

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA

Controle e seleção genética de materiais superiores de *Tectona grandis*.

Karoliny do Carmo Gandra
Magister Scientiae

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2025**

KAROLINY DO CARMO GANDRA

Controle e seleção genética de materiais superiores de *Tectona grandis*.

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

Orientador: Gleison Augusto dos Santos

Coorientadora: Genaina Aparecida de Souza

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2025**

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

T

G196c
2025
Gandra, Karoliny do Carmo, 1996-
Controle e seleção genética de materiais superiores de
Tectona grandis / Karoliny do Carmo Gandra. – Viçosa, MG,
2025.

1 dissertação eletrônica (45 f.): il.

Orientador: Gleison Augusto dos Santos.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa,
Departamento de Engenharia Florestal, 2025.

Referências bibliográficas: f. 43-45.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2025.477>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. Teca (Árvore). 2. Teca (Árvore) - Seleção. 3. Florestas -
Melhoramento genético. 4. Clones. I. Santos, Gleison Augusto
dos, 1977-. II. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de
Engenharia Florestal. Programa de Pós-Graduação em Ciência
Florestal. III. Título.

GFDC adapt. CDD 22. ed. 634.916562

KAROLINY DO CARMO GANDRA

Controle e seleção genética de materiais superiores de *Tectona grandis*.

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

APROVADA: 13 de março de 2025.

Assentimento:

Karoliny do Carmo Gandra
Autora

Gleison Augusto dos Santos
Orientador

Essa dissertação foi assinada digitalmente pela autora em 19/09/2025 às 14:06:16 e pelo orientador em 23/09/2025 às 00:24:27. As assinaturas têm validade legal, conforme o disposto na Medida Provisória 2.200-2/2001 e na Resolução nº 37/2012 do CONARQ. Para conferir a autenticidade, acesse <https://siadoc.ufv.br/validar-documento>. No campo 'Código de registro', informe o código **NQ1G.SIHP.XY1R** e clique no botão 'Validar documento'.

Aos meus pais, que sob muito sol, fizeram-me chegar até aqui na sombra.
DEDICO.

AGRADECIMENTOS

Com profundo amor e gratidão, quero expressar meu reconhecimento a cada pessoa que desempenhou um papel crucial nesta jornada acadêmica única.

A Deus, minha fonte de inspiração e guia, agradeço pela orientação divina que permeia cada desafio e vitória. À minha mãe, Kátia, e aos meus irmãos, Rodolfo e Jefferson, agradeço por serem alicerce emocional e fonte inesgotável de apoio. O amor vindo de vocês foi o combustível que impulsionou meus sonhos.

Aos amigos de longa data, Paloma e Vinicius, cuja amizade atravessou os anos da graduação, minha eterna gratidão. Obrigado por compartilharem não apenas risadas, mas por serem bússolas em momentos de desafio.

Às amigas Dandara e Tamilis, cuja amizade é um presente valioso, agradeço por compartilharem não apenas risadas, mas também conselhos preciosos. Aos colegas de trabalho na Sylvamo, agradeço pela colaboração e pelo ambiente inspirador.

Ao meu orientador, Marcos Deon, minha gratidão por sua orientação sábia e paciência incansável. Aos meus coorientadores Genaina e Gleison, agradeço pelas valiosas contribuições que tornaram esta dissertação mais robusta e significativa.

À UFV, meu lar acadêmico por tantos anos, agradeço por ser o cenário onde vidas são transformadas. Os ensinamentos, desafios e oportunidades moldaram meu ser de maneira incomparável.

À empresa TRC, agradeço por compartilhar dados que enriqueceram esta pesquisa. Ao CNPq, por acreditar no potencial de transformação proporcionado pela educação. A cada um de vocês, minha mais profunda gratidão. Que esta dissertação seja mais do que palavras no papel, mas uma homenagem sincera ao poder da educação e à beleza das conexões que moldam nosso caminho. Muito obrigada, com todo meu coração.

Este trabalho foi realizado com o apoio das seguintes agências de pesquisa brasileiras: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001, Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) e Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

“Você não percebeu que você é o único representante do seu sonho na face da terra? Se isso não fizer você correr, eu não sei o que vai”.
(Emicida)

RESUMO

GANDRA, Karoliny do Carmo, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, março de 2025. **Controle e seleção genética de materiais superiores de *Tectona grandis*.** . Orientador: Gleison Augusto dos Santos. Coorientadora: Genaina Aparecida de Souza.

A Teca (*Tectona grandis*) é uma espécie florestal valorizada por sua madeira de alta qualidade e resistência a pragas. Originária do sudeste asiático, é amplamente cultivada em regiões tropicais pelo mundo. A espécie se destaca na silvicultura devido às suas propriedades físicas e estéticas, sendo utilizada em diversas aplicações, desde construção naval até mobiliário de luxo. O estudo utilizou uma abordagem experimental envolvendo quatro testes de progênies e seis testes clonais em diferentes condições ambientais, um localizado em Pernambuco e outro no Pará. O objetivo foi identificar genótipos com características superiores, adequados para programas de melhoramento genético. Realizou-se a análise estatística do tipo RELM BLUP para avaliar a variabilidade genética entre as amostras. As avaliações envolveram um conjunto de dez experimentos realizados em plantações de Teca (*Tectona grandis*), com foco em características relevantes. Destes, seis apresentaram resultados significativos, evidenciando a influência substancial do genótipo nas características avaliadas. Enquanto nos outros quatro, não foi possível estabelecer significância estatística. Os coeficientes de herdabilidade estimados variaram de 0,45 a 0,78, demonstrando uma considerável diversidade genética na população de teca. No experimento 1, foi encontrado potencial de seleção capaz de resultar em uma melhoria notável de até 12% nas características desejadas. Além disso, a interação entre genótipo e ambiente apresentou variações significativas entre os diferentes locais de cultivo, ressaltando a importância de adaptar as práticas de manejo florestal às condições locais. Observou-se um desequilíbrio genético, destacando a necessidade urgente de preservar a diversidade genética como parte integral da estratégia de sustentabilidade das plantações de Teca. Quanto à acurácia das estimativas de herdabilidade, os valores variaram de 0,72 a 0,88. O que indica uma alta confiabilidade nas previsões genéticas e reforçando a viabilidade da seleção genômica em programas de melhoramento florestal. Esses resultados enfatizam a importância da pesquisa genética e de práticas adequadas de manejo no setor florestal. Esses dados sugerem a existência de clones com atributos genéticos distintos, potencialmente vantajosos para aplicações específicas em silvicultura, e abrem caminho para estratégias de seleção e melhoramento genético mais direcionadas e

eficazes. Dessa forma, concluiu-se que existe um potencial considerável para o melhoramento genético da Teca. A seleção de genótipos superiores, adaptados a condições ambientais específicas, poderá melhorar significativamente a produtividade e a sustentabilidade das plantações. Este estudo fornece subsídio para futuras iniciativas de manejo e conservação da espécie.

Palavras-chave: Teca; melhoramento florestal; clones

ABSTRACT

GANDRA, Karoliny do Carmo, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, March, 2025.
Control and genetic selection of superior materials of *Tectona grandis*.
Adviser: Gleison Augusto dos Santos. Co-adviser: Genaina Aparecida de Souza.

Tectona grandis, commonly known as Teak, is a valuable forest species highly regarded for its high-quality wood and resistance to pests. Native to Southeast Asia, it is extensively cultivated in tropical regions worldwide. Teak stands out in forestry due to its physical and aesthetic properties, finding applications in diverse fields, ranging from shipbuilding to luxury furniture. The study employed a rigorous experimental approach, encompassing four progeny tests and six clonal tests in different environmental conditions, with one site located in Pernambuco and another in Pará, Brazil. Advanced statistical analyses were applied to assess genetic variability among the samples, aiming to identify genotypes with superior traits suitable for genetic improvement programs. The statistical analysis covered a set of ten experiments conducted in Teak plantations, with six of them yielding statistically significant results, underscoring the substantial influence of genotype on the evaluated traits. In four experiments, statistical significance could not be established. Estimated heritability coefficients ranged from 0.45 to 0.78, indicating a considerable genetic diversity within the Teak population. Notably, Experiment 1 revealed a selection potential capable of resulting in a remarkable improvement of up to 12% in desired traits. Furthermore, the interaction between genotype and environment exhibited significant variations among different cultivation locations, emphasizing the importance of adapting forestry management practices to local conditions. Genetic imbalance was observed, emphasizing the urgent need to preserve genetic diversity as an integral part of Teak plantation sustainability. Regarding the accuracy of heritability estimates, values ranged from 0.72 to 0.88, indicating high reliability in genetic predictions and reinforcing the feasibility of genomic selection in forestry improvement programs. These findings underscore the significance of genetic research and appropriate management practices in the forestry sector. These data suggest the existence of clones with distinct genetic attributes, potentially advantageous for specific silvicultural applications, paving the way for more targeted and effective selection and genetic improvement strategies. The research concludes that there is considerable potential for genetic improvement of Teak. The selection of superior genotypes adapted to specific environmental conditions can significantly

enhance plantation productivity and sustainability. This study provides a solid foundation for future species management and conservation initiatives.

Keywords: Teak ; forest improvement; clones

SUMÁRIO

| | |
|--|-----------|
| 1. INTRODUÇÃO | 11 |
| 2. REVISÃO DE LITERATURA | 12 |
| 2.1. Teca | 12 |
| 2.2. Melhoramento genético florestal em Teca | 13 |
| 2.3. Análises genéticas via modelos mistos | 14 |
| 3. MATERIAIS E MÉTODOS | 15 |
| 3.1. Caracterização dos experimentos | 15 |
| 3.1.2. Projeto Joaquim Nabuco | 15 |
| 3.1.3. Projeto Pau D'Arco | 16 |
| 3.2. Delineamento experimental | 16 |
| 3.2.1. Projeto Joaquim Nabuco | 16 |
| 3.2.2. Projeto Pau D'Arco | 17 |
| 3.3. Análise Conjunta e Correlações Genéticas | 18 |
| 3.4. Análises Estatísticas dos Experimentos | 19 |
| 3.5. Estimação dos Parâmetros Genéticos | 20 |
| 4. RESULTADOS | 20 |
| 4.1. Análises Estatísticas dos Experimentos Individuais | 20 |
| 4.1.1. Teste de Significância | 20 |
| 4.2. Estimação de componentes de variância e seleção em teca (<i>Tectona grandis</i>), em múltiplos experimentos clonais em Pernambuco e Pará | 21 |
| 4.3. Interação Genótipo ambiente dos testes clonais | 25 |
| 4.4. Seleção de indivíduos clonais dos experimentos 2, 3, 5 e 6 | 26 |
| 4.5. Estimação de componentes de variância e seleção em teca (<i>Tectona grandis</i>) em múltiplos experimentos de procedência e progênie em Pernambuco e Pará | 29 |
| 4.6. Estimação dos ganhos genéticos em teca (<i>Tectona grandis</i>) em múltiplos experimentos clonais em Pernambuco e Pará | 32 |
| 5. DISCUSSÃO | 38 |
| 6. CONCLUSÕES | 40 |
| REFERÊNCIAS | 43 |

1. INTRODUÇÃO

A árvore conhecida como Teca, cujo nome científico é *Tectona grandis*, pertence à família Laminaceae e tem origem em regiões da Ásia, como Índia, Myanmar, Laos e Tailândia. Além dela, outras duas espécies formam parte do gênero *Tectona*: a *Tectona hamiltoniana* Wall e a *Tectona philipinensis* Benth & Hook. F., ambas listadas como ameaçadas de extinção (Fao, 1896; IUCN, 2020).

Esta espécie arbórea é caracterizada pela sua grande dimensão, alcançando até 40 metros de altura e um diâmetro de tronco de até 2 metros. Com uma vida útil de mais de um século, a teca possui casca lisa e de tonalidade cinza-clara. Suas folhas são grandes, resistentes e ovaladas, enquanto suas flores, pequenas e brancas, surgem em inflorescências em forma de panícula. Seus frutos, conhecidos como drupas, abrigam sementes envoltas por uma casca fibrosa (Li; Olmstead, 2017).

No Brasil, o cultivo da teca teve início em 1971, com destaque para a região de Cáceres, no estado de Mato Grosso, onde as condições climáticas são adequadas ao seu desenvolvimento. A madeira de teca é valorizada por sua resistência ao calor, ao frio e à umidade, sendo amplamente utilizada na fabricação de móveis de alta qualidade, pisos, esquadrias e em construções navais (Goh; Galina, 2000).

Apesar do sucesso no setor florestal nas últimas décadas, o melhoramento genético da teca ainda enfrenta desafios, principalmente devido à baixa produção de sementes, o que dificulta os testes de progênie. Além disso, a polinização controlada é complicada e o ciclo vegetativo, que antecede o florescimento, é longo, variando entre 10 e 15 anos (Kjaer; Foster, 1996; Kaosa-Ard et al., 1998a, 1998b; Kjaer et al., 2000; Callister, 2013; Murillo et al., 2013; Monteuis; Goh, 2018; Kumar, 2019).

Para superar essas limitações, técnicas como enxertia e top grafting estão sendo estudadas com o objetivo de acelerar o florescimento e melhorar o desenvolvimento dos pomares híbridos (Castro et al., 2021). Contudo, tais técnicas ainda não são amplamente utilizadas em escala comercial. A avaliação contínua dos genótipos é crucial para entender o comportamento da espécie e aprimorar os programas de melhoramento genético (Resende, 1994; Kjaer; Foster, 1996; Pedersen et al., 2007; Callister, 2013; Monteuis et al., 2011; Segura, 2017; Adu-Bredu et al., 2019).

Portanto, este estudo tem como finalidade analisar a variabilidade genética em testes de progênies e clonais, com o objetivo de selecionar os genótipos mais promissores para o avanço do melhoramento genético da Teca.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Teca

A árvore conhecida como Teca (*Tectona grandis*) é nativa das regiões tropicais da Ásia e é amplamente cultivada ao redor do mundo, devido às suas características excepcionais, como a qualidade superior de sua madeira e sua alta durabilidade. Além do uso na indústria madeireira, essa espécie também se destaca na produção de óleos essenciais e outros derivados vegetais. O gênero *Tectona* ainda inclui duas outras espécies, *Tectona hamiltoniana* e *Tectona philipinensis*, ambas atualmente sob risco de extinção, conforme relatórios de conservação (Fao, 1896; IUCN, 2020).

O cultivo da Teca no Brasil teve início em 1971, especialmente na região de Cáceres, Mato Grosso, a partir de sementes trazidas de Trinidad e Tobago, sendo estas referenciadas como “Tenasserim, Bruma”. Outra linhagem de Teca, proveniente do Sri Lanka, também foi introduzida na América Latina, com os primeiros plantios ocorrendo no Panamá (Assis; Resende, 2011; Murillo et al., 2013). Botanicamente, a Teca é uma espécie decídua e diplóide, com polinização cruzada predominante, pertencendo à família Laminaceae, conforme registrado em diversos estudos científicos.

Atualmente, a *Tectona grandis* é uma das árvores mais valorizadas no setor florestal em nível global, especialmente em países como Índia, Indonésia e Tailândia, onde seu cultivo tem grande relevância econômica (Zhang et al., 2020). Sua madeira é amplamente utilizada na construção civil e na produção de móveis de alta qualidade, conhecida por sua resistência e longevidade. Além disso, a teca também é aproveitada para a extração de óleos essenciais, que têm aplicação na indústria cosmética e de perfumaria (Chávez-Salgado et al., 2022).

A Teca é uma planta heliófila, ou seja, depende diretamente da luz solar para prosperar, não sobrevivendo bem em áreas sombreadas. Mesmo após ser cortada, a espécie tem uma notável capacidade de regeneração, garantindo sua vitalidade ao longo do tempo (Pandey; Brown, 2000).

2.2. Melhoramento genético florestal em Teca

O melhoramento genético da *Tectona grandis* visa o desenvolvimento de árvores com características superiores, como maior produção de madeira, maior resistência a pragas e doenças, além de um crescimento mais rápido e florescimento antecipado. Essas melhorias são essenciais para garantir maior produtividade e qualidade nas plantações de teca, aumentando assim o retorno financeiro para os produtores (Kjaer; Foster, 1996; Kaosa-Ard et al., 1998a, 1998b).

Além de buscar qualidades com grande valor econômico, o melhoramento genético também deve priorizar a redução no ciclo de rotação da árvore. Isso é especialmente importante para espécies de crescimento mais lento, que em regiões da Ásia, podem requerer ciclos de rotação de 60 a 100 anos, implicando a necessidade de um investimento financeiro a longo prazo (Kjaer; Foster, 1996; Kaosa-Ard et al., 1998a, 1998b). Já em áreas como Brasil e Costa Rica, onde o solo e o clima são mais favoráveis, o ciclo de rotação varia entre 20 a 30 anos, permitindo uma colheita mais rápida (Kjaer; Foster, 1996; Kaosa-Ard et al., 1998a, 1998b).

A seleção rigorosa e precisa de indivíduos com características desejáveis é crucial para evitar que erros em uma única etapa de seleção possam comprometer o ciclo de melhoramento. A análise precoce e contínua da eficácia da seleção é vital para o sucesso dos programas de melhoramento da teca (Resende, 1994; Kjaer; Foster, 1996; Pedersen et al., 2007; Callister, 2013; Monteuis et al., 2011; Segura, 2017; Adu-Bredu et al., 2019).

Uma das dificuldades enfrentadas no melhoramento genético da *Tectona grandis* está na alta heterozigosidade e baixa variabilidade genética, fatores que dificultam a seleção de genótipos superiores. A aplicação de ferramentas moleculares, como os marcadores genéticos, pode ajudar a superar esses desafios, auxiliando na identificação de genótipos promissores (Lima et al., 2015).

Além disso, o progresso do melhoramento genético da espécie também é limitado pela baixa produção de sementes, o que prejudica os testes de progênie, pois poucas mudas são produzidas a partir de muitas sementes, com um alto índice de abortamento. A polinização controlada é outro obstáculo, juntamente com o longo período vegetativo, que pode durar de 10 a 15 anos (Kaosa-Ard et al., 1998).

Estratégias como seleção massal, hibridação e mutagenese são amplamente utilizados para melhorar a espécie. A seleção massal visa identificar e escolher os indivíduos mais promissores com crescimento acelerado e resistência a doenças. A hibridação, por outro lado, busca cruzar indivíduos de diferentes populações para combinar características vantajosas de ambos os pais (Assis et al., 2023).

O uso de marcadores moleculares permite identificar genes que controlam características importantes para o desenvolvimento de variedades mais produtivas e adaptadas (Lima et al., 2015). Além disso, esses marcadores auxiliam na seleção de indivíduos com maior resistência a pragas e doenças, essenciais para garantir a produtividade e a longevidade das plantações.

Técnicas de melhoramento genético também podem ser combinadas com práticas de manejo sustentável, promovendo a preservação de ecossistemas biodiversos e equilibrados (Cardoso et al., 2023).

2.3. Análises genéticas via modelos mistos

A análise de variância (ANOVA) é frequentemente utilizada para prever componentes de variância e calcular herdabilidades. Entretanto, essa técnica possui limitações, como a necessidade de delineamentos equilibrados e menor resistência a desvios de normalidade (Resende et al., 1996).

Em muitos experimentos de campo, é comum lidar com dados desbalanceados, variâncias heterogêneas e delineamentos não ortogonais, como os blocos incompletos. Para enfrentar essas dificuldades, a abordagem de modelos mistos surge como uma solução eficaz, pois permite analisar a interdependência nas observações. Esses modelos possibilitam a modelagem simultânea de efeitos fixos, aleatórios e de erro (Resende, 2004).

O método de "Máxima Verossimilhança Restrita" (REML) é uma técnica de estimativa de componentes de variância que é aplicável em casos de delineamentos desbalanceados e dados não normalmente distribuídos. A importância da predição de estimativas imparciais dos parâmetros genéticos é notável para a eficiência dos programas de melhoramento genético (Resende, 2004).

Para otimizar a predição dos valores genéticos, o BLUP (Melhor Predição Linear Não Viesada) é amplamente utilizado, pois maximiza os ganhos em programas

de melhoramento. O BLUP é uma ferramenta crucial para estratégias de seleção e para a estimativa de ganhos genéticos, uma vez que depende da estimativa precisa dos componentes de variância (Resende, 2004). Por isso, o REML/BLUP é considerado o método ideal de avaliação em muitos casos (Resende, 2007).

O principal benefício da aplicação do REML/BLUP reside na sua capacidade de comparar indivíduos ou variedades ao longo do tempo e em diferentes ambientes, além de corrigir efeitos ambientais, estimar componentes de variância e prever valores genéticos. Esses métodos também permitem lidar com estruturas experimentais complexas, como medidas repetidas, diferentes anos e locais, e delineamentos desbalanceados e não ortogonais (Resende, 2004).

3. MATERIAIS E MÉTODOS

3.1. Caracterização dos experimentos

3.1.2. Projeto Joaquim Nabuco

Em 2019, foram estabelecidos três experimentos clonais e dois testes de progênie no Projeto Joaquim Nabuco, localizado no município de Joaquim Nabuco, Pernambuco. Os estudos situam-se na latitude de 08°37'28" sul e longitude de 35°32'00" oeste, a uma altitude de 152 metros. O clima predominante na região é tropical, com verões longos e quentes, e invernos curtos e amenos. A temperatura média anual varia entre 20°C e 33°C, raramente ficando abaixo de 18°C ou acima de 35°C.

A geologia da área é dominada por solos podzólicos de profundidade superficial a média, e os vales são caracterizados por gleissolos de várzea, que são solos orgânicos e sujeitos a encharcamento. A vegetação nativa é constituída principalmente por Florestas Subperenifólias, com áreas de Florestas Hipoxerófilas.

Embora a região apresente certas limitações para o cultivo da Teca, especialmente no que se refere à profundidade do solo, que é inferior ao ideal para o pleno desenvolvimento da espécie, existe um alto risco de obter baixos rendimentos. No entanto, as condições climáticas atendem a alguns dos requisitos para o crescimento da teca, o que pode mitigar parte dessas limitações.

3.1.3. Projeto Pau D'Arco

No ano de 2019, foram realizados três testes clonais e dois testes de progênie no Projeto Pau D'Arco. Esses experimentos estão situados na mesorregião do Pará e na microrregião de Redenção. A área onde se encontra o município tem as coordenadas geográficas de 07°49'59" de Latitude Sul e 50°02'40" de Longitude Oeste. O clima é classificado como tropical úmido com inverno seco, conforme a classificação de Köppen, tipo Aw. A temperatura média anual oscila entre 25°C e 26°C, com máximas que variam de 31.5.

O período mais úmido na região ocorre entre os meses de novembro e abril, apresentando uma média anual de precipitação que varia de 2000 mm a 2250 mm. A geologia da área é caracterizada predominantemente por solos podzólicos vermelho-amarelos, que podem ser eutróficos, litólicos ou distróficos, além de solos litólicos e hidromórficos gleyzados.

A região apresenta índices de pluviosidade elevados e temperaturas que se encontram dentro dos parâmetros adequados para o cultivo da teca. Contudo, em algumas áreas, como na Amazônia, a precipitação pode ser excessiva, o que pode impactar negativamente o desenvolvimento da espécie. É fundamental monitorar essas condições para garantir o crescimento adequado da Teca.

3.2. Delineamento experimental

Nesta seção, descreveremos o delineamento experimental utilizado em dois projetos distintos: Joaquim Nabuco e Pau D'Arco. Cada projeto consiste em vários experimentos, destinados à avaliação de características específicas do material genético.

3.2.1. Projeto Joaquim Nabuco

- **Experimento 1: teste clonal**
 - Espaçamento: 5x4 metros
 - Plantas/Material Genético/Repetição: 5
 - Blocos: 3

- **Experimento 2:** teste clonal
 - Espaçamento: 5x4 metros
 - Plantas/Material Genético/Repetição: 1
 - Blocos: 10
- **Experimento 3:** teste clonal
 - Espaçamento: 4x4 metros
 - Plantas/Material Genético/Repetição: 1
 - Blocos: 10
- **Experimento 7:** teste de progênie
 - Espaçamento: 5x4 metros
 - Plantas/Material Genético/Repetição: 5
 - Blocos: 5
- **Experimento 8:** teste de procedência
 - Espaçamento: 5x4 metros
 - Plantas/Material Genético/Repetição: 5
 - Blocos: 4

3.2.2. Projeto Pau D'Arco

- **Experimento 4:** teste clonal
 - Espaçamento: 4x3 metros
 - Plantas/Material Genético/Repetição: 5
 - Blocos: 3
- **Experimento 5:** teste clonal
 - Espaçamento: 5x4 metros

- Plantas/Material Genético/Repetição: 1
- Blocos: 10
- **Experimento 6:** teste clonal
 - Espaçamento: 5x5 metros
 - Plantas/Material Genético/Repetição: 1
 - Blocos: 10
- **Experimento 9:** teste de progênie
 - Espaçamento: 4x3 metros
 - Plantas/Material Genético/Repetição: 5
 - Blocos: 5
- **Experimento 10:** teste de procedência:
 - Espaçamento: 4x3 metros
 - Plantas/Material Genético/Repetição: 5
 - Blocos: 5

3.3. Análise Conjunta e Correlações Genéticas

As análises conjuntas dos experimentos foram realizadas empregando-se o modelo 51 do *software Selegen-Reml/Blup*. O modelo estatístico é dado por:

$$y = Xr + Za + Wp + Ti + e,$$

em que:

y é o vetor de dados,

r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral,

a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios),

p é o vetor dos efeitos de parcela (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 representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. O vetor r contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local), contemplando os efeitos de locais e de repetições dentro de locais.

3.4. Análises Estatísticas dos Experimentos

A metodologia de modelos mistos conhecida como REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Predição Linear Não Viesada) foi empregada para estimar os componentes de variância (Patterson; Thompson, 1971) e prever os valores genotípicos (Henderson; Quass, 1976). Essa metodologia permite analisar bancos de dados desbalanceados preservando o poder estatístico (Pinheiro; Bates, 2006; Baayen, 2010). Os melhores indivíduos de cada experimento foram selecionados com base em seus valores genéticos.

Devido à amostragem, o modelo indicado para a análise dos dados coletados pode ser representado pelo modelo 1, modelo 2 e modelo 20 do *software* Selegen-Reml/Blup, representado por, respectivamente:

$$y = Xr + Za + Wp + e,$$

em que:

y é o vetor de dados,

r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral,

a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios),

p é o vetor dos efeitos de parcela,

e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

$$y = Xr + Zg + Wp + e,$$

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 (assumidos como aleatórios),

p é o vetor dos efeitos de parcela,

e é o vetor de erros ou resíduos.

$$y = Xr + Zg + e,$$

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 (assumidos como aleatórios),

e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

3.5. Estimação dos Parâmetros Genéticos

A significância do efeito de genótipo no modelo estatístico foi testada usando o teste da razão de verossimilhança (LRT) (Rao, 1973), utilizando estatísticas do qui-quadrado com um grau de liberdade e 0,01 de nível de probabilidade. O LRT compara a qualidade do ajuste do modelo completo (MC) e do modelo reduzido que não contempla o efeito do genótipo (MRgen), para determinar qual se ajusta melhor aos dados amostrais.

4. RESULTADOS

4.1. Análises Estatísticas dos Experimentos Individuais

4.1.1. Teste de Significância

Os efeitos genotípicos e efeitos da interação genótipos x ambientes foram respectivamente, significativos ($\leq 0,05$) e não significativos ($P \leq 0,01$) pelo teste de qui-quadrado com 1 grau de liberdade.

Tabela 1. Deviance e teste da razão de verossimilhança (LRT), para a característica DAP, dos dez experimentos avaliados.

| Exerimento | DAP | |
|----------------|----------|-----------|
| | Deviance | LRT |
| Experimento 1 | 1229.01 | 2276.05 * |
| Experimento 2 | 420.29 | 0.062 |
| Experimento 3 | 248.3 | 2.808 |
| Experimento 4 | 485.04 | 3.297 |
| Experimento 5 | 2306.94 | 7.172 * |
| Experimento 6 | 477.18 | 4266.92 * |
| Experimento 7 | 316.29 | 0.049 |
| Experimento 8 | 1052.97 | 0.168 |
| Experimento 9 | 674.55 | 0.946 |
| Experimento 10 | 901.94 | 0.006 |

* efeito do genótipo é significativo a nível de significância igual a 5 e 1% pelo teste de qui-quadrado com 1 grau de liberdade, respectivamente.

Podemos perceber que resultados significativos (experimento 1, experimento 5 e experimento 6) denotam que o genótipo exerce um impacto estatisticamente relevante sobre os resultados dos experimentos (Tabela 1). Ao passo que resultados não significativos apontam para a ausência de influência significativa do genótipo em tais situações.

4.2. Estimação de componentes de variância e seleção em teca (*Tectona grandis*), em múltiplos experimentos clonais em Pernambuco e Pará

Tabela 2. Estimativas de parâmetros genéticos para o caráter diâmetro em Teca (*Tectona grandis*), cultivada em Pernambuco em 3 experimentos. Análises de experimentos clonais individuais.

| Estimativas | Experimento 1 | Experimento 2 | Experimento 3 |
|--------------------|-----------------|-----------------|-----------------|
| Vg | 1.406738 | 0.248253 | 0.185535 |
| Ve | 2.153835 | 2.967263 | 1.048405 |
| Vf | 3.847412 | 3.215516 | 1.233939 |
| H ² g | 0.365632 | 0.077205 | 0.15036 |
| h ² mc | 0.907421 | 0.455527 | 0.638948 |
| Acclon | 0.952587 | 0.674928 | 0.799342 |
| CV _{gi} % | 12.257986 | 10.78463 | 11.720742 |
| CV _e % | 8.754985 | 37.285163 | 27.86167 |
| CV _r | 1.400115 | 0.289247 | 0.420676 |
| PEV | 0.130234 | 0.135167 | 0.066988 |
| SEP | 0.36088 | 0.367651 | 0.25882 |
| Média geral | 9.675814 | 4.620000 | 3.675000 |

Vg: Variação genética aditiva.

Ve: Variação genética não aditiva.

Vf: Variação fenotípica.

H²g = Va/Vf: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

Acclon = raiz quadrada de h²mp: acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa.

CVgi% = [(Va)^{1/2} / Media Geral] * 100: coeficiente de variação genética aditiva individual ou **evolubilidade**.

CVe% = {[(0.75 Va + Ve)/3 + Vparc]^{1/2} / Media Geral} * 100: coeficiente de variação experimental.

CVr = CVgp/CVe = coeficiente de variação relativa.

PEV = (1 - Acprog²) Va/4: variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênie, assumindo sobrevivência completa.

SEP = raiz quadrada da PEV: desvio padrão do valor genotípico predito de progênie, assumindo sobrevivência completa.

Média geral do experimento.

Constatou-se a presença de considerável variabilidade genética para o caráter diâmetro nos três sítios, conforme pode ser visto pelas magnitudes do coeficiente de variação genética individual (CVgi%), os quais variaram de 10 % a 12 % (Tabela 2). Tal variabilidade genética associada ao baixo valor do coeficiente de variação experimental (CVe%) no experimento 1, proporcionou ao mesmo uma herdabilidade individual (H²g) de média magnitude (36%). Por outro lado, os experimentos 2 e 3 propiciaram menor expressão de variabilidade genética e herdabilidade individual baixa, da ordem de 7 % e 15%.

Percebe-se também que há uma considerável variabilidade genética para as características avaliadas, conforme os valores de CVgi%. Nos Experimentos 1, 2 e 3, os CVgi% variam de 10.78% a 12.26%, indicando uma diversidade genética significativa entre as plantas de Teca.

Os coeficientes de variação relativa (CVr) nos experimentos 1 e 3 foram maiores que 0.40 e, associados ao bom número de repetições, conduziram a altas acurácias seletivas (80% a 95%). Consequentemente, a precisão da seleção nesses sítios será alta, conforme corroborado pelos baixos desvios padrões dos erros de predição (SEP). Por outro lado, a acurácia seletiva da seleção no experimento 2 foi menor (67 %) (Tabela 2).

Em resumo, os resultados sugerem que o Experimento 1 tem uma herdabilidade genética relativamente alta, indicando uma forte influência genética no

traço estudado. Enquanto os experimentos 2 e 3 indicam uma influência genética menos pronunciada e uma maior influência do ambiente. Percebe-se também que a capacidade de seleção varia entre os experimentos, como no experimento 1 mostrando maior potencial de seleção eficiente.

Tabela 3. Estimativas de parâmetros genéticos para o caráter diâmetro em teca (*Tectona grandis*) cultivada no Pará em 3 experimentos. Análises de experimentos clonais individuais.

| Estimativas | Experimento 4 | Experimento 5 | Experimento 6 |
|--------------------|------------------|------------------|------------------|
| Vg | 6.659185 | 4.005775 | 6.054685 |
| Ve | 3.011653 | 4.637185 | 0.394509 |
| Vf | 10.119817 | 8.642959 | 10.007012 |
| H ² g | 0.658034 | 0.463473 | 0.605044 |
| h ² mc | 0.950006 | 0.896248 | 0.943339 |
| Acclon | 0.974683 | 0.946704 | 0.971256 |
| CVgi% | 16.404134 | 13.712358 | 16.139641 |
| CVe% | 6.517909 | 14.753535 | 12.508436 |
| CVr | 2.516779 | 0.929429 | 1.2903 |
| PEV | 0.332917 | 0.415607 | 0.343066 |
| SEP | 0.57699 | 0.644676 | 0.585718 |
| Média geral | 15.731032 | 14.595908 | 15.245859 |

Vg: Variação genética aditiva.

Ve: Variação genética não aditiva.

Vf: Variação fenotípica.

H²g = Va/Vf: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

Acclon = raiz quadrada de h²mp: acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa.

CVgi% = [(Va)^{1/2} / Média Geral] * 100: coeficiente de variação genética aditiva individual ou **evolabilidade**.

CVe% = {[(0.75 Va + Ve)/3 + Vparc]^{1/2} / Média Geral} * 100: coeficiente de variação experimental.

CVr = CVgp/CVe = coeficiente de variação relativa.

PEV = (1 – Acprog²) Va/4: variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênie, assumindo sobrevivência completa.

SEP = raiz quadrada da PEV: desvio padrão do valor genotípico predito de progênie, assumindo sobrevivência completa.

Média geral do experimento.

Nos experimentos no Pará, observa-se que a variação fenotípica é considerável em todos os experimentos, sendo influenciada significativamente tanto por fatores genéticos (V_g) quanto ambientais (V_e) (Tabela 3). Isso sugere que os clones de Teca estudados respondem de forma sensível ao ambiente específico da região do Pará, com variações significativas nas características fenotípicas em resposta a esses fatores.

Houve considerável variabilidade genética para o caráter diâmetro nos três primeiros sítios, conforme pode ser visto pelas magnitudes do coeficiente de variação genética individual ($CV_{gi}\%$), os quais variaram de 13 % a 16 % (Tabela 3). Tal variabilidade genética associada ao baixo valor do coeficiente de variação experimental ($CV_e\%$) proporcionou uma herdabilidade individual de alta magnitude (46% a 65%).

Os coeficientes de variação relativa (CV_r), nos três primeiros sítios foram maiores que 0.45 e, associados ao bom número de repetições, conduziram a alta confiabilidade ou herdabilidades e altas (94 % a 97 %) acurácias seletivas. Consequentemente, a precisão da seleção nesses sítios será alta, conforme corroborado pelos baixos desvios padrões dos erros de predição (SEP).

Em resumo, os resultados dos três testes clonais de Teca em Pau D'Arco destacam uma variabilidade genética considerável, uma influência significativa do ambiente e uma capacidade eficiente de seleção. Isso demonstra a importância de considerar as condições específicas da região ao planejar estratégias de manejo florestal e melhoramento genético para otimizar o desempenho das plantas de Teca nesse ambiente.

As análises conjuntas dos experimentos dois a dois e também conjunta dos 3 experimentos foram realizadas empregando-se o modelo 51 do *software* Selegen-Reml/Blup. O modelo estatístico é dado por

$$y = Xr + Za + Wp + Ti + e,$$

em que:

y é o vetor de dados,

r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral,

a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como

aleatórios),

p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios),

i é vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

r contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais.

4.3. Interação Genótipo ambiente dos testes clonais

Tabela 4. Estimativas de parâmetros genéticos e estudo da interação genótipos x ambientes para o caráter diâmetro em teca (*Tectona grandis*) cultivada no Pará e Pernambuco em 3 experimentos. Análises conjuntas de experimento clonais.

| Experimento | h ² _g | Acclon | Media | r _{loc} | c _{2int} |
|-------------|-----------------------------|--------|-------|------------------|-------------------|
| 1-4 | 0,20 | 0,69 | 11,96 | 0,34 | 0,39 |
| 2-5 | 0,05 | 0,43 | 11,88 | 0,10 | 0,45 |
| 3-6 | 0,41 | 0,89 | 12,46 | 0,69 | 0,18 |

Vint: variância da interação genótipos x ambientes.

c_{2int} = Vint / Vf: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

rgloc = Va / (Va + 4Vint): correlação genotípica entre o desempenho das progênies nos vários ambientes.

Constata-se a presença de considerável variabilidade genética para o caráter diâmetro nas análises conjuntas dos experimentos 1-4 e 3-6 (Tabela 4). As herdabilidades individuais apresentaram magnitudes moderadas a altas em todas as combinações de sítio, exceto na análise conjunta do experimento 2-5 que apresentou baixa herdabilidade (5 %). No Experimento 3-6, a herdabilidade genética é mais alta (0,41), o que indica que os genes têm uma influência significativa nas características fenotípicas nas duas regiões. No entanto, nos experimentos 1-4 e 2-5, a herdabilidade genética é mais baixa, sugerindo que outros fatores, além dos genes, podem contribuir para a variação fenotípica.

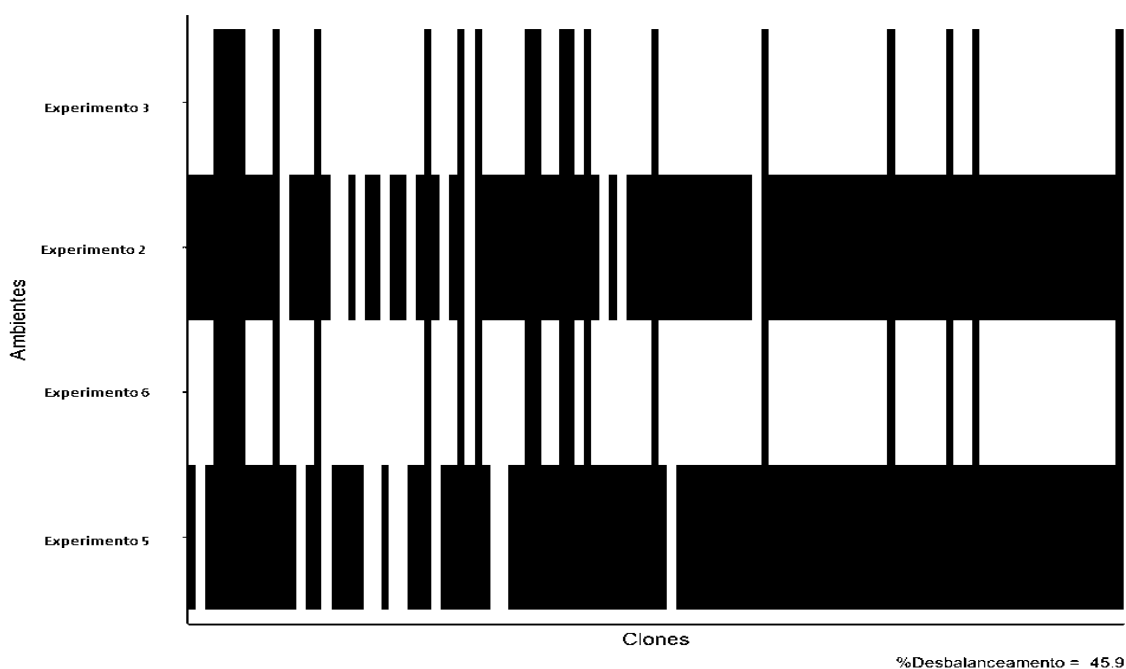
Os resultados dos coeficientes de determinação dos efeitos da interação

genótipos x ambientes no experimento 1-4 ($c2_{int} = 0,39$) e no experimento 2-5 ($c2_{int} = 0,45$), são relativamente altos. Isso sugere que as características fenotípicas observadas nesses experimentos são influenciadas de forma significativa e complexa pela interação entre os genes dos clones de teca e as condições ambientais específicas de cada região (Pará e Pernambuco).

No Experimento 3-6 ($c2_{int} = 0,18$), o valor de $c2_{int}$ é mais baixo, indicando uma interação menos intensa entre fatores genéticos e ambientais. Isso pode sugerir que as características estudadas nesse experimento são menos sensíveis às variações nas condições ambientais ou que a contribuição genética é mais preponderante. Esses resultados de interação conduziram aos seguintes valores de correlação genotípica através dos ambientes (correlação tipo B ou rg_{loc}): 0,34; 0,10; 0,69 para as combinações dos experimentos 1-4; 2-5; 3-6, respectivamente. Nos Experimentos 1-4 e 3-6, observa-se uma associação mais forte entre locos genéticos, indicando que os genes relacionados contribuem mais significativamente para a variação fenotípica. Já no Experimento 2-5, essa associação é mais fraca entre locos genéticos. Isso sugere que a contribuição genética para as características fenotípicas é menos influenciada por associações genéticas próximas.

4.4. Seleção de indivíduos clonais dos experimentos 2, 3, 5 e 6

Figura 1. Desbalanceamento dos experimentos 2, 3, 5 e 6.



Os experimentos 3-6 têm um maior desbalanceamento genético do que os experimentos 2-5, em ambas as regiões (Fig. 1). Isso significa que os clones dos experimentos 3-6 são mais divergentes da população original do que os clones dos experimentos 2-5, o que pode indicar uma perda de diversidade genética e uma maior vulnerabilidade a fatores ambientais. Além disso, os clones de Pernambuco têm um maior desbalanceamento genético do que os clones do Pará, em ambos os tipos de experimento (Fig.1). Isso significa que os clones de Pernambuco são mais divergentes da população original do que os clones do Pará, o que pode refletir as diferenças climáticas e geográficas entre as regiões. O experimento com o maior desbalanceamento genético é o 2, com 4,59%, e o clone com o menor desbalanceamento genético é o experimento 5, com 0,67%.

Em resumo, as observações sobre o desbalanceamento genético destacam a importância de adotar uma abordagem genética cuidadosa e estratégica na gestão das plantações de *Tectona grandis*. A preservação da diversidade genética emerge como um fator crítico para garantir a saúde e a sustentabilidade das plantações de *Tectona grandis*, especialmente à luz das variações regionais e dos potenciais riscos associados à diminuição da diversidade genética.

Tabela 5. Análise de deviance (ANADEV) para o caráter diâmetro avaliado em conjunto nos experimentos 2, 3, 5 e 6.

| Componente | LRT |
|-------------------|------------|
| Vg | 996,04** |
| Vga | 103,55** |

** : efeito do caráter é significativo a nível de significância igual a 1% pelo teste de qui-quadrado com 1 grau de liberdade, respectivamente.

Os componentes Vg e Vga representam a variação genética e a variação genética do ambiente, respectivamente (Tabela 5). O valor LRT para Vg é 996,04 e o valor LRT para Vga é 103,55 ($p < 0,01$). Isso significa que tanto a variação genética quanto a variação genética do ambiente têm um efeito significativo no Diâmetro à Altura do Peito (DAP) dos clones.

Tabela 7. Seleção dos 20 melhores indivíduos de teca nos experimentos 2, 3, 5 e 6, para o caráter diâmetro, com base nos efeitos aditivos (a), valores genéticos aditivos (g + a), efeitos de dominância (g+ga+u) e efeitos genotípicos totais (g). Sem restrição ao tamanho efetivo populacional (Ne).

| Ordem | Clone | Ambiente | Procedência | Origem | g | ga | g + ga + u | Acurácia |
|-------|-------|---------------|--------------------|---------|------|------|------------|----------|
| 1 | BT 68 | Experimento 6 | Malásia | Malásia | 2.02 | 2.40 | 19.83 | 0.34 |
| 2 | 4016 | Experimento 6 | Mix | Brasil | 1.80 | 1.50 | 18.71 | 0.34 |
| 3 | 4014 | Experimento 6 | Mix | Brasil | 3.15 | 0.00 | 18.56 | 0.47 |
| 4 | BT 96 | Experimento 6 | Malásia | Malásia | 3.12 | 0.00 | 18.53 | 0.47 |
| 5 | 2211 | Experimento 6 | Monte Verde | Brasil | 3.05 | 0.00 | 18.46 | 0.47 |
| 6 | BT 83 | Experimento 6 | Malásia | Malásia | 2.70 | 0.33 | 18.44 | 0.34 |
| 7 | 2211 | Experimento 5 | Monte Verde | Brasil | 3.05 | 0.68 | 18.31 | 0.43 |
| 8 | BT 61 | Experimento 5 | Malásia | Malásia | 2.87 | 0.85 | 18.30 | 0.37 |
| 9 | BT 61 | Experimento 6 | Malásia | Malásia | 2.87 | 0.00 | 18.28 | 0.47 |
| 10 | BT 96 | Experimento 5 | Malásia | Malásia | 3.12 | 0.52 | 18.22 | 0.38 |
| 11 | BT 64 | Experimento 5 | Malásia | Malásia | 2.69 | 0.85 | 18.12 | 0.38 |
| 12 | BT 64 | Experimento 6 | Malásia | Malásia | 2.69 | 0.00 | 18.10 | 0.47 |
| 13 | 02 BR | Experimento 6 | Malásia | Malásia | 2.67 | 0.00 | 18.08 | 0.47 |
| 14 | BT 20 | Experimento 6 | Malásia | Malásia | 2.65 | 0.00 | 18.05 | 0.47 |
| 15 | BT85 | Experimento 6 | Malásia | Malásia | 2.61 | 0.00 | 18.02 | 0.47 |
| 16 | 02 BR | Experimento 5 | Malásia | Malásia | 2.67 | 0.65 | 17.90 | 0.38 |
| 17 | BT 63 | Experimento 5 | Malásia | Malásia | 2.31 | 0.99 | 17.89 | 0.37 |
| 18 | 1002 | Experimento 6 | Panflora: Silas | Brasil | 2.47 | 0.00 | 17.88 | 0.47 |
| 19 | BT 20 | Experimento 5 | Malásia | Malásia | 2.65 | 0.59 | 17.82 | 0.43 |
| 20 | BT 63 | Experimento 6 | Malásia | Malásia | 2.31 | 0.00 | 17.72 | 0.47 |

Verificamos que o melhor clone em relação ao Diâmetro à Altura do Peito (DAP), dentre todos os avaliados nos quatro sítios, é o clone que está em primeiro lugar no *ranking*, que não é uma testemunha de nenhum dos experimentos (Tabela 7). O valor genotípico do BT 68 é notável, atingindo 19,82 cm de diâmetro. Este valor foi calculado sob a suposição de dominância alélica completa em uma população com um nível intermediário de melhoramento genético.

Uma observação importante é que apenas os indivíduos dos experimentos localizados no Pará conseguiram se classificar entre os 20 melhores no ranking geral. Além disso, a maioria das origens dos clones está associada à Malásia, o que cria um funil quanto à importação de sementes e/ou pólenes para continuar o programa de melhoramento de Teca no Brasil.

Os resultados revelam que a acurácia do ranking variou de 34% a 47%, o que

indica uma acurácia de seleção relativamente baixa para cada material avaliado. Isso sugere que, embora o clone BT68 tenha se destacado como o melhor em relação ao DAP, a precisão geral da classificação dos clones com base nas medições disponíveis é limitada.

No que diz respeito ao efeito genotípico (g), esse parâmetro representa a influência dos genes dos clones no DAP. Dentro desse contexto, destacamos que o clone que está em terceiro lugar no *ranking* (4014) exibe o maior valor de "g" (3,1509), indicando que os genes desempenham um papel preponderante em seu DAP. Este é o melhor desempenho genotípico entre os clones. Por outro lado, o clone 4016 apresenta um valor de "g" de 1,7976, o que é o menor entre os clones. Isso sugere que a herança genética tem uma influência relativamente menor em seu DAP.

No que se refere ao efeito genotípico do ambiente (ga), esse parâmetro reflete como o ambiente influencia o DAP dos clones. No presente contexto, o material que está em décimo primeiro no *ranking* (4014) demonstra o maior valor de "ga" (0,8542), indicando que o ambiente exerce uma influência considerável em seu DAP. Este é o clone com o efeito genotípico do ambiente mais pronunciado. Em contrapartida, o clone 1 exibe um valor de "ga" de 0,4005, que é relativamente baixo em comparação com outros clones. Isso sugere que o ambiente tem uma influência menor em seu DAP.

4.5. Estimação de componentes de variância e seleção em teca (*Tectona grandis*) em múltiplos experimentos de procedência e progênie em Pernambuco e Pará

Tabela 8. Estimativas de parâmetros genéticos para o caráter diâmetro em Teca (*Tectona grandis*) cultivada em Pernambuco em 2 experimentos. Análises de experimentos de progênies individuais.

| Estimativas | Experimento 7 | Experimento 8 |
|--------------------|----------------------|----------------------|
| Va | 0.341082 | 1.201862 |
| Vparc | 0.782724 | 0.155471 |
| Ve | 2.491535 | 12.351569 |
| Vf | 3.615341 | 13.708902 |
| h2a | 0.094343 | 0.08767 |
| h2aj | 0.120412 | 0.088676 |
| c2parc | 0.216501 | 0.011341 |

| | | |
|--------------------|-----------------|-----------------|
| h ² mp | 0.203841 | 0.348698 |
| Acprog | 0.451487 | 0.590507 |
| h ² ad | 0.093112 | 0.068015 |
| CV _{gi} % | 6.97452 | 12.005473 |
| CV _{gp} % | 3.48726 | 6.002737 |
| CV _e % | 13.783798 | 18.344284 |
| CV _r | 0.252997 | 0.327227 |
| PEV | 0.067889 | 0.195694 |
| SEP | 0.260555 | 0.442373 |
| Média Geral | 8.373649 | 9.131624 |

Constata-se a presença de considerável variabilidade genética para o caráter diâmetro nos dois experimentos, conforme pode ser visto pelas magnitudes do coeficiente de variação genética individual (CV_{gi}%), os quais variaram de 6 % a 12 % (Tabela 8). Tal variabilidade genética associada aos altos valores do coeficiente de variação experimental (CV_e%) propiciaram herdabilidades individuais de baixa magnitude, variando de 8 % a 9 %, o que sugere que as características avaliadas são moderadamente influenciadas pela genética e mais fortemente influenciadas pelo ambiente. Isso é consistente com as condições variáveis de solo e clima em Joaquim Nabuco, além disso, fica claro que há uma situação muito desfavorável para a seleção.

Os coeficientes de variação relativa (CV_r) nos dois experimentos foram maiores que 0.45 e, associados a número de repetições insatisfatórios, conduziram baixas (20% a 34%) confiabilidades ou herdabilidades ao nível de médias das progênes e baixas (45 % a 59 %) acurácias seletivas. Isso implica que as estimativas de valor genético das progênes podem ser menos confiáveis devido à alta variabilidade não explicada. Consequentemente, a seleção com base nas características de diâmetro nas plantas de Teca pode enfrentar desafios de previsibilidade e eficiência.

Em resumo, os resultados destacam a presença de variabilidade genética considerável, mas também a influência substancial do ambiente nas características das plantas de Teca em Joaquim Nabuco. Esse ambiente complexo apresenta desafios para a seleção eficiente, tornando crucial o desenvolvimento de estratégias de manejo florestal e melhoramento genético que levem em consideração a complexidade das interações entre fatores genéticos e ambientais.

Tabela 9. Estimativas de parâmetros genéticos para o caráter diâmetro em Teca (*Tectona grandis*) cultivada em Pará em 2 experimentos. Análises de experimentos de progênies individuais.

| Estimativas | Experimento 9 | Experimento 10 |
|------------------------------|----------------------|-----------------------|
| Va | 1.688811 | 0.153986 |
| V _{parc} | 0.017848 | 0.182329 |
| Ve | 3.885197 | 3.828277 |
| Vf | 5.591857 | 4.164592 |
| h ² _a | 0.302013 | 0.036975 |
| h ² _{aj} | 0.30298 | 0.038668 |
| c _{2parc} | 0.003192 | 0.043781 |
| h ² _{mp} | 0.668207 | 0.165425 |
| Acprog | 0.817439 | 0.406725 |
| h ² _{ad} | 0.245857 | 0.029284 |
| CV _{gi} % | 9.374106 | 2.822621 |
| CV _{gp} % | 4.687053 | 1.41131 |
| CV _e % | 7.38522 | 7.088254 |
| CV _r | 0.634653 | 0.199105 |
| PEV | 0.140084 | 0.032128 |
| SEP | 0.374278 | 0.179244 |
| Média Geral | 13.863108 | 13.902365 |

A Vf, que representa a variação total observada nas características, é uma soma da contribuição genética e da influência do ambiente. Enquanto no Experimento 9 a Vf é relativamente alta, no Experimento 10 é ligeiramente menor, refletindo diferentes níveis de variabilidade.

Em relação à variabilidade genética, observamos que a Variância Genética (Va) é relativamente alta no Experimento 9, indicando que a genética desempenha um papel significativo nas características estudadas. No entanto, no Experimento 10, essa variância genética é notavelmente mais baixa, sugerindo uma menor diversidade genética entre as árvores.

Os parâmetros de herdabilidade individual (h²_a) quantificam a proporção da variação total nas características que é devida à genética. Valor médio de h²_a no experimento 9 (30%) e baixa no experimento 10 (3%) o que indicam que as

características avaliadas são moderadamente influenciadas pela genética individual e pelas condições do ambiente.

Ao analisarmos os resultados dos experimentos 9 e 10, notamos uma diferença significativa na acurácia seletiva das progênies. No Experimento 9, observamos um valor relativamente alto de Acprog, atingindo 81%. Esse resultado sugere que a seleção com base nas características das progênies nesse experimento é altamente eficaz e confiável para prever o desempenho futuro das árvores. Isso significa que as características das progênies são fortes indicadores do potencial genético das árvores individuais.

Por outro lado, no experimento 10, a acurácia seletiva das progênies (Acprog) é substancialmente mais baixa, registrando 40%.

4.6. Estimação dos ganhos genéticos em teca (*Tectona grandis*) em múltiplos experimentos clonais em Pernambuco e Pará

Tabela 10. Estimativas do ganho genético para o caráter diâmetro em Teca (*Tectona grandis*) cultivada em Pernambuco. Análise do experimento clonal 1.

| Ordem | Código | Clone | Ganho | Nova Média | Ganho (%) |
|-----------|----------|-------------|---------------|----------------|--------------|
| 1 | 20 | MC03 | 2.0655 | 11.7413 | 7.15 |
| 2 | 18 | L30 | 1.7415 | 11.4173 | 4.19 |
| 3 | 23 | S138 | 1.6283 | 11.3041 | 3.16 |
| 4 | 24 | S18 | 1.5185 | 11.1943 | 2.16 |
| 5 | 22 | S118 | 1.4475 | 11.1233 | 1.51 |
| 6 | 1 | 206 | 1.3999 | 11.0757 | 1.07 |
| 7 | 3 | BR02 | 1.3552 | 11.031 | 0.67 |
| 8 | 5 | BT85 | 1.2822 | 10.9581 | 0.00 |
| 9 | 13 | L198 | 1.2088 | 10.8846 | -0.67 |
| 10 | 10 | L12 | 1.1273 | 10.8032 | -1.41 |
| 11 | 4 | BT61 | 1.0572 | 10.7333 | -2.05 |
| 12 | 12 | L197 | 0.9949 | 10.6708 | -2.62 |
| 13 | 28 | TG03 | 0.9367 | 10.6125 | -3.15 |
| 14 | 11 | L196 | 0.8854 | 10.5612 | -3.62 |
| 15 | 7 | J02 | 0.8302 | 10.506 | -4.13 |
| 16 | 21 | S08 | 0.7789 | 10.4547 | -4.59 |
| 17 | 25 | S196 | 0.7325 | 10.4083 | -5.02 |
| 18 | 27 | TG01 | 0.6832 | 10.359 | -5.47 |

| | | | | | |
|----|----|------|--------|---------|-------|
| 19 | 15 | L200 | 0.6385 | 10.3143 | -5.88 |
| 20 | 16 | L21 | 0.5968 | 10.2726 | -6.26 |

Tabela 11. Estimativas do ganho genético para o caráter diâmetro em Teca (*Tectona grandis*) cultivada em Pará. Análise do experimento clonal 4.

| Ordem | Código | Clone | Ganho | Nova Média | Ganho (%) |
|----------|----------|-------------|---------------|----------------|-------------|
| 1 | 12 | L21 | 3.9085 | 19.6395 | 2.71 |
| 2 | 13 | L215 | 3.686 | 19.4171 | 1.55 |
| 3 | 5 | BT85 | 3.3893 | 19.1204 | 0.00 |
| 4 | 9 | KM41 | 3.1444 | 18.8754 | -1.28 |
| 5 | 16 | MC03 | 2.9887 | 18.7197 | -2.10 |
| 6 | 3 | BR02 | 2.8617 | 18.5927 | -2.76 |
| 7 | 4 | BT61 | 2.7701 | 18.5011 | -3.24 |
| 8 | 23 | TG01 | 2.6318 | 18.3629 | -3.96 |
| 9 | 19 | S138 | 2.5115 | 18.2425 | -4.59 |
| 10 | 1 | 206 | 2.3981 | 18.1292 | -5.18 |
| 11 | 7 | J02 | 2.2915 | 18.0225 | -5.74 |
| 12 | 24 | TG03 | 2.2 | 17.931 | -6.22 |
| 13 | 10 | L12 | 2.0852 | 17.8162 | -6.82 |
| 14 | 17 | S08 | 1.9795 | 17.7105 | -7.37 |
| 15 | 18 | S118 | 1.8356 | 17.5666 | -8.13 |
| 16 | 22 | S66 | 1.6658 | 17.3968 | -9.01 |
| 17 | 11 | L196 | 1.5051 | 17.2361 | -9.85 |
| 18 | 21 | S196 | 1.3546 | 17.0856 | -10.64 |
| 19 | 20 | S18 | 1.2022 | 16.9332 | -11.44 |
| 20 | 15 | MBO | 1.0625 | 16.7935 | -12.17 |

Neste estudo, foram avaliados os ganhos genéticos de clones de teca em dois locais distintos: Pernambuco (experimento 1) e Pará (experimento 4). A análise dos dados revelou variações significativas no desempenho dos clones, destacando a influência das condições ambientais sobre o crescimento e a produtividade dos mesmos.

O clone L21 apresentou uma variação notável entre os dois testes, sendo um dos piores em Pernambuco com um ganho percentual de -6.26%, enquanto se destacou no Pará com um ganho de 2.71%. Esta discrepância sugere uma alta sensibilidade às condições ambientais específicas de cada região. Por outro lado, o clone BT85, que é a testemunha em ambos os testes, mostrou um desempenho estável, indicando uma adaptabilidade maior às variações ambientais.

O clone MC03, que teve o maior ganho percentual em Pernambuco (7.15%), apresentou um desempenho negativo no Pará (-2.10%). Esta variação destaca a necessidade de uma análise cuidadosa ao selecionar clones para plantio em diferentes regiões.

Tabela 12. Estimativas do ganho genético para o caráter diâmetro em Teca (*Tectona grandis*) cultivada em Pernambuco. Análise do experimento clonal 2.

| Ordem | Código | Clone | Nova Média | Ganho (%) |
|-----------|-----------|--------------|---------------|-----------|
| 1 | 65 | BT04 | 5.4309 | 43.31 |
| 2 | 84 | BT93 | 5.4309 | 43.31 |
| 3 | 44 | BT02 | 5.4157 | 42.48 |
| 4 | 59 | BT216 | 5.4081 | 42.07 |
| 5 | 95 | FV07 | 5.3945 | 41.32 |
| 6 | 27 | 3410 | 5.3778 | 40.41 |
| 7 | 1 | 1506 | 5.3528 | 39.04 |
| 8 | 85 | BT94 | 5.3284 | 37.71 |
| 9 | 72 | BT70 | 5.2993 | 36.12 |
| 10 | 58 | BT21 | 5.2,715 | 34.6 |
| 11 | 91 | FV03 | 5.2487 | 33.36 |
| 12 | 57 | BT202 | 5.2,259 | 32.11 |
| 13 | 30 | 4009 | 5.2031 | 30.86 |
| 14 | 37 | 4017 | 5.1803 | 29.62 |
| 15 | 19 | 1504 | 5.1606 | 28.54 |
| 16 | 90 | FV02 | 5.1405 | 27.44 |
| 17 | 47 | BT05 | 5.1227 | 26.47 |
| 18 | 71 | BT68 | 5.1069 | 25.61 |
| 19 | 13 | 1105 | 5.0928 | 24.84 |
| 20 | 70 | BT67 | 5.0801 | 24.14 |
| 98 | 80 | BT 85 | 4.6383 | 0 |

Tabela 13. Estimativas do ganho genético para o caráter diâmetro em Teca (*Tectona grandis*) cultivada no Pará. Análise do experimento clonal 5.

| Ordem | Código | Clone | Ganho | Nova Média | Ganho (%) |
|-------|--------|-------|--------|------------|-----------|
| 1 | 70 | BT61 | 3.6962 | 18.2921 | 3.90 |
| 2 | 31 | 2211 | 3.6648 | 18.2607 | 3.72 |
| 3 | 73 | BT64 | 3.6244 | 18.2204 | 3.49 |
| 4 | 89 | BT96 | 3.5886 | 18.1845 | 3.29 |
| 5 | 72 | BT63 | 3.5492 | 18.1451 | 3.07 |
| 6 | 50 | 02BR | 3.4986 | 18.0945 | 2.78 |
| 7 | 62 | BT20 | 3.4481 | 18.044 | 2.49 |
| 8 | 80 | BT73 | 3.3968 | 17.9927 | 2.20 |
| 9 | 42 | 4014 | 3.3526 | 17.9485 | 1.95 |
| 10 | 27 | 1507 | 3.3161 | 17.912 | 1.74 |

| | | | | | |
|-----------|-----------|-------------|---------------|----------------|-------------|
| 11 | 17 | BT68 | 3.2753 | 17.8712 | 1.51 |
| 12 | 40 | 4009 | 3.2173 | 17.8132 | 1.18 |
| 13 | 85 | BT86 | 3.1598 | 17.7557 | 0.85 |
| 14 | 44 | 4020 | 3.1057 | 17.7016 | 0.55 |
| 15 | 18 | BT83 | 3.0552 | 17.6511 | 0.26 |
| 16 | 84 | BT85 | 3.0095 | 17.6054 | 0.00 |
| 17 | 13 | 4016 | 2.9515 | 17.5475 | -0.33 |
| 18 | 75 | BT66 | 2.8972 | 17.4931 | -0.64 |
| 19 | 21 | 1002 | 2.8476 | 17.4435 | -0.92 |
| 20 | 90 | BT97 | 2.7985 | 17.3944 | -1.20 |

No presente estudo, foram avaliados os ganhos genéticos de diferentes clones de teca em dois testes clonais realizados nos estados de Pernambuco (experimento 2) e Pará (experimento 5). Os resultados demonstram variações significativas no desempenho dos clones entre os dois locais, refletindo as diferenças ambientais e genéticas.

No experimento 2 em Pernambuco, o clone BT04 e o clone BT93 destacaram-se com a maior nova média de 5.4309 e um ganho percentual de 43.31%, seguidos pelo clone BT02 com uma nova média de 5.4157 e um ganho de 42.48%. O clone BT85 que é a testemunha do teste, apresentou um desempenho bem ruim, ficando em 98º dos cem clones avaliados, percebe-se então, que se tem uma gama de materiais para se explorar dentro desse experimento, haja visto que muitos superaram a testemunha.

No Teste 5 realizado no Pará, o clone BT61 apresentou a maior nova média de 18.2921 e um ganho percentual de 3.90%, seguido pelo clone 2211 com uma nova média de 18.2607 e ganho de 3.72%.

Comparando os dois testes, observa-se que os ganhos genéticos são mais pronunciados no Teste 2 em Pernambuco, onde os melhores clones apresentaram ganhos percentuais superiores a 40%, enquanto no Teste 5 no Pará, os ganhos foram mais modestos, com os melhores clones apresentando ganhos abaixo de 4%.

Em conclusão, os testes clonais em diferentes estados mostram que os clones de teca respondem de forma diversa às condições ambientais, com maiores ganhos genéticos em Pernambuco, mas com maior potencial de seleção e variabilidade genética no Pará. Estes resultados são fundamentais para orientar estratégias de melhoramento genético e seleção de clones mais adaptados e produtivos em cada região.

Tabela 14. Estimativas do ganho genético para o caráter diâmetro em Teca (*Tectona grandis*) cultivada em Pernambuco Análise do experimento clonal 3.

| Ordem | Código | Clone | Ganho | Nova Média | Ganho (%) |
|-----------|-----------|-------------|---------------|---------------|--------------|
| 1 | 18 | BT83 | 0.3354 | 4.0104 | 3.45% |
| 2 | 4 | 1106 | 0.3354 | 4.0104 | 3.45% |
| 3 | 3 | 1105 | 0.3354 | 4.0104 | 3.45% |
| 4 | 8 | 3408 | 0.3195 | 3.9945 | 3.04% |
| 5 | 13 | 4016 | 0.2971 | 3.9721 | 2.46% |
| 6 | 11 | 4012 | 0.2822 | 3.9572 | 2.07% |
| 7 | 10 | 4010 | 0.2715 | 3.9465 | 1.80% |
| 8 | 1 | 1101 | 0.2556 | 3.9306 | 1.39% |
| 9 | 5 | 1328 | 0.2361 | 3.9111 | 0.88% |
| 10 | 7 | 3105 | 0.2204 | 3.8954 | 0.48% |
| 11 | 19 | BT85 | 0.2018 | 3.8768 | 0.00% |
| 12 | 17 | BT68 | 0.1864 | 3.8614 | -0.40% |
| 13 | 9 | 3410 | 0.1732 | 3.8482 | -0.74% |
| 14 | 6 | 2011 | 0.162 | 3.837 | -1.03% |
| 15 | 14 | 4018 | 0.1523 | 3.8273 | -1.28% |
| 16 | 15 | BT02 | 0.1358 | 3.8108 | -1.70% |
| 17 | 16 | BT201 | 0.1137 | 3.7887 | -2.27% |
| 18 | 2 | 1102 | 0.087 | 3.762 | -2.96% |
| 19 | 20 | FV10 | 0.0597 | 3.7347 | -3.67% |
| 20 | 12 | 4015 | 0 | 3.675 | -5.21% |

Tabela 15. Estimativas do ganho genético para o caráter diâmetro em Teca (*Tectona grandis*) cultivada no Pará. Análise do experimento clonal 6.

| Ordem | Código | Clone | Ganho | Nova Média | Ganho (%) |
|----------|-----------|--------------|---------------|----------------|-------------|
| 1 | 17 | BT68 | 5.4203 | 20.6662 | 14.50 |
| 2 | 13 | 4016 | 4.7141 | 19.9600 | 10.59 |
| 3 | 18 | BT83 | 4.1938 | 19.4397 | 7.71 |
| 4 | 3 | 1105 | 3.7143 | 18.9601 | 5.05 |
| 5 | 10 | 4010 | 3.3345 | 18.5804 | 2.95 |
| 6 | 14 | 4018 | 3.0407 | 18.2866 | 1.32 |
| 7 | 19 | BT 85 | 2.8029 | 18.0488 | 0.00 |
| 8 | 12 | 4015 | 2.4898 | 17.7356 | -1.74 |
| 9 | 6 | 2011 | 2.1436 | 17.3894 | -3.65 |
| 10 | 1 | 1101 | 1.8376 | 17.0835 | -5.35 |
| 11 | 11 | 4012 | 1.5658 | 16.8116 | -6.85 |
| 12 | 7 | 3105 | 1.3330 | 16.5789 | -8.14 |
| 13 | 9 | 3410 | 1.1245 | 16.3704 | -9.30 |

| | | | | | |
|----|----|--------|--------|---------|--------|
| 14 | 2 | 1102 | 0.9452 | 16.1911 | -10.29 |
| 15 | 8 | 3408 | 0.7839 | 16.0298 | -11.19 |
| 16 | 5 | 1328 | 0.6275 | 15.8733 | -12.05 |
| 17 | 15 | BT 02 | 0.4712 | 15.7171 | -12.92 |
| 18 | 16 | BT 201 | 0.3086 | 15.5544 | -13.82 |
| 19 | 4 | 1106 | 0.1497 | 15.3956 | -14.70 |
| 20 | 20 | FV10 | 0.0000 | 15.2459 | -15.53 |

No experimento 3 realizado em Pernambuco, alguns clones apresentaram ganhos absolutos significativos, como o BT68 com 5.4203 e o 4016 com 4.7141. Isso resultou em ganhos percentuais de 14.50% e 10.59%, respectivamente. Outros clones, como o BT83, também mostraram um bom desempenho com um ganho absoluto de 4.1938 e um ganho percentual de 7.71%.

Por outro lado, no experimento realizado no Pará, observamos que o clone BT68 teve um ganho absoluto maior, com 20.6662, seguido pelo 4016 com 19.9600 e BT83 com 19.4397. Os ganhos percentuais variaram entre 7.71% e 14.50% para esses clones.

Essas diferenças nos ganhos absolutos e percentuais entre os dois locais indicam uma clara influência das condições ambientais específicas de cada região. Fatores como clima, solo e práticas de manejo podem impactar significativamente o crescimento e desenvolvimento dos clones de teca. É importante considerar esses elementos ao interpretar os resultados dos testes clonais e ao selecionar clones para plantios futuros.

Além disso, a variação nos ganhos percentuais sugere que alguns clones podem ser mais adaptados a condições específicas de uma região do que de outra. Essa adaptação pode ser explorada para otimizar a seleção de clones de teca com base nas condições locais, visando maximizar o rendimento e a sustentabilidade dos plantios.

Em resumo, a correlação dos resultados dos testes clonais entre Pernambuco e Pará oferece *insights* importantes para entender a resposta dos clones de teca às diferentes condições ambientais, contribuindo para aprimorar estratégias de manejo e seleção genética na silvicultura da espécie.

5. DISCUSSÃO

O melhoramento genético somente pode ser aplicado a características que apresentem variação, conforme apontado por Nielsen et al. (2014). Por meio da análise de modelos mistos, os efeitos aleatórios podem ser testados por meio do teste de razão de verossimilhança (LRT), como sugerido por Van Eeuwijk, Bustoskorts e Maloserri (2016), demonstrando a variabilidade entre genótipos para a característica avaliada. O LRT, neste contexto, indica a presença de variação genética para a característica DAP nos experimentos.

A variância genética aditiva e a fenotípica são essenciais para compreender o papel da genética e do ambiente na variação de características. No primeiro experimento, verificou-se que grande parte da variação fenotípica (V_f) está relacionada à variância genética (V_g), destacando a importância do fator genético. Já nos experimentos 2 e 3, o ambiente (V_e) teve um papel maior na variação fenotípica observada.

Segundo Houle (1992), na genética quantitativa, os coeficientes de variação genética são denominados evolvibilidade, pois estão ligados à capacidade evolutiva dos organismos. A evolvibilidade reflete a quantidade de variação genética em relação à média da característica, permanecendo constante mesmo após a seleção que altera a média.

De acordo com a classificação de Resende (2015), as herdabilidades individuais podem ser classificadas como baixas (0,01 a 0,15), moderadas (0,15 a 0,50) ou altas (acima de 0,50). No primeiro e no quinto experimentos, o DAP apresenta um controle genético moderado a alto, enquanto os experimentos 4 e 6 indicam um controle genético elevado. Os altos valores de acurácia encontrados nos experimentos 1, 4, 5 e 6 reforçam a importância do programa de melhoramento genético da teca. Em comparação, testes clonais realizados na Costa Rica indicaram valores de DAP estimados em 0,36 (Naranjo et al., 2012).

Por outro lado, nos experimentos 2 e 3, a herdabilidade foi baixa, indicando maior influência do ambiente. Valores semelhantes foram encontrados em experimentos 7, 8 e 10, onde a herdabilidade foi considerada baixa, em comparação com testes de progênie realizados na Austrália, com variação de 0,22 a 0,31 para características de crescimento (Callister; Collins, 2008). A análise dos efeitos

genotípicos e de interação genótipo x ambiente sugere que a seleção deve priorizar clones com altos valores genotípicos para maximizar os ganhos no DAP.

Essa diversidade genética é moldada por um ambiente caracterizado por condições variáveis de solo e clima tropical, com flutuações significativas ao longo do ano, influenciando diretamente as características das plantas de teca. Testes de progênie revelaram baixos valores, sugerindo que a previsão do desempenho futuro das árvores com base nessas características é limitada (Resende e Duarte, 2007). Isso pode ocorrer devido a fatores ambientais e à menor variabilidade genética nas progênies.

A interação entre genótipos e ambientes, conforme explicado por Ramalho et al. (2012), reflete o comportamento diferenciado dos genótipos sob diferentes condições ambientais. Os baixos valores de herdabilidade para o diâmetro (Tabela 4) indicam uma interação complexa, que justifica a necessidade de selecionar clones adaptados para diferentes ambientes, maximizando os ganhos esperados (Vencovsky e Barriga, 1992).

Os programas de melhoramento genético atuais buscam desenvolver clones superiores aos plantados comercialmente, como observado por Santos et al. (2015) e Nunes et al. (2016). No entanto, a testemunha do plantio ficou em 15º lugar no ranking geral, indicando a presença de clones superiores (Tabela 7). Os dados foram coletados em testes clonais realizados quatro anos após o plantio, sendo que o ciclo de rotação estimado da teca no Brasil varia entre 25 e 30 anos (Macedo et al., 2005), ou entre 7 e 18 anos para teca jovem (Avelino, 2012). A seleção precoce é, portanto, um dos principais objetivos dos programas de melhoramento genético (Resende, 1994; Kjaer; Foster, 1996; Pedersen et al., 2007; Callister, 2013; Monteuis et al., 2011; Segura, 2017; Adu-Bredu et al., 2019).

Os programas de melhoramento de teca também consideram a utilização de clones de elite, que apresentam ganhos superiores em relação às populações seminais. Esses clones são selecionados via seleção massal em plantios comerciais e naturais, tanto no Brasil quanto em outros países (Proteca, 2021). A seleção recorrente também desempenha um papel importante no melhoramento de caracteres quantitativos, como a produção de madeira, que é controlada por múltiplos genes e fortemente influenciada pelo ambiente, com herdabilidades geralmente baixas a moderadas (Ramalho et al., 2012).

A correlação entre os experimentos realizados em Pernambuco e no Pará é fundamental para identificar clones que, além de apresentar ganhos genéticos, mantenham estabilidade em diferentes condições ambientais. Clones como BT85, que demonstraram essa estabilidade, são promissores para programas de melhoramento. Por outro lado, clones como L21 e MC03, que apresentaram desempenho variável, exigem análises mais detalhadas para entender os fatores que afetam seu crescimento.

Em Pernambuco, clones como MC03, L30 e S138 mostraram resultados promissores. O clone MC03 apresentou um ganho absoluto de 2.0655 e um ganho percentual de 7,15%, evidenciando seu potencial produtivo. No Pará, variações significativas foram observadas, como no clone L21, que teve um ganho absoluto de 3.9085 e um percentual de 2,71% no experimento 4. Essas diferenças são atribuídas a fatores como fertilidade do solo e regimes pluviométricos, que influenciam o crescimento.

6. CONCLUSÕES

Este trabalho fornece informações fundamentais para os programas de melhoramento de *Tectona grandis* (Teca), constituindo-se como um estudo pioneiro que visa fornecer dados valiosos para a otimização genética desta espécie. Através da análise detalhada de múltiplos experimentos clonais e de progênies realizados em diferentes locais, este estudo destaca a importância da variabilidade genética e da interação genótipos x ambientes no desenvolvimento de estratégias eficazes de seleção. A análise dos experimentos clonais individuais revelou que, enquanto alguns locais apresentam uma variabilidade genética substancial, outros mostram uma influência mais pronunciada do ambiente sobre o fenótipo das árvores. Especificamente, os Experimentos 1, 5 e 6 sobressaíram-se, não apenas pela maior variabilidade genética, mas também pela capacidade de identificar genótipos com desempenho superior, destacando-se como recursos valiosos para exploração nos programas de seleção e melhoramento genético da empresa.

Dentre os locais analisados, o estado do Pará destaca-se como o mais indicado para a seleção de Teca, dada a expressiva variabilidade genética observada e a interação genótipos x ambientes. Este local oferece condições favoráveis para a seleção de clones que não só apresentam alto desempenho, mas também

adaptabilidade às condições ambientais específicas, maximizando assim os ganhos genéticos esperados.

Em suma, este estudo pioneiro fornece insights importantes para o melhoramento genético de *Tectona grandis*, ressaltando a necessidade de uma abordagem cuidadosa e estratégica na seleção de genótipos, considerando tanto a variabilidade genética quanto às interações com o ambiente. As descobertas aqui apresentadas servem como uma base para futuras pesquisas e desenvolvimento de programas de melhoramento que visem a sustentabilidade e a produtividade a longo prazo das plantações de teca no Brasil e no exterior.

Ao comparar os resultados com o clone comercial BT85 (testemunha), pode-se observar que vários genótipos demonstraram ganhos significativos em termos de ganho fenotípico e adaptabilidade. Por exemplo, no Experimento 1, o clone MC03 mostrou um ganho de 7.15% em volume, superando a testemunha a produtividade esperada do clone testemunha. No Experimento 5, o BT61 obteve um ganho de 3.90%, demonstrando sua capacidade de melhorar significativamente a produtividade em relação à BT85. No Experimento 6, o BT68 destacou-se com um ganho de 14.50%, evidenciando seu potencial para alta produtividade nas condições edafoclimáticas do site experimental.

Diante desses resultados promissores, recomenda-se que os materiais genéticos identificados como superiores sejam clonados ou utilizados na formação de pomares clonais. A clonagem permitirá a replicação exata dos melhores genótipos, garantindo a consistência no desempenho ao longo do tempo. A formação de pomares clonais, por sua vez, facilitará a produção em escala comercial desses genótipos selecionados, possibilitando a avaliação contínua de seu desempenho em diferentes condições de cultivo.

Para evoluir o programa de melhoramento genético, é essencial integrar dados genéticos e fenotípicos de forma contínua. Isso inclui a expansão do banco de germoplasma com novos genótipos promissores, a aplicação de técnicas avançadas de genômica para identificação de marcadores associados a características desejáveis, e o estabelecimento de ensaios multiambientes para avaliar a adaptabilidade dos genótipos selecionados em diferentes regiões.

Com base nesse estudo os clones que devem ser recomendados para plantio comercial em Pernambuco que tem potencial de serem superiores a testemunha são: MC03, BT04, BT83 e apresentam 7.15%, 3.90% e 3.45% de ganho em relação à

testemunha. Já no Pará, os clones que devem ser recomendados para plantio comercial, que tem potencial de serem superiores a testemunha são: L21 , BT61, BT68 e apresentam 2.71%, 3.90% e 14.50% de ganho em relação à testemunha.

REFERÊNCIAS

- ADU-BREDU, S.; OFORI, A. F.; RAEBILD, A.; HANSEN, J. K.; KOFFI, A.; VIGNERON, P.; KAJAER, E. D. Trait variations in 28-year-old teak (*Tectona grandis*) provenance field trials in Ghana, West Africa. *Southern Forests: A Journal of Forest Science*, v. 81, n. 1, p. 57-68, 2019. DOI: <https://doi.org/10.2989/20702620.2018.1490993>.
- ASSIS, T. F. de; RESENDE, M. D. V. Genetic improvement of forest tree species. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 1, p. 44-49, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1984-70332011000500007>.
- AVELINO EF (2012) Avaliação da madeira de teca jovem (*Tectona grandis* L.f.) visando uso em movelaria. Dissertation, Rural Federal University of Rio de Janeiro. 88p.
- CACERES FLORESTAL. Manual do cultivo da teca. Cáceres: Cáceres Florestal, 2006.p. Disponível em http://www.caceresflorestal.com.br/Manual_do_cultivo_da_teca-Caceres_Florestal.pdf. Acesso em: 17 set. 2023.
- CARDOSO, D.B.O., BALBINOT JUNIOR, A.A., FIGUEIREDO FILHO, A., & NOGUEIRA, A.C. (2016). Seleção de genitores de teca para produção de sementes com base em caracteres agrônômicos. *Pesquisa Florestal Brasileira*, 36(86), 135-143.
- CALLISTER, Andrew N.; COLLINS, Sally L. Estimativas de parâmetros genéticos em um teste de progênie replicada clonalmente de teca (*Tectona grandis* Linn. f.). **Genética e Genomas de Árvores**, v. 2, pág. 237-245, 2008.
- CALLISTER, A. N. Genetic parameters, and correlations between stem size, forking, and flowering in teak (*Tectona grandis*). *Canadian Journal Forest Research*, n. 43, p. 1145-1150, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1139/cjfr-2013-0226>.
- CHÁVEZ-SALGADO, L.P., VANDENBOSSCHE, V., & VILAREM, G. (2022). *iForest - Biogeosciences and Forestry*, 15(2), 112-120. <https://doi.org/10.3832/ifor3714-015>
- COSTA, Reginaldo Brito da; RESENDE, Marcos Deon Vilela de; SILVA, Versides Sebastião de Moraes. Experimentação e seleção no melhoramento genético de TECA (*Tectona grandis* Lf). **Floresta e Ambiente**, v. 14, p. 76-92, 2023.
- FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS-FAO. Databook on endangered tree and shrub species and provenances. Rome: FAO, 1986. p. 498-504. (FAO Forestry Paper, 77).
- HOULE, David. Comparando a evolucionabilidade e a variabilidade de características quantitativas. **Genética**, v. 130, n. 1, pág. 195-204, 1992.
- KAOSA-ARD, A. Teak its natural distribution and related factors. *Nat. Hist. Bull. Siam Soc.*, v. 29, p. 55-74, 1981.

- KJAER, E. D.; FOSTER, G. S. The economics of tree improvement of teak (*Tectona grandis* L.). Denmark: Danida Forest Seed Centre, 1996. 27 p. (Danida Forest Seed Centre. Technical note, 43).
- KJAER, E. D.; SIEGISMUND, H. R.; SUANGTHO, V. A multivariate study on genetic variation in teak (*Tectona grandis* L. f.). *Silvae Genetica*, v. 45, n. 5-6, p. 361-368, 1996.
- LIMA, I.L., BALBINOT JUNIOR, A.A., DEUNER, S., FIGUEIREDO FILHO, A., & LIMA, G.P.P. (2015). Uso de marcadores genéticos no melhoramento de teca. *Ciência Florestal*, 25(2), 483-492.
- LI, BO; OLMSTEAD, Richard G. Duas novas subfamílias em Lamiaceae. *Phytotaxa*, v. 313, n. 2, pág. 222-226, 2017.
- Macedo RLG, Gomes JE, Venturin N, Salgado BG (2005) Desenvolvimento inicial de *Tectona grandis* L.f. (teca) em diferentes espaçamentos no município de Paracatu, MG. *Cerne*, 11(1): 61-69.
- NIELSEN, H. Bjorn et al. Identificação e montagem de genomas e elementos genéticos em amostras metagenômicas complexas sem utilização de genomas de referência. *Biotecnologia da natureza*, v. 32, n. 8, pág. 822-828, 2014.
- PANDEY, D.; BROWN, C. Teak: a global overview. *Unasyuva*, v. 51, n. 201, p. 3-12, 2000.
- PEREIRA, A. C., SIDNEY, F. C., DANIELE, A. A. A. Parâmetros genéticos em teste clonal de *Tectona grandis* em Mato Grosso, Brasil. *Avanços na Ciência Florestal* 8.2 (2021): 1417-1424.
- REIS, Cristiane Aparecida Fioravante; SANTOS, Alisson Moura; DE ASSIS, Teotônio Francisco. Contexto mundial do melhoramento genético da teca. 2023.
- RESENDE, M. D. V., & DUARTE, J. B. (2007). Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. [Pesquisa Agropecuária Tropical, 37\(3\), 182-194¹](#)
- RESENDE, M. D. V., & TORRES, R. A. (2004). Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. [Embrapa Florestas, Colombo, PR, 975p²](#)
- RESENDE, M. D. V., & PRATES, D. F. (1996). Melhor predição linear não viciada (BLUP) de valores genéticos no melhoramento de Pinus. [Boletim de pesquisa florestal, \(32/33\), 3-22](#)
- RESENDE, M. D. V. Seleção precoce no melhoramento genético florestal. In: WORKSHOP MÉTODOS DE SELEÇÃO, 1., 1994, Belo Horizonte. Anais [...]. Belo Horizonte: Sociedade Investigações Florestais, 1994. p. 58-72

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

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

SANTOS GA, RESENDE MDV, SILVA LD, HIGA A, ASSIS TF (2015) Interação genótipos x ambientes para produtividade de clones de *Eucalyptus l'her.* no estado do Rio Grande do Sul. *Revista Árvore*, 39(1): 81-91. [dx.doi.org/10.1590/0100-67622015000100008](https://doi.org/10.1590/0100-67622015000100008)

SEGURA, F. U. M. Comportamiento de clones de teca (*Tectona grandis* Linn. f.) a los 4,5 años en Upala, Zona Norte de Costa Rica. 2017. 91 f. Trabajo final de graduación (Licenciatura en Ingeniería Forestal) - Tecnológico de Costa Rica, Cartago.

ZHANG, X., ZHANG, Y., LI, L., & LI, Y. (2020). Progress in research on *Tectona grandis* in China. *Forest Research*, 33(2), 153-164.