urophylla*. Em relação à geração de indivíduos resistentes à geada, com alta produtividade florestal e qualidade da madeira, o cruzamento de espécies como *E. grandis*, *E. urophylla*, *E. pellita*, *E. resinifera*, *E. camaldulensis*, *E. tereticornis*, *E. robusta*, *E. saligna*, *E. paniculata* com *E. globulus* (qualidade da madeira) tem sido amplamente explorado nos programas de melhoramento do eucalipto (Assis et al. 1993).

O estabelecimento de cruzamentos entre espécies complementares geneticamente deve ser feito de acordo com o objetivo de melhoramento e condições climáticas da região de plantio dos híbridos. Dentro do objetivo do programa, a produtividade volumétrica sempre deve ser melhorada, assim como as propriedades tecnológicas da madeira (Fonseca et al. 2010).

De acordo com Vale et al. (2014), na produção de celulose três características são fundamentais economicamente para o processo produtivo industrial: a produtividade de celulose por área de plantio (função do incremento volumétrico, da densidade da madeira e do rendimento em celulose), o custo da produção de madeira e o teor de lignina.

Na produção de biorredutor, o objetivo de melhoramento é a produção de carbono por hectare, que é um caráter relacionado ao volume, à densidade da madeira, rendimento gravimétrico, resistência mecânica do carvão e granulometria (Botrel et al. 2006, Vale et al. 2014). No caso da indústria de laminação e serraria características importantes (além do crescimento volumétrico) no aproveitamento das toras de eucalipto devem ser consideradas como: quantidade e distribuição de galhos, bifurcação, resistência a pragas, doenças e seca e resistência ao vento (Vale et al. 2014).

Além dos caracteres de crescimento, qualidade da madeira e resistência a doenças, é importante considerar para a seleção os materiais tolerantes à geadas, ao calor excessivo e a déficit hídrico (Resende 2005). Nesse sentido, os cruzamentos híbridos deverão ser feitos via associação de espécies pertencentes a grupos taxonômicos complementares geneticamente para os caracteres de interesse.

Como apresentado no tópico 1 desta seção, o gênero *Eucalyptus* possui subgêneros importantes para o melhoramento genético. O subgênero *Symphyomyrtus* contém a maioria das espécies de eucalipto e é subdividido em algumas seções que são de grande relevância para o melhoramento da espécie, a saber: Transversaria, Maidenaria e Exsertaria (Tabela 2).

Tabela 2 – Seções do subgênero *Symphyomyrtus* importantes para a busca de complementariedade genética via hibridação

| <b>Seções</b> | <b>Espécies importantes para o melhoramento genético</b>   | <b>Características das espécies</b>   |
|---------------|--|---|
| Transversaria | <i>E. grandis</i> , <i>E. saligna</i> , <i>E. urophylla</i> , <i>E. pellita</i>                    | Bom rendimento volumétrico em regiões tropicais e subtropicais e folhas com cores contrastantes                                   |
| Maidenaria    | <i>E. globulus</i> , <i>E. dunnii</i> , <i>E. nitens</i> , <i>E. smithii</i> , <i>E. benthamii</i> | Resistência ao frio. Cultivos bem sucedidos em regiões temperadas e subtropicais. Algumas espécies apresentam a folha sem pecíolo |
| Exsertaria    | <i>E. camaldulensis</i> , <i>E. tereticornis</i> , <i>E. brassiana</i>                             | Espécies resistentes a regiões secas com déficit hídrico  |

Além do subgênero *Symphyomyrtus*, o subgênero *Idiogenes* (*E. cloeziana*) e *Monocalyptus* (*E. pilularis*, *E. pyrocarpa*, *E. acmenioides*) também possuem espécies relevantes para o melhoramento do eucalipto. As seções definem o grau de isolamento genético e capacidade de sucesso na hibridação. Dessa forma, quando o objetivo é buscar heterose e complementariedade das características, cruzamentos entre espécies de seções diferentes devem ser estabelecidos.

Na indústria de papel e celulose as espécies mais utilizadas são: *E. grandis*, *E. saligna*, *E. urophylla*, *E. dunnii* e *E. globulus*. A hibridação entre essas espécies pode gerar indivíduos com alto rendimento volumétrico (*E. grandis*, *E. urophylla*, *E. saligna*), baixo teor de lignina e alto rendimento de celulose (*E. dunnii*) e alta densidade básica com alto rendimento de celulose (*E.*

*globulus*). Algumas destas espécies estão presentes também na indústria de madeira serrada, como os híbridos provenientes do cruzamento entre as espécies *E. grandis* e *E. urophylla* e a espécie *E. saligna*, as quais são utilizadas para buscar alto rendimento em volume e qualidade do produto final (Vale et al. 2014).

Para a produção de carvão as espécies *E. urophylla*, *E. camaldulensis* e *E. pellita* tem sido utilizadas na geração de híbridos com alta produtividade em volume (*E. urophylla*), alta densidade básica, resistência a seca e a doenças (*E. camaldulensis* e *E. pellita*). As espécies do gênero *Corymbia*, como *C. citriodora* e *C. torelliana*, tem sido utilizadas nas indústrias de energia e carvão com sucesso, em virtude da elevada densidade básica desses materiais e resistência a pragas e doenças. Além do uso para energia, as espécies deste gênero apresentam grande potencial de produção de óleos essenciais (Vale et al. 2014).

Dentro do contexto de hibridação e clonagem, Resende e Assis (2008) propuseram a estratégia de seleção recorrente recíproca entre populações sintéticas multi-espécies (SRR-PSME). Tal método preconiza a obtenção de indivíduos geneticamente superiores, portadores de características desejáveis presentes em diversas espécies. A SRR-PSME baseia-se na obtenção de duas populações sintéticas multi-espécies e posterior seleção recorrente recíproca entre essas. Com isso, além de contemplar em um único indivíduo características favoráveis de diversas espécies, é possível capitalizar, simultaneamente, a heterose para crescimento, advinda de vários pares de espécies, cujas combinações são sabidamente heteróticas (Resende, Assis 2008).

De acordo com Resende e Assis (2008) as seguintes combinações poderiam ser feitas:

#### Produção de celulose em ambientes tropicais - Opção 1

População Sintética 1: *E. grandis* (crescimento), *E. camaldulensis* ou *E. tereticornis* (resistência à seca e às doenças, alta densidade), *E. globulus* (baixo teor de lignina, alta densidade e alto rendimento de celulose).

População Sintética 2: *E. urophylla* (crescimento), *E. pellita* (resistência à seca e às doenças, alta densidade) e *E. dunnii* (baixo teor de lignina e alto rendimento de celulose).

### Produção de Celulose em Ambientes Tropicais – Opção 2

População Sintética 1: *E. grandis* (crescimento), *E. pellita* (resistência à seca e às doenças, alta densidade) e *E. dunnii* (baixo teor de lignina e alto rendimento de celulose).

População Sintética 2: *E. urophylla* (crescimento), *E. camaldulensis* ou *E. tereticornis* (resistência à seca e às doenças, alta densidade) e *E. globulus* (baixo teor de lignina, alta densidade e alto rendimento de celulose).

### Produção de Celulose em Ambientes Tropicais – Opção 3

População Sintética 1: *E. grandis* (crescimento), *E. pellita* (resistência à seca e às doenças, alta densidade) e *E. globulus* (baixo teor de lignina, alta densidade e alto rendimento de celulose).

População Sintética 2: *E. urophylla* (crescimento), *E. camaldulensis* ou *E. tereticornis* (resistência à seca e às doenças, alta densidade) e *E. dunnii* (baixo teor de lignina e alto rendimento de celulose).

### Produção de Celulose em Ambientes Frios

População Sintética 1: *E. grandis* (crescimento), *E. globulus* (baixo teor de lignina, alta densidade e alto rendimento de celulose), *E. viminalis* (resistência ao frio e alta densidade), *E. saligna* (crescimento e densidade maior do que *E. grandis*).

População Sintética 2: *E. urophylla* (crescimento), *E. dunnii* (baixo teor de lignina e alto rendimento de celulose), *E. smithii* (baixo teor de lignina, alto rendimento de celulose, alta densidade, resistência ao frio), *E. benthamii* (resistência ao frio).

Além do estabelecimento dos cruzamentos híbridos, um dos principais desafios de um programa de melhoramento genético é o desenvolvimento de florestas clonais mais produtivas, no qual a geração de materiais genéticos superiores depende de abordagens reais sobre o rendimento da planta (Osorio et al. 2003, Resende et al. 2005). A definição de quais genótipos podem ser comercialmente explorados se dá nos testes clonais que são estabelecidos nos estágios finais de um programa de melhoramento florestal (Scarpinati et al. 2009).

Para condução adequada de um teste clonal, é necessário ter conhecimento sobre qual o melhor delineamento do ensaio, a melhor estratégia de melhoramento, as metas do programa, qual a necessidade do mercado consumidor e, principalmente, qual a abordagem biométrica-estatística deverá ser utilizada para a seleção ótima de materiais. Nesse caso, é necessário o estabelecimento de estratégias biométricas adequadas e capazes de prever ganhos e de selecionar os melhores materiais genéticos de acordo com o teste clonal (Osorio et al. 2003).

### **1.3 Análises biométricas no melhoramento genético florestal**

O desenvolvimento de florestas geneticamente melhoradas é o maior desafio do melhorista florestal. Para que haja progresso em um programa de melhoramento genético, é necessário praticar a seleção em uma população mista, esperando alta produtividade em plantios uniformes (Griffing 1966). Para isso, a correta análise de produtividade e seleção realística dos genótipos superiores deve ser feita. Entretanto, o geneticista florestal deve ser capaz de praticar a seleção com base no genótipo dos indivíduos sem mesmo ter acesso a ele e sem interferências dos efeitos ambientais. Nesse contexto, a Biometria

assume crucial importância no auxílio da seleção genética, permitindo que a triagem seja feita com base no potencial genético dos indivíduos.

A Biometria caracteriza-se como a ciência que reúne a Estatística e a Genética Quantitativa como ferramentas para o entendimento de fenômenos biológicos. Entender a Estatística é primordial para a prática correta do melhoramento florestal. Esta ciência possibilita estudar os fenômenos biológicos de forma numérica, quantificando-os e com base nessas quantificações, viabiliza a tomada de decisões corretas para a continuidade do programa de melhoramento genético (Resende 2002). A Estatística é uma ferramenta importante para o estudo das variações fenotípicas, genotípicas e ambientais, o que impacta diretamente na seleção de genótipos superiores (Pires et al. 2011).

Como relatado por Resende (2007), os fundamentos da Estatística moderna teórica e experimental surgiram a partir do início do século 20, principalmente na Inglaterra. Ronald Fisher foi o principal responsável pelos avanços em estatística na época e trabalhava no então instituto Rothamsted Experimental Station. Durante o tempo em que trabalhou neste instituto, Fisher desenvolveu várias técnicas e conceitos que se tornaram centrais na ciência da Estatística (Resende 2007).

Além de desenvolvedor da Estatística, Fisher também deu início aos estudos em Genética Quantitativa, publicando em 1918 um trabalho fundamental sobre componentes de variância genética e medidas de parentesco genético aditivo, de dominância e epistática (Resende 2002). Além disso, em 1922 criou o método da máxima verossimilhança e em 1925 desenvolveu a análise de variância (ANOVA). A ANOVA é uma ferramenta que impacta fortemente o melhoramento genético, pois possibilita a estimação de componentes de variância e o estudo de dados provenientes de diferentes delineamentos experimentais (Resende 2002).

O matemático Karl Pearson fundou a primeira escola de Estatística na Inglaterra, o que consolidou a aplicação da Estatística e Matemática na resolução de problemas biológicos. Essa abordagem deu origem a ciência da Biometria, Estatística Biométrica ou Matemática Biométrica (Resende 2002). Com a união da teoria matemática, estatística e genética, surge a denominada

Genética Quantitativa, ciência fundamental ao melhoramento de plantas e animais (Resende 2002).

A Genética Quantitativa é a ciência que estuda os caracteres quantitativos, sua herança e os componentes determinantes de sua variação (Cruz 2010). Os caracteres podem ser qualitativos ou quantitativos. Caracteres qualitativos são aqueles governados por um pequeno número de genes, em que cada fenótipo pode ser associado a um ou poucos genótipos. Os caracteres quantitativos são regidos por um grande número de genes e apresentam elevada influência do meio. Estes caracteres compõe a maioria dos caracteres de importância econômica (Wrick e Weber 1986; Resende 2002).

Em Genética Quantitativa, o estudo dos caracteres se dá segundo o modelo  $F = G + M$ , em que  $F$  é fenótipo ou valor fenotípico medidos nos indivíduos, como resultado da atuação do genótipo ( $G$ ) somado às influências do meio ambiente ( $M$ ) (Cruz 2010). Dessa forma, o fenótipo de um indivíduo é o que pode ser observado ou mensurado. O genótipo representa os efeitos herdáveis e não herdáveis gerados pelos genes de um indivíduo. A influência do meio é caracterizada pela soma dos efeitos do ambiente no fenótipo do indivíduo via condições de temperatura, umidade, fertilidade do solo, precipitação, luminosidade, dentre outros. Essa influência é capaz de alterar o fenótipo e dificultar o reconhecimento de materiais genéticos superiores, uma vez que esses efeitos podem igualar díspares e discriminar idênticos (Cruz 2010).

Dado o modelo básico  $F = G + M$ , o estudo da Genética Quantitativa de uma população será feito via variância genotípica ( $VG$ ) e variância devido aos desvios proporcionados pelo ambiente ( $VM$ ), que são as partes dos componentes da variância fenotípica ( $VF$ ) (Cruz 2010). Apesar de não ter acesso ao material genético propriamente dito e seu efeito no fenótipo, é possível praticar a seleção genética acurada via estudo de componentes de variâncias e componentes de médias.

Em meados da década de 70 as análises biométricas ganharam força no Brasil com a parceria entre Paulo Yoshio Kageyama e Roland Vencovsky, ambos pesquisadores da ESALQ, os quais impulsionaram o desenvolvimento de metodologias para cálculo de parâmetros genéticos e estudos de implementação

ótima da Genética Quantitativa no melhoramento florestal (Castro et al. 2016). Desde então, diversas metodologias têm sido utilizadas, dentre elas a metodologia ótima de modelos mistos (Restricted Maximum Likelihood/ Best Linear Unbiased Predictor ou REML/BLUP), a qual possui ampla utilização nos programas de melhoramento florestal desde a década de 90, impulsionada pelos trabalhos desenvolvidos pelo pesquisador Marcos Deon Vilela de Resende.

O procedimento ótimo de seleção utilizado na área florestal é o BLUP (melhor predição linear não viesada) para os efeitos genéticos aditivos (a), de dominância (d) e genotípicos (g). O procedimento BLUP maximiza a acurácia seletiva e permite o uso simultâneo de vários experimentos instalados em um ou vários locais (Resende 2002). Este procedimento depende das estimativas de componentes de variância e de parâmetros genéticos. O procedimento ótimo de estimação desses componentes de variância é o de máxima verossimilhança residual ou restrita (REML) (Resende 2002, Resende 2016). Com isso, o uso deste procedimento ótimo de avaliação genética apresenta as seguintes vantagens:

- a) Corrigir simultaneamente os dados para os efeitos ambientais, estimar os parâmetros genéticos e prever os valores genéticos;
- b) Permitir comparar indivíduos através do tempo e espaço;
- c) Produzir resultados não viesados;
- d) Maximizar a acurácia seletiva e minimizar o erro de predição;
- e) Maximizar o ganho genético e a eficiência dos programas de melhoramento;
- f) Não exigir balanceamento dos dados;
- g) Permitir utilizar simultaneamente um grande número de informações gerando estimativas mais precisas;
- h) Permitir a estimação de efeitos de dominância;
- i) Permitir lidar com estruturas complexas de dados como medidas repetidas, diferentes locais, diferentes gerações, diferentes idades, interação genótipos x ambientes, cruzamentos dialélicos e fatoriais, delineamento em látice, etc.
- j) As predições dos efeitos aleatórios são forçadas (shrinkage) em direção à média geral, penalizando estimativas baseadas em pequenas amostras;

- k) A modelagem da estrutura de correlação em experimentos com dependência espacial, medidas repetidas e em múltiplos experimentos conduz a estimativas mais precisas;
- l) Permitir o ajuste de diferentes variâncias para cada grupo de tratamentos, ou seja, permitir considerar variâncias heterogêneas;
- m) Fazer eficiente uso das informações de parentes;
- n) Fornecer resultados mais apropriados para inferência quando a estrutura dos dados é hierárquica ou em multiníveis;
- o) Resolver problema de estimação no caso de dados perdidos;

Atualmente é possível realizar uma série de análises biométricas ótimas no melhoramento genético florestal, como: análise de testes de progênies de famílias de meios irmãos, irmãos completos, famílias endogâmicas, sistema reprodutivo misto, teste de clones aparentados e não aparentados, correlações genéticas, divergência genética, otimização de seleção via tamanho efetivo populacional, índice de seleção, uso de covariável, estatística básica, fatoriais interpopulacionais, dialelos com genitores aparentados e não aparentados, repetibilidade, produtividade, adaptabilidade e estabilidade, análise com dados categóricos, interação planta patógeno, análise de variáveis discretas, delineamentos em látice, blocos aumentados e experimentos com linhagens endogâmicas (Resende 2016).

Para a adequada aplicação de análises quantitativas em um programa de melhoramento florestal, é fundamental a montagem de experimentos para que a seleção seja baseada no valor genético dos indivíduos. Tal relevância se deve ao fato das influências ambientais serem capazes de levar à seleção incorreta de materiais. Para isso, a experimentação florestal assume papel crucial no sucesso do programa de melhoramento e viabiliza o uso de análises biométricas de forma correta.

#### **1.4 Experimentação no melhoramento genético florestal**

A montagem de experimentos em um programa de melhoramento florestal é fundamental para o estudo do controle genético dos caracteres e para a

seleção de materiais genéticos superiores (Peternellii; Resende 2015). Tal relevância se deve à capacidade que os efeitos ambientais têm de possibilitar a seleção incorreta de genótipos (Cruz et al. 2010). Ao praticar a seleção sem experimentação, indivíduos considerados superiores podem estar em determinada área, na qual os estímulos ambientais (fertilidade, luminosidade, umidade) estão favorecendo ou desfavorecendo o desenvolvimento do mesmo, sem considerar seu mérito genético. Dessa maneira, a experimentação possibilita que esses efeitos ambientais sejam cancelados (resíduos) e que a seleção seja feita unicamente com base no valor genético ou genotípico dos indivíduos (Resende 2002).

Antes de elaborar um experimento de campo, é preciso estruturá-lo estrategicamente, com o objetivo de discernir corretamente o efeito que se deseja testar dos efeitos residuais. Com isso, é fundamental seguir os princípios básicos da experimentação e adotar o delineamento experimental correto para cada situação (Resende 2007). Os delineamentos experimentais consistem na forma como os tratamentos são dispostos na área experimental, em função do controle local.

O delineamento inteiramente casualizado (DIC) é o tipo mais simples de experimento, no qual se utilizam os princípios da repetição e da casualização. Neste tipo de delineamento, assume-se que a área experimental não é heterogênea e a disposição dos níveis de cada fator nas unidades experimentais se dá de forma homogênea. O DIC apresenta pouca aplicação em experimentos florestais de campo. Este delineamento é muito utilizado em experimentos laboratoriais onde, geralmente, as condições de instalação dos testes são uniformes (Pires et al. 2011).

O delineamento em blocos ao acaso (DBC) consiste em subdividir a área experimental em blocos nos quais se assume homogeneidade experimental. Cada bloco deverá conter todos os tratamentos. Neste caso, são aplicados todos os princípios da experimentação, repetição, casualização e controle local. Em cada bloco, os tratamentos deverão ser distribuídos de forma aleatória respeitando o princípio da casualização. Cada bloco representa uma repetição e o fato de subdividir uma área heterogênea em subunidades homogêneas, caracteriza o controle local. O DBC é muito utilizado no melhoramento florestal,

pois as áreas experimentais não são homogêneas, sendo preciso efetuar o controle local. Quando não é possível alocar todos os tratamentos em todos os blocos, utiliza-se o delineamento em látice ou blocos incompletos (Resende 2007). Em situações de estudos de estatística espacial, em que se faz necessário o controle local em linhas e colunas, pode-se utilizar o delineamento em quadrado latino (Resende 2002, 2007).

O arranjo fatorial é utilizado para testar simultaneamente o efeito de dois ou mais fatores e suas interações. O arranjo fatorial não é um delineamento experimental, é um arranjo trabalhado dentro de um delineamento. Neste arranjo, cada nível de um fator se combina com cada nível do outro fator, formando um tratamento (Pires et al. 2011). Os arranjos em fatorial são muito comuns no melhoramento florestal, principalmente em estudos de interação genótipos por ambientes, onde se tem os fatores genótipos, ambientes e blocos dentro de ambientes. Percebe-se que quanto mais efeitos a serem testados, mais fatores e níveis são requeridos, formando uma estrutura hierarquizada. Esta abordagem pode ser estudada de forma ótima via metodologia de modelos mistos com alta eficiência (Resende 2002).

Um programa de melhoramento genético florestal é tradicionalmente subdividido nas seguintes etapas: a) formação da população base, a qual pode ser híbrida ou não, de acordo com a estratégia adotada; b) estabelecimento de testes de progênies; c) seleção de progenitores geneticamente superiores para cruzamento e obtenção de novos materiais para os próximos ciclos seletivos; d) seleção de indivíduos superiores para testes clonais preliminares; e) testes clonais ampliados com poucos clones selecionados nos testes clonais preliminares; f) recomendação final dos genótipos elite (Resende et al. 2017). Em cada uma destas etapas são efetuados testes em diferentes ambientes e sob diferentes arranjos experimentais e diferentes tipos de parcelas.

De modo geral, na etapa de testes de progênies adota-se uma planta na parcela ou parcelas lineares contendo cinco a seis plantas de uma mesma família. Nesta fase do programa há um grande número de genótipos a serem testados e a necessidade de eliminar materiais inferiores. Nesse contexto, o uso de parcelas de planta única ou *single-tree-plot* (PPU ou STP, explicitado na Figura 1) é vantajoso, uma vez que otimiza o processo seletivo, possibilitando a

avaliação de grande número de propágulos com rigor estatístico. O uso de parcelas lineares apresenta a vantagem de possibilitar a observação fenotípica de um conjunto de indivíduos da mesma família em uma parcela, porém requer maior área experimental e mais sementes por progêies (Fonseca et al. 2010).

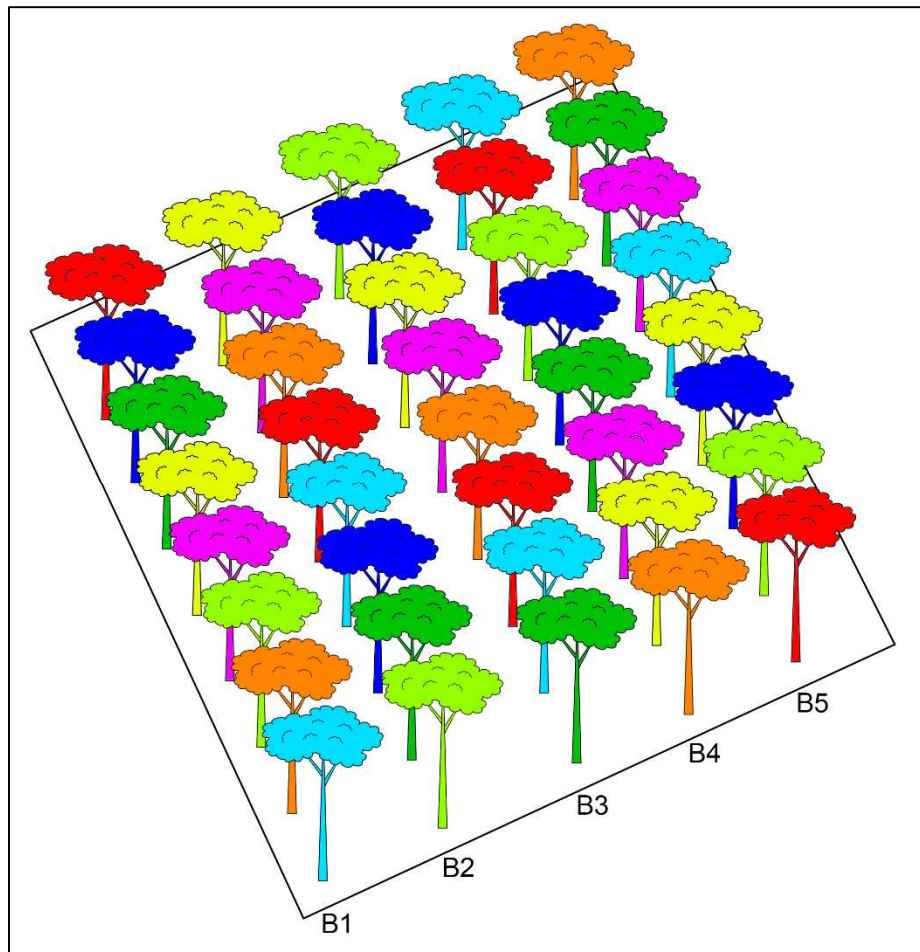


Figura 1 – Esquema representativo de um experimento de melhoramento florestal com parcelas de planta única (PPU) ou *single-tree-plot* (STP). Nesta figura, cada cor representa um material genético diferente, o qual está alocado uma única vez em cada bloco ou repetição (B1, B2, B3, B4, B5).

Nos testes clonais preliminares é onde se tem a maior necessidade de decidir sobre qual tipo de parcela utilizar, se com uma única planta ou com várias na parcela. Nesta etapa, existe grande número de clones a serem testados concomitantemente a necessidade de predizer o desempenho genético de cada um. De acordo com Resende (2002) e Pires et al. (2011) o uso de PPU é a

melhor opção. Segundo Pires et al. (2011), os genótipos alocados em PPU maximizam a competição inter genotípica nos vários blocos da rede experimental e estes efeitos são cancelados após análise estatística, uma vez que o experimento foi delineado corretamente, com várias repetições. Entretanto, tal recomendação não é seguida de forma generalizada e ainda há a necessidade de estimar o decréscimo de produtividade resultante da competição intra genotípica ocasionada pelo uso de parcelas com várias plantas (Figura 2) em relação a PPU.

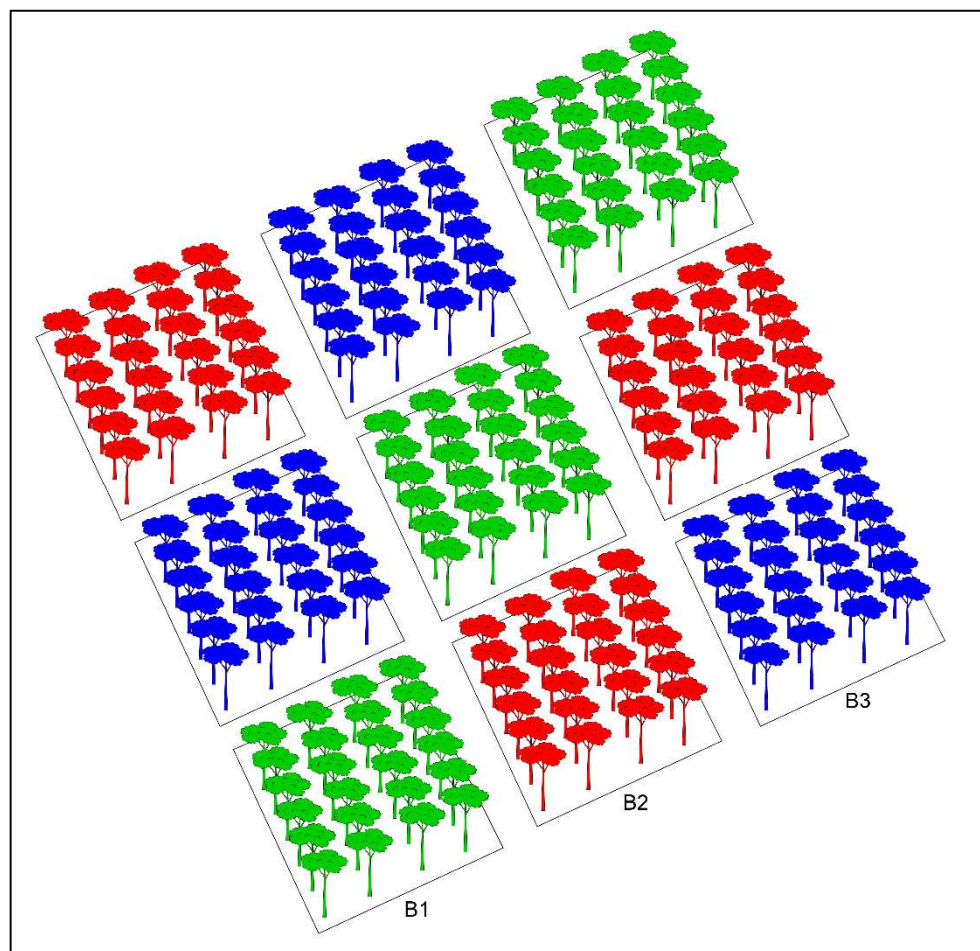


Figura 2 – Esquema representativo de um experimento de melhoramento florestal com parcelas com mais de uma planta. Nesta figura, cada cor representa um material genético diferente, o qual está alocado uma única vez em cada bloco ou repetição (B1, B2, B3).

Considerando estes aspectos, para que se tenha uma seleção genética acurada, as diferenças genéticas entre os materiais, as condições experimentais e de competição entre plantas, que afetam a precisão do valor genotípico devem

ser levadas em consideração. Dessa maneira, o conhecimento detalhado das condições de campo, das diferentes formas de alocar os genótipos na parcela e o material testado é de crucial importância para o sucesso de um programa de melhoramento (Peternelli; Resende 2015).

## 2 – OBJETIVOS

O presente estudo teve como objetivo geral aplicar análises biométricas baseadas em Genética Quantitativa para otimizar o melhoramento genético de *Eucalyptus*, com o intuito de:

- 1 – Avaliar grande número de clones de *Eucalyptus*, dispostos em delineamento experimental de uma árvore por parcela e parcelas quadradas, via metodologia de modelos mistos.
- 2 – Estudar classes de competição de clones.
- 3 - Estimar a perda de produtividade de clones de *Eucalyptus* avaliados em parcelas e árvore única em relação a parcelas quadradas.
- 4 – Estudar o padrão de estratificação ambiental ao longo do tempo em clones de *Eucalyptus*.
- 5 – Investigar a causa da interação genótipos por ambientes ao longo do tempo em clones de *Eucalyptus*.
- 6 – Otimizar o estabelecimento de um pomar de sementes por mudas provenientes de um teste de progênes de irmãos completos, via tamanho efetivo populacional e endogamia.
- 7 – Selecionar materiais genéticos com base na metodologia de modelos mistos.

### 3 – REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABRAF. **Anuário estatístico ABRAF 2013**. Brasília: ABRAF, 2013.

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.) *Biologia Florestal*. Viçosa [s.n.], p. 93-121, 2007.

BATISTA, A. F., SANTOS, G. A., SILVA, L. D., QUEVEDO, F. F.; ASSIS, T. F. Influência do sistema de corte basal de miniestacas na propagação clonal de híbrido de *Eucalyptus urophylla* × *Eucalyptus globulus* subsp. *maidenii*. **Revista Árvore** v. 38, p. 1115-1122, 2014.

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

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.

CRONQUIST, A. **The evolution and classification of flowering plants**. 2nd edition. New York Botanical Garden, Bronx, 1988.

CRUZ, C. D. **Princípios de Genética Quantitativa**. Viçosa, MG: UFV. 2010. 394p.

DOUGHTY, R. W. **The *Eucalyptus*: a natural and commercial history of the gum tree**. Johns Hopkins University Press, 2000.

ELDRIDGE, K. et al. ***Eucalypt* domestication and breeding**. Clarendon Press Oxford UK, 1994.

FERREIRA, M. Melhoramento e a silvicultura intensiva clonal. **IPEF**, v.45, p.22-30, 1992.

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

GRATTAPAGLIA, D.; KIRST, M. *Eucalyptus* applied genomics: from gene sequences to breeding tools. **New Phytologist**, v. 179, n. 4, p. 911–929, 2008.

HIGA, A. R.; RESENDE, M. D. V.; SOUZA, S. M. Programas de melhoramento genético de *Eucalyptus* no Brasil. In: Simpósio Internacional: O desafio das Florestas Neotropicais. **Anais...** Curitiba: UFPR/IUFRO, p. 86-1000, 1991.

HILL, K. D.; JOHNSON, L. A. S. Systematic studies in the *Eucalyptus* 7: a revision of the bloodwoods, genus *Corymbia* (Myrtaceae). **Telopea**, Sydney, v. 6, p. 173-505, 1995.

IBÁ. **Relatório Ibá 2015**. Ibá, 2015.

INDUFOR. **Strategic review on the future of forest plantations**. Indufor, Forest Stewardship Council (FSC), 2012.

LADIGES, P. Y.; UDOVICIC, F.; NELSON, G. Australian biogeographical connections and the phylogeny of large genera in the plant family Myrtaceae. **Journal of Biogeography**, v. 30, n. 7, p. 989–998, 2003.

MAURI, R.; OLIVEIRA, J. T. S.; FILHO, M. T.; ROSADO, A. M.; PAES, J. B.; CALEGARIO, N. Wood density of clones of *Eucalyptus urophylla* x *Eucalyptus grandis* in different conditions of growth. **Floresta**, Curitiba, PR, v. 45, n. 1, p. 193 - 202, 2015.

OECD. **Consensus document on the biology of *Eucalyptus* spp.** [s.l.] ECD, 2014.

OSORIO, L. F.; WHITE, T. L.; HUBER, D. A. Age–age and trait–trait correlations for *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden and their implications for optimal selection age and design of clonal trials. **Theor Appl Genet**, v. 106, p. 735–743, 2003.

PETERNELLI, L. A.; RESENDE, M. D. V. **Delineamentos experimentais para fenômica**. In: FRITSCHÉ-NETO, R.; BORÉM, A. (ed). Fenômica: como a

fenotipagem de próxima geração está revolucionando o melhoramento de plantas. Viçosa, MG: Editora Suprema Gráfica e Editora Ltda, p.30-55, 2015.

PIRES, I. E.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, R. L.; RESENDE JR, M. F. R. **Genética Florestal**. Viçosa, MG: Arka, 2011. 318 p.

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

RESENDE, M. D. V. Melhoramento de Essências Florestais. In: BOREM, A. **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. Viçosa, Editora UFV, 2005.pp. 717-780.

RESENDE, M. D. V.; STRINGER, J.; CULLIS, B.; THOMPSON, R. Joint modelling of competition and spatial variability in forest field trials. **Rev. Mat. Estat.** v. 23, p. 7-22, 2005.

RESENDE, M. D. V.; ASSIS, T. F. Seleção Recorrente Recíproca entre Populações Sintéticas Multi- Espécies (SRR-PSME) de Eucalipto. **Pesquisa Florestal Brasileira**, p. 57-60, 2008.

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

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

RESENDE, R. T.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. F.; AZEVEDO, C. F.; TAKAHASHI, E. K.; SILVA-JUNIOR, O. B.; GRATTAPAGLIA, D. Assessing the expected response to genomic selection of individuals and families in *Eucalyptus* breeding with an additive-dominant model. **Heredity**, p. 1–11, 2017.

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

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.

VALE, A. B.; MACHADO, C. C.; PIRES, J. M. M.; VILAR, M. B.; COSTA, C. B.; NACIF, A. P. Eucaliptocultura no Brasil: Silvicultura, Manejo e Ambiência. Viçosa, MG: SIF. 2014. 551p.

WRICKE, G.; WEBER, W. E. **Quantitative Genetics and Selection in Plant Breeding**. Berlin: p. 406 p.

# **CAPÍTULO 1: SINGLE-TREE-PLOT, SQUARE PLOT AND A PROPOSITION OF FOREST ASSEMBLING BASED ON COMPETITION CLASSES OF *Eucalyptus* CLONES**

## **1 – ABSTRACT**

A detailed knowledge of different types of trial designs is essential to establish adequate *Eucalyptus* breeding strategies. This study compared clone's development in single-tree-plot (STP) and square-plot (SP) experiments to analyze differences in estimated genetic parameters, ranking, predicted genotypic value and competition ability. Experiments were carried out in the CMPC Celulose Riograndense Company, in the state of Rio Grande do Sul, Brazil. A total of 239 clones were used, 214 of which were common to the STP and SP trials. Results showed that STP is a very promising trial design for accurately ranking the genotypes. The STP and SP tests showed high coincidence in ranking selection, but the best clone yields were overestimated in the STP trial and the yields of the worst clones were underestimated in the STP trial. Therefore, an STP design should be used in initial and intermediary clonal tests, and an SP design should be used in the final stages of a breeding program, in order to estimate the clonal yield at a semi-operational scale. The estimated yield decreasing of clones planted in SP compared to STP is 26%. This value should be used in future STP experiments in the same area and with the same germplasm evaluated in this work. In addition, this research identified classes of aggressive clones, sensitive clones, and clones that were homeostatic to the competitiveness effect. Based on this classification, the optimized multiclonal plantation were suggested aiming to maximize yield by using aggressive and homeostatic clones. This paper contains pioneer research on using a large number of clones to evaluate the effectiveness of an STP trial design compared to that of an SP design.

Keywords: Experimental area establishment, Genetic improvement, Inter-genotypic competition, Intra-genotypic competition, Quantitative genetics.

## 2 – RESUMO

O conhecimento detalhado sobre diferentes tipos de ensaios experimentais é essencial para estabelecer, adequadamente, estratégias de melhoramento de *Eucalyptus*. Este estudo comparou o desempenho de clones dispostos em parcela de planta única (PPU ou *single-tree-plot*) e em parcelas quadradas (PQ ou *square-plot*), com o objetivo de analisar diferenças em parâmetros genéticos estimados, ordenamento, valores genotípicos preditos e habilidade competitiva de clones. Os experimentos foram estabelecidos na empresa CMPC Celulose Riograndense, no Estado do Rio Grande do Sul, Brasil. Um total de 239 clones foram utilizados, dos quais 214 eram comuns aos delineamentos dispostos em PPU e PQ. Os resultados evidenciaram que PPU é um delineamento promissor para ordenar de forma acurada os genótipos. Os delineamentos em PPU e PQ apresentaram alta coincidência no ordenamento pelos valores genotípicos dos clones, entretanto, os melhores clones no PPU tiveram suas produtividades superestimadas, enquanto os piores clones tiveram sua produtividade subestimada quando avaliados em PPU. Com isso, experimentos em PPU devem ser utilizados em fases iniciais e intermediárias de testes clonais, enquanto PQ deve ser utilizado em fases finais do programa de melhoramento, com o objetivo de estimar a produtividade real de clones em escala semi operacional. A perda e produtividade estimada para clones plantados em PQ comparado com seu desempenho em PPU é de 26%. Este valor pode ser utilizado pela empresa em experimentos futuros em PPU na mesma área e com o mesmo germoplasma avaliado neste trabalho, para descontar do valor genotípico de clones agressivos o efeito da competição. Além disso, esta pesquisa identificou classes de clones agressivos, homeostáticos e sensíveis aos efeitos da competição. Baseado nesta classificação, o plantio multiclonal otimizado foi sugerido, objetivando maximizar a produtividade do talhão, via combinação de clones agressivos e homeostáticos. Este trabalho é pioneiro no uso de grande número de clones para avaliar a efetividade de experimentos organizados em PPU e PQ.

Palavras-chave: Estabelecimento de áreas experimentais, Melhoramento genético, Competição inter genotípica, Competição intra genotípica, Genética Quantitativa.

### 3 – INTRODUCTION

Developing more productive clonal forests is one of the major challenges of a breeding program. A successful generation of superior genetic materials depends on realistic approaches about plant yield (Osorio et al. 2003; Resende et al. 2005). In the final stages of a forest-breeding program, clonal tests have defined which genotypes can be commercially exploited (Scarpinati et al. 2009; Mendes et al. 2014). To conduct a meaningful clonal experiment, it is essential to have detailed knowledge about the best trial design, a correct estimation of genetic parameters, an establishment of adequate improvement strategies, and to be able to predict gains and select the best genetic materials (Osorio et al. 2003). A plant breeding dilemma is to select on a mixed population and expect high yielding in pure stands (Griffing 1966).

Experimental designs must allow genetic selection to occur in an optimized and accurate way (Cappa and Cantet 2006; Mendes et al. 2014). A commonly used method is establishing field tests with a single-tree-plot (STP) as the experimental unit (Jansson et al. 1998). Several authors have used STP trial designs for research on *Eucalyptus* (Petroli et al. 2012; Bartholomé et al. 2013; Suontama et al. 2015; Li et al. 2016; Resende et al. 2016; Santos et al. 2016). The STP design allows for small experimental areas and the testing of a large number of genotypes with many replicates, leading to increased selective accuracy, high selection intensity, and elevated genetic gains (Jansson et al. 1998; Resende 2002; Zhang et al. 2015). Despite these advantages, the use of STP trial designs can produce biased estimates of genotype yielding, masking the real performance of individuals (Stanger et al. 2011; Pavan et al. 2011). Thus, the conditions of superior materials selection may differ from those of commercial stands, affecting the success of the breeding program as a result of inter-genotypic competition (Pavan et al. 2011).

To ensure a realistic value of yield in experimental evaluations, square-plot (SP) tests can be used (Stringer et al. 2011). The SP design relies on large-block plots and allows for symmetric competition of related individuals or clones (Pavan et al. 2011; Zhang et al. 2015). The use of multiple-tree-plot (MTP) designs mimics the operational deployment that occurs in large tracts of genetically identical individuals in commercial stands (Jansson et al. 1998; Zhang et al. 2015). Unfortunately, SP trials often include a limited number of genotypes with little or no replication, and require large experimental areas (Stanger et al. 2011; Stringer et al. 2011; Zhang et al. 2015). With few genotypes being tested, the chance of identifying material that is more productive than the control decreases substantially. In addition, the small number of replications results in low selective accuracy, which biases the genetic merit assessment of the individuals (Cappa and Cantet 2006; Stanger et al. 2011).

Few *Eucalyptus* breeding studies (Scarpinati et al. 2009; Stanger et al. 2011) have used a small number of clones to compare STP with MTP designs. Aside from these studies, information about the performance of a large number of *Eucalyptus* clones in STP and SP (5 × 5 m) designs is extremely scarce. The complexity of establishing distinct trials containing hundreds of clones has prevented attainment of a robust conclusion about genetic correlation, ranking, predicted genetic gain, and predicted genotypic value differences between STP and SP designs (Cappa and Cantet 2006). To identify the optimal breeding program strategy, it is therefore imperative to investigate the differences between these two types of trial designs (Silva et al. 2013).

Considering the need for an enhanced knowledge about *Eucalyptus* clone performance and ordering between STP and SP trial designs, the goals of this study were to: (i) use 214 *Eucalyptus* clones to estimate genetic parameters within STP and SP experiments; (ii) determine coincidence index and genetic correlation between these two trial designs; (iii) predict the genotypic value and genetic gain with selection using the two designs; (iv) quantify the yield difference between *Eucalyptus* clone performance in STP and that in SP trial designs; and (v) investigate the competition ability of clones.

## 4 – MATERIAL AND METHODS

### 4.1 Experimental design

Experiments were conducted in the CMPC Celulose Riograndense Company, in the municipality of Arroio dos Ratos (Lat 30°03'36,26" S, Long 51°44'38,12" W, average temperature 19.5°C, annual rainfall 1320 mm, and 79 m), located in the state of Rio Grande do Sul, Brazil (Cfa climate, according to the Köppen classification). The experimental area was considered by the company as homogeneous in terms of fertility gradient and altitude.

In 2010, 235 *Eucalyptus* clones were planted in an STP randomized block design, using 20 replications. Seedlings were planted within a 4.0 × 2.25 m grid. The clonal tests evaluation was performed when the trees were 4 (2014) and 5 years old (2015). These clonal tests included three experiments at the same site for all trials.

An SP design using 218 *Eucalyptus* clones with 25 trees per plot, with one replication was established in 2010 at the same site as that of the STP trial. Seedlings were planted within a 4.0 × 2.25 m grid and the SP experiment was evaluated when the trees were 5 years old (2015). Of the 218 clones used in the SP trial, 214 were common to the STP experiment (Table 1).

**Table 1** Number of clones used in STP and SP trials

|                                    | Number of clones |
|------------------------------------|------------------|
| Clones in the STP trial            | 235              |
| Clones in the SP trial             | 218              |
| Controls in the STP trial          | 4                |
| Controls in the SP trial           | 1                |
| Clones common to STP and SP trials | 214              |
| Controls common to all trials      | 1                |
| Total number of different clones   | 239              |

## 4.2 Trait measurements

Tree-growth data were collected at 4 and 5 years of age in the STP trial and at 5 years of age in the SP trial. Attributes measured included tree diameter at breast height (DBH, cm) and total height (TH, m). DBH was measured with the aid of a diameter tape, and TH was measured with a relascope.

Tree volume ( $VOL$ ,  $m^3$ ) was calculated according to Schumacher and Hall (1933) as described below:

$$VOL = \frac{\pi \times DBH^2 \times TH \times f}{40,000}$$

where  $VOL$  = volume of trees in  $m^3$ ; DBH = diameter at breast height in cm; TH = total height in m;  $f$  = taper factor adopted by the company (0.45); and  $\pi$  = the ratio between the circumference and diameter of a circle (3.14159).

The mean annual increment (MAI,  $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot y^{-1}$ ) was calculated using the  $VOL$  of individual trees with a spacing of  $4.0 \times 2.25$  m ( $9 m^2$ ), extrapolated to 1 ha and divided by age.

For the yield at 4 years of age, MAI was calculated as:

$$MAI = \frac{VOL \times 10,000}{36}$$

where  $MAI$  = mean annual increment in  $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot y^{-1}$ ;  $VOL$ : = volume of individual trees in  $m^3$ , at 4 years of age.

For the yield at 5 years of age, MAI was calculated as:

$$MAI = \frac{Vol \times 10,000}{45}$$

where  $MAI$  = mean annual increment in  $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot y^{-1}$ ;  $VOL$ : = volume of individual trees in  $m^3$ , at 5 years of age.

### 4.3 Statistical analysis

For the STP trial, the statistical model used was  $y = Xr + Zg + Wb + e$ , where:  $y$ ,  $r$ ,  $g$ ,  $b$ , and  $e$  are vectors of data, general mean (fixed), genotypic effects (random), block effects nested in experiment (random), and random errors, respectively. In addition,  $X$ ,  $Z$ , and  $W$  are the incidence matrices for  $r$ ,  $g$ , and  $b$ . Data processing was completed using software Selegen REML/BLUP (Resende 2016). In order to analyze the SP experiment, the statistical model used was  $y = Xr + Zg + e$ , where:  $y$ ,  $r$ ,  $g$ , and  $e$  are vectors of data, general mean (fixed), genotypic effects (random), and random errors, respectively. In addition,  $X$  and  $Z$  are the incidence matrices for  $r$  and  $g$ . This analysis of both experiment was conducted using the Selegen-REML/BLUP software (Resende 2016).

Using the genotypic values of all clones in the STP and SP trials, coincidence ranking and genotypic correlations between these two designs were made for DBH, TH, and MAI. In addition, using the predicted direct effect ( $\tau$ ) of a clone as its genotypic value in the STP trial, the indirect effect ( $\varphi$ ) was calculated as the difference between the genotypic value in the SP trial and  $\tau$ . Correlation between direct and indirect effects ( $r_{\tau\varphi}$ ) was evaluated to determine the effect of inter-genotypic and intra-genotypic competition.

The indirect effect was transformed in percentage to obtain the yield decrease of a clone when it's planted in a STP compared to its development in SP trial, according to the formula below:

$$YD(\%)_i = \frac{\varphi}{\tau} \times -100$$

Where:  $YD(\%)_i$  = yield decrease in percentage of a clone when planted in a SP compared to its development in STP;  $\tau$  = predicted direct effect of a clone as its genotypic value in the STP trial;  $\varphi$  = indirect effect of a clone in its neighbors given by the difference between the genotypic value in the SP trial and  $\tau$ .

The yield decreasing of the most ten aggressive clones can be given according to the formula below:

$$YD(\%)_{10} = \frac{\sum_i^{10} YD(\%)_i}{10}$$

Where:  $YD(\%)_{10}$  = estimated yield decreasing of the most ten aggressive clones;  $YD(\%)_i$  = yield decreasing in percentage of a clone when planted in a SP compared to its development in STP.

So, with the factor named  $YD(\%)_{10}$ , it is possible to calculate the estimated yield of a clone in monoclonal plantation if this clone is evaluated in a STP trial design, discounting the competitiveness effect, as described below:

$$YC_{Mo} = \tau \times \left\{ 1 - \left[ \frac{YD(\%)_{10}}{100} \right] \right\}$$

where:  $YC_{Mo}$ : estimated yield of an aggressive clone in monoclonal plantation;  $YD(\%)_{10}$  = estimated yield decreasing of the most ten aggressive clones;  $\tau$  = predicted direct effect of a clone as its genotypic value in the STP trial.

The factor  $YD(\%)_{10}$  is effective for aggressive clones at the same conditions and germplasm of the present study.

## 5 – RESULTS

### 5.1 Genetic parameters and coincidence rank between STP and SP trials

Genetic parameters and variances were estimated using the STP and SP trials. With the exception of TH, genetic variance was higher in the STP trial than it was in the SP trial for all traits (Table 2). Consequently, individual heritability was higher in the STP trial than that in the SP trial for these traits. Heritability in the STP trial ranged from 0.37 for TH to 0.60 for DBH, VOL, and MAI. In the SP trial, heritability values ranged from 0.40 for DBH to 0.44 for TH. As a result of genetic variance and heritability, selection accuracy was higher in the STP trial than it was in the SP for DBH, VOL, and MAI (Table 2). In general, accuracy values in both the STP and SP trials were close to one, illustrating the high survival percentage and a high experimental quality, caution, and technical precision in the experiment establishment and evaluation (Table 2).

The overall mean of all traits did not differ considerably between the STP and SP trials. Because the overall mean did not vary in the STP and SP trial designs, and genetic variance was elevated in the STP trial for majority of traits, the coefficient of genotypic variation was higher in the STP trial than that in the SP trial for DBH, VOL, and MAI. To compare the magnitude of genetic variance in relation to residue, the coefficient of relative variation (CVr) was estimated as the ratio between the coefficient of genotypic variation (CVgi (%)) and the coefficient of experimental variation (CVe (%)). Values of CVr were greater than one in the STP trial for all traits, with the exception of TH.

Correlations between the rankings of predicted genotypic values in the STP trial for 4- and 5-year-old trees were high for all traits (Table 2). Thus, it's possible to obtain success in early selection at 4 years of age (Table 2).

**Table 2** Estimates of genetic parameters for diameter at breast height (DBH, cm), total height (TH, m), volume (VOL, m<sup>3</sup>) and mean annual increment (MAI, m<sup>3</sup>·ha<sup>-1</sup>·y<sup>-1</sup>), and genotypic correlation between the STP trial at 4 and 5 years of age

| Parameter         | DBH   |       | TH    |       | VOL    |        | MAI    |        |
|-------------------|-------|-------|-------|-------|--------|--------|--------|--------|
|                   | STP   | SP    | STP   | SP    | STP    | SP     | STP    | SP     |
| Gv                | 8.84  | 4.14  | 3.75  | 5.09  | 0.0073 | 0.0039 | 359.60 | 190.76 |
| Rv                | 5.85  | 6.77  | 6.02  | 6.56  | 0.0046 | 0.0051 | 231.85 | 253.28 |
| Pv                | 14.77 | 10.91 | 10.12 | 11.66 | 0.0120 | 0.0089 | 596.83 | 444.04 |
| h <sup>2</sup> g  | 0.60  | 0.40  | 0.37  | 0.44  | 0.60   | 0.43   | 0.60   | 0.43   |
| h <sup>2</sup> mc | 0.96  | 0.92  | 0.92  | 0.95  | 0.97   | 0.95   | 0.97   | 0.95   |
| Genac             | 0.98  | 0.96  | 0.96  | 0.97  | 0.98   | 0.97   | 0.98   | 0.97   |
| Mean              | 15.76 | 15.88 | 20.70 | 20.88 | 0.20   | 0.20   | 45.05  | 45.25  |
| CVgi (%)          | 18.87 | 12.80 | 9.36  | 10.80 | 42.09  | 30.52  | 42.09  | 30.52  |
| CVe (%)           | 15.35 | 16.38 | 11.85 | 12.27 | 33.80  | 35.17  | 33.80  | 35.17  |
| CVr               | 1.23  | 0.78  | 0.79  | 0.88  | 1.24   | 0.87   | 1.24   | 0.87   |
| Survival (%)      | 93    | 90    | -     | -     | -      | -      | -      | -      |
| r (STP_14)        | 0.96  | -     | 0.92  | -     | 0.96   | -      | 0.96   | -      |

Gv: genotypic variance; Rv: residual variance; Pv: phenotypic variance;  $h^2g$ : coefficient of broad-sense individual heritability;  $h^2mc$ : heritability of clone mean; Genac: genetic accuracy in clone selection; Mean: overall mean of trials; CVgi (%): coefficient of genotypic variation; CVe (%): coefficient of experimental variation; CVr: coefficient of relative variation;  $r_{(STP_{14})}$ : correlation between the ranking of predicted genotypic value in the STP trial at 4 (2014) and 5 years old (2015).

A comparative analysis between genotype ordering in the STP and SP trials was performed to analyze coincidence, correlation, and yield of the best and the worst *Eucalyptus* clones (Table 3). Correlations between the ranking of predicted genotypic value of the STP and SP trials were high for all traits, ranging from 0.64 for TH to 0.80 for DBH and MAI (Table 3). Coincidence between the STP and SP trials ranks increased as the number of genotypes included in the analysis increased. Within the 30 best clones for MAI, the coincidence was 0.70 (70%). Therefore, from these 30 materials, 21 were common in the STP and SP trials for MAI (Table 3).

**Table 3** Comparative analysis between STP and SP ranking for *Eucalyptus* clones at 5 years of age for diameter at breast height (DBH, cm), total height (TH, m) and mean annual increment (MAI,  $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot y^{-1}$ )

|                                | DBH  | TH   | MAI  |
|--------------------------------|------|------|------|
| $r$                            | 0.80 | 0.64 | 0.80 |
| Coincidence (10 better ranked) | 0.40 | 0.20 | 0.30 |
| Coincidence (20 better ranked) | 0.55 | 0.40 | 0.55 |
| Coincidence (30 better ranked) | 0.70 | 0.40 | 0.67 |
| Coincidence (40 better ranked) | 0.73 | 0.48 | 0.73 |
| Coincidence (50 better ranked) | 0.76 | 0.48 | 0.76 |

$r$ : correlation between the ranking of predicted genotypic values of STP and SP trials

## 5.2 Ranking of clones in the STP and SP trials

The genotypic values of DBH and MAI for the 20 best clones were generally higher for the STP trial than for the SP trial (Table 4). However, the ranking coincidence between these two types of trials was high (Table 3). Moreover, the genotypic values of clones for TH were higher in the SP trial than in the STP trial (Table 4).

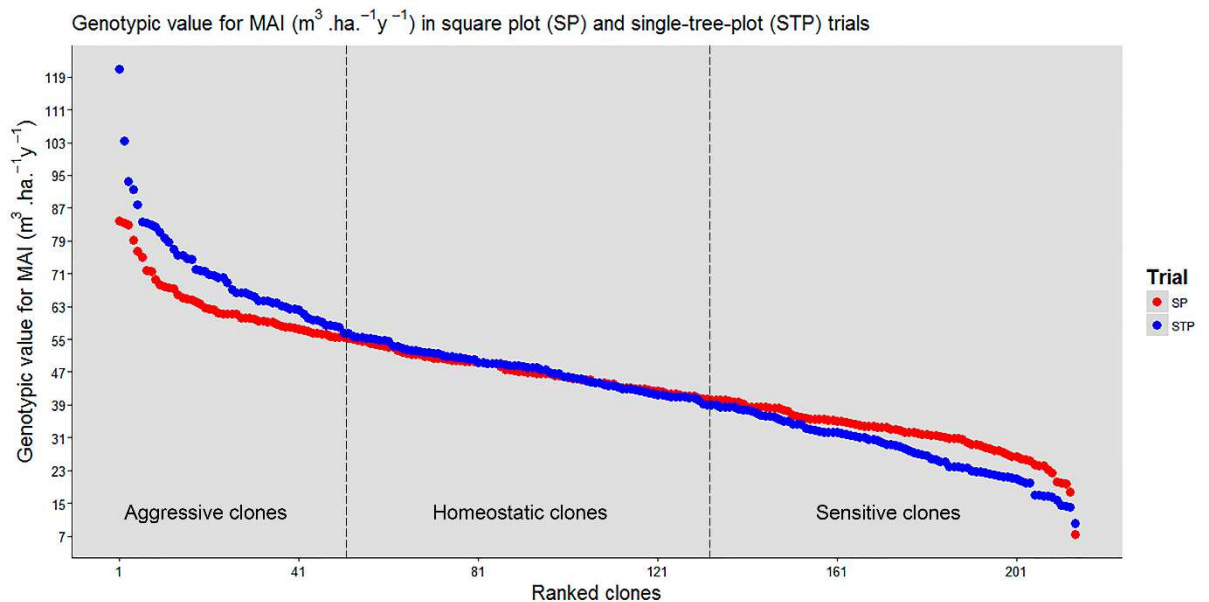
The genotype 32864 (*Eucalyptus saligna*) had a low ranking and there was minimum variation in yield between the STP and SP trials (Table 4). For MAI, although aggressive genotypes presented a range of variation in their genotypic values, for some genotypes, the yield did not vary between STP and SP trials (Fig. 1 – middle section).

**Table 4** Ranking of the 20 best *Eucalyptus* clones, their genotypic values (in brackets) for diameter at breast height (DBH, cm), total height (TH, m), and mean annual increment (MAI, m<sup>3</sup>·ha<sup>-1</sup>·y<sup>-1</sup>) for STP and SP trials at 5 years of age

| Rank    | DBH                                 |                                     | TH                                  |                                     | MAI                                 |                                     |
|---------|-------------------------------------|-------------------------------------|-------------------------------------|-------------------------------------|-------------------------------------|-------------------------------------|
|         | STP                                 | SP                                  | STP                                 | SP                                  | STP                                 | SP                                  |
| 1       | <u>39550</u> (24.51)                | <u>20687</u> (20.57)                | <u>39550</u> (24.97)                | 6909 (25.50)                        | <u>39550</u> (120.92)               | <u>20687</u> (83.78)                |
| 2       | <u>39652</u> (22.99)                | <u>39652</u> (20.32)                | 39578 (24.23)                       | 20432 (25.23)                       | <u>39652</u> (103.37)               | <u>40225</u> (83.31)                |
| 3       | <u>40225</u> (22.06)                | 39384 (19.94)                       | <u>39434</u> (24.18)                | 40225 (25.12)                       | 39578 (93.48)                       | 6909 (82.82)                        |
| 4       | 39578 (21.88)                       | <u>40225</u> (19.87)                | 39652 (24.10)                       | 6796 (24.61)                        | <u>40225</u> (91.62)                | 39384 (79.23)                       |
| 5       | <u>40238</u> (21.67)                | 6909 (19.87)                        | 40232 (23.56)                       | 6843 (24.47)                        | 40238 (87.94)                       | <u>39652</u> (76.48)                |
| 6       | <u>40291</u> (21.59)                | <u>39550</u> (19.45)                | 39554 (23.50)                       | 38948 (24.46)                       | 40291 (83.67)                       | <u>39550</u> (74.90)                |
| 7       | <u>11441</u> (21.13)                | <u>39357</u> (19.42)                | 40238 (23.44)                       | 20519 (24.18)                       | 39434 (83.43)                       | 38948 (71.75)                       |
| 8       | 39554 (20.91)                       | <u>39797</u> (19.39)                | 39534 (23.41)                       | <u>39550</u> (24.14)                | <u>39554</u> (83.00)                | <u>39797</u> (71.56)                |
| 9       | <u>39357</u> (20.80)                | 11491 (19.15)                       | <u>40286</u> (23.41)                | <u>39434</u> (23.92)                | <u>11441</u> (82.35)                | 20432 (69.50)                       |
| 10      | <u>6469</u> (20.79)                 | <u>38949</u> (19.01)                | 38949 (23.34)                       | 39384 (23.89)                       | <u>39357</u> (81.15)                | 11491 (68.37)                       |
| 11      | 40275 (20.69)                       | 6412 (18.98)                        | <u>39797</u> (23.31)                | 11433 (23.80)                       | 39534 (79.58)                       | 39350 (67.83)                       |
| 12      | 39434 (20.62)                       | <u>40238</u> (18.96)                | 40264 (23.28)                       | 34624 (23.79)                       | <u>6469</u> (78.68)                 | <u>38949</u> (67.64)                |
| 13      | 39534 (20.26)                       | 38948 (18.93)                       | 40248 (23.15)                       | <u>40286</u> (23.70)                | <u>38949</u> (76.95)                | 20519 (67.32)                       |
| 14      | <u>38949</u> (20.20)                | <u>11441</u> (18.86)                | 40231 (23.06)                       | 6399 (23.66)                        | <u>40286</u> (75.39)                | <u>40286</u> (65.84)                |
| 15      | 40247 (20.13)                       | 39350 (18.71)                       | 11441 (23.04)                       | <u>39797</u> (23.61)                | <u>39797</u> (75.39)                | <u>11441</u> (65.16)                |
| 16      | 34624 (20.04)                       | 20432 (18.58)                       | 39844 (22.90)                       | 6408 (23.57)                        | 40247 (74.81)                       | <u>6469</u> (64.98)                 |
| 17      | <u>39797</u> (20.02)                | <u>6469</u> (18.54)                 | 40295 (22.85)                       | 6469 (23.55)                        | 34624 (74.62)                       | <u>39357</u> (64.67)                |
| 18      | 40286 (19.96)                       | 11569 (18.54)                       | 40309 (22.81)                       | 20687 (23.55)                       | <u>20687</u> (71.96)                | <u>39554</u> (64.24)                |
| 19      | <u>20687</u> (19.94)                | <u>40291</u> (18.52)                | 40314 (22.80)                       | 39420 (23.53)                       | 39630 (71.80)                       | 11433 (63.69)                       |
| 20      | 11444 (19.70)                       | 20519 (18.49)                       | 39890 (22.76)                       | 6001 (23.53)                        | 40275 (71.49)                       | 6586 (62.54)                        |
| Control | 76 <sup>th</sup> – 32864<br>(16.98) | 51 <sup>st</sup> – 32864<br>(17.24) | 60 <sup>th</sup> – 32864<br>(21.83) | 88 <sup>th</sup> – 32864<br>(21.61) | 74 <sup>th</sup> – 32864<br>(50.85) | 65 <sup>th</sup> – 32864<br>(51.68) |

\*Underscored clones were common between the top 20 genetic materials in the SP and STP trials for each trait separately

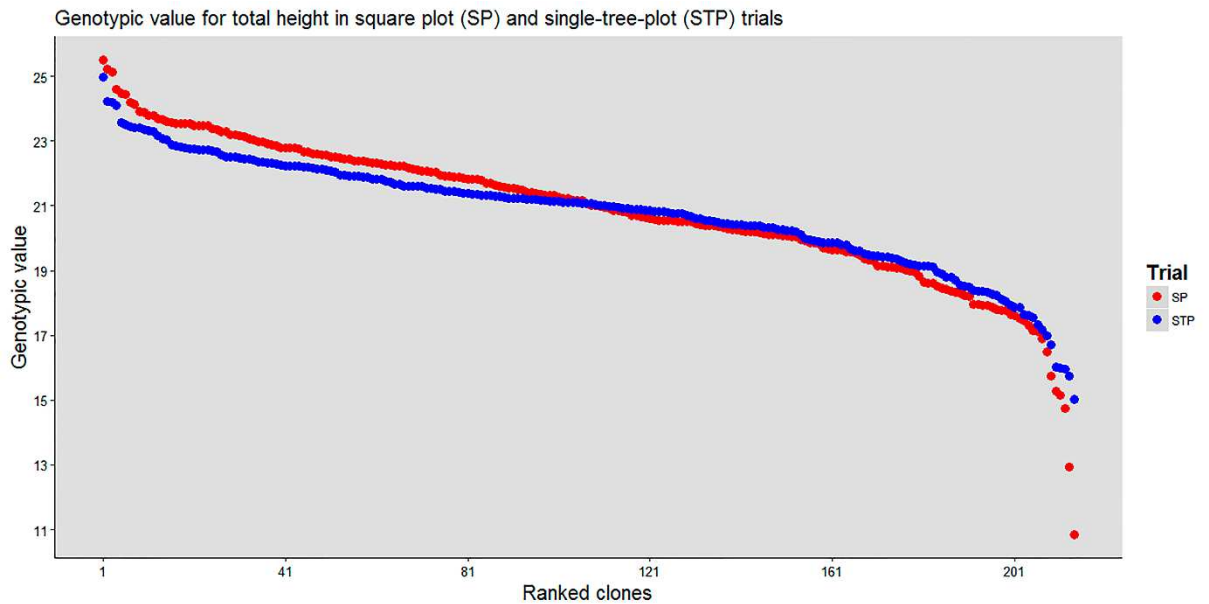
The STP and SP trial designs had different *Eucalyptus* clone yieldings. For MAI, the best-ranked clones in the STP trial had lower yields than those in the SP trial, and the worst-ranked clones in the STP trial were ranked higher than those in the SP experiment (Fig. 1). The most aggressive clones showed an overestimation of MAI when planted between neighbors with different genotypes. In the SP trial, where these clones were cultivated with identical genotypes, their yield decreased substantially. However, the less aggressive clones had higher production in the SP trial than they did in the STP trial. Moreover, some clones presented no variation of yield even in STP or SP. Thus, it is possible to identify classes of competitiveness among clones: aggressive clones (Fig. 1 - left section), homeostatic clones (Fig. 1 – middle section) and sensitive clones (Fig. 1 – right section).



**Fig. 1** *Eucalyptus* clones mean annual increment (MAI,  $\text{m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{y}^{-1}$ ) in single-tree-plot (STP) and square-plot (SP) trial designs, according to genotypic ranking. It is possible to identify classes of competitiveness among clones: aggressive clones (left section), homeostatic clones (middle section) and sensitive clones (right section)

Although the better-ranked clones had higher MAI values in the STP trial, these same genetic materials showed lower TH values in the STP trial than those in the SP trial (Fig. 2). When the most aggressive genotypes were planted in

blocks containing identical materials, their TH values tended to increase. In addition, the worst-ranked clones had higher TH values in the STP trial than in the SP trial. Thus, the less aggressive clones in the STP trial had lower TH values when they were cultivated with identical genetic materials.



**Fig. 2** *Eucalyptus* clones total height (TH, m) in single-tree-plot (STP) and square-plot (SP) trial designs, according to genotypic ranking

### 5.3 Direct and indirect genotypic values and yield differences in STP and SP trials

The genotypic value of a clone planted in elevated competitiveness or in commercial stands represents the total effect (Table 5). Since genetic materials need to be tested at a small scale in STP experiments, an indirect effect is produced by a clone affecting its neighbor (Table 5). This effect contributes to an increased yield of an aggressive genetic material or a decrease in the genotypic value of a non-aggressive clone. The best-ranked genotype in the STP trial (39550) produced an indirect effect of  $-46.01 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{y}^{-1}$ , on its neighbor, demonstrating that this genotype is highly competitive. A more competitive genotype will have a greater indirect genotypic value in its neighbor (Table 5).

**Table 5** Direct ( $\tau$ ), indirect ( $\phi$ ), and total effects ( $\tau + \phi$ ) for the 20 best *Eucalyptus* clones at 5 years of age, and the correlation between direct and indirect effects ( $r_{\tau\phi}$ ) for all clones for diameter at breast height (DBH, cm), total height (TH, m) and mean annual increment (MAI,  $\text{m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{y}^{-1}$ )

| Rank    | Clone | DBH ( $r_{\tau\phi} = -0.73$ ) |        |               | Clone | TH ( $r_{\tau\phi} = -0.18$ ) |        |               | Clone | MAI ( $r_{\tau\phi} = -0.70$ ) |        |               |
|---------|-------|--------------------------------|--------|---------------|-------|-------------------------------|--------|---------------|-------|--------------------------------|--------|---------------|
|         |       | $\tau$                         | $\phi$ | $\tau + \phi$ |       | $\tau$                        | $\phi$ | $\tau + \phi$ |       | $\tau$                         | $\phi$ | $\tau + \phi$ |
| 1       | 39550 | 24.51                          | -5.06  | 19.45         | 39550 | 24.97                         | -0.83  | 24.14         | 39550 | 120.92                         | -46.01 | 74.90         |
| 2       | 39652 | 22.99                          | -2.66  | 20.32         | 39578 | 24.23                         | -1.11  | 23.12         | 39652 | 103.37                         | -26.89 | 76.48         |
| 3       | 40225 | 22.06                          | -2.19  | 19.87         | 39434 | 24.18                         | -0.26  | 23.92         | 39578 | 93.48                          | -33.35 | 60.13         |
| 4       | 39578 | 21.88                          | -4.59  | 17.29         | 39652 | 24.10                         | -0.90  | 23.20         | 40225 | 91.62                          | -8.31  | 83.31         |
| 5       | 40238 | 21.67                          | -2.71  | 18.96         | 40232 | 23.56                         | -1.18  | 22.37         | 40238 | 87.94                          | -27.75 | 60.19         |
| 6       | 40291 | 21.59                          | -3.07  | 18.52         | 39554 | 23.50                         | -0.02  | 23.48         | 40291 | 83.67                          | -25.72 | 57.95         |
| 7       | 11441 | 21.13                          | -2.27  | 18.86         | 40238 | 23.44                         | -3.26  | 20.18         | 39434 | 83.43                          | -25.18 | 58.25         |
| 8       | 39554 | 20.91                          | -2.65  | 18.26         | 39534 | 23.41                         | -0.75  | 22.66         | 39554 | 83.00                          | -18.76 | 64.24         |
| 9       | 39357 | 20.80                          | -1.38  | 19.42         | 40286 | 23.41                         | 0.29   | 23.70         | 11441 | 82.35                          | -17.20 | 65.16         |
| 10      | 6469  | 20.79                          | -2.24  | 18.54         | 38949 | 23.34                         | -0.03  | 23.30         | 39357 | 81.15                          | -16.48 | 64.67         |
| 11      | 40275 | 20.69                          | -2.66  | 18.03         | 39797 | 23.31                         | 0.30   | 23.61         | 39534 | 79.58                          | -17.29 | 62.29         |
| 12      | 39434 | 20.62                          | -3.25  | 17.37         | 40264 | 23.28                         | -2.05  | 21.23         | 6469  | 78.68                          | -13.70 | 64.98         |
| 13      | 39534 | 20.26                          | -1.96  | 18.30         | 40248 | 23.15                         | -2.65  | 20.50         | 38949 | 76.95                          | -9.31  | 67.64         |
| 14      | 38949 | 20.20                          | -1.19  | 19.01         | 40231 | 23.06                         | -0.28  | 22.78         | 40286 | 75.39                          | -9.56  | 65.84         |
| 15      | 40247 | 20.13                          | -3.04  | 17.10         | 11441 | 23.04                         | -2.37  | 20.68         | 39797 | 75.39                          | -3.83  | 71.56         |
| 16      | 34624 | 20.04                          | -2.62  | 17.42         | 39844 | 22.90                         | 0.57   | 23.46         | 40247 | 74.81                          | -18.58 | 56.23         |
| 17      | 39797 | 20.02                          | -0.63  | 19.39         | 40295 | 22.85                         | -1.31  | 21.54         | 34624 | 74.62                          | -16.98 | 57.64         |
| 18      | 40286 | 19.96                          | -1.48  | 18.47         | 40309 | 22.81                         | -2.98  | 19.83         | 20687 | 71.96                          | 11.81  | 83.78         |
| 19      | 20687 | 19.94                          | 0.63   | 20.57         | 40314 | 22.80                         | -1.46  | 21.34         | 39630 | 71.80                          | -9.56  | 62.24         |
| 20      | 11444 | 19.70                          | -1.51  | 18.20         | 39890 | 22.76                         | 0.71   | 23.47         | 40275 | 71.49                          | -17.91 | 53.58         |
| Control | 32864 | 16.97                          | 0.26   | 17.24         | 32864 | 21.83                         | -0.22  | 21.61         | 32864 | 50.85                          | 0.83   | 51.67         |

In the STP trial, high genetic gains with selection ranged from 11% for TH to 164% for MAI (Table 6). Otherwise, genetic gains predicted in the SP trial were lower than those in the STP trial, varying from 16% to 85%. Computations for the difference between gains in the STP and SP trials verified a substantial decrease of estimated gain in the STP trial in relation to the SP trial (Table 6). For MAI, the difference was 79% because of the gain with selection of the best genetic material in relation to the overall mean. The difference in accumulated gain with selection of the five best clones was 38%, demonstrating the overestimation of gains when this was calculated in the STP trial. In general, selection based on STP data led to off-normal gains in the *Eucalyptus* breeding program.

**Table 6** Genetic gain and gain decrease of the top-selected *Eucalyptus* clones for STP (single-tree-plot) in relation to SP (square-plot) trials for diameter at breast height (DBH, cm), total height (TH, m), and mean annual increment (MAI,  $\text{m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{y}^{-1}$ ) at 5 years of age

| Trait_trial   | Gain in relation to overall mean (%) |                  | Gain in relation to control (%) |                  |
|---|--------------------------------------|------------------|---------------------------------|------------------|
|   | 1 <sup>st</sup> clone                | Five best clones | 1 <sup>st</sup> clone           | Five best clones |
| DBH_STP   | 54                                   | 42               | 44                              | 33               |
| TH_STP  | 20                                   | 16               | 14                              | 11               |
| MAI_STP   | 164                                  | 117              | 138                             | 96               |
| DBH_SP  | 30                                   | 27               | 19                              | 17               |
| TH_SP   | 22                                   | 20               | 18                              | 16               |
| MAI_SP  | 85                                   | 79               | 62                              | 57               |
| STP trial gain decrease in relation to SP trial (%) |                                      |                  |                                 |                  |
|   | 1 <sup>st</sup> clone                | Five best clones | 1 <sup>st</sup> clone           | Five best clones |
| DBH   | 24                                   | 15               | 25                              | 16               |
| TH  | -2                                   | -4               | -4                              | -5               |
| MAI   | 79                                   | 38               | 76                              | 39               |

Besides genetic gain, it was estimated the yield decreasing factor ( $YD(\%)_{10}$ ) of 26%. This value represents the yield reduction in  $\text{m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{y}^{-1}$  of clones planted in monoclonal system in relation to STP experiments. Thus, this value should be used by the company in order to discount the predicted genotypic value of aggressive clones tested in STP designs in the same conditions of the present study. This factor was achieved as the mean of the individual yield decrease ( $YD(\%)_i$ ) of the top 10 clones ranked in STP (Table 7). Using 26% as a reduction factor, it is possible to obtain the estimated yield of aggressive clones in monoclonal plantations ( $YC_{Mo}$ ), by discounting the rate of 26% from the predicted direct effect ( $\tau$ ) obtained with the evaluation of clones in STP experiments (Table 7).

**Table 7** Direct ( $\tau$ ), indirect ( $\phi$ ), total effects ( $\tau + \phi$ ), yield decrease ( $YD(\%)_i$ ) and the estimated yield of an aggressive clone in monoclonal plantation ( $YC_{Mo}$ ) of the most ten *Eucalyptus* aggressive clones for mean annual increment (MAI,  $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot y^{-1}$ ) at 5 years of age with a factor of yield decreasing ( $YD(\%)_{10}$ ) of 26%

| Rank | Clone | $\tau + \phi$ | $\tau$ | $\phi$ | $YD(\%)_i$ | $YC_{Mo}$ |
|------|-------|---------------|--------|--------|------------|-----------|
| 1    | 39550 | 74.90         | 120.92 | -46.01 | 38.05      | 88.86     |
| 2    | 39652 | 76.48         | 103.37 | -26.89 | 26.01      | 75.97     |
| 3    | 39578 | 60.13         | 93.48  | -33.35 | 35.68      | 68.70     |
| 4    | 40225 | 83.31         | 91.62  | -8.31  | 9.07       | 67.33     |
| 5    | 40238 | 60.19         | 87.94  | -27.75 | 31.56      | 64.63     |
| 6    | 40291 | 57.95         | 83.67  | -25.72 | 30.74      | 61.49     |
| 7    | 39434 | 58.25         | 83.43  | -25.18 | 30.18      | 61.32     |
| 8    | 39554 | 64.24         | 83.00  | -18.76 | 22.60      | 61.00     |
| 9    | 11441 | 65.16         | 82.35  | -17.20 | 20.88      | 60.52     |
| 10   | 39357 | 64.67         | 81.15  | -16.48 | 20.31      | 59.64     |

## 6 – DISCUSSION

### 6.1 Genetic parameters and coincidence rank between the STP and SP trials

The STP trial provided higher genetic variance than did the SP trial, revealing the effect of inter-genotypic competition caused by the STP trial design (Resende et al. 2005). Scarpinati et al. (2009) reported higher values of genetic variance in STP trials than those in MTP trials, in a *Eucalyptus* clone experiment. Heritability values varied from 0.37 for TH to 0.60 for DBH and MAI (Table 2). According to Resende (2002), heritability values ranging from 0.01 to 0.15 are considered low, 0.15 to 0.50 values are considered moderate, and values greater than 0.50 are considered high. Massaro et al. (2010) reported values of 0.73 to 0.87 for growth traits in *Eucalyptus* clonal test across 2, 4, and 6-year-old trees. Resende et al. (2016) found heritabilities for MAI ranging from 0.82 to 0.87 in

*Eucalyptus* clonal pilot tests. Thus, heritability values were moderate in the SP trial and high in the STP trial, for all traits except for TH.

As a result of high genetic variance, the heritability values estimated in the STP trial were higher than those in the SP trial for DBH, VOL, and MAI. Scarpinati et al. (2009) showed higher heritability values in STP trials than those in MTP designs. Callister et al. (2013) reported that competition between trees in small plots, such as that which occurs in STP trials, can inflate heritability. The competition effects in STP trials increase the range and variability of genotype effects, resulting in high values of heritability (Resende 2005). As with heritability, CVgi (%) was high in the STP experiment owing to inflation in the genetic variance. The parameters of CVgi (%) and CVr assume an important role as a measure of gain with selection, in that increases in these values indicate higher gains (Maia et al. 2009). In this way, STP experiments may erroneously reflect high genetic control of traits and a false perspective of gain with selection, due to inter-genotypic competition effects.

Prediction accuracy of genetic values of the clones was high (Table 2). Resende and Duarte (2007), reported an accuracy classification system according to which experiments should be conducted. According to these authors, accuracies above 0.70 are sufficient for evaluations in a breeding population. During an evaluation of the Value of Cultivation and Use, accuracies must be greater than 0.90. These high accuracy levels guarantee that reliable clone ranking results can be achieved according to their predicted genetic values.

The high value of correlation between the rankings of predicted genotypic value in the STP trial for 4- and 5-year-old trees for all traits showed the possibility of early selection. The genotypes that were the best at 4 years of age will also be the best at 5 years of age. Therefore, selection at 4 years can improve the efficiency of genetic materials screening by reducing the forest breeding cycle. Osorio et al. (2003) reported a high correlation of MAI for *Eucalyptus* clone yield at 3 and 6 years of age, suggesting that 3 years is an appropriated age for selection. Massaro et al. (2010) showed age-age genotypic correlation values between 2 years and 4 years of 0.93 and between 2 years and 6 years of 0.90 for tree volume in *Eucalyptus* clonal tests. Lima et al. (2011) found high values of age-age correlation between 2 and 7 years for selection of potential parents

(0.98) and potential clones (0.78) in *Eucalyptus* full-sib progeny tests for circumference at breast height. Stanger et al. (2011) reported age-age phenotypic correlation between 4 and 8 years for *Eucalyptus* clones ranging from 0.91 to 0.94.

Since correlation between ranking of predicted genotypic value in the STP and SP trials was high, it is possible to practice genotypic selection in STP trials and to obtain similar ordering results to those in SP trials (Table 3). This is relevant to *Eucalyptus* breeding because an optimization of selection can be achieved by using an STP trial design. Jansson et al. (1998) analyzed the correspondence between STP and MTP genetic tests in *Pinus sylvestris* and reported high values of genetic correlation (mean = 0.80). Stanger et al. (2011) found high correlations (ranging from 0.98 to 0.64) between STP trials and large plot experiments with *Eucalyptus* clones. Zhang et al. (2015) demonstrated that breeding value estimates from STP and MTP trials are strongly genetically correlated for survival (0.84) and rust (0.95), and moderately correlated for volume (0.61) in a slash pine population. Thus, it is possible to test a large number of clones, with high accuracy, and reach a ranking similar to that of an SP experiment.

Similar to the correlation results, the coincidence between the STP and SP ranks were high. In particular, for the MAI of the 30 best clones, the coincidence was 70% (Table 3). Testing the effect on genotypic ranking caused by different plot designs, Scarpinati et al. (2009) found high coincidence between the genotypic ranking of clones in STP and MTP designs. According to these authors, STP experiments should be applied for genotype selection with a high hit rate, with no need to use an SP trial. However, under STP conditions, the best genotypes tended to exhibit overestimates of their superiority over the worst genotypes, which exhibited sensitivity to competition (Table 3). As reported to Zhang et al. (2015), STP tests should be complemented with SP tests to give more accurate estimates of stand-level traits and also to quantify realized genetic gain for growth traits. In this way, STP trials can be used in initial and intermediary clonal tests and SP trials can be used in the final stages of a breeding program as pilot tests, aiming to reach the clonal yield in a semi-operational scale.

## 6.2 Ranking of clones in STP and SP trials

The better-ranked clones in the STP trial showed an overestimation of genotypic value, while the worst-ranked clones in the STP trial presented better development than those in the SP trial for the traits of DBH, VOL, and MAI (Table 4, Fig. 1). This is evident when the yield of the most aggressive clones under low competitiveness (in the STP trial) is compared with their yield under high competitiveness (SP, simulation of monoculture) and a difference in genotypic value can be observed (Fig. 1). These differences between performances of clones in these two trials arise partially because the allocation of genetic materials in the STP trial was not balanced for neighboring materials. In the STP experiments, a selected genotype can be highly competitive and therefore plants are liable to show a natural depression in yield when grown as a monoculture (Resende et al. 2005). Thus, competition effects increase the variability of genotype effects as they amplify the genotypic values of the more aggressive clones (Resende et al. 2005; Pavan et al. 2011).

According to Pavan et al. (2011), when genotypes are exposed to high levels of competitiveness, their yield tends to decrease. This dynamic of differential performance of genotypes in STP and SP trials can be explained by the theory of competition (Boyden et al. 2008), which suggests that as individuals become more similar, and their niches overlap more fully, plants will have reduced fitness or growth due to more intense competition for limiting resources (Boyden et al. 2008). Based on this theory, less genetically different *Eucalyptus* clones should have more niche complementarity at local scales, resulting in greater resource partitioning.

The inverse phenomenon was found for TH (Fig. 2). The best clones in the STP trial showed an increase in TH when planted in an SP design. In the SP design with high competition for light, the most aggressive genotypes were subjected to positive effects of competition. According to Silva et al. (2013), interactions among individuals can be defined as either cooperative or competitive, and this relationship may differ among traits. As with DBH, VOL, and MAI, the resource pool shared by neighboring plants led to suppression of less

aggressive clones. However, there are biotic and abiotic factors that can change competitive relationships in plants and lead to positive neighbor effects (Callaway and Walker 1997). Light competition or pathogens are examples of positive competition effects (Silva et al. 2013).

The clone 32864 presented low variation in yields between the STP and SP trials for all traits, while other genotypes had a high range of variation in genotypic value between trials. Other clones had minimum variation in their genotypic values between the STP and SP trials (Fig. 1 – middle section). According to Resende et al. (2005), the interference of a genetic material on other genotypes can depend on the biology of the individuals. The effect of competitiveness of one genotype on another can depend on the expression of genes in the competitive genotype and in the neighbor (Andersson 2014). As reported by Resende et al. (2016), different genetic materials are expected to have different patterns of interactions with their neighbors, and diverse levels of competition. The genetic behavior caused by intra- and inter-genotypic interactions directly influences how the genetic clonal selection is made (Resende et al. 2016). Reaction to competitiveness was therefore possibly controlled by genes as a common trait, since there were classes of aggressive clones, sensitive clones, and clones homeostatic to the competitiveness effect.

### **6.3 Direct and indirect genotypic values and yield differences in STP and SP trials**

Studying direct and indirect genetic effects is relevant to establishing the competitiveness pattern among different genotypes and for detecting the most aggressive and non-aggressive clones in an experiment. According to Cappa and Cantet (2006), the phenotype of an individual is a linear combination of its genetic effects (direct genetic effects) plus the genetic contributions from other genotypes (indirect genetic effects). An investigation of these effects can also be used to benefit heredity, allowing for the selection of competitive clones and promoting crosses in order to generate genetic material with a high capacity to compete and exploit the environmental conditions (Silva et al. 2013; Resende et al. 2016).

Correlation between direct and indirect effects was negative for all traits and was high for DBH and MAI. A more competitive genotype will have increased negative effects on the growth traits of its neighbors, resulting in a negative correlation between direct and indirect effects. Silva et al. (2013) reported high negative correlations between direct and indirect genetic effects for growth traits, but high positive correlations for disease damage, thereby characterizing competitive and cooperative relationships between neighbors, respectively.

A negative correlation between direct and indirect effects of growth traits indicates competition, where an individual with a positive heritable effect on its own growth has, on average, a negative heritable effect on the growth of its neighbors. In the case of traits related to infection, a positive correlation indicates that plants that are more genetically prone to be infected are also more liable to infect others (Pavan et al. 2011; Silva et al. 2013). In general, tree performances in clonal or progeny tests can be biased due to edge effects and asymmetric competition between genetically diverse individuals (Mendes et al. 2014; Zhang et al. 2015). In this sense, a well-delineated test can provide an accurate ranking of genotypes but also provide biased genotypic values due to competition.

In relation to the inflation on genotypic variance presented in Table 2, gain with selection was overestimated in the STP trial in comparison to that in the SP trial, due to competition interactions (Table 6). Quantification of realized gain for growth traits in SP trials should be used to obtain more accurate estimates, since this trial design mimics the conditions of trees in commercial stands (Zhang et al. 2015). Pavan et al. (2011) reported a decrease in genetic gain after applying competition covariables, indicating a reduced difference among the genotypes. Direct and indirect genetic effects can change the potential response to selection (Silva et al. 2013). Nevertheless, when genetic breeding experiments are directed to select clones for monoculture, an SP trial is preferred in order to reflect real genetic gain, despite the STP tests.

The differences in gain with selection between the two trial designs reveal the possibility of achieving success in optimized multi-clonal plantations. The gain decrease for MAI could be obtained in stands composed of different clones, especially in the case of familiar crops or smaller producers. An optimized multi-clonal plantation could be composed by aggressive and homeostatic clones. The

new clonal system suggested in this paper is based on the idea of homeostatic clones as the insurers of a reasonable volumetric mean and the aggressive clones acting in the expansion of this mean by exploiting the environmental resources. According to Resende et al. (2018), it is possible to increase the productivity of *Eucalyptus* stands with a more accurate selection of genotypes, taking into account the competitive ability of the genotype.

Packages of optimized multi-clonal plantations could be organized, combining good aggressive and homeostatic genetic materials, which can increase the general mean of the plantation as a whole. According to Bristow et al. (2006), mixed clonal crops have the potential to economically benefit the farmer by maximizing genotype yield and taking advantage of competition effects. Boyden et al. (2008) found that stands of genetically diverse *Eucalyptus* trees had greater stand-level biomass, on average, than did genetically identical trees. Diverse genotypes can better exploit available resources and achieve greater community production (Boyden et al. 2008).

As the genetic divergence between genotypes increases, the resource partitioning in a plantation becomes more effective (Vellend 2006). This suggests that different clones have distinct needs and multi-clonal crops could be used successfully, since the most aggressive clone could be used with others less aggressive ones. Resende et al. (2016; 2018) reported that more competitively aggressive clones could optimize their productivity when planted in sites with high residual levels, reaching productivities similar to those of homogeneous stands and eliminating the need for uniform silviculture techniques. Therefore, small-scale producers who do not have access to clones at the scale that is used in big companies' silviculture may opt to use these clones.

The yield decreasing factor ( $YD(\%)_{10}$ ) of 26% could be used by the company to discount the predicted genotypic value of aggressive clones tested in STP designs and avoid the establishment of SP experiments. This result has the potential to generate cost reduction since the company will only assemble STP experiments. This factor should be used only in the same edaphoclimatic and germplasm of the present work, once the competition ability of genotypes can change with the environmental, genetic diversity and species composition (Resende et al. 2016; Boyden et al. 2008). Different genotypes responded

differently to local environmental heterogeneity and competition. Moreover, the productivity capacity of a site can change with environmental uniformity and the competitive ability of the genotypes (Resende et al. 2018).

## **7 – CONCLUSION**

A study with a large number of clones tested in STP and SP trials has yet to be conducted in forest breeding programs. This paper contains pioneer research on using a large number of clones to evaluate the effectiveness of an STP trial design compared to that of an SP trial design.

STP trial designs offer a very promising method for accurately ranking the best genotypes. The STP and SP tests showed high coincidence in ranking selection, but the best clone yields were overestimated in the STP trial, and the worst clone yields were underestimated in the STP trial. STP designs should be used in initial and intermediary clonal tests, while SP designs should be used for the final stages of a breeding program, in order to estimate the clonal yields in a semi-operational scale.

In addition, we found classes of aggressive clones, sensitive clones, and homeostatic clones to the competitiveness effect. This study suggested a new clonal assembling based on these competitive ability classes, that is, the optimized multi-clonal plantation.

The yield decreasing factor of 26% can be used by the company to discount the predicted genotypic value of aggressive clones tested in STP designs in the same conditions of the present study and avoid the establishment of SP experiments, leading to cost reduction.

## 8 – REFERENCES

- Andersson S (2014) Indirect Genetic Effects from Competition in the Clonal Herb *Sedum album* (Crassulaceae). PLoS One 9: 1-7. doi:10.1371/journal.pone.0106104
- Bartholomé J, Salmon F, Vigneron P, Bouvet JM, Plomion C, Gion, JM (2013) Plasticity of primary and secondary growth dynamics in *Eucalyptus* hybrids: a quantitative genetics and QTL mapping perspective. BMC Plant Biol 13: 1-14. doi:10.1186/1471-2229-13-120
- Bates D, Maechler M, Bolker B, Walker S (2015) Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4. J Stat Softw 67: 1-48. doi: 10.18637/jss.v067.i01
- Boyden S, Binkley D, Stape JL (2008) Competition among *Eucalyptus* trees depends on genetic variation and resource supply. Ecology 89: 2850-2859.
- Bristow M, Vanclay JK, Brooks L, Hunt M (2006) Growth and species interactions of *Eucalyptus pellita* in a mixed and monoculture plantation in the humid tropics of north Queensland. Forest Ecol Manag 233: 285-294. doi:10.1016/j.foreco.2006.05.019
- Callaway RM, Walker LR (1997) Competition and facilitation: a synthetic approach to interactions in plant communities. Ecology 78: 1958–1965.
- Callister AN, England N, Collins S (2013) Predicted genetic gain and realised gain in stand volume of *Eucalyptus globulus*. Tree Genet Genomes 9:361–375. doi: 10.1007/s11295-012-0558-8

- Cappa EP, Cantet RJC (2006) Direct and Competition Additive Effects in Tree Breeding: Bayesian Estimation From an Individual Tree Mixed Model. *Silvae Genet* 57: 1-13.
- Griffing B (1966) Selection in reference to biological groups. Individual and group selection applied to populations of unordered groups. *Aust. J. Biol. Sci.* 20: 127-39.
- Jansson G, Danell Ö, Stener LG (1998) Correspondence between single-tree and multiple-tree plot genetic tests for production traits in *Pinus sylvestris* Can. J. For. Res. 28: 450-458.
- Li C et al (2016) Genetic parameters for growth and wood mechanical properties in *Eucalyptus cloeziana* F. Muell. *New Forest* 48: 33–49. doi: 10.1007/s11056-016-9554-4
- Massaro RAM, Bonine CAV, Scarpinati EA, Paula RC (2010) Viabilidade de aplicação da seleção precoce em testes clonais de *Eucalyptus spp.* *Cienc Florest* 20: 597-609.
- Mendes MHS, Rosse LN, Toledo FHRB, Ramalho MAP (2013) Experimental strategies for clonal *Eucalyptus*. *Silvae Genet* 63: 1–2.
- Osorio LF, White TL, Huber DA (2003) Age–age and trait–trait correlations for *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden and their implications for optimal selection age and design of clonal trials. *Theor Appl Genet* 106: 735–743. doi: 10.1007/s00122-002-1124-9
- Pavan BE, Paula RC, Perecin D, Candido LS, Scarpinati EA (2011) Minimizing inter-genotypic competition effects to predict genetic values and selection in forestry genetic tests. *Sci. Agric.* 68: 671-678.

- Petroli CD et al (2012) Genomic Characterization of DArT Markers Based on High-Density Linkage Analysis and Physical Mapping to the *Eucalyptus* Genome. PLoS ONE 9: 1-14. doi:10.1371/journal.pone.0044684
- Resende MDV (2002) Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes. Editora Embrapa, Brasília.
- Resende MDV, Duarte JB (2007) Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. Pesqui. Agropecu. Trop. 37: 182-194.
- Resende MDV (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. Crop Breed Appl Biotechnol. 16 :330-339. doi: /10.1590/1984-70332016v16n4a49
- Resende RT, Marcatti GE, Pinto DS, Takahashi EK, Cruz CD, Resende MDV (2016) Intra-genotypic competition of *Eucalyptus* clones generated by environmental heterogeneity can optimize productivity in forest stands. Forest Ecol Manag 380: 50-58. doi: 10.1016/j.foreco.2016.08.041
- Resende RT, Soares AAV, Forrester DI, Marcatti GE, Santos AR, Takahashi EK, Silva FF, Grattapaglia D, Resende MDV, Leite HG (2018) Environmental uniformity, site quality and tree competition interact to determine stand productivity of clonal *Eucalyptus*. Forest Ecol Manag 410: 76-83. doi: /10.1016/j.foreco.2017.12.038
- Resende MDV, Stringer J, Cullis B, Thompson R (2005) Joint modelling of competition and spatial variability in forest field trials. Rev. Mat. Estat. 23:7-22.

- Santos GA, Nunes ACP, Resende MDV, Silva LD, Higa A, Assis TF (2016) An index combining volume and Pilodyn penetration to study stability and adaptability of *Eucalyptus* multi-species hybrids in Rio Grande do Sul, Brazil. *Aust Forestry* 79: 248-255. doi: 10.1080/00049158.2016.1237253
- Scarpinati EA, Perecin D, Paula RC, Bonine VCA, Pavan BE, Candido LS (2009) Influência do modelo de análise estatística e da forma das parcelas experimentais na seleção de clones de *Eucalyptus* spp. *R. Árvore* 33: 769-776.
- Schumacher FX, Hall FS (1933) Logarithmic expression of timber-tree volume. *J Agric Res* 47: 719-734.
- Silva JC, Potts BM, Bijma P, Kerr RJ, Pilbeam DJ (2012) Genetic control of interactions among individuals: contrasting outcomes of indirect genetic effects arising from neighbor disease infection and competition in a forest tree. *New Phytol* 197: 631–641. doi: 10.1111/nph.12035
- Stanger TK, Galloway GM, Retief ECL (2011) Final results from a trial to test the effect of plot size on *Eucalyptus hybrid* clonal ranking in coastal Zululand, South Africa. *South Forests* 73: 131–135. doi: 10.2989/20702620.2011.639492
- Stringer JK, Cullis BR, Thompson R (2011) Joint Modeling of Spatial Variability and Within-Row Interplot Competition to Increase the Efficiency of Plant Improvement. *J Agric Biol Environ Stat* 16: 269-281. Doi: 10.1007/s13253-010-0051-5
- Suontama M, Low CB, Stovold GT, Miller MA, Fleet KR, Li1 Y, Dungey HS (2015) Genetic parameters and genetic gains across three breeding cycles for

growth and form traits of *Eucalyptus regnans* in New Zealand. *Tree Genet Genomes* 11:133. doi: 10.1007/s11295-015-0957-8

Vellend M (2006) The consequences of genetic diversity in competitive communities. *Ecology* 87: 304–31.

Zhang J, Peter GF, Powell L, White TL, Gezan SA (2015) Comparison of breeding values estimated between single-tree and multiple-tree plots for a slash pine population. *Tree Genet Genomes* 11:48. Doi: 10.1007/s11295-015-0870-1

## **CAPÍTULO 2: INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR LOCAIS AOS TRÊS E NOVE ANOS EM CLONES DE *Eucalyptus***

### **1 – RESUMO**

O presente trabalho teve como objetivo determinar o padrão de estratificação ambiental em um estudo de interação G x A de plantios clonais de *Eucalyptus*, aos três e nove anos, em três localidades, no estado do Rio Grande do Sul. Os experimentos foram conduzidos nas áreas da empresa CMPC Celulose Riograndense, nos hortos florestais de Capivara, Fortaleza e São João. Os testes clonais continham um total de 804 diferentes clones de eucalipto, plantados em espaçamento de 3,5 m x 2,6 m, com delineamento de blocos ao acaso, parcela de árvore única e 30 repetições. Como testemunha, foi utilizado o clone comercial 32864. O diâmetro à altura do peito (DAP), a altura total das árvores (Ht), a sobrevivência, o volume (Vol) e o incremento médio anual (IMA) dos testes foram mensurados. A partir dos dados coletados nas duas idades, foram realizadas análises genéticas utilizando o software Selegen REML/BLUP. Constatou-se que o padrão de interação G x A modificou dos três para os nove anos, devido à uniformização do desempenho dos clones e à melhor adaptação destes às variações ambientais. Esta maior uniformidade foi expressa pelo aumento das correlações genotípicas entre os locais nas diferentes idades. Aos três anos foram encontradas três zonas de melhoramento, representadas por cada sítio, enquanto que aos nove formaram-se duas zonas, sendo estas São João-Fortaleza e Capivara. A partir do ordenamento dos materiais genéticos superiores nos ambientes, para o caráter IMA, os cinco melhores clones apresentaram desempenho superior em relação à testemunha, com ganho acumulado de 21% para u+g, e em relação à média geral da população. O clone 39416 apresentou o melhor desempenho, de acordo com a expectativa de ganhos genéticos a partir da análise simultânea de produtividade, adaptabilidade e estabilidade.

Palavras-chave: Melhoramento florestal; Interação Genótipos × Ambientes (G × A); Testes clonais; Recomendação genotípica.

## 2 – ABSTRACT

This study aimed to determine the environmental stratification pattern in a G × E interaction study of three clonal *Eucalyptus* trials located in Rio Grande do Sul (a Brazilian state), at three and nine years after planting. The experiments were carried out in the areas of CMPC Celulose Riograndense company, in the sites Capivara, Fortaleza and São João. Accounting all clonal trials, 804 different *Eucalyptus* clones were evaluated. The experimental design was randomized blocks with 30 replicates, single-tree-plot and planting spacing of 3.5 × 2.6 m. As a comparative control, the commercial clone 32864 was adopted. Five phenotypes were evaluated, named, Diameter at breast height (DBH), total tree height (Ht), individual survival, volume (Vol) and mean annual increment (MAI). The genetic analyzes were performed using Selegen-REML/BLUP free software. It was possible to verify that the G × E interaction noteworthy changed from three to nine years, due to the uniformity of the performance of the clones and their better adaptation to the environmental variations. This greater uniformity was expressed by increased genotypic correlations between sites over the ages. At three-year, three breeding zones were found (i.e. represented by each site), while the nine-year formed two zones, being the combining of São João and Fortaleza versus Capivara. It was verified that only five best clones presented superior MAI performance in relation to the control, with accumulated gain of 21%. Nonetheless, 32864 presented the greatest general performance, according to their greater genetic gains, productivity, adaptability and stability.

Keywords: Forest breeding; Genotype by Environment Interaction (G × E); Clonal trials; Genetic Selection.

### 3 – INTRODUÇÃO

A existência de grandes maciços florestais, constituídos de espécies do gênero *Eucalyptus*, garante a matéria-prima necessária para a produção de diferentes produtos madeireiros presentes no cotidiano da população. Os avanços tecnológicos envolvendo a ciência florestal são responsáveis pelo estabelecimento de plantios clonais de eucalipto de alta produtividade e que demandam menor tempo de rotação e de custo para a produção de madeira, quando comparado às outras espécies madeireiras (BIRK; TURNER, 1992; FONSECA et al. 2010). Melhorias contínuas na qualidade dos produtos resultantes de plantios de *Eucalyptus* têm sido obtidas, em virtude dos investimentos em programas de melhoramento genético, feitos por empresas e instituições de ensino e pesquisa nos últimos anos (ASSIS et al. 1996; ARAÚJO et al. 2015; CASTRO et al. 2016).

Os programas de melhoramento genético florestal baseiam-se na seleção e recombinação de materiais genéticos superiores, visando a melhoria das condições adaptativas e o aumento da frequência dos alelos de interesse (PIRES et al. 2011). Para determinar quais são os clones de eucalipto mais adaptados aos diferentes ambientes, são necessárias avaliações periódicas da produtividade dos genótipos em regiões distintas de plantio da rede experimental (CRUZ et al. 2012). A partir desses estudos, é possível compreender o desempenho dos indivíduos ao longo do tempo nestas regiões (ODA et al. 1989).

Assim como avaliar o desempenho dos genótipos ao longo do tempo, é relevante considerar as condições ambientais diversificadas em que estes estão estabelecidos, uma vez que os ambientes influenciam no comportamento diferencial dos genótipos (VENCOSKY; BARRIGA, 1992; HARDNER et al. 2011; CRUZ et al. 2012). A interação genótipos por ambientes (G × A) pode provocar alterações na magnitude e significância das variâncias que compõem os parâmetros genéticos da população, assim como mudanças no ordenamento dos melhores indivíduos no gradiente ambiental (FALCONER et al. 1996). A existência de interação G × A na rede experimental, pode indicar que os melhores clones em um ambiente não apresentarão bom desenvolvimento em

outro (PIRES et al. 2011). Desta maneira, avaliar a existência de interação G x A é fundamental para a maximização de ganhos genéticos com seleção no melhoramento.

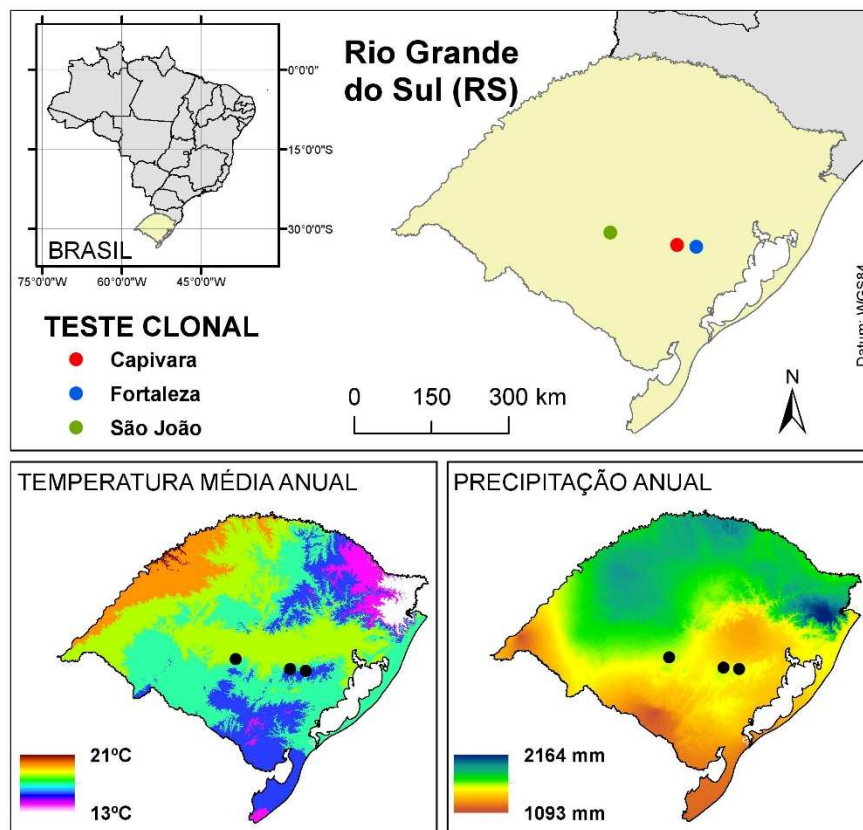
Durante a etapa de avaliação de novos clones em um programa de melhoramento é crucial identificar aqueles mais adaptados e com alta estabilidade de produção nas diferentes regiões de plantio. Estes critérios de seleção devem ser estudados ao longo do tempo, até a idade de rotação, em experimentos de campo para garantir o sucesso da recomendação genotípica (NUNES et al. 2002; PINTO JÚNIOR et al. 2011). Neste sentido, é necessário o estudo do padrão de interação G x A em avaliações periódicas, uma vez que esta interação é determinante para a manifestação do fenótipo e pode se alterar com o passar dos anos (NUNES et al. 2002; CRUZ et al. 2012).

Dentro desse contexto, o objetivo deste trabalho foi determinar o padrão de estratificação ambiental em um estudo de interação G x A em plantios clonais de *Eucalyptus*, presentes em três localidades, no estado do Rio Grande do Sul.

## **4 – MATERIAL E MÉTODOS**

### **4.1 Rede experimental**

Os experimentos foram conduzidos nas áreas da empresa CMPC Celulose Riograndense, nos municípios de Encruzilhada do Sul (Horto Florestal Capivara, lat 30° 27' S, long 52° 39' W), Dom Feliciano (Horto Florestal Fortaleza, 30° 29' S, long 52° 19' W) e Vila Nova do Sul (Horto Florestal São João, lat 30° 14' S, long 53° 49' W), todos localizados no estado do Rio Grande do Sul, Brasil. As condições climáticas, relacionadas à temperatura média e à precipitação anual dos locais estudados, encontram-se na Figura 1.



**Figura 1.** Ambientes que compõem a rede experimental (Capivara, Fortaleza e São João). Os mapas inferiores representam as médias de temperatura e precipitação anual do estado do Rio Grande do Sul, com destaque para os locais de interesse

Além das condições climáticas, outro fator relevante levantado em relação às áreas em estudo, foi a classificação do solo em cada sítio (Tabela 1).

**Tabela 1.** Condições edafoclimáticas de três ambientes do estado do Rio Grande do Sul, utilizados para experimentação

|  | <b>Capivara</b>  | <b>Fortaleza</b>  | <b>São João</b>   |
|--|--|---|---|
| <b>Tipo de Solo</b>                      | Argissolo Vermelho distrófico abrupto – Textura arenosa/argilosa | Argissolo Vermelho Amarelo distrófico típico – Textura média/argilosa | Argissolo Vermelho distrófico típico – Textura média/argilosa |
| <b>Fertilidade</b>                       | Média a alta   | Média a alta  | Média a baixa   |
| <b>Profundidade do solo</b>              | Médio  | Raso  | Profundo  |
| <b>Relevo</b>                            | Ondulado   | Ondulado  | Plano suave ondulado  |
| <b>Mudança textural (perfil do solo)</b> | Moderada   | Forte   | Leve  |
| <b>Temperatura Média</b>                 | 17,0 °C  | 16,0 °C   | 16,8 °C   |
| <b>Pluviosidade</b>                      | 1.368 mm   | 1.564 mm  | 1.133 mm  |

Adaptado de Santos et al. (2013).

#### 4.2 Delineamento experimental e coleta de dados

A rede de testes clonais foi implantada no ano de 2007 com 804 clones de eucalipto, plantados em espaçamento de 3,5 m x 2,6 m. Como testemunha foi utilizado o principal clone comercial plantado pela empresa (clone 32864). Em cada sítio, um experimento com delineamento de blocos ao acaso (DBC) foi estabelecido, com parcelas de árvore única e 30 repetições.

O número total de clones em cada ambiente variou, sendo que, em Capivara foram plantados 515 clones, em Fortaleza haviam 561 e em São João, 579. A quantidade de clones em comum entre Capivara e Fortaleza foi de 345, Capivara e São João, 365 e Fortaleza e São João, 413. Havia ainda, 115 clones comuns em todos os ambientes, que foram utilizados para a análise conjunta da interação G x A.

A coleta dos dados foi realizada aos três e nove anos de idade, mensurando-se o diâmetro à altura do peito (DAP), em centímetros, e a altura

total das árvores (Ht), em metros. O DAP foi mensurado com o auxílio de uma fita diamétrica e a altura foi obtida com o uso do relascópio. Além disso, foi analisada e quantificada a sobrevivência nos testes.

O volume total da árvore (Vol, m<sup>3</sup>) foi calculado nos dois períodos, seguindo a equação de Schumacher e Hall (1933). O cálculo do incremento médio anual (IMA, em m<sup>3</sup>. ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup>), foi efetuado utilizando o volume individual das árvores extrapolado para 1 ha e dividido pela idade.

### **4.3 Modelos estatísticos**

A partir dos dados coletados, foram realizadas diferentes análises utilizando modelos do software Selegen REML/BLUP (RESENDE, 2016). Estes modelos foram usados com o objetivo de avaliar o comportamento das populações clonais nos dois períodos, o padrão de interação G x A com o passar dos anos e a ocorrência de diferenças na expressão dos valores genotípicos dos clones entre os ambientes.

#### **4.3.1 Modelo estatístico para avaliação da interação G x A em cada idade**

A interação G x A foi avaliada com o uso do modelo demonstrado abaixo:

$$Y = Xr + Zg + Wb + Ti + e$$

Em que Y é o vetor de dados; r é o vetor dos efeitos fixos (média geral neste caso), ajustando combinações média-local; g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios); b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios); i é vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios); e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas (X, Z, W e T) representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

### **4.3.2 Modelo estatístico para análise de teste clonal por local em cada idade**

A análise local em cada ano foi realizada a partir do modelo exposto abaixo:

$$Y = Xr + Zg + Wb + e$$

Em que  $Y$  é o vetor de dados;  $r$  é o vetor dos efeitos fixos (média geral neste caso);  $g$  é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios);  $b$  é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios);  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas ( $X$ ,  $Z$  e  $W$ ) representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

### **4.3.3 Modelo estatístico para avaliar a rede experimental nos três ambientes e nas duas idades**

A avaliação de toda a rede experimental, considerando as informações de todas as medições, ocorreu via utilização do modelo que é dado por:

$$Y = Xf + Zg + Ogl + Tgm + Wglm + Sp + e$$

Em que  $Y$  é o vetor de dados;  $f$  é o vetor dos efeitos das combinações média-local-medição (assumidos como fixos);  $g$  é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios);  $gl$  é vetor dos efeitos da interação de genótipos com locais (aleatórios);  $gm$  é o vetor dos efeitos da interação genótipos x medições;  $glm$  é o vetor dos efeitos da interação tripla genótipos x locais x medições (assumidos como aleatórios);  $p$  é o vetor dos efeitos permanentes de parcela dentro de locais (assumidos como aleatórios);  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas ( $X$ ,  $Z$ ,  $O$ ,  $T$ ,  $W$  e  $S$ ) representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

#### **4.3.4 Análise de ganhos genéticos, estabilidade e adaptabilidade**

A partir dos resultados obtidos por meio do modelo descrito no tópico 4.3.3, foram encontrados os valores genotípicos dos clones. Desta forma, foi realizado o ranqueamento dos clones superiores na amostragem em relação aos ganhos genéticos obtidos em relação à média geral da população e à testemunha (clone 32864). Este comparativo baseou-se na análise de produtividade dos clones (IMA), avaliando os valores genotípicos preditos livres de interação ( $u+g$ ) e os valores genotípicos preditos acrescidos da interação média entre ambientes ( $u+g+gem$ ).

Além disso, com os valores genotípicos preditos para o caráter IMA, os genótipos foram ranqueados de acordo com a seleção conjunta por produtividade, estabilidade e adaptabilidade. Este procedimento foi baseado na estatística denominada média harmônica da performance relativa dos valores genéticos ( $MHPRVG*MG$ ) preditos, conforme descrito por Resende (2004). As análises citadas foram realizadas utilizando o software Selegen REML/BLUP (RESENDE, 2016).

## **5 – RESULTADOS E DISCUSSÃO**

### **5.1 Parâmetros genéticos da análise de interação $G \times A$ por idade**

De maneira geral, as estimativas de herdabilidade individual no sentido amplo para os caracteres, aumentaram de três para nove anos (Tabela 2). Estes acréscimos variaram entre 39% (DAP) a 161% (Ht). De acordo com Resende (2002), pode-se considerar que a herdabilidade variou entre valores de baixa ( $h^2g$  entre 0,01 e 0,15) a média ( $h^2g$  entre 0,15 e 0,50) magnitude nos dois períodos, para todo os caracteres. A sobrevivência apresentou herdabilidade baixa nas duas idades ( $h^2g = 0,02$  e  $0,03$ ), o que indica que este é um caráter fortemente influenciado pelo ambiente nos casos de testes clonais.

A herdabilidade de médias de clones ( $h^2_{mg}$ ) para o IMA, avaliado de forma conjunta nos três ambientes, apresentou valores de média a alta magnitude, que foram iguais a 0,58 e 0,74, quando obtidos aos três e nove anos, respectivamente. Estes valores demonstram que há potencial em se realizar a seleção a partir de médias de clones. 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 (ROSADO et al. 2012).

O coeficiente de variação relativa (CVr) apresentou valores baixos a moderados, variando entre 0,14 (sobrevivência) a 0,64 (DAP). O CVr para todos caracteres aumentou dos três aos nove anos, sugerindo que as populações apresentaram maior variabilidade genética aos nove anos.

As acurácias dos valores genéticos preditos variaram de 0,62 (Ht) a 0,87 (DAP), sendo estes valores considerados médios a altos, de acordo com Resende e Duarte (2007). Para o caráter IMA, as acurácias apresentaram valores elevados iguais a 0,76 e 0,86 aos três e nove anos, respectivamente, corroborando com resultados obtidos por Resende et al. (2017). Esses autores demonstraram altas acurácias preditivas realizadas por meio de validação cruzada em testes clonais aos seis anos para o mesmo caráter. Este resultado evidencia a alta confiabilidade dos valores genotípicos preditos e a qualidade experimental.

**Tabela 2.** Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP em cm), altura total (Ht em m), volume (Vol em m<sup>3</sup>), incremento volumétrico médio anual (IMA em m<sup>3</sup>. ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup>) e sobrevivência, para clones de *Eucalyptus*, avaliados na análise conjunta entre os ambientes, aos três e nove anos de idade

| Parâmetros          | DAP   |       | Ht    |       | Vol   |       | IMA   |       | Sobrevivência |       |
|---------------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|---------------|-------|
|                     | 3     | 9     | 3     | 9     | 3     | 9     | 3     | 9     | 3             | 9     |
| h <sup>2</sup> g    | 0,18  | 0,24  | 0,06  | 0,16  | 0,14  | 0,23  | 0,14  | 0,23  | 0,02          | 0,03  |
| h <sup>2</sup> mg   | 0,67  | 0,76  | 0,41  | 0,73  | 0,58  | 0,74  | 0,58  | 0,74  | 0,38          | 0,47  |
| Acgen               | 0,82  | 0,87  | 0,64  | 0,85  | 0,76  | 0,86  | 0,76  | 0,86  | 0,62          | 0,68  |
| c <sup>2</sup> bloc | 0,04  | 0,01  | 0,08  | 0,01  | 0,05  | 0,01  | 0,05  | 0,01  | 0,03          | 0,02  |
| c <sup>2</sup> int  | 0,15  | 0,15  | 0,13  | 0,12  | 0,17  | 0,16  | 0,17  | 0,16  | 0,04          | 0,06  |
| Rgloc               | 0,53  | 0,62  | 0,32  | 0,58  | 0,45  | 0,59  | 0,45  | 0,59  | 0,30          | 0,34  |
| CVgi%               | 8,20  | 15,00 | 5,02  | 10,91 | 17,97 | 34,70 | 17,97 | 34,70 | 5,22          | 7,64  |
| CVe%                | 15,52 | 23,37 | 17,33 | 23,05 | 38,59 | 56,89 | 38,59 | 56,89 | 36,51         | 41,62 |
| CVr                 | 0,53  | 0,64  | 0,29  | 0,47  | 0,47  | 0,61  | 0,47  | 0,61  | 0,14          | 0,18  |
| Média               | 13,17 | 19,51 | 14,43 | 26,48 | 0,10  | 0,44  | 42,77 | 65,14 | 0,86          | 0,83  |

Sendo os parâmetros: **h<sup>2</sup>g**: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; **h<sup>2</sup>mg**: herdabilidade ajustada da média de genótipo; **Acgen**: acurácia da seleção de genótipos; **c<sup>2</sup>bloc**: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco; **c<sup>2</sup>int**: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente; **Rgloc**: correlação genotípica entre os ambientes; **CVgi%**: coeficiente de variação genotípica individual; **CVe%**: coeficiente de variação residual; **CVr**: coeficiente de variação relativa; Média geral do experimento.

A correlação genética entre locais ( $R_{gloc}$ ) apresentou valores abaixo de 0,70, demonstrando que os clones apresentaram desempenho diferenciado nos três ambientes. Neste caso, a recomendação generalizada de clones advindos de seleção precoce aos três anos, para os locais avaliados, não é indicada. Aos nove anos, os valores de  $R_{gloc}$  aumentaram, demonstrando que as variações entre os ambientes diminuem com o tempo para o caráter IMA. Sendo assim, conclui-se que estes são menos influenciados pelo ambiente aos nove anos, ou seja, quanto maior for  $R_{gloc}$ , menor será a interação  $G \times A$ .

A diminuição dos valores do coeficiente de determinação dos efeitos da interação  $G \times A$  ( $c^2_{int}$ ) de três para nove anos, corroboram com os resultados de  $R_{gloc}$  e com a teoria de que a interação  $G \times A$  diminui com o tempo para o caráter IMA. O  $c^2_{int}$  quantifica quanto da variação fenotípica é representada por efeito deste tipo de interação (STURION; RESENDE, 2005).

A partir da análise genética de cada local (Tabela 3) constatou-se que o sítio São João foi o mais produtivo dentre os avaliados (IMA igual a 50,27 e 74,37  $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$ , aos três e nove anos, respectivamente). Este sítio apresenta solo profundo (Tabela 1), o que pode ter contribuído para a maior produtividade dentre todos os sítios. Considerar este fator é importante, pois permite detectar qual o local, dentre os avaliados, é o mais adequado para se realizar a seleção de indivíduos em um programa de melhoramento. Dessa maneira, é possível fornecer aos genótipos condições propícias para a expressão genotípica máxima, aumentando a variabilidade genética e facilitando a detecção de materiais genéticos superiores.

**Tabela 3.** Estimativas de parâmetros genéticos para o caráter incremento volumétrico médio anual (IMA em m<sup>3</sup>. ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup>) para clones de *Eucalyptus*, avaliados na análise de teste clonal individual em cada local aos três e nove anos de idade

| Parâmetros          | IMA      |       |           |       |          |       |
|---------------------|----------|-------|-----------|-------|----------|-------|
|                     | Capivara |       | Fortaleza |       | São João |       |
|                     | 3        | 9     | 3         | 9     | 3        | 9     |
| h <sup>2</sup> g    | 0,39     | 0,47  | 0,27      | 0,35  | 0,26     | 0,31  |
| c <sup>2</sup> bloc | 0,05     | 0,01  | 0,11      | 0,02  | 0,04     | 0,01  |
| h <sup>2</sup> mc   | 0,41     | 0,48  | 0,30      | 0,35  | 0,27     | 0,32  |
| Acclon              | 0,97     | 0,98  | 0,96      | 0,97  | 0,94     | 0,94  |
| CVgi%               | 27,29    | 51,82 | 19,80     | 39,15 | 28,32    | 41,67 |
| CVe%                | 32,69    | 54,45 | 30,18     | 52,86 | 46,11    | 61,04 |
| CVr                 | 0,83     | 0,95  | 0,66      | 0,74  | 0,61     | 0,68  |
| Média               | 43,29    | 64,82 | 35,63     | 58,39 | 50,27    | 74,37 |

Sendo os parâmetros: **h<sup>2</sup>g**: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; **c<sup>2</sup>bloc**: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco; **h<sup>2</sup>mc**: herdabilidade ajustada da média de genótipo; **Acclon**: acurácia da seleção de genótipos; **CVgi%**: coeficiente de variação genotípica individual; **CVe%**: coeficiente de variação residual; **CVr**: coeficiente de variação relativa; Média geral do experimento.

Os valores de herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo (h<sup>2</sup>g) variaram entre 0,26 e 0,47 e são considerados moderados (RESENDE, 2002). Este resultado pode ser justificado pelo fato de que a análise individual utiliza os dados de cada idade e local separadamente, e por ela considerar as variâncias obtidas para cada ambiente durante o cálculo da herdabilidade. Outro resultado que corroborou com os valores obtidos para a herdabilidade foi o do coeficiente de variação relativa (CVr). As relações demonstradas por este coeficiente apresentaram valores elevados (variaram entre 0,61 e 0,95). Estes valores indicam que houve menor influência dos resíduos quando cada clone foi avaliado em seus respectivos locais de ocorrência e também, que esta análise resulta em maior efeito genético na expressão dos caracteres.

O sítio que apresentou maiores valores de CVr foi o Capivara (0,83 e 0,95, aos três e nove anos, respectivamente), o que indica haver maior variabilidade genética entre os indivíduos nesta área. É importante considerar, que enquanto

Capivara possui maior variabilidade, São João possui maiores médias de produtividade, devendo estes dois resultados serem ponderados durante a tomada de decisão para a seleção dos melhores clones nestes locais. Dessa maneira, é necessário realizar o estudo de estratificação ambiental para determinar as frentes de melhoramento. Caso Capivara e São João formem uma única zona de melhoramento, Capivara deve ser preferido por possibilitar maior variabilidade genética. Em contrapartida, casos estes dois ambientes formem duas zonas de melhoramento separadamente, a seleção ocorrerá em cada área de forma independente.

A acurácia dos valores genéticos para os locais em cada idade ultrapassaram 94% (Tabela 3), valor considerado alto (RESENDE; DUARTE, 2007). Sendo a acurácia o parâmetro mais adequado para demonstrar a qualidade experimental, os valores encontrados ratificam que o delineamento empregado e o número de repetições (30) nos testes clonais foram adequados para garantir alta confiabilidade dos resultados.

As estimativas dos parâmetros genéticos são importantes no direcionamento dos programas de melhoramento, pois auxiliam no processo de seleção e na recomendação de novos clones comerciais (MAIA et al. 2009). Devido a esta relevância, é fundamental a análise adequada dos parâmetros, para compreender a magnitude e natureza da interação entre clones e ambientes, permitindo então, a escolha da melhor estratégia de seleção (NUNES et al. 2002; NUNES et al. 2016). Neste cenário, o estudo sobre a interação  $G \times A$  é fundamental para a obtenção de ganhos genéticos significativos ao final do programa de melhoramento florestal, sendo portanto, uma etapa imprescindível a ser realizada pelo melhorista (HARDNER et al. 2011).

## **5.2 Zonas de melhoramento**

As zonas de melhoramento são comumente criadas para subdividir a área total do experimento e minimizar os efeitos da interação  $G \times A$  dentro das mesmas (SOUZA et al. 1992; ELDRIDGE et al. 1994; RESENDE, 2005). Cada zona de melhoramento é caracterizada por não possuir interação  $G \times A$

complexa, ou seja, demanda apenas um programa de melhoramento específico, que possibilita a obtenção de ganhos genéticos maximizados em cada área (RESENDE, 2005; MARTINEZ et al. 2012; NUNES et al. 2016).

As correlações genéticas entre os ambientes para o caráter IMA, aos três e nove anos, respectivamente, foram: Capivara e Fortaleza (0,48 e 0,62); Capivara e São João (0,53 e 0,57); Fortaleza e São João (0,62 e 0,72). A partir dos valores obtidos é possível constatar que aos três anos as correlações são baixas (RESENDE, 2005), demonstrando que existem influências diferenciadas dos locais para o desempenho dos genótipos. Além disso, é possível constatar que a correlação aumenta para todas as relações entre ambientes na idade de nove anos.

Aos nove anos, apenas a correlação entre São João x Fortaleza atingiu valor superior a 0,70 (correlação = 0,72), que é o valor de referência para indicar que estes locais formam uma única zona de melhoramento, de acordo com Resende e Duarte (2007). Aos nove anos, as correlações entre Capivara x São João e Capivara x Fortaleza apresentaram valores considerados baixos. Dessa forma, conclui-se que aos nove anos há apenas duas zonas de melhoramento entre os ambientes, sendo estas São João-Fortaleza e Capivara, enquanto que aos três anos podem ser constatadas três zonas, que são representadas por cada sítio. O resultado encontrado demonstra, que apesar da proximidade entre os ambientes Fortaleza e Capivara, demonstrada pela Figura 1, os fatores edafoclimáticos podem ser relevantes para a criação de zonas de melhoramento. Neste sentido, a utilização de informações edafoclimáticas referentes aos locais onde os plantios foram alocados é fundamental para a adequada interpretação quanto ao desenvolvimento dos genótipos (MARCATTI et al. 2017).

Levando em consideração estes aspectos, as zonas de melhoramento encontradas neste trabalho, corroboram com os resultados obtidos anteriormente por Nunes et al. (2016). Esta diferenciação pode ter ocorrido devido à textura do solo deste local ser do tipo arenosa/argilosa (Tabela 1), o que possivelmente influenciou no desenvolvimento diferenciado dos genótipos neste ambiente em relação aos demais locais. Nunes et al. (2016) demonstraram que o sítio Capivara apresenta características de solo diferente dos demais. Além disso, esses autores, utilizando um índice de seleção que agrega um

caráter de qualidade da madeira aos três anos, estabeleceram as mesmas zonas de melhoramento encontradas na presente pesquisa aos nove anos para o caráter IMA.

Como reportado por Nunes et al (2016), o índice de seleção que envolveu DAP e profundidade de penetração do pilodyn foi capaz de capitalizar de forma mais eficiente do que o IMA, a variabilidade genética disponível na população aos 3 anos e gerar a estratificação ambiental otimizada, a qual foi constatada para IMA apenas aos nove anos. Dessa forma, o padrão de estratificação ambiental pode se alterar com o tempo, a depender do caráter avaliado no estudo. Índices de seleção são recomendados, por possibilitarem a seleção dos materiais genéticos com base no desempenho total dos mesmos e por fornecer mais informações importantes para a seleção genética e estabelecimento de estratégias de melhoramento (REIS et al. 2011; FREITAS et al. 2012; NUNES et al. 2017).

Avaliar a formação de zonas de melhoramento é importante durante o processo de recomendação de novos clones para plantio comercial, pois havendo diferentes níveis de correlações entre os ambientes, devem ser realizados diferentes tipos de indicações para plantio em cada área, de acordo com a correlação apresentada. Com os resultados obtidos, em relação aos parâmetros genéticos e à formação de zonas de melhoramento, é possível concluir que a interação entre os genótipos e os ambientes se modifica com o passar dos anos para o caráter IMA. Pode-se afirmar, portanto, que com o passar do tempo, a influência do ambiente sobre o desempenho dos clones diminuiu, impactando na forma como os clones devem ser selecionados.

### **5.3 Ganhos com seleção**

A obtenção de ganhos genéticos em programas de melhoramento de eucalipto tem se tornado cada vez mais difícil, uma vez que genótipos altamente adaptados são gerados a cada ano. O uso de procedimentos analíticos mais refinados, como o emprego de modelos lineares mistos, para o estudo mais detalhado dos componentes da média e da variância dos caracteres, tem

possibilitado a identificação de genótipos superiores às testemunhas comerciais (MAIA et al. 2009).

A avaliação dos ganhos genéticos com seleção foi realizada para a seleção dos melhores genótipos, a partir da comparação entre seus valores genotípicos preditos livres de interação ( $u+g$ ) e dos valores genotípicos preditos acrescidos da interação média entre ambientes ( $u+g+gem$ ). Estes valores são provenientes da análise conjunta de modelos mistos, a qual considera todos os ambientes e todas as idades. Desta maneira, o resultado de valor genotípico apresentado na Tabela 4 refere-se a uma idade média entre três e nove anos, ou seja, seis anos de idade.

Na tabela 4, o primeiro índice ( $u+g$ ), é utilizado para a recomendação de genótipos para diferentes áreas da rede experimental. O segundo ( $u+g+gem$ ), considera uma interação média entre os ambientes estudados, sendo, portanto, utilizado para recomendação dos clones na rede experimental de forma generalizada.

O ordenamento dos dez melhores clones na seleção conjunta para o IMA, entre os três ambientes (Cativara, São João e Fortaleza) e as idades de três e nove anos é visto na Tabela 4. Os cinco melhores clones apresentaram desempenho superior à testemunha, com ganho genético acumulado para  $u+g$  igual a 21% e para  $u+g+gem$  igual a 27%. Esta superioridade em relação ao clone testemunha (32864) demonstrou a potencialidade de se obter materiais superiores a partir de novos testes clonais. Ao se comparar o desempenho destes mesmos clones com a média geral, obtida a partir da média de ganho de todos os clones, obteve-se maiores porcentagens de ganhos do que os que foram obtidos anteriormente, quando estes foram relacionados com a testemunha. Neste sentido, os ganhos genéticos acumulados com a seleção dos melhores genótipos, comparados à média geral, foram iguais a 36% e 49% para  $u+g$  e  $u+g+gem$ , respectivamente.

**Tabela 4.** Ranqueamento e ganhos genéticos para o caráter incremento volumétrico médio anual (IMA, m<sup>3</sup>. ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup>), em clones de *Eucalyptus* para a análise conjunta entre todos os ambientes e projeção para a idade média entre três e nove anos

| Ordem  | Genótipos | IMA   |         |                                       |                               |                                       |                               |
|--|-----------|-------|---------|---------------------------------------|-------------------------------|---------------------------------------|-------------------------------|
|  |           |       |         | u+g                                   |                               | u+g+gem                               |                               |
|  |           | u+g   | u+g+gem | Ganho em relação à média da população | Ganho em relação à testemunha | Ganho em relação à média da população | Ganho em relação à testemunha |
| 1  | 39416     | 82,67 | 91,95   | 47,65%                                | 31,07%                        | 64,23%                                | 40,31%                        |
| 2  | 39096     | 75,67 | 82,52   | 35,16%                                | 19,99%                        | 47,39%                                | 25,93%                        |
| 3  | 39002     | 74,81 | 81,36   | 33,62%                                | 18,61%                        | 45,31%                                | 24,15%                        |
| 4  | 39032     | 74,09 | 80,39   | 32,34%                                | 17,48%                        | 43,59%                                | 22,67%                        |
| 5  | 39018     | 73,69 | 79,84   | 31,61%                                | 16,83%                        | 42,61%                                | 21,84%                        |
| 6  | 39654     | 73,67 | 79,82   | 31,59%                                | 16,81%                        | 42,57%                                | 21,81%                        |
| 7  | 38935     | 73,01 | 78,93   | 30,40%                                | 15,76%                        | 40,98%                                | 20,44%                        |
| 8  | 39700     | 72,32 | 78,00   | 29,17%                                | 14,66%                        | 39,31%                                | 19,02%                        |
| 9  | 39423     | 72,14 | 77,76   | 28,85%                                | 14,38%                        | 38,89%                                | 18,66%                        |
| 10   | 39251     | 71,42 | 76,78   | 27,56%                                | 13,23%                        | 37,14%                                | 17,17%                        |
| ...  | ...       | ...   | ...     | ...                                   | ...                           | ...                                   | ...                           |
| *62  | 32864     | 63,07 | 65,53   | 12,65%                                | 0,00%                         | 17,05%                                | 0,00%                         |
| Ganho acumulado dos 5 melhores genótipos para u+g em relação à testemunha: 21%     |           |       |         |                                       |                               |                                       |                               |
| Ganho acumulado dos 5 melhores genótipos para u+g+gem em relação à testemunha: 27% |           |       |         |                                       |                               |                                       |                               |

\* Testemunha comercial

## 5.4 Adaptabilidade e estabilidade

A avaliação da interação  $G \times A$  não é suficiente para a correta interpretação do comportamento dos genótipos em diferentes condições ambientais (CRUZ et al. 2012). Sendo assim, análises de adaptabilidade e estabilidade são de grande importância no melhoramento florestal, pois podem ser utilizadas como complemento ao estudo relacionado à estratificação ambiental (SANTOS et al. 2013; SANTOS et al. 2016). Neste sentido, é importante avaliar os genótipos que possuem constância em seu desempenho, o que caracteriza a estabilidade e que respondem de maneira favorável às variações ambientais, em condições amplas ou específicas, caracterizando a adaptabilidade (CRUZ et al. 2012; NUNES et al. 2016).

Os dez melhores clones para adaptabilidade, estabilidade e produtividade simultaneamente encontram-se na Tabela 5. O desempenho da testemunha foi comparado ao desempenho dos demais clones do ranqueamento. Os cinco melhores clones apresentaram ganho acumulado de 27% sobre a testemunha e de 43% em relação à média geral dos experimentos, com base na MHPRVG\*MG. O ganho de 27% dos cinco melhores clones em relação à testemunha comercial obtido para a MHPRVG\*MG foi igual ao ganho constatado para  $u+g+gem$ , onde capitaliza-se uma interação média. Santos et al. (2016) e Nunes et al. (2016), utilizando estes mesmos métodos, constaram pequeno incremento nos ganhos para MHPRVG\*MG em relação a  $u+g+gem$ . De modo geral estas duas abordagens são similares, sendo que o método MHPRVG\*MG apresenta os valores genotípicos acrescidos por um efeito médio entre os ambientes, fornece os valores genotípicos já descontados (penalizados) da instabilidade e capitalizados pela adaptabilidade (RESENDE, 2002).

**Tabela 5.** Ordenamento da adaptabilidade de valores genéticos (PRVG), estabilidade de valores genéticos (MHVG) e estabilidade e adaptabilidade simultaneamente (MHPRVG) para o caráter incremento volumétrico médio anual (IMA, m<sup>3</sup>. ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup>) dos clones de *Eucalyptus*, após análise conjunta entre todos os ambientes e idades

| IMA            |           |      |         |              |          |       |                               |          |        |           |   |
|----------------|-----------|------|---------|--------------|----------|-------|-------------------------------|----------|--------|-----------|---|
| Adaptabilidade |           |      |         | Estabilidade |          |       | Adaptabilidade e Estabilidade |          |        |           |   |
| Ordem          | Genótipos | PRVG | PRVG*MG | Ordem        | Genótipo | MHVG  | Ordem                         | Genótipo | MHPRVG | MHPRVG*MG | Ganho individual para MHPRVG*MG em relação à testemunha |
| 1              | 39416     | 1,65 | 92,19   | 1            | 39416    | 90,84 | 1                             | 39416    | 1,64   | 91,99     | 42,69%  |
| 2              | 39002     | 1,48 | 82,71   | 2            | 39654    | 79,33 | 2                             | 39032    | 1,43   | 80,14     | 24,31%  |
| 3              | 39654     | 1,46 | 81,48   | 3            | 39032    | 79,10 | 3                             | 39096    | 1,42   | 79,28     | 22,97%  |
| 4              | 39096     | 1,45 | 81,38   | 4            | 39002    | 78,97 | 4                             | 38935    | 1,41   | 79,01     | 22,55%  |
| 5              | 39032     | 1,44 | 80,49   | 5            | 38935    | 77,94 | 5                             | 39654    | 1,41   | 78,79     | 22,21%  |
| 6              | 39018     | 1,41 | 79,17   | 6            | 39018    | 76,94 | 6                             | 39018    | 1,41   | 78,68     | 22,04%  |
| 7              | 38935     | 1,41 | 79,02   | 7            | 39096    | 76,81 | 7                             | 39002    | 1,40   | 78,65     | 21,99%  |
| 8              | 39700     | 1,39 | 77,69   | 8            | 39700    | 75,47 | 8                             | 39700    | 1,38   | 77,01     | 19,45%  |
| 9              | 39423     | 1,38 | 77,39   | 9            | 39423    | 74,96 | 9                             | 39423    | 1,37   | 76,57     | 18,77%  |
| 10             | 39259     | 1,37 | 76,69   | 10           | 39095    | 73,92 | 10                            | 39251    | 1,35   | 75,58     | 17,23%  |
| ...            |           |      |         |              |          |       |                               |          |        |           |   |
| 61             | 32864     | 1,16 | 65,06   | 60           | 32864    | 62,98 | 58                            | 32864    | 1,15   | 64,47     | -   |

Ganho acumulado dos 5 melhores genótipos para MHPRVG\*MG em relação à testemunha: 27%

Segundo Santos et al. (2016), o uso da MHPRVG\*MG promove incremento de ganhos com seleção em relação à u+g+gem. De acordo com os resultados observados nas Tabelas 4 e 5, este incremento não foi constatado. Estes autores utilizaram uma base de dados similar ao do presente estudo com diferenças nas idades avaliadas, caráter em questão, número de ambientes considerados e número de clones estudados. Além disso, Santos et al. (2016) avaliaram um ambiente a mais em relação ao presente estudo, ambiente este, que apresentava as maiores médias de produtividade em seu estudo. Estes fatores influenciaram nas diferenças de ganhos obtidos neste trabalho e no de Santos et al. (2016), uma vez que foram feitas análises estatísticas diferentes, com matérias genéticas diferentes, caráter e número de ambientes distintos.

Além da similaridade de ganhos com seleção entre considerar u+g+gem e a MHPRVG\*MG, constata-se total coincidência entre os dez melhores clones para estas duas abordagens, com alteração de posição para alguns clones, evidenciando-se a equivalência destes métodos. A mudança de ordenamento ocasionado pelo uso do método da MHPRVG\*MG, mostra que considerar os critérios de adaptabilidade, estabilidade e adaptabilidade e estabilidade simultaneamente fornece um ordenamento mais refinado, uma vez que considera critérios de seleção mais completos do que média genotípica acrescida de uma interação média (u+g+gem) (NETO et al. 2013).

Ao se avaliar a viabilidade de seleção dos cinco melhores clones com base no desempenho médio que estes tiveram nos três ambientes, em relação aos valores genotípicos livres da interação, observa-se que o clone 39416 apresentou o melhor desempenho no ordenamento da MHPRVG\*MG. Este clone esteve no primeiro lugar dos ranqueamentos relacionados aos três quesitos avaliados, além de ter sido o clone a obter maior ganho genético (Tabela 5). O 39416 demonstrou ser o principal material genético com potencial para recomendação. Outros dois clones (39032 e 39096) também apresentaram boas classificações (Tabelas 4 e 5), pois ambos se mantiveram entre as quatro primeiras colocações.

O uso de critérios de adaptabilidade e estabilidade é importante na seleção de genótipos superiores para direcionamento destes materiais de

acordo com a finalidade do programa de melhoramento. Quando existem recursos financeiros para investimento em adubação e tratos culturais adequados, deve-se buscar genótipos com alta adaptabilidade. Estes genótipos terão a capacidade de responder favoravelmente a estes insumos investidos. Entretanto se não existem recursos suficientes para promover a maximização das condições de solo e tratos culturais, devem ser selecionados genótipos com alta estabilidade, pois estes genótipos poderão garantir uma produtividade constante independentemente da quantidade de insumos alocados. De modo geral, quando se tem os recursos e é necessário recomendar os materiais para grandes áreas, a forma mais correta de selecionar estes materiais é via MHPRVG\*MG, que considera a adaptabilidade, estabilidade e adaptabilidade e estabilidade simultaneamente.

## **6 – CONCLUSÃO**

O padrão de estratificação ambiental se modifica com o tempo dependendo do caráter avaliado. Caracteres que agreguem informações genéticas devem ser preferidos por possibilitarem a capitalização da variabilidade genética de forma mais eficiente.

Índices de seleção envolvendo caracteres de qualidade da madeira, como a combinação entre DAP e profundidade e penetração do pilodyn, apresentam maior potencial de detecção de estratificação ambiental de forma precoce aos três anos, se comparados com caracteres de crescimento.

A estratificação ambiental em zonas de melhoramento pode se dar em virtude de similaridade de textura de solos entre ambientes avaliados e não apenas em relação a fatores climáticos como temperatura e pluviosidade.

O ganho genético em relação à testemunha comercial dos cinco melhores clones avaliados (39416, 39032, 39096, 38935, 39654) na análise conjunta entre ambientes e para uma idade média entre três e nove anos foi de 27% para o método MHPRVG\*MG.

## 7 – REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARAÚJO, M. J.; DIAS, D. C.; SCARPINATI, E. A.; PAULA, R. C. Número de repetições, de plantas por parcela e de avaliações para testes clonais de eucalipto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 50, n. 10, p. 923–931, 2015.

ASSIS, T. F.; ABAD, J. I. M.; AGUIAR, A. M. Melhoramento genético do eucalipto. **Informe Agropecuário**, p. 225–247, 1996.

BIRK, E. M.; TURNER, J. Response of flooded gum (*E. grandis*) to intensive cultural treatments: biomass and nutrient content of eucalypt plantations and native forests. **Forest Ecology and Management**, v. 47, n. 1–4, p. 1–28, 1992.

CASTRO, C. A. O.; RESENDE, R. T.; BHERING, L. L.; CRUZ, C. D. Brief history of *Eucalyptus* breeding in Brazil under perspective of biometric advances. **Ciência Rural**, v. 46, n. 9, p. 1585–1593, 2016.

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

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

FALCONER, D. S.; MACKAY, T.; FRANKHAM, R. Introduction to quantitative genetics. **Trends in Genetics**. 4. ed., v. 12, n. 7, p. 280, 1996.

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

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

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

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 genóticas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 39, n. 1, p. 43–50, 2009.

MARCATTI, G. E.; RESENDE, R. T.; RESENDE, M. D. V.; RIBEIRO, C. A. A.; SANTOS, A. R. DOS; CRUZ, J. P. DA; LEITE, H. G. GIS-based approach applied to optimizing recommendations of *Eucalyptus* genotypes. **Forest Ecology and Management**, v. 392, p. 144–153, 2017.

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

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

NUNES, A. C. P.; SANTOS, G. A.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, L. D.; HIGA, A.; ASSIS, T. F. Estabelecimento de zonas de melhoramento para clones de eucalipto no Rio Grande do Sul. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 44, n. 111, p. 563–574, 2016.

NUNES, A. C. P.; RESENDE, M. D. V.; SANTOS, G. A.; ALVES, R. S. Evaluation of different selection indices combining Pilodyn penetration and growth performance in *Eucalyptus* clones. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v 17: 206-213, 2017.

NUNES, G. H. S.; REZENDE, G. D. S. P.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. Implicações da interação genótipos x ambientes na seleção de clones de eucalipto. **Cerne**, Lavras, v. 8, n. 1, p. 49–58, 2002.

ODA, S.; MENCK, A. L. M.; VENCOSKY, R. Problemas no melhoramento genético clássico do eucalipto em função da alta intensidade de seleção. **IPEF, Piracicaba**, v. 41, n. 42, p. 8–17, 1989.

PINTO JÚNIOR, J. E.; STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V.; JÚNIOR, P. R. Avaliação Simultânea de Produtividade, Adaptabilidade e Estabilidade Genotípica de *Eucalyptus grandis* em Distintos Ambientes do Estado de São Paulo. **Pesquisa Florestal Brasileira, Colombo**, n. 53, p. 79–108, 2011.

PIRES, I. E.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, R. L.; JÚNIOR, M. F. R. R. **Genética florestal**. Viçosa (MG): Arka, 2011. 318 p.

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

RESENDE, 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 e validação cruzada. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 45, n. 113, p. 39-47, 2017.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182–194, 2007.

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

RESENDE, M. D. V. Melhoramento de Essências Florestais. In: BOREM, A. **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. Viçosa: Editora UFV, 2005. p. 717-780.

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

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

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 adaptabilidade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 7, p. 964–971, 2012.

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

SANTOS, G. A.; NUNES, A. C. P.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, L. D.; HIGA, A.; ASSIS, T. F. Controle genético e interação genótipo x ambiente do peso de madeira em clones de *Eucalyptus* no estado do Rio Grande do Sul. **Revista Árvore**. Viçosa - MG, v. 40, n. 5, p. 867–876, 2016.

SCHUMACHER, F. X.; HALL, F. S. Logarithmic expression of timber-tree volume. **Journal of Agricultural Research**, Washington, v.47, n.9, p.719-734, 1933.

SOUZA, S. M.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, H. D.; HIGA, A. R. Variabilidade genética e interação genótipo x ambiente envolvendo procedências de *Eucalyptus cloeziana* F. Muell., em diferentes regiões do Brasil. **Revista Arvore**, Viçosa, v. 16, n. 1, p. 1-17, 1992.

STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V. Seleção de progênies de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hill.) para a produtividade, estabilidade e adaptabilidade temporal de massa foliar. **Pesquisa Florestal Brasileira**, n. 50, p. 37–51, 2005.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 416 p.

## CAPÍTULO 3: AVALIAÇÃO GENÉTICA DE PROGÊNIES DE IRMÃOS COMPLETOS DE *Eucalyptus* E OTIMIZAÇÃO DE SELEÇÃO

### 1 – RESUMO

O presente estudo objetivou selecionar as melhores famílias e indivíduos de um teste de progênies de irmãos completos de *Eucalyptus*, realizado em áreas próximas do município de Sabinópolis-MG, e efetuar a otimização de seleção desta população, com base no tamanho efetivo populacional e na endogamia. O experimento foi composto por 7261 indivíduos, o delineamento experimental foi de blocos incompletos, contendo 75 repetições, 1800 blocos casualizados dentro das repetições e com parcela de árvore única. Como controle, 388 clones elites de *E. urophylla* × *E. grandis* foram utilizados. Os caracteres avaliados foram diâmetro a altura do peito (DAP), altura total (ALT), volume da árvore (VOL), incremento médio anual (IMA) e sobrevivência (SOB) e as análises foram realizadas no software Selegen-REML/BLUP. As herdabilidades individuais e herdabilidades de média de progênies apresentaram valores de alta magnitude ( $h^2_a > 50\%$  e  $h^2_{mp} > 80\%$ ), indicando alto controle genético para os caracteres avaliados. O parâmetro  $c^2_{\text{parc}}$  apresentou valores baixos para todos os caracteres e a acurácia foi acima de 90%, o que demonstra alta qualidade experimental. A família que apresentou o maior valor genético predito foi oriunda de um cruzamento triplo de (*E. dunnii* × *E. grandis*) × *E. urophylla*, possuindo indivíduos excepcionais para serem clonados ou utilizados como genitores. A otimização de seleção da população foi feita via simulação de 30 cenários, nos quais diferentes tamanhos efetivos populacionais ( $N_e$ ), taxas de endogamia ( $F$ ) e ganhos acumulados das populações selecionadas corrigidos pela endogamia foram obtidos. A situação escolhida alcançou um ganho genético de 114,53% para a variável IMA, com uma taxa de endogamia de 3,92%, resultando na redução do cruzamento de indivíduos aparentados, maximização dos ganhos genéticos e na possibilidade de transformação do experimento em futuros pomares de sementes por mudas.

Palavras-chave: Irmãos germanos; Endogamia; Tamanho efetivo populacional; Teste de progênies.

## 2 – ABSTRACT

The present study aimed to select the best families and individuals of a *Eucalyptus* full-sib families test, carried out in areas near of Sabinópolis city, MG, and to optimize the selection of this population, based on effective population size and endogamy. The experiment consisted of 7261 individuals, the experimental design was incomplete blocks, containing 75 replications, 1800 randomized blocks within the replicates and with a single tree plot. As a control, 388 *E. urophylla* × *E. grandis* elite clones were used. The evaluated characters were diameter at the breast height (DBH), total height (TH), tree volume (VOL), mean annual increment (MAI) and survival (SUR) and analyzes were performed in the software Selegen-REML/BLUP. The individual heritabilities and heritabilities of average progenies presented values of high magnitude ( $h^2_a > 50\%$  and  $h^2_{mp} > 80\%$ ), indicating high genetic control for the traits evaluated. The parameter  $c^2_{\text{parc}}$  presented low values for all the characters and the accuracy was above 90%, which demonstrates high experimental quality. The family with the highest genetic value came from a three-way-cross of *E. dunnii* × *E. grandis* × *E. urophylla*, whichi generated exceptional individuals to be cloned or used as parents. The selection optimization of the population was done through simulation of 30 scenarios in which different effective population sizes ( $N_e$ ), endogamy rates (F) and accumulated gains corrected by inbreeding were obtained. The selected situation reached a genetic gain of 114.53% for the variable MAI, with an inbreeding rate of 3.92%, resulting in the reduction of the crossing of related individuals, maximization of genetic gains and in the possibility of transformation of the experiment in future seed orchards by seedlings.

Keywords: Full-sib; Endogamy; Effective population size; Progenies tests

### 3 – INTRODUÇÃO

O mercado florestal possui fundamental importância para a economia do Brasil. Em 2015, com aumento do Produto Interno Bruto (PIB), o setor brasileiro de árvores plantadas apresentou resiliência frente ao cenário macroeconômico desfavorável, alcançando PIB setorial de R\$ 69,1 bilhões (IBÁ, 2016). Para evitar uma possível crise na demanda de madeira do país, pesquisadores e demais profissionais da área estabeleceram novas estratégias para intensificar e otimizar a produção florestal (E SILVA, 2004).

O melhoramento genético florestal é uma estratégia eficaz para o incremento de produtividade das florestas plantadas e tem possibilitado a obtenção de ganhos significativos para a indústria florestal. A escolha da espécie empregada nos programas de melhoramento considera características relacionadas ao rápido crescimento, boa adaptação ecológica e alta qualidade da madeira (BATISTA & COUTO, 1986). Devido a isto, espécies do gênero *Eucalyptus* são amplamente utilizadas para a produção de madeiras com diversas finalidades como: polpação de celulose, produção de papel, carvão, lenha, mourões e cercas (LIMA, 1984).

Dentre as ferramentas utilizadas no programa de melhoramento do eucalipto, a técnica de hibridação artificial é essencial. Com base nas características de interesse para o programa, esta técnica permite a obtenção de sementes híbridas para estabelecimento de testes de progênies e a seleção dos melhores genitores e indivíduos. Assim, os ganhos são maximizados e os genótipos superiores desses testes são selecionados para os plantios clonais (SANTOS et al. 2013).

De acordo com Allard (1971), teste de progênies é um procedimento utilizado para testar o valor de um genótipo baseado no comportamento de sua descendência, produzido segundo um sistema definido de reprodução. A partir dos testes de progênies, é possível avaliar parâmetros genéticos essenciais para orientar os sucessivos ciclos de seleção no programa de melhoramento (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992). O teste de progênies de irmãos completos, também conhecido como irmãos germanos, é um método executado, na maioria

das vezes, por meio do processo de hibridação artificial (RESENDE & HIGA, 1990). Este tipo de avaliação genética tem sido empregado no melhoramento de eucalipto em diversos trabalhos, como os de Resende & Higa (1994), Hodge et al. (1996), e Silva et al. (2004), trabalhos de Bison et al. (2006) e Bison et al. (2009), Lima et al. (2011) e Reis et al. (2011). O teste de irmãos completos é instalado em um determinado delineamento estatístico com o propósito de avaliar o desempenho dos progenitores femininos, masculinos e das famílias, além de permitir afirmar sobre o mérito genético dos indivíduos.

Para o avanço das populações de melhoramento a partir dos testes de progênies, é necessário manter a variabilidade genética sem reduzir drasticamente os ganhos com seleção (RESENDE, 1999). A representatividade genética de uma população depende do número de indivíduos selecionados por família. Dessa maneira, é necessário efetuar uma otimização de seleção, ou seja, selecionar os melhores indivíduos dentro de um teste de irmãos completos, maximizando os ganhos genéticos e minimizando o cruzamento de indivíduos aparentados (endogamia).

A endogamia é um fenômeno natural de populações diploides e finitas, que ocorre quando a prole é resultante de um cruzamento entre dois indivíduos que compartilham o mesmo ancestral (WOOLLIAMS et al. 2015). O conhecimento acerca dos efeitos provenientes de cruzamentos entre indivíduos aparentados é importante no melhoramento genético florestal, uma vez que os ganhos com seleção podem ser comprometidos com a endogamia. Este fenômeno pode também reduzir a produção de sementes viáveis e causar um decréscimo na variância genética dentro da população em decorrência da redução da heterozigosidade e perda de alelos desfavoráveis (GRIFFIN, 1991; HARDNER & POTTS, 1995; WEI et al. 1998; HEDRICK et al. 2016). Dessa maneira, os programas de melhoramento de *Eucalyptus* devem trabalhar a otimização de seleção para maximizar os ganhos genéticos, o tamanho efetivo populacional e minimizar o cruzamento entre indivíduos aparentados para evitar a depressão por endogamia (ROBERTSON, 1961; LINDGREN & MULLIN, 1997; HALLANDER & WALDMAN, 2009)

Apesar da relevância dos estudos de otimização de seleção em *Eucalyptus*, trabalhos que abordam este tipo de avaliação são escassos na

literatura. Desta forma, este estudo teve como objetivo selecionar as melhores famílias e indivíduos de um teste de progênies de irmãos completos de *Eucalyptus* no Estado de Minas Gerais e efetuar a otimização de seleção desta população, com base no tamanho efetivo populacional e na endogamia.

## **4 – MATERIAL E MÉTODOS**

### **4.1 Rede experimental**

Os dados utilizados para realização da presente pesquisa pertencem ao projeto Genolyptus. Este projeto teve início em 2002 no Brasil e objetivava gerar um patrimônio de informações e recursos biológicos para o descobrimento, mapeamento e determinação da função de genes de importância econômica em *Eucalyptus*, com ênfase em qualidade da madeira e resistência a doenças. Este trabalho visava a incorporação de novas tecnologias genômicas nos programas de melhoramento e produção florestal. Para cumprir com esses objetivos, foram instalados experimentos de campo em 2003 com diversos híbridos de eucalipto, de forma que as diversas interações entre esses híbridos pudessem ser estudadas.

Estes experimentos foram instalados em diversas empresas no Brasil, dentre elas a Cenibra, na qual o experimento deste trabalho foi instalado. O experimento está localizado próximo ao município de Sabinópolis, MG, 18°35'762" de latitude S e 42°57'133" de longitude W. As árvores foram plantadas no espaçamento de 3,0 × 2,0 m e os dados de altura total (ALT), diâmetro a altura do peito (DAP) e volume (VOL) de cada árvore foram mensurados.

## 4.2 Coleta de dados

Aos 6 anos de idade foram mensurados o DAP e a ALT das árvores dos experimentos. O DAP foi mensurado com o auxílio de uma fita diamétrica e a altura foi obtida com o uso do relascópio.

Para o cálculo do VOL foi utilizada a equação de Schumacher e Hall (1933) conforme descrita abaixo:

$$VOL = \frac{\pi \times DAP^2 \times Altura \times f}{40.000}$$

Onde:

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

DAP = diâmetro à altura do peito em cm;

Altura = altura total das árvores em m;

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

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

O incremento médio anual (IMA, m<sup>3</sup>·ha<sup>-1</sup>·ano<sup>-1</sup>) foi calculado utilizando o VOL de cada árvore do experimento produzido no espaçamento de 3,0 × 2,0 m e extrapolado para 1 ha e dividido pela idade (seis anos):

$$IMA = \frac{VOL \times 10.000}{36}$$

Onde:

IMA = incremento médio anual (IMA, m<sup>3</sup>·ha<sup>-1</sup>·ano<sup>-1</sup>);

*VOL*: volume da árvore em m<sup>3</sup>, aos seis anos de idade.

## 4.3 Delineamento experimental, famílias e modelo estatístico

Um teste de progênies contendo 18 famílias de irmãos completos de diferentes espécies de *Eucalyptus* e 7261 indivíduos (Tabela 1) foi implantado no ano de 2003. Foi estabelecido um experimento no delineamento de blocos

incompletos contendo 75 repetições e 1800 blocos casualizados dentro das repetições, com parcela de árvore única. Como controle, 388 clones comerciais de *E. urophylla* × *E. grandis* foram plantados no experimento para comparação do desempenho das progênies com esses materiais.

**Tabela 1.** Número de indivíduos por família presentes em cada tratamento

| Nº           | Espécies/Híbridos  | Tratamentos | Número de Indivíduos |
|--------------|--|-------------|----------------------|
| 1            | <i>E. camaldulensis</i> × <i>E. camaldulensis</i>                                      | C1×C2       | 384                  |
| 2            | <i>E. camaldulensis</i> × ( <i>E. urophylla</i> × <i>E. globulus</i> )                 | C1×UGL      | 480                  |
| 3            | ( <i>E. dunni</i> × <i>E. grandis</i> ) × <i>E. camaldulensis</i>                      | DG×C1       | 600                  |
| 4            | ( <i>E. dunni</i> × <i>E. grandis</i> ) × <i>E. dunni</i>                              | DG×D2       | 56                   |
| 5            | ( <i>E. dunni</i> × <i>E. grandis</i> ) × <i>E. globulus</i>                           | DG×GL2      | 592                  |
| 6            | ( <i>E. dunni</i> × <i>E. grandis</i> ) × <i>E. urophylla</i>                          | DG×U2       | 600                  |
| 7            | ( <i>E. dunni</i> × <i>E. grandis</i> ) × ( <i>E. urophylla</i> × <i>E. globulus</i> ) | DG×UGL      | 600                  |
| 8            | <i>E. grandis</i> × <i>E. globulus</i>   | G1×GL2      | 438                  |
| 9            | <i>E. grandis</i> × ( <i>E. urophylla</i> × <i>E. globulus</i> )                       | G1×UGL      | 467                  |
| 10           | <i>E. grandis</i> × <i>E. globulus</i>   | G2×GL1      | 40                   |
| 11           | <i>E. urophylla</i> × <i>E. camaldulensis</i>  | U1×C2       | 319                  |
| 12           | <i>E. urophylla</i> × <i>E. dunni</i>  | U1×D2       | 43                   |
| 13           | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>  | U1×G2       | 94                   |
| 14           | <i>E. urophylla</i> × <i>E. globulus</i>   | U1×GL2      | 489                  |
| 15           | <i>E. urophylla</i> × <i>E. urophylla</i>  | U1×U2       | 480                  |
| 16           | <i>E. urophylla</i> × ( <i>E. urophylla</i> × <i>E. globulus</i> )                     | U1×UGL      | 479                  |
| 17           | <i>E. urophylla</i> × <i>E. camaldulensis</i>  | U2×C1       | 600                  |
| 18           | <i>E. urophylla</i> × <i>E. globulus</i>   | U2×GL1      | 500                  |
| <b>TOTAL</b> |  | <b>18</b>   | <b>7261</b>          |

O modelo estatístico adotado para a análise dos dados e obtenção dos valores genéticos dos indivíduos e das famílias de irmãos completos foi dado por:

$$y = Xr + Zg + Wb + e$$

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), “b” é o vetor dos efeitos de blocos, e “e” é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras X, Z e W

representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. A análise foi realizada utilizando o software Selegen-Reml/Blup (RESENDE, 2016).

As equações de modelos mistos foram definidas como:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1 - h^2 - c^2}{h^2}; \quad \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_c^2} = \frac{1 - h^2 - c^2}{c^2}$$

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2} = \text{herdabilidade individual no sentido restrito no bloco};$$

$$c^2 = \frac{\sigma_c^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2} : \text{ correlação devida ao ambiente comum da parcela};$$

$$\sigma_a^2 = \text{variância genética aditiva};$$

$$\sigma_c^2 = \text{variância entre parcelas};$$

$$\sigma_e^2 = \text{variância residual (ambiental dentro de parcelas + não aditiva)};$$

A = matriz de correlação genética aditiva entre os indivíduos em avaliação.

Para análise do teste clonal de testemunhas, considerando uma planta por parcela o modelo foi dado por:

$y = Xr + Zg + Wb + e$ , em que  $y$  é o vetor de dados,  $r$  é o vetor dos efeitos (assumidos como fixos) de repetição somados à média geral,  $g$  é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios),  $b$  é o vetor dos efeitos de bloco (assumidos como aleatórios),  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. A análise foi realizada utilizando o software Selegen-Reml/Blup (RESENDE, 2016).

As equações de modelos mistos para a análise dos clones foram definidas como:

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

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} = \frac{1 - h^2 - c^2}{h^2}; \quad \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_c^2} = \frac{1 - h^2 - c^2}{c^2}$$

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2} = \text{herdabilidade individual no sentido amplo no bloco;}$$

$$c^2 = \frac{\sigma_c^2}{\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2} : \text{ correlação devida ao ambiente comum da parcela;}$$

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

$$\sigma_c^2 = \text{variância entre parcelas;}$$

$$\sigma_e^2 = \text{variância residual (ambiental dentro de parcelas).}$$

#### 4.4 Otimização de seleção

A partir dos resultados de ordenamento dos melhores indivíduos pelos seus valores genéticos obtidos via análise estatística no software Selegen-REML/BLUP, foi feito o processo de otimização de seleção da população. Neste processo, foram simulados diferentes cenários de seleção de forma a maximizar a diversidade genética na população, reduzir a endogamia e maximizar os ganhos genéticos para o próximo ciclo seletivo.

A representatividade genética de uma população de melhoramento de irmãos completos está relacionada ao número de famílias selecionadas (Nf) e do número de indivíduos selecionados por família (kf). Esta representatividade pôde ser avaliada via tamanho efetivo populacional (Ne) (RESENDE, 2002).

Para famílias de irmãos completos, com igual número de indivíduos selecionados por família, o tamanho efetivo foi dado por:

$$N_e = \frac{2N_f k_f}{k_f + 1}$$

O coeficiente de endogamia (F) refere-se à taxa de cruzamentos entre indivíduos aparentados presentes em uma população. Quanto maiores os valores de F em uma população alógama, maior a probabilidade de perdas de alelos. O F apresenta uma relação com o  $N_e$ , uma vez que:

$$F = \frac{1}{2N_e}$$

A otimização de seleção da população foi feita via simulação de 30 cenários, nos quais diferentes tamanhos efetivos populacionais ( $N_e$ ), taxas de endogamia (F) e ganhos acumulados das populações selecionadas corrigidos pela endogamia foram obtidos. Com isso, a otimização consistiu na escolha do cenário em que se maximizou os ganhos genéticos, com valores de F relativamente baixos e alto valor de  $N_e$  para o cenário em questão.

## **5 – RESULTADOS E DISCUSSÃO**

### **5.1 Parâmetros genéticos**

As estimativas de herdabilidades individuais no sentido restrito ( $h^2_a$ ) foram altas para DAP, VOL, IMA e SOB, e mediana para ALT, indicando existência de diferenças genéticas entre as progênes avaliadas e a possibilidade de se obter ganhos genéticos para esses caracteres por meio da seleção (Tabela 2). A herdabilidade individual no sentido restrito representa a proporção da variância fenotípica total que pode ser explicada pelos efeitos genéticos, que são provenientes da atuação dos genes dos indivíduos (RESENDE 2002).

**Tabela 2.** Estimativas de parâmetros genéticos das progênes de *Eucalyptus* em relação às variáveis diâmetro à altura do peito (DAP, cm), altura (ALT, m), Volume (VOL, m<sup>3</sup>), incremento médio anual (IMA, m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup>) e sobrevivência (SOB) aos seis anos de idade

| <b>Parâmetros</b>   | <b>DAP</b>     | <b>ALT</b>     | <b>VOL</b>    | <b>IMA</b>     | <b>SOB</b>    |
|---------------------|----------------|----------------|---------------|----------------|---------------|
| h <sup>2</sup> a    | 0,5461         | 0,4978         | 0,5141        | 0,5141         | 0,8885        |
| c <sup>2</sup> parc | 0,0044         | 0,0052         | 0,0048        | 0,0048         | 0,0056        |
| h <sup>2</sup> mp   | 0,8601         | 0,8502         | 0,8528        | 0,8528         | 0,9374        |
| Acprog              | 0,9274         | 0,9220         | 0,9235        | 0,9235         | 0,9682        |
| h <sup>2</sup> ad   | 0,3779         | 0,3337         | 0,3482        | 0,3483         | 0,8074        |
| CVgi%               | 19,3515        | 14,1365        | 49,0480       | 49,0582        | 61,3755       |
| CVe%                | 31,4809        | 24,4726        | 83,1204       | 83,1286        | 68,3031       |
| CVr                 | 0,6147         | 0,5776         | 0,5901        | 0,5901         | 0,8986        |
| <b>Média geral</b>  | <b>13,2059</b> | <b>20,7480</b> | <b>0,1536</b> | <b>42,6635</b> | <b>0,5443</b> |

Acprog: acurácia da seleção de progênes, assumindo sobrevivência completa; h<sup>2</sup>a: herdabilidade individual no sentido restrito; h<sup>2</sup>mp: herdabilidade da média de progênes, assumindo sobrevivência completa; h<sup>2</sup>ad: herdabilidade aditiva dentro de parcela; c<sup>2</sup>parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; CVgi%: coeficiente de variação genética aditiva individual em porcentagem; CVe%: coeficiente de variação residual; CVr: coeficiente de variação relativa.

Na tabela 2 é possível observar que o parâmetro h<sup>2</sup>a para SOB foi maior que os demais caracteres, sendo que, de acordo com Resende (2002), estimativas de herdabilidade individual entre 0,01 a 0,15 são baixas, entre 0,15 a 0,50 são medianas e acima de 0,50 são altas. DAP, ALT, VOL e IMA apresentaram valores de alta magnitude para h<sup>2</sup>a, considerando trabalhos envolvendo irmãos completos como os de E Silva et al. (2004), com valores de h<sup>2</sup>a entre 0,10 a 0,17 para o caractere DAP e 0,05 a 0,26 para o caractere ALT no trabalho de Li et al. (2007).

O parâmetro c<sup>2</sup>parc (coeficiente de determinação dos efeitos ambientais entre parcelas) apresentou valores baixos para todos os caracteres analisados (menores que 0,005). Segundo Resende (1995), o c<sup>2</sup>parc quantifica a variabilidade das parcelas dentro dos blocos, onde estimativas de até 10% não chegam a interferir na estimativa dos parâmetros genéticos. Em razão disso, pode-se inferir que ocorreu baixa variação ambiental entre parcelas e que as estimativas dos parâmetros genéticos são confiáveis. Esse resultado demonstra que o delineamento utilizado foi eficiente e apropriado para o experimento.

O coeficiente de herdabilidade em nível de média de progênies ( $h^2_{mp}$ ) foi alto para todos os caracteres (acima de 0,70), apresentando valores entre 0,85 e 0,93 e indicando forte controle genético nos caracteres avaliados, além de um alto potencial para seleção entre famílias. A  $h^2_{mp}$  é importante para se praticar a seleção entre progênies. Ela apresenta maiores valores em relação à herdabilidade individual, uma vez que as progênies são representadas por diversos indivíduos, enquanto o indivíduo no teste não apresenta repetição dele mesmo (RESENDE 2002). Resultados similares para  $h^2_{mp}$  podem ser encontrados nos estudos de Pinto et al. (2014) e Miranda et al. (2015), apontando que a seleção entre famílias é eficiente e pode alterar o valor da média geral significativamente. Este parâmetro está relacionado a acurácia seletiva, que é dada pela raiz quadrada de  $h^2_{mp}$ .

A acurácia se refere à correlação entre o valor genotípico verdadeiro do material analisado e aquele predito (RESENDE, 2002). Os caracteres avaliados apresentaram alta magnitude de acurácia, com todos os valores acima de 0,90, indicando alta precisão da seleção e possibilidade de obter ganhos genéticos. A acurácia não apresenta relação com o mérito genético dos indivíduos, o qual deve ser mensurado via valor genético, mas sim com a confiança na seleção dos mesmos. Valores altos de acurácia indicam que o delineamento experimental foi adequadamente estabelecido e que os resultados são confiáveis. Dessa forma, o delineamento experimental e o número de repetições utilizados no experimento foram adequados.

O coeficiente de variação relativa (CVr), empregado na avaliação genotípica, apresentou valores inferiores a 1 para todos os caracteres, no entanto, Resende & Duarte (2007) relatam que é possível obter altos valores de acurácia mesmo com CVr's baixos. Segundo esses autores, com 30 a 40 repetições para caracteres de herdabilidade moderada é possível obter acurácias acima de 90%, mesmo quando a relação  $CV_g/CV_e$  (CVr) é inferior a 0,40. Portanto, valores de CVr devem ser inferidos em conjunto com o número de repetições (75).

## 5.2 Seleção de potenciais genitores e clones

Após a análise dos componentes de variância, foi obtido o ranqueamento dos 30 melhores indivíduos potenciais genitores com valores genéticos aditivos preditos ( $u + a$ ) superiores para a variável IMA aos seis anos. Todos os 30 indivíduos são pertencentes à uma única família (*E. dunni* × *E. grandis* × *E. urophylla*) e apresentaram ganhos acima de 180% em relação à média geral das famílias, indicando ganhos significativos com a realização da seleção (Tabela 3).

**Tabela 3.** Relação dos 30 melhores indivíduos potenciais genitores de *Eucalyptus* para a variável IMA ( $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$ ) aos seis anos de idade

| Ranking | Bloco | Família | Indivíduo | $u + a$  | Gisf (%) |
|---------|-------|---------|-----------|----------|----------|
| 1       | 16    | DG×U2   | 2238      | 145,9463 | 242,0867 |
| 2       | 4     | DG×U2   | 2138      | 142,2013 | 233,3088 |
| 3       | 47    | DG×U2   | 2483      | 138,6551 | 224,9967 |
| 4       | 26    | DG×U2   | 2313      | 138,5224 | 224,6857 |
| 5       | 34    | DG×U2   | 2381      | 137,5333 | 222,3673 |
| 6       | 52    | DG×U2   | 2526      | 137,0888 | 221,3255 |
| 7       | 26    | DG×U2   | 2319      | 132,3980 | 210,3306 |
| 8       | 27    | DG×U2   | 2323      | 131,3761 | 207,9353 |
| 9       | 34    | DG×U2   | 2378      | 128,5327 | 201,2706 |
| 10      | 7     | DG×U2   | 2161      | 128,2599 | 200,6312 |
| 11      | 53    | DG×U2   | 2533      | 127,8762 | 199,7318 |
| 12      | 32    | DG×U2   | 2361      | 127,6094 | 199,1065 |
| 13      | 49    | DG×U2   | 2502      | 125,2333 | 193,5371 |
| 14      | 34    | DG×U2   | 2383      | 125,1646 | 193,3761 |
| 15      | 46    | DG×U2   | 2475      | 125,1024 | 193,2303 |
| 16      | 47    | DG×U2   | 2485      | 124,5909 | 192,0314 |
| 17      | 21    | DG×U2   | 2273      | 124,3620 | 191,4948 |
| 18      | 33    | DG×U2   | 2375      | 124,3617 | 191,4941 |
| 19      | 8     | DG×U2   | 2173      | 124,1062 | 190,8953 |
| 20      | 12    | DG×U2   | 2201      | 124,0014 | 190,6496 |
| 21      | 2     | DG×U2   | 2125      | 123,5451 | 189,5801 |
| 22      | 5     | DG×U2   | 2152      | 122,9251 | 188,1269 |
| 23      | 15    | DG×U2   | 2228      | 122,1266 | 186,2552 |
| 24      | 15    | DG×U2   | 2230      | 122,0492 | 186,0738 |

|    |    |       |      |          |          |
|----|----|-------|------|----------|----------|
| 25 | 19 | DG×U2 | 2258 | 121,9859 | 185,9254 |
| 26 | 36 | DG×U2 | 2398 | 121,1769 | 184,0292 |
| 27 | 74 | DG×U2 | 2701 | 120,9068 | 183,3961 |
| 28 | 25 | DG×U2 | 2308 | 120,6986 | 182,9081 |
| 29 | 69 | DG×U2 | 2662 | 120,6576 | 182,8120 |
| 30 | 30 | DG×U2 | 2348 | 120,6026 | 182,6831 |

Gisf (%): ganho individual de seleção em relação à média geral das famílias (42,6635) em porcentagem; u + a: valor genético aditivo predito.

Conforme Santos et al. (2013), os materiais genéticos produzidos por cruzamentos triplos ou “three-way-cross” apresentam maior estabilidade e adaptabilidade ao ambiente. Provavelmente, a superioridade da família DG×U2 é resultado da complementaridade, em que a introdução de um terceiro conjunto gênico pode criar melhores condições adaptativas às condições ambientais variáveis (ASSIS & MAFIA, 2007; SANTOS et al. 2016). Quanto mais conjuntos gênicos de interesse para o melhoramento um genótipo possuir, maior será o potencial de reação do mesmo às mudanças ambientais, gradientes de fertilidade e reações a patógenos, em virtude de sua ampla variabilidade genética e heteroziguidade.

O maior número de indivíduos presentes na família DG×U2 pode ter ocasionado um aumento da probabilidade de aparecerem mais indivíduos excepcionais, atribuindo maior predominância à esta família. Contudo, a seleção massal de indivíduos da mesma família pode resultar no cruzamento de indivíduos aparentados, ou seja, é imprescindível a realização da otimização para reduzir efeitos da endogamia sem diminuir drasticamente os ganhos (KAGEYAMA & VENCOVSKY, 1983; ODA & VENCOVSKY, 1989).

Com base no valor genotípico predito ( $u + g$ ), os 30 melhores indivíduos potenciais clones, para a variável IMA, foram ranqueados e comparados com a testemunha. A testemunha utilizada foi o clone elite VCP36 que apresentou o maior valor genotípico predito ( $u + g$ ), no valor de 137,43 (Tabela 4).

**Tabela 4.** Relação dos 30 melhores indivíduos potenciais clones de *Eucalyptus* para a variável IMA ( $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$ ) aos seis anos de idade

| Ranking | Bloco | Família | Indivíduo | u + g    | Gisf (%) | Gist (%) |
|---------|-------|---------|-----------|----------|----------|----------|
| 1       | 16    | DGxU2   | 2238      | 167,8722 | 293,4793 | 22,1473  |
| 2       | 4     | DGxU2   | 2138      | 162,6292 | 281,1902 | 18,3324  |
| 3       | 47    | DGxU2   | 2483      | 157,6646 | 269,5535 | 14,7201  |
| 4       | 26    | DGxU2   | 2313      | 157,4787 | 269,1178 | 14,5848  |
| 5       | 34    | DGxU2   | 2381      | 156,0940 | 265,8722 | 13,5773  |
| 6       | 52    | DGxU2   | 2526      | 155,4717 | 264,4135 | 13,1245  |
| 7       | 26    | DGxU2   | 2319      | 148,9046 | 249,0208 | 8,3461   |
| 8       | 27    | DGxU2   | 2323      | 147,4740 | 245,6676 | 7,3052   |
| 9       | 34    | DGxU2   | 2378      | 143,4932 | 236,3369 | 4,4087   |
| 10      | 7     | DGxU2   | 2161      | 143,1113 | 235,4417 | 4,1308   |
| 11      | 53    | DGxU2   | 2533      | 142,5741 | 234,1826 | 3,7399   |
| 12      | 32    | DGxU2   | 2361      | 142,2006 | 233,3071 | 3,4681   |
| 13      | 49    | DGxU2   | 2502      | 138,8741 | 225,5101 | 1,0477   |
| 14      | 34    | DGxU2   | 2383      | 138,7779 | 225,2846 | 0,9777   |
| 15      | 46    | DGxU2   | 2475      | 138,6908 | 225,0804 | 0,9143   |
| 16      | 19    | U1xU2   | 5351      | 138,0524 | 223,5841 | 0,4498   |
| 17      | 47    | DGxU2   | 2485      | 137,9747 | 223,4019 | 0,3933   |
| 18      | 4     | U1xU2   | 5227      | 137,8295 | 223,0616 | 0,2876   |
| 19      | 21    | DGxU2   | 2273      | 137,6542 | 222,6507 | 0,1601   |
| 20      | 33    | DGxU2   | 2375      | 137,6539 | 222,6500 | 0,1599   |
| 21      | 8     | DGxU2   | 2173      | 137,2961 | 221,8114 | -0,1005  |
| 22      | 12    | DGxU2   | 2201      | 137,1494 | 221,4675 | -0,2072  |
| 23      | 2     | DGxU2   | 2125      | 136,5106 | 219,9702 | -0,6720  |
| 24      | 5     | DGxU2   | 2152      | 135,6426 | 217,9357 | -1,3036  |
| 25      | 15    | DGxU2   | 2228      | 134,5246 | 215,3152 | -2,1171  |
| 26      | 15    | DGxU2   | 2230      | 134,4163 | 215,0613 | -2,1959  |
| 27      | 19    | DGxU2   | 2258      | 134,3276 | 214,8534 | -2,2604  |
| 28      | 36    | DGxU2   | 2398      | 133,1952 | 212,1992 | -3,0844  |
| 29      | 74    | DGxU2   | 2701      | 132,8170 | 211,3127 | -3,3596  |
| 30      | 25    | DGxU2   | 2308      | 132,5255 | 210,6294 | -3,5717  |

Gisf (%): ganho individual de seleção em relação à média geral das famílias (42,6635) em porcentagem; Gist (%): ganho individual de seleção em relação à melhor testemunha – clone com maior valor genético (137,4342); u + g: valor genético predito.

Assim, como no ordenamento para potenciais genitores, observou-se a presença de indivíduos pertencentes à família DGxU2 em grande maioria, com exceção de apenas dois da família U1xU2. Na situação apresentada, apenas os

20 melhores indivíduos apresentaram desempenho superior a melhor testemunha. Os materiais genéticos utilizados como testemunhas apresentam alto grau de melhoramento e são como clones comerciais. Segundo Santos et al. (2013) e Nunes et al. (2016), um dos grandes desafios dos programas de melhoramento é superar o clone comercial plantado atualmente. Dessa maneira, a ocorrência de muitos indivíduos superiores às testemunhas não é esperado, em virtude dos diferentes níveis de melhoramento dos materiais testados em relação aos controles.

### 5.3 Seleção das famílias

As 18 famílias foram ranqueadas conforme o valor genético predito para a variável IMA. O ganho de seleção por família foi calculado utilizando o valor genético em razão da média geral das famílias (Tabela 5).

**Tabela 5.** Relação das melhores famílias de *Eucalyptus*, aos seis anos de idade, para a variável IMA ( $\text{m}^3.\text{ha}^{-1}.\text{ano}^{-1}$ )

| Ranking | Família | u + g   | Acurácia | Gsf (%)  |
|---------|---------|---------|----------|----------|
| 1       | DGxU2   | 91,1314 | 0,9667   | 113,6049 |
| 2       | U1xU2   | 74,4591 | 0,9662   | 74,5263  |
| 3       | DGxC1   | 65,9318 | 0,9666   | 54,5390  |
| 4       | U1xG2   | 54,2586 | 0,9345   | 27,1779  |
| 5       | DGxUGL  | 52,6674 | 0,9659   | 23,4483  |
| 6       | U2xC1   | 48,4947 | 0,9667   | 13,6678  |
| 7       | U1xC2   | 44,6240 | 0,9627   | 4,5952   |
| 8       | DGxD2   | 41,3514 | 0,6294   | -3,0755  |
| 9       | U1xD2   | 40,2814 | 0,7438   | -5,5835  |
| 10      | U1xUGL  | 39,7413 | 0,9634   | -6,8495  |
| 11      | G1xUGL  | 38,6545 | 0,9638   | -9,3969  |
| 12      | U2xGL1  | 34,2208 | 0,9589   | -19,7891 |
| 13      | G1xGL2  | 32,8716 | 0,9636   | -22,9515 |
| 14      | DGxGL2  | 29,1949 | 0,9340   | -31,5694 |
| 15      | G2xGL1  | 29,0074 | 0,8473   | -32,0089 |
| 16      | U1xGL2  | 23,7040 | 0,9591   | -44,4397 |
| 17      | C1xUGL  | 15,6076 | 0,9645   | -63,4170 |

|    |      |         |        |          |
|----|------|---------|--------|----------|
| 18 | CxC2 | 11,7415 | 0,9655 | -72,4788 |
|----|------|---------|--------|----------|

Gsf (%): ganho de seleção por família em relação à média geral das famílias; u + g: valor genético predito.

As sete primeiras famílias do ranking apresentaram valores maiores que a média geral das famílias, com a 1<sup>o</sup> (DGxU2) manifestando valores superiores em 40% com relação à segunda (U1xU2). O cruzamento triplo ou “three-way-cross” está presente em três das sete melhores famílias apresentadas. A utilização de indivíduos híbridos superiores em novos cruzamentos é recomendada, uma vez que a superioridade apresentada pelos indivíduos tem mérito genético (RESENDE & HIGA, 1990; SANTOS et al. 2016).

Segundo Oda et al. (1989), a produtividade em plantas está relacionada diretamente com maior grau de heterozigose, cuja expressão máxima ocorre em casos de hibridação interespecífica. Este fato pode ter contribuído para que a família DGxU2 tenha apresentado o maior valor genético.

Os ganhos obtidos pela seleção entre famílias são inferiores ao de nível individual, uma vez que a seleção individual capitaliza  $\frac{3}{4}$  da variância de dominância enquanto a seleção entre famílias apenas  $\frac{1}{4}$ . Desta maneira, a seleção em nível individual feita via metodologia de modelos mistos apresenta propriedade ótima e maximiza os ganhos com seleção. Além disso, 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).

#### **5.4 Otimização de seleção via tamanho efetivo populacional**

O processo de otimização de seleção da população simulou 30 diferentes cenários, com ganhos corrigidos variando de 170,86% a 89,83% e taxas de endogamia entre 3,23 a 25,83% para a variável IMA (Tabela 6). Este processo aplicado dentro das estratégias de melhoramento genético busca um balanço adequado do número de famílias e indivíduos por cruzamento. Com isso, é possível manter uma variabilidade genética relativamente alta e reduzir os problemas causados pela endogamia como, produção de sementes não viáveis,

geração de plantas anãs improdutivas e esgotamento da variância genética (HALLANDER & WALDMAN, 2009).

**Tabela 6.** Representação de potenciais cenários após o processo de otimização de seleção de progênies de *Eucalyptus* para a variável IMA ( $\text{m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$ ) aos seis anos de idade

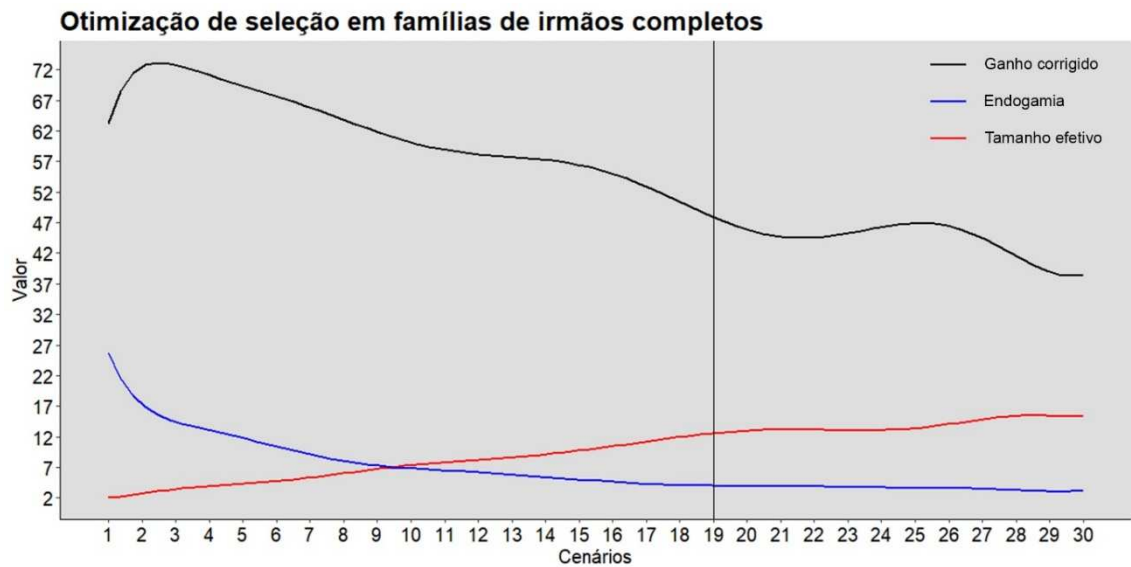
| Nº        | Cenários                            | Ne             | F             | F (%)          | Ganho (%)     | Ganho Corrigido (%) |
|-----------|-------------------------------------|----------------|---------------|----------------|---------------|---------------------|
| 1         | Melhor família - 30 ind             | 1,9355         | 0,2583        | 25,8333        | 199,23        | 147,76              |
| <b>2</b>  | <b>2 Melhores Famílias - 3 ind</b>  | <b>3,0000</b>  | <b>0,1667</b> | <b>16,6667</b> | <b>205,03</b> | <b>170,86</b>       |
| 3         | 2 Melhores Famílias - 5 ind         | 3,3333         | 0,1500        | 15,0000        | 200,59        | 170,51              |
| 4         | 2 Melhores Famílias - 10 ind        | 3,6364         | 0,1375        | 13,7500        | 190,20        | 164,04              |
| 5         | 3 Melhores Famílias - 3 ind         | 4,5000         | 0,1111        | 11,1111        | 183,48        | 163,10              |
| 6         | 3 Melhores Famílias - 5 ind         | 5,0000         | 0,1000        | 10,0000        | 179,82        | 161,84              |
| 7         | 3 Melhores Famílias - 10 ind        | 5,4545         | 0,0917        | 9,1667         | 171,23        | 155,54              |
| 8         | 4 Melhores Famílias - 3 ind         | 6,0000         | 0,0833        | 8,3333         | 159,14        | 145,88              |
| 9         | 4 Melhores Famílias - 5 ind         | 6,6667         | 0,0750        | 7,5000         | 155,45        | 143,79              |
| 10        | 4 Melhores Famílias - 10 ind        | 7,2727         | 0,0688        | 6,8750         | 147,03        | 136,93              |
| 11        | 5 Melhores Famílias - 3 ind         | 7,5000         | 0,0667        | 6,6667         | 154,00        | 143,74              |
| 12        | 5 Melhores Famílias - 5 ind         | 8,3333         | 0,0600        | 6,0000         | 149,83        | 140,84              |
| 13        | 5 Melhores Famílias - 10 ind        | 9,0909         | 0,0550        | 5,5000         | 140,81        | 133,07              |
| 14        | 6 Melhores Famílias - 3 ind         | 9,0000         | 0,0556        | 5,5556         | 141,79        | 133,91              |
| 15        | 6 Melhores Famílias - 5 ind         | 10,0000        | 0,0500        | 5,0000         | 138,01        | 131,11              |
| 16        | 6 Melhores Famílias - 10 ind        | 10,9091        | 0,0458        | 4,5833         | 129,81        | 123,86              |
| 17        | 7 Melhores Famílias - 3 ind         | 10,5000        | 0,0476        | 4,7619         | 130,89        | 124,65              |
| 18        | 7 Melhores Famílias - 5 ind         | 11,6667        | 0,0429        | 4,2857         | 127,08        | 121,64              |
| <b>19</b> | <b>7 Melhores Famílias - 10 ind</b> | <b>12,7273</b> | <b>0,0393</b> | <b>3,9286</b>  | <b>119,21</b> | <b>114,53</b>       |
| 20        | 7 Melhores Famílias - 15 ind        | 13,1250        | 0,0381        | 3,8095         | 113,79        | 109,46              |
| 21        | 7 Melhores Famílias - 20 ind        | 13,3333        | 0,0375        | 3,7500         | 108,94        | 104,85              |
| 22        | 7 Melhores Famílias - 25 ind        | 13,4615        | 0,0371        | 3,7143         | 104,67        | 100,78              |
| 23        | 7 Melhores Famílias - 30 ind        | 13,5484        | 0,0369        | 3,6905         | 100,97        | 97,24               |
| 24        | 8 Melhores Famílias - 3 ind         | 12,0000        | 0,0417        | 4,1667         | 122,12        | 117,04              |
| 25        | 8 Melhores Famílias - 5 ind         | 13,3333        | 0,0375        | 3,7500         | 118,48        | 114,03              |
| 26        | 8 Melhores Famílias - 10 ind        | 14,5455        | 0,0344        | 3,4375         | 110,45        | 106,65              |
| 27        | 8 Melhores Famílias - 15 ind        | 15,0000        | 0,0333        | 3,3333         | 105,12        | 101,62              |
| 28        | 8 Melhores Famílias - 20 ind        | 15,2381        | 0,0328        | 3,2813         | 100,45        | 97,15               |
| 29        | 8 Melhores Famílias - 25 ind        | 15,3846        | 0,0325        | 3,2500         | 96,35         | 93,22               |
| 30        | 8 Melhores famílias - 30 ind        | 15,4839        | 0,0323        | 3,2292         | 92,83         | 89,83               |

Ne: Tamanho efetivo populacional; F: Coeficiente de endogamia; F(%): Coeficiente de endogamia em porcentagem.

Para que se possa mensurar a representatividade genética de uma população avalia-se o tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ), o qual depende do número de famílias e indivíduos selecionados por família. O  $N_e$  está relacionado a frequência de alelos raros na população original que são capturados pelo processo de amostragem ou seleção e inversamente relacionado com a endogamia (WOOLLIAMS et al. 2015). Dessa maneira, o  $N_e$  é um parâmetro importante para conhecimento da perda de diversidade genética e depressão endogâmica. Para espécies de ciclo longo como o eucalipto, é crucial o uso eficiente de estratégias de seleção as quais possibilitem a maximização do  $N_e$  e minimização da endogamia (HALLANDER & WALDMAN, 2009).

O valor da endogamia é reduzido com o aumento do número de indivíduos e de famílias utilizadas nas simulações. Por esse motivo, embora a oitava família tenha apresentado valores negativos em relação à média geral, ela foi adicionada para aumentar a diversidade genética das populações simuladas e minimizar o efeito de  $F$ . Devido ao alto valor de endogamia, os cenários simulados com os maiores ganhos foram inviáveis. Portanto a melhor situação é a que o valor de  $F$  seja o mínimo possível (valor entorno de 3% conforme Resende (2002)) e com ganho corrigido mais próximo da primeira situação (63,03).

Após a análise de cada situação, o melhor cenário ( $N^o$  19) foi escolhido com base no ganho corrigido e na endogamia. A seleção de dez indivíduos das sete melhores famílias resultou no cenário com o  $F$  no valor de 3,92% e ganho corrigido de 114,53%. Nessa situação, apesar da diminuição do ganho em relação ao cenário 1, a endogamia reduziu na ordem de 21,91% (Figura 1).



**Figura 1.** Otimização de seleção de famílias de irmãos completos de *Eucalyptus* a partir da simulação de 30 diferentes cenários, nos quais foram testados diferentes números de famílias selecionadas e de indivíduos dentro de cada família. A linha vertical no gráfico indica o cenário escolhido (19)

Nos cinco primeiros cenários observou-se valores altos para o ganho corrigido, entretanto o tamanho efetivo foi baixo, refletindo em alta porcentagem de endogamia (> 10%). No decorrer das situações, houve a redução do ganho corrigido, de  $F$  e o aumento de  $N_e$  até a situação Nº 19 (sete melhores famílias com dez indivíduos cada). A seleção de indivíduos excepcionais resulta em maiores ganhos. Todavia, é importante observar o grau de parentesco para evitar o cruzamento de indivíduos aparentados (PEREIRA & VENCOSKY, 1988). Assim, o cenário escolhido foi o Nº19 ( $F = 3,92\%$  e ganho corrigido = 114,53%), pois a partir dele o tamanho efetivo e a endogamia tenderam a se estabilizar e o ganho não se alterou de forma marcante.

De acordo com Falconer (1960), o tamanho efetivo está relacionado ao tamanho genético da população e não ao número de indivíduos que a compõe. Em situações de  $N_e$  baixo, poucos indivíduos participam efetivamente da geração de intercruzamentos, levando à ocorrência de dois eventos: mudanças aleatórias das frequências gênicas (oscilação genética) e aumento da

endogamia na geração subsequente. Dessa forma, torna-se essencial o controle do tamanho efetivo populacional na passagem de gerações.

Os resultados corroboram com os encontrados por Rocha et al. (2007) e Souza et al. (2011), que apresentaram ganhos significativos para a variável DAP após o uso do tamanho efetivo populacional na realização da otimização de seleção em populações de meios-irmãos de *Eucalyptus*. Os cenários em que se utilizaram a 8ª família não foram selecionados, pois, embora o acréscimo dessa tenha diminuído o efeito da endogamia, sua seleção poderia resultar em diminuições de ganhos futuros devido ao seu valor genético negativo em relação à média geral. Portanto, é mais confiável realizar a seleção utilizando apenas as sete melhores famílias, sendo possível obter uma situação em que o ganho é maximizado e o cruzamento de indivíduos aparentados é reduzido. Dessa maneira, é possível garantir a variabilidade genética das gerações futuras de melhoramento a partir dessa população experimental.

Não obstante à otimização de seleção com vistas a formação de um pomar de sementes por mudas, o qual visa a maximização da diversidade genética, é possível obter ganhos genéticos de forma rápida via cruzamento de poucos indivíduos superiores. Neste caso, o cenário 2 (Tabela 6), o qual contém as duas melhores famílias e os três melhores indivíduos em cada uma delas, seria a melhor opção. Neste cenário é possível obter um ganho genético de até 170,86%, via cruzamento de indivíduos de famílias diferentes, visando a geração de materiais heteróticos e produtivos em curto espaço de tempo para serem clonados (SANTOS et al. 2016).

## **6 – CONCLUSÃO**

Os parâmetros genéticos estimados para as progênies de *Eucalyptus* indicam condições favoráveis à seleção que, em associação com a otimização, podem conduzir avanços genéticos consideráveis.

É recomendável que ocorra a seleção dos dez melhores indivíduos das sete melhores famílias, pois, além de proporcionar a maximização dos ganhos

genéticos, reduz significativamente a endogamia. Os resultados favoráveis indicam que, futuramente, o experimento pode ser transformado em pomares de sementes por mudas.

Além da possibilidade de transformação do experimento em pomares de hibridação e estruturação de uma estratégia de melhoramento no longo prazo, foi constatado que selecionar as duas melhores famílias com três indivíduos em cada para direcionamento de cruzamentos controlados, apresenta alto potencial para geração de indivíduos excepcionais para clonagem no curto prazo.

Constatou-se que genótipos mais produtivos são provenientes de cruzamentos híbridos, possuindo em sua constituição genética três conjuntos gênicos. Dessa maneira, fica evidenciado a importância da heterose no melhoramento do eucalipto via cruzamento de genótipos superiores e divergentes. Materiais com diferentes conjuntos gênicos possuem maior variabilidade de alelos, apresentando assim alto potencial de reação a mudanças ambientais e incremento de produtividade.

## 7 – REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Blucher, 1971, p. 381.

ASSIS, T. F.; MAFIA, R. G. Hibridação e clonagem. In: BORÉM, A. (Ed.). **Biotecnologia florestal**. Viçosa: Suprema, 2007. p. 93-121.

BATISTA, J. L. F.; COUTO, H. T. Z. Escolha de modelos matemáticos para a construção de curvas de índice de sítio para florestas implantadas de *Eucalyptus* sp no Estado de São Paulo. **IPEF, Piracicaba**, v. 32, p. 25-32, 1986.

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 Instituto Florestal**, v. 23, n. 1, p. 13-26, 2011.

BISON, O. et al. Comparison Between Open Pollinated Progenies and Hybrids Performance in *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla*. **Silvae Genetica**, v. 55, n. 4-5, p. 192-196, 2006.

BISON, O. et al. Dialelo parcial entre clones de *Eucalyptus camaldulensis* e clones de *E. urophylla*, *E. grandis* e *E. saligna*. **Revista Árvore**, v. 33, n. 3, p. 395-402, 2009.

E SILVA, J. C.; BORRALHO, N. M. G.; POTTS, B. M. Additive and non-additive genetic parameters from clonally replicated and seedling progenies of *Eucalyptus globulus*. **Theoretical And Applied Genetics**, v. 108, n. 6, p. 1113-1119, 2004.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. New York: Ronald Press, 1960, p. 365.

GRIFFIN, A. R. Effects of inbreeding on growth of forest trees and implications for management of seed supplies for plantation programmes. **Reproductive Ecology of Tropical Forest Plants**. Paris: UNESCO, p. 355-374, 1991.

HALLANDER, J.; WALDMANN, P. Optimum contribution selection in large general tree breeding populations with an application to Scots pine. **Theoretical and applied genetics**, v. 118, n. 6, p. 1133-1142, 2009.

HARDNER, C. M.; POTTS, B. M. Inbreeding depression and changes in variation after selfing in *Eucalyptus globulus* ssp. *globulus*. **Silvae Genetica**, v. 44, n. 1, p. 46-54, 1995.

HEDRICK, P. W.; HELLSTEN, U.; GRATTAPAGLIA, D. Examining the cause of high inbreeding depression: analysis of whole-genome sequence data in 28 selfed progeny of *Eucalyptus grandis*. **New Phytologist**, v. 209, n. 2, p. 600-611, 2016.

HODGE, G. R. et al. A comparison of genetic information from open-pollinated and control-pollinated progeny tests in two eucalypt species. **TAG Theoretical and Applied Genetics**, v. 92, n. 1, p. 53-63, 1996.

IBÁ, **Indústria Brasileira de Árvores**: ano base 2016/IBÁ. Brasília/DF, p. 100, 2016.

KAGEYAMA, P. Y.; VENCOSKY, R. Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden. **IPEF**, v. 24, p. 926, 1983.

LI, Y. et al. The genetic architecture of a *Eucalyptus globulus* full-sib breeding population in Australia. **Forest Genetics**, v. 12, n. 3, p. 167-179, 2007.

LIMA, J. L. et al. Early selection of parents and trees in *Eucalyptus* full-sib progeny tests. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 11, n. 1, p. 10-16, 2011.

LIMA, P. C. F. Espécies potenciais para reflorestamento em regiões semi-áridas. **Silvicultura**, v. 10, n. 37, p. 28-32, 1984.

LINDGREN, D.; MULLIN, T. J. Balancing gain and relatedness in selection. **Silvae Genetica**, v. 46, n. 2, p. 124-128, 1997.

MIRANDA, A. C. et al. Ganhos genéticos na seleção pelo método do índice multi-efeitos em progênies polinização livre de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Scientia Forestalis**, v. 43, n. 105, p. 203-209, 2015.

NUNES, A. C. P. et al. Estabelecimento de zonas de melhoramento para clones de eucalipto no Rio Grande do Sul. **Scientia Forestalis**, v. 44, n. 111 p. 563-574, 2016.

ODA, S.; MENCK, A. L. M.; VENCOVSKY, R. Problemas no melhoramento genético clássico do Eucalipto em função da alta intensidade de seleção. **IPEF**, n. 41-42, p. 8-17, 1989.

PEREIRA, M. B.; VENCOVSKY, R. Limites da seleção recorrente. I. Fatores que afetam o acréscimo das frequências alélicas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 23, n. 7, p. 769-780, 1988.

PINTO, D. S. et al. Seleção precoce para características de crescimento em testes clonais de *Eucalyptus urophylla*. **Scientia Forestalis**, v. 42, n. 102, p. 251-257, 2014.

REIS, C. A. F. et al. Seleção de progênies de eucalipto pelo índice Z por MQM e Blup. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 46, n. 5, p. 517-523, 2011.

RESENDE, M. D. V. Delineamento de experimentos de seleção para maximização da acurácia seletiva e do progresso genético. **Revista árvore**, v. 19, n. 4, p. 479-500, 1995.

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

RESENDE, M. D. V. Melhoramento de essências florestais. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Editora UFV, 1999, p. 589-647.

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, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

RESENDE, M. D. V.; HIGA, A. R. Estimação de valores genéticos no melhoramento de *Eucalyptus*: seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e de seus parentes. **Embrapa Florestas - Boletim de Pesquisa Florestal**, n. 28-29, p. 11-36, 1994.

RESENDE, M.D.V.; HIGA, A.R. Estratégias de melhoramento para *Eucalyptus* visando à seleção de híbridos. **Boletim de Pesquisa Florestal**, v. 21, n. 1, p. 49-60, 1990.

ROBERTSON, A. Inbreeding in artificial selection programmes. **Genetics Research**, v. 2, n. 2, p. 189-194, 1961.

ROCHA, M. G. B. et al. Seleção de genitores de *Eucalyptus grandis* e de *Eucalyptus urophylla* para produção de híbridos interespecíficos utilizando REML/BLUP e informação de divergência genética. **Revista Árvore**, v. 31, n. 6, p. 977-987, 2007.

SANTOS, G. A. et al. Adaptabilidade de híbridos multiespécies de *Eucalyptus* ao Estado do Rio Grande do Sul. **Revista Árvore**, v. 37, n. 4, 2013.

SANTOS, G. A. et al. An index combining volume and Pilodyn penetration to study stability and adaptability of *Eucalyptus* multi-species hybrids in Rio Grande do Sul, Brazil. **Australian Forestry**, v. 79, n. 4, p. 248-255, 2016.

SCHUMACHER, F. X.; HALL, F. S. Logarithmic expression of timber-tree volume. **Journal of Agricultural Research**, v. 47, n. 9, p. 719-734, 1933.

SOUZA, C. S. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para caracteres quantitativos em progênies de polinização aberta de *Eucalyptus urophylla*. **Floresta**, v. 41, n. 4, p. 847-856, 2011.

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

WEI, R. P.; HANSEN, C. R.; DHIR, N. K.; YEH, F. C. Genetic gain with desired status number in breeding programs: a study on selection effects. **Canadian journal of forest research**, v. 28, n. 12, p. 1861-1869, 1998.

WOOLLIAMS, J. A.; BERG, P.; DAGNACHEW, B. S.; MEUWISSEN, T. H. E. Genetic contributions and their optimization. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 132, n. 2, p. 89-99, 2015.

## 4 – CONCLUSÕES GERAIS

Experimentos de eucalipto com uma planta por parcela e com parcelas quadradas apresentam alta correspondência. A taxa de decréscimo de produtividade estimada para clones agressivos plantados em esquema de parcela de planta única em relação às parcelas quadradas é de 26%.

Os clones devem ser selecionados quanto a sua habilidade competitiva uma vez que foram constatadas as classes de clones agressivos, homeostáticos e sensíveis à competição. Baseado nessas classes, foi proposto o plantio multiclonal otimizado, o qual propõe a combinação de clones agressivos e homeostáticos no plantio comercial, como uma forma de incrementar a produtividade média total do plantio.

O padrão de estratificação ambiental em um estudo de interação genótipos por ambientes com eucalipto modificou-se com o tempo em experimentos avaliados aos três e nove anos de idade para o caráter IMA.

A causa da mudança da estratificação ao longo do tempo se deu em virtude do caráter em questão. A estratificação em zonas de melhoramento se deu em virtude de similaridade de solos entre os ambientes avaliados.

O uso de ferramentas biométricas possibilitou a otimização de seleção de um teste de progênies de famílias de irmãos completos de eucalipto instalados nas áreas da empresa Cenibra. Diversos cenários de montagem de pomares de sementes por mudas foram simulados. O cenário escolhido maximizou os ganhos e minimizou.

Constatou-se a importância da busca pela heterose no melhoramento do eucalipto via cruzamento de genótipos superiores e divergentes geneticamente. Os resultados favoráveis em termos de ganho com seleção nas simulações dos cenários de seleção indicaram que, futuramente, este experimento poderá ser transformado em pomares de sementes por mudas ou cruzamentos controlados com poucas famílias poderão ser executados objetivando ganhos genéticos no curto prazo.

A correta utilização de ferramentas de Genética Quantitativa e Estatística permitiram a otimização dos programas de melhoramento do eucalipto propostos

no presente trabalho, demonstrando a importância das análises biométricas na obtenção de resultados práticos e tomadas de decisão acertadas pelo pesquisador.

## 5 – APÊNDICE

**Tabela 1** – Descrição de espécies e híbridos, efeito direto predito ( $\tau$ ), dado como o valor genotípico do clone no experimento em *Single-tree-plot*, efeito genotípico total ( $\tau + \varphi$ ), dado pelo valor genotípico dos clones no *Square Plot*, efeito indireto predito ( $\varphi$ ), dado pela subtração do efeito genotípico total pelo efeito direto predito dos materiais genéticos e perda de produtividade em porcentagem de cada clone quando plantado em parcela quadrada em relação a parcelas de plantas únicas do genótipos utilizados no capítulo 1 desta tese

| Clone | Espécie ou híbrido   | $\tau$ | $\tau + \varphi$ | $\varphi$ | $YD(\%)_i$ |
|-------|--|--------|------------------|-----------|------------|
| 39550 | <i>E. urophylla</i> x <i>E. saligna</i>  | 120,92 | 74,9             | -46,01    | 38,05      |
| 39652 | <i>E. urophylla</i> x <i>E. (dunnii</i> x <i>grandis)</i>                      | 103,37 | 76,48            | -26,89    | 26,01      |
| 39578 | <i>E. grandis</i> x <i>E. globulus</i>   | 93,48  | 60,13            | -33,35    | 35,68      |
| 40225 | <i>E. (dunnii</i> x <i>grandis)</i> x <i>E. globulus</i>                       | 91,62  | 83,31            | -8,31     | 9,07       |
| 40238 | <i>E. (dunnii</i> x <i>grandis)</i> x <i>E. (urophylla</i> x <i>globulus)</i>  | 87,94  | 60,19            | -27,75    | 31,56      |
| 40291 | <i>E. (dunnii</i> x <i>grandis)</i> x <i>E. maidenii</i>                       | 83,67  | 57,95            | -25,72    | 30,74      |
| 39434 | <i>E. grandis</i> x <i>E. (grandis</i> x <i>urophylla)</i>                     | 83,43  | 58,25            | -25,18    | 30,18      |
| 39554 | <i>E. urophylla</i> x <i>E. (dunnii</i> x <i>grandis)</i>                      | 83     | 64,24            | -18,76    | 22,6       |
| 11441 | <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>  | 82,35  | 65,16            | -17,2     | 20,88      |
| 39357 | <i>E. grandis</i> x <i>E. kirtoniana</i>                                       | 81,15  | 64,67            | -16,48    | 20,31      |
| 39534 | <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>  | 79,58  | 62,29            | -17,29    | 21,72      |
| 6469  | <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>  | 78,68  | 64,98            | -13,7     | 17,41      |
| 38949 | <i>E. grandis</i> x <i>E. kirtoniana</i>                                       | 76,95  | 67,64            | -9,31     | 12,1       |
| 40286 | <i>E. (grandis</i> x <i>saligna)</i> x <i>E. (urophylla</i> x <i>globulus)</i> | 75,39  | 65,84            | -9,56     | 12,68      |
| 39797 | <i>E. grandis</i> x <i>E. globulus</i>   | 75,39  | 71,56            | -3,83     | 5,09       |
| 40247 | <i>E. dunnii</i> x <i>E. saligna</i>   | 74,81  | 56,23            | -18,58    | 24,84      |

|       |   |       |       |        |        |
|-------|---|-------|-------|--------|--------|
| 34624 | <i>E. grandis</i> × <i>E. urophylla</i>                                       | 74,62 | 57,64 | -16,98 | 22,75  |
| 20687 | <i>E. grandis</i>   | 71,96 | 83,78 | 11,81  | -16,41 |
| 39630 | <i>E. grandis</i> × <i>E. maculata</i>  | 71,8  | 62,24 | -9,56  | 13,32  |
| 40275 | <i>E. (dunnii</i> × <i>grandis)</i> × <i>E. (urophylla</i> × <i>globulus)</i> | 71,49 | 53,58 | -17,91 | 25,05  |
| 39283 | <i>E. grandis</i> × <i>E. saligna</i>   | 70,85 | 59,99 | -10,86 | 15,33  |
| 11444 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>                                       | 70,54 | 59,57 | -10,98 | 15,56  |
| 40267 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. maidenii</i>                   | 70,11 | 55,06 | -15,05 | 21,46  |
| 11491 | <i>E. urophylla</i>   | 70,05 | 68,37 | -1,67  | 2,39   |
| 6909  | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>                                       | 68,78 | 82,82 | 14,05  | -20,43 |
| 39420 | <i>E. grandis</i> × <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i>                    | 67,02 | 61,55 | -5,47  | 8,17   |
| 40232 | <i>E. saligna</i> × <i>E. globulus</i>  | 66,46 | 54,14 | -12,32 | 18,54  |
| 40220 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. maidenii</i>                   | 66,32 | 48,99 | -17,34 | 26,14  |
| 39350 | <i>E. grandis</i> × <i>E. kirtoniana</i>                                      | 66,31 | 67,83 | 1,51   | -2,28  |
| 39890 | <i>E. grandis</i> × <i>E. saligna</i>   | 65,82 | 61,25 | -4,58  | 6,96   |
| 38948 | <i>E. grandis</i> × <i>E. kirtoniana</i>                                      | 65,43 | 71,75 | 6,31   | -9,65  |
| 40295 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. globulus</i>                   | 64,5  | 46,62 | -17,88 | 27,72  |
| 20529 | <i>E. urophylla</i>   | 64,47 | 55,71 | -8,75  | 13,58  |
| 40248 | <i>E. saligna</i> × <i>E. (urophylla</i> × <i>maidenii)</i>                   | 64,33 | 35,47 | -28,85 | 44,85  |
| 39844 | <i>E. kirtoniana</i>  | 64,01 | 56,51 | -7,5   | 11,72  |
| 20432 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>                                       | 63,96 | 69,5  | 5,54   | -8,66  |
| 11559 | <i>E. urophylla</i>   | 63,17 | 56,99 | -6,18  | 9,78   |
| 11433 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>                                       | 62,87 | 63,69 | 0,82   | -1,3   |
| 39532 | <i>E. grandis</i> × <i>E. kirtoniana</i>                                      | 62,5  | 51,28 | -11,22 | 17,95  |
| 6412  | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>                                       | 62,48 | 61,09 | -1,39  | 2,22   |
| 11423 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>                                       | 62,18 | 59,32 | -2,86  | 4,6    |
| 6001  | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>                                       | 61,13 | 59,27 | -1,86  | 3,05   |
| 20448 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>                                       | 60,18 | 49,72 | -10,45 | 17,37  |
| 40249 | <i>E. saligna</i> × <i>E. maidenii</i>  | 59,81 | 53    | -6,81  | 11,39  |
| 39384 | <i>E. dunnii</i> × <i>E. grandis</i>  | 59,8  | 79,23 | 19,44  | -32,5  |
| 34621 | <i>E. grandis</i> × <i>E. urophylla</i>                                       | 59,17 | 49,14 | -10,03 | 16,95  |

|       |  |       |       |        |        |
|-------|--|-------|-------|--------|--------|
| 40231 | <i>E. saligna</i> × <i>E. (urophylla</i> × <i>globulus)</i>                      | 58,56 | 45,54 | -13,02 | 22,23  |
| 39623 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. saligna</i>  | 58,42 | 49,49 | -8,92  | 15,28  |
| 11569 | <i>E. urophylla</i>  | 58,31 | 58,61 | 0,3    | -0,51  |
| 6586  | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>  | 57,93 | 62,54 | 4,61   | -7,96  |
| 39364 | <i>E. grandis</i> × <i>E. kirtoniana</i>   | 56,47 | 40,23 | -16,24 | 28,76  |
| 20694 | <i>E. alba</i>   | 56,44 | 49,78 | -6,66  | 11,8   |
| 40259 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. globulus</i>   | 55,66 | 39,71 | -15,95 | 28,66  |
| 40246 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. globulus</i>   | 55,46 | 25,65 | -29,81 | 53,76  |
| 40314 | <i>E. saligna</i> × <i>E. globulus</i>   | 55,45 | 46,55 | -8,9   | 16,05  |
| 39396 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. (urophylla</i> × <i>globulus)</i> | 55,21 | 40,51 | -14,7  | 26,62  |
| 40264 | <i>E. saligna</i> × <i>E. (urophylla</i> × <i>maidenii)</i>                      | 55,17 | 35,56 | -19,61 | 35,55  |
| 6408  | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>  | 55,09 | 60,12 | 5,04   | -9,14  |
| 39689 | <i>E. saligna</i>  | 54,82 | 51,28 | -3,54  | 6,45   |
| 40309 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. globulus</i>   | 54,81 | 43,19 | -11,63 | 21,21  |
| 6868  | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>  | 54,42 | 57,34 | 2,92   | -5,36  |
| 40202 | <i>E. (dunnii</i> × <i>grandis)</i> × <i>E. globulus</i>                         | 53,24 | 46,18 | -7,07  | 13,27  |
| 20697 | <i>E. grandis</i>  | 53,21 | 50,35 | -2,86  | 5,38   |
| 40271 | <i>E. (dunnii</i> × <i>grandis)</i> × <i>E. (urophylla</i> × <i>globulus)</i>    | 52,73 | 49,1  | -3,63  | 6,89   |
| 39406 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. (urophylla</i> × <i>globulus)</i> | 52,65 | 41,21 | -11,45 | 21,74  |
| 40296 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. globulus</i>   | 52,39 | 50,06 | -2,33  | 4,45   |
| 39655 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. (camaldulensis</i> × <i>grandis)</i>                 | 52,3  | 46,95 | -5,35  | 10,22  |
| 20519 | <i>E. grandis</i>  | 52,05 | 67,32 | 15,27  | -29,34 |
| 6474  | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>  | 51,84 | 57,37 | 5,53   | -10,66 |
| 39656 | <i>E. resinifera</i> × <i>E. grandis</i>   | 51,76 | 49,78 | -1,97  | 3,81   |
| 11438 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>  | 51,67 | 52,36 | 0,69   | -1,34  |
| 40268 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. maidenii</i>                      | 51,6  | 41,22 | -10,38 | 20,12  |
| 38960 | <i>E. grandis</i> × <i>E. kirtoniana</i>   | 51,15 | 49,54 | -1,61  | 3,15   |
| 32864 | <i>E. saligna</i>  | 50,85 | 51,68 | 0,83   | -1,62  |
| 20690 | <i>E. alba</i>   | 50,78 | 55,43 | 4,65   | -9,16  |
| 6809  | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>  | 50,56 | 40,37 | -10,19 | 20,16  |

|       |  |       |       |        |        |
|-------|--|-------|-------|--------|--------|
| 6843  | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>  | 50,52 | 61,11 | 10,58  | -20,95 |
| 40210 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. maidenii</i>   | 50,41 | 40,23 | -10,18 | 20,2   |
| 39155 | <i>E. dunnii</i> × <i>E. grandis</i>   | 50,16 | 54,42 | 4,27   | -8,51  |
| 11510 | <i>E. urophylla</i>  | 50,07 | 45,86 | -4,21  | 8,41   |
| 1501  | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>  | 49,33 | 50,77 | 1,44   | -2,92  |
| 40218 | <i>E. maidenii</i> × <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i>                      | 49,22 | 39,88 | -9,34  | 18,97  |
| 40328 | <i>E. saligna</i>  | 49,13 | 49,27 | 0,15   | -0,3   |
| 39826 | <i>E. deanei</i>   | 49,02 | 42,91 | -6,11  | 12,47  |
| 20691 | <i>E. saligna</i>  | 49,01 | 50,86 | 1,85   | -3,77  |
| 40241 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. maidenii</i>                      | 48,97 | 36,2  | -12,77 | 26,07  |
| 20688 | <i>E. saligna</i>  | 48,82 | 55,41 | 6,59   | -13,5  |
| 11576 | <i>E. urophylla</i>  | 48,72 | 51,73 | 3,01   | -6,19  |
| 11522 | <i>E. urophylla</i>  | 48,66 | 40,32 | -8,35  | 17,15  |
| 11422 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>  | 48,55 | 61,28 | 12,72  | -26,2  |
| 38899 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. globulus</i>   | 48,38 | 42,66 | -5,72  | 11,83  |
| 20535 | <i>E. urophylla</i>  | 48,17 | 53,68 | 5,51   | -11,45 |
| 6759  | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>  | 48,08 | 53,36 | 5,28   | -10,98 |
| 39399 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. (urophylla</i> × <i>globulus)</i> | 47,98 | 38,22 | -9,76  | 20,35  |
| 6796  | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>  | 47,66 | 56,34 | 8,68   | -18,22 |
| 20695 | <i>E. alba</i>   | 47,61 | 49,37 | 1,75   | -3,68  |
| 6758  | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>  | 46,79 | 46,64 | -0,15  | 0,32   |
| 40204 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. maidenii</i>                      | 46,54 | 37,83 | -8,71  | 18,72  |
| 11516 | <i>E. urophylla</i>  | 46,51 | 55,53 | 9,02   | -19,4  |
| 38862 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>  | 45,97 | 54,56 | 8,59   | -18,69 |
| 11418 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>  | 45,83 | 50,3  | 4,47   | -9,75  |
| 20696 | <i>E. alba</i>   | 45,69 | 44,43 | -1,26  | 2,76   |
| 40181 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. globulus</i>   | 45,31 | 22,43 | -22,89 | 50,51  |
| 40317 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. (urophylla</i> × <i>maidenii)</i> | 45,28 | 32,33 | -12,94 | 28,59  |
| 39726 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. globulus</i>                      | 45    | 46,81 | 1,81   | -4,02  |
| 39412 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. (urophylla</i> × <i>globulus)</i> | 44,54 | 35,48 | -9,06  | 20,35  |

|       |  |       |       |        |        |
|-------|--|-------|-------|--------|--------|
| 20524 | <i>E. grandis</i>  | 44,48 | 47,6  | 3,12   | -7,03  |
| 20689 | <i>E. alba</i>   | 44,33 | 50,36 | 6,02   | -13,58 |
| 39585 | <i>E. grandis</i> × <i>E. globulus</i>   | 43,99 | 55,38 | 11,39  | -25,89 |
| 39758 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. globulus</i>                      | 43,65 | 45,23 | 1,58   | -3,63  |
| 20617 | <i>E. urophylla</i>  | 43,55 | 53    | 9,46   | -21,72 |
| 40219 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. deanei</i>                        | 43,3  | 36,13 | -7,17  | 16,57  |
| 39398 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. (urophylla</i> × <i>globulus)</i> | 42,91 | 39,67 | -3,23  | 7,53   |
| 39882 | <i>E. maidenii</i> × <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i>                      | 42,9  | 44,09 | 1,19   | -2,78  |
| 11446 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>  | 42,86 | 59,38 | 16,51  | -38,52 |
| 40274 | <i>E. saligna</i> × <i>E. globulus</i>   | 42,79 | 41,61 | -1,18  | 2,75   |
| 20518 | <i>E. grandis</i>  | 42,51 | 54,7  | 12,18  | -28,66 |
| 39745 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. globulus</i>                      | 42,24 | 44,39 | 2,15   | -5,09  |
| 11445 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>  | 41,85 | 49,67 | 7,83   | -18,7  |
| 6399  | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>  | 41,57 | 56,48 | 14,91  | -35,88 |
| 40297 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. globulus</i>   | 41,51 | 58,04 | 16,53  | -39,82 |
| 6417  | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>  | 41,48 | 47,5  | 6,02   | -14,5  |
| 11550 | <i>E. urophylla</i>  | 41,3  | 43,07 | 1,76   | -4,27  |
| 20521 | <i>E. grandis</i>  | 41,02 | 41,77 | 0,75   | -1,84  |
| 40313 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. globulus</i>   | 41,01 | 42,2  | 1,19   | -2,9   |
| 40244 | <i>E. (dunnii</i> × <i>grandis)</i> × <i>E. maidenii</i>                         | 40,97 | 38,5  | -2,47  | 6,03   |
| 40283 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. globulus</i>                      | 40,88 | 41,7  | 0,81   | -1,99  |
| 40265 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. maidenii</i>                      | 40,75 | 40,09 | -0,66  | 1,62   |
| 39776 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. globulus</i>                      | 40,74 | 41,18 | 0,43   | -1,07  |
| 6886  | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>  | 40,26 | 35,05 | -5,21  | 12,94  |
| 40327 | <i>E. saligna</i>  | 39,32 | 46,51 | 7,2    | -18,31 |
| 40308 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. globulus</i>   | 39,05 | 38,45 | -0,61  | 1,56   |
| 11697 | <i>E. urophylla</i>  | 38,95 | 46,12 | 7,17   | -18,42 |
| 40290 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. globulus</i>                      | 38,86 | 35,51 | -3,34  | 8,61   |
| 40311 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. globulus</i>   | 38,53 | 19,65 | -18,88 | 49     |
| 40253 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. maidenii</i>   | 38,5  | 33,73 | -4,78  | 12,4   |

|       |  |       |       |        |        |
|-------|--|-------|-------|--------|--------|
| 40230 | <i>E. saligna</i> × <i>E. globulus</i>   | 38,48 | 29,86 | -8,62  | 22,41  |
| 20686 | <i>E. grandis</i>  | 38,45 | 33,63 | -4,82  | 12,53  |
| 11480 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>  | 37,9  | 47    | 9,1    | -24,02 |
| 40243 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. globulus</i>                      | 37,82 | 38,56 | 0,73   | -1,94  |
| 39774 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. globulus</i>                      | 37,81 | 39,28 | 1,47   | -3,9   |
| 39459 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. (dunnii</i> × <i>grandis)</i>                        | 37,39 | 47,3  | 9,91   | -26,5  |
| 38061 | <i>E. grandis</i> × <i>E. maidenii</i>   | 37,02 | 42,87 | 5,86   | -15,82 |
| 40212 | <i>E. saligna</i> × <i>E. globulus</i>   | 36,57 | 32,93 | -3,64  | 9,96   |
| 40197 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. maidenii</i>                      | 36,26 | 35,85 | -0,41  | 1,13   |
| 6832  | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>  | 36,19 | 43,26 | 7,07   | -19,53 |
| 6592  | <i>E. urophylla</i> × <i>E. grandis</i>  | 36,09 | 41,41 | 5,32   | -14,74 |
| 20682 | <i>E. grandis</i>  | 35,51 | 45,29 | 9,78   | -27,53 |
| 40270 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. maidenii</i>   | 35,05 | 30,88 | -4,17  | 11,9   |
| 40326 | <i>E. saligna</i> × <i>E. globulus</i>   | 34,91 | 30,77 | -4,15  | 11,87  |
| 11574 | <i>E. urophylla</i>  | 34,32 | 42,83 | 8,5    | -24,77 |
| 39405 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. (urophylla</i> × <i>globulus)</i> | 34,22 | 38,49 | 4,27   | -12,47 |
| 40301 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. maidenii</i>   | 34,2  | 30,52 | -3,68  | 10,76  |
| 40323 | <i>E. saligna</i> × <i>E. maidenii</i>   | 33,25 | 51,26 | 18,01  | -54,16 |
| 40329 | <i>E. saligna</i>  | 33,05 | 45,47 | 12,42  | -37,58 |
| 39409 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. (urophylla</i> × <i>globulus)</i> | 32,84 | 31,27 | -1,57  | 4,78   |
| 40324 | <i>E. globulus</i>   | 32,5  | 31,82 | -0,68  | 2,08   |
| 20520 | <i>E. saligna</i>  | 32,33 | 44,26 | 11,93  | -36,89 |
| 39761 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. globulus</i>                      | 32,28 | 44,41 | 12,13  | -37,59 |
| 40273 | <i>E. (dunnii</i> × <i>grandis)</i> × <i>E. globulus</i>                         | 32,23 | 33,78 | 1,56   | -4,83  |
| 40207 | <i>E. (dunnii</i> × <i>grandis)</i> × <i>E. globulus</i>                         | 32,22 | 19,96 | -12,26 | 38,05  |
| 39402 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. (urophylla</i> × <i>globulus)</i> | 32,03 | 35,04 | 3,01   | -9,4   |
| 39394 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. (urophylla</i> × <i>globulus)</i> | 31,76 | 30,96 | -0,8   | 2,52   |
| 39645 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. (dunnii</i> × <i>grandis)</i>                        | 31,61 | 34,56 | 2,95   | -9,32  |
| 3918  | <i>E. grandis</i>  | 31,3  | 45,18 | 13,88  | -44,35 |
| 40322 | <i>E. saligna</i> × <i>E. maidenii</i>   | 31,02 | 29,02 | -2     | 6,45   |

|       |  |       |       |       |        |
|-------|--|-------|-------|-------|--------|
| 40254 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. globulus</i>   | 30,95 | 33,52 | 2,57  | -8,31  |
| 39607 | <i>E. grandis</i> × <i>E. globulus</i>   | 30,61 | 38,11 | 7,5   | -24,5  |
| 40318 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. globulus</i>                      | 30,47 | 42,38 | 11,91 | -39,07 |
| 20659 | <i>E. urophylla</i>  | 30,28 | 31,7  | 1,42  | -4,7   |
| 40330 | <i>E. saligna</i>  | 29,89 | 45,07 | 15,18 | -50,79 |
| 38985 | <i>E. grandis</i> × <i>E. dunnii</i>   | 29,23 | 48,43 | 19,2  | -65,69 |
| 20642 | <i>E. urophylla</i>  | 29,23 | 33,99 | 4,75  | -16,26 |
| 20657 | <i>E. urophylla</i>  | 29,18 | 47,09 | 17,91 | -61,36 |
| 39780 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. maidenii</i>   | 28,79 | 30,85 | 2,06  | -7,15  |
| 39757 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. globulus</i>                      | 28,36 | 43,4  | 15,05 | -53,05 |
| 39741 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. globulus</i>                      | 27,75 | 31,51 | 3,76  | -13,56 |
| 39403 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. (urophylla</i> × <i>globulus)</i> | 27,27 | 31,57 | 4,3   | -15,78 |
| 40192 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. globulus</i>   | 27,15 | 29,25 | 2,1   | -7,73  |
| 40303 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. globulus</i>   | 26,95 | 37,48 | 10,53 | -39,07 |
| 40176 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. globulus</i>   | 26,57 | 35,32 | 8,75  | -32,91 |
| 11494 | <i>E. urophylla</i>  | 25,81 | 32,7  | 6,89  | -26,69 |
| 20624 | <i>E. urophylla</i>  | 25,64 | 33,57 | 7,92  | -30,9  |
| 11586 | <i>E. urophylla</i>  | 25,25 | 38,57 | 13,33 | -52,78 |
| 40190 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. globulus</i>   | 25,13 | 36,52 | 11,39 | -45,33 |
| 39544 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. globulus</i>   | 24,02 | 24,33 | 0,32  | -1,33  |
| 39579 | <i>E. grandis</i> × <i>E. robusta</i>  | 23,95 | 42,37 | 18,42 | -76,89 |
| 39716 | <i>E. saligna</i> × <i>E. maidenii</i>   | 23,84 | 32,35 | 8,51  | -35,71 |
| 39830 | <i>E. deanei</i>   | 23,79 | 38,16 | 14,37 | -60,41 |
| 40193 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. globulus</i>   | 23,65 | 27,41 | 3,77  | -15,92 |
| 40180 | <i>E. urophylla</i> × <i>E. globulus</i>   | 22,85 | 17,72 | -5,14 | 22,47  |
| 40294 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. globulus</i>                      | 22,74 | 26,49 | 3,75  | -16,51 |
| 40289 | <i>E. saligna</i> × <i>E. (urophylla</i> × <i>maidenii)</i>                      | 22,69 | 25,98 | 3,29  | -14,5  |
| 11660 | <i>E. urophylla</i>  | 22,4  | 35,16 | 12,76 | -56,97 |
| 40282 | <i>E. saligna</i> × <i>E. maidenii</i>   | 22,19 | 29,44 | 7,25  | -32,67 |
| 39392 | <i>E. (grandis</i> × <i>urophylla)</i> × <i>E. (urophylla</i> × <i>globulus)</i> | 22,05 | 24,23 | 2,18  | -9,9   |

|       |   |       |       |       |         |
|-------|---|-------|-------|-------|---------|
| 39750 | <i>E. (grandis x urophylla) x E. globulus</i>               | 21,7  | 26,82 | 5,12  | -23,58  |
| 40170 | <i>E. urophylla x E. maidenii</i>                           | 21,38 | 32,22 | 10,84 | -50,71  |
| 38628 | <i>E. urophylla x E. maidenii</i>                           | 21,34 | 32    | 10,66 | -49,96  |
| 40260 | <i>E. saligna x E. globulus</i>                             | 21,21 | 20,21 | -1    | 4,74    |
| 6765  | <i>E. urophylla x E. grandis</i>                            | 20,94 | 34,75 | 13,81 | -65,98  |
| 40191 | <i>E. urophylla x E. globulus</i>                           | 20,35 | 23,26 | 2,91  | -14,32  |
| 40312 | <i>E. urophylla x E. globulus</i>                           | 20,06 | 34,34 | 14,28 | -71,18  |
| 40250 | <i>E. (grandis x urophylla) x E. (urophylla x globulus)</i> | 20,02 | 25,42 | 5,4   | -26,97  |
| 40184 | <i>E. urophylla x E. globulus</i>                           | 17,08 | 24,2  | 7,12  | -41,71  |
| 40183 | <i>E. urophylla x E. globulus</i>                           | 16,91 | 28,32 | 11,4  | -67,43  |
| 40299 | <i>E. urophylla x E. maidenii</i>                           | 16,7  | 26,42 | 9,72  | -58,22  |
| 40262 | <i>E. (grandis x urophylla) x E. viminalis</i>              | 16,65 | 33,83 | 17,19 | -103,26 |
| 39771 | <i>E. (dunnii x grandis) x E. maidenii</i>                  | 16,49 | 40,76 | 24,26 | -147,12 |
| 11524 | <i>E. urophylla</i>   | 15,69 | 33    | 17,31 | -110,27 |
| 39715 | <i>E. saligna x E. maidenii</i>                             | 14,49 | 27,94 | 13,44 | -92,76  |
| 39772 | <i>E. (grandis x urophylla) x E. globulus</i>               | 14,22 | 27,97 | 13,75 | -96,74  |
| 40300 | <i>E. urophylla x E. maidenii</i>                           | 14,04 | 28,69 | 14,65 | -104,35 |
| 40257 | <i>E. urophylla x E. globulus</i>                           | 10,12 | 7,3   | -2,82 | 27,86   |

**Tabela 2** – Descrição de espécies e híbridos dos dez melhores clones do capítulo 2 desta tese

| Clone | Espécie ou híbrido  | MHPRVG | MHPRVG*MG |
|-------|---|--------|-----------|
| 39416 | <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>                               | 1,64   | 91,99     |
| 39032 | <i>E. grandis</i>   | 1,43   | 80,14     |
| 39096 | <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>                               | 1,42   | 79,28     |
| 38935 | <i>E. grandis</i>   | 1,41   | 79,01     |
| 39654 | <i>E. urophylla</i> x ( <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i> ) | 1,41   | 78,79     |
| 39018 | <i>E. grandis</i>   | 1,41   | 78,68     |
| 39002 | <i>E. grandis</i>   | 1,40   | 78,65     |
| 39700 | <i>E. grandis</i>   | 1,38   | 77,01     |
| 39423 | <i>E. grandis</i> x <i>E. urophylla</i>                               | 1,37   | 76,57     |
| 39251 | <i>E. grandis</i>   | 1,35   | 75,58     |

**Tabela 3.** Estimativas de parâmetros genéticos, para os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP em cm), altura total (Ht em m), volume (Vol em m<sup>3</sup>), incremento volumétrico médio anual (IMA, m<sup>3</sup>. ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup>) e sobrevivência, para clones de *Eucalyptus*, avaliados na análise conjunta entre os ambientes e entre as idades de três e nove anos de forma conjunta do capítulo 2 desta tese

| Parâmetros          | DAP   | Ht    | Vol  | IMA   | Sobrevivência |
|---------------------|-------|-------|------|-------|---------------|
| h <sup>2</sup> g    | 0,12  | 0,06  | 0,04 | 0,11  | 0,01          |
| h <sup>2</sup> mg   | 0,58  | 0,44  | 0,26 | 0,53  | 0,40          |
| Acgen               | 0,76  | 0,66  | 0,51 | 0,73  | 0,63          |
| c <sup>2</sup> gl   | 0,10  | 0,08  | 0,04 | 0,11  | 0,04          |
| c <sup>2</sup> glm  | 0,05  | 0,05  | 0,13 | 0,06  | 0,00          |
| c <sup>2</sup> perm | 0,39  | 0,33  | 0,15 | 0,36  | 0,72          |
| Rgl                 | 0,54  | 0,42  | 0,49 | 0,49  | 0,21          |
| Rglocm              | 0,33  | 0,22  | 0,11 | 0,29  | 0,20          |
| Média               | 16,72 | 20,57 | 0,28 | 55,99 | 0,87          |

Sendo os parâmetros: **h<sup>2</sup>g**: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; **h<sup>2</sup>mg**: herdabilidade no sentido amplo da média de genótipos; **Acgen**: acurácia da seleção de genótipos; **c<sup>2</sup>gl**: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x locais; **c<sup>2</sup>gm**: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x medições; **c<sup>2</sup>glm**: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x locais x medições; **c<sup>2</sup>perm**: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes de parcela; **R**: repetibilidade individual; **Rgl**: correlação genotípica através dos locais, válida para qualquer medição; **Rgm**: correlação genotípica através das medições, válida para qualquer local; **Rglocm**: correlação genotípica através dos locais e medições; Média geral do experimento.