

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA**

**Interação genótipos x ambientes em híbridos multiespécies de *Eucalyptus*  
para tolerância à seca**

Henrique Silva Araújo Freire  
*Magister Scientiae*

**VIÇOSA - MINAS GERAIS  
2023**

**HENRIQUE SILVA ARAÚJO FREIRE**

**Interação genótipos x ambientes em híbridos multiespécies de *Eucalyptus*  
para tolerância à seca**

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  
2023**

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

T

F866i  
2023  
Freire, Henrique Silva Araújo, 1987-  
Interação genótipos x ambientes em híbridos multiespécies  
de *Eucalyptus* para tolerância à seca / Henrique Silva Araújo  
Freire. – Viçosa, MG, 2023.  
1 dissertação eletrônica (78 f.): il. (algumas color.).

Orientador: Gleison Augusto dos Santos.  
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa,  
Departamento de Engenharia Florestal, 2023.  
Referências bibliográficas: f. 70-78.  
DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2025.419>  
Modo de acesso: World Wide Web.

1. Eucalipto - Melhoramento genético. 2. Déficit hídrico.  
3. Interação genótipo-ambiente. 4. Progenie. 5. Secas.  
6. Silvicultura. 7. *Eucalyptus*. 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. 634.91653

Bibliotecário(a) responsável: Bruna Silva CRB-6/2552

**HENRIQUE SILVA ARAÚJO FREIRE**

**Interação genótipos x ambientes em híbridos multiespécies de *Eucalyptus*  
para tolerância à seca**

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: 1 de agosto de 2023.

Assentimento:

---

Henrique Silva Araújo Freire  
Autor

---

Gleison Augusto dos Santos  
Orientador

Essa dissertação foi assinada digitalmente pelo autor em 18/06/2025 às 18:47:55 e pelo orientador em 19/06/2025 às 09:33:14. 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 **XFAH.JOSJ.P8RR** e clique no botão 'Validar documento'.

OFEREÇO  
A Rainha da Floresta!!!  
Que me firma e me guia.

A minha família que sempre me apoiou na busca dos meus sonhos. Em especial a  
minha MÃE pelo incentivo e amor incondicional.

DEDICO.

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus que em seus meandros, cria e recria, nosso universo de possibilidades nos transformando nessa eterna e salutar metamorfose ambulante.

Ao sol que me ilumina todo dia, e traz luz a minha vida.

A semente da sabedoria, que encontrando solo fértil, germina gerando a Árvore do Conhecimento.

A minha mãe Edwiges da Silva Araújo pelo amor sem tamanho, por todo apoio, pelo exemplo de integridade e ética, por me dar a oportunidade da vida e por mais árdua que seja a batalha sempre estar firme ao meu lado.

Ao meu pai Henrique Menezes Freire que distante se faz presente no reflexo do espelho.

Ao meu irmão germano Guilherme, e aos meus meio irmãos Bernardo e Frederico.

A Universidade Federal de Viçosa por toda a minha formação e por me permitir realizar mais este sonho.

Ao Departamento de Engenharia Florestal pela oportunidade.

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).

Agradeço aqui, muitíssimo, àqueles que mais me ajudaram a concluir este trabalho:

Ao meu orientador Dr. Glêison Augusto dos Santos, pelos ensinamentos para muito além da academia, os quais levarei para a vida.

A minha coorientadora Dra. Genaina Aparecida de Souza, minha colega, pela paciência de ler comigo página por página.

Aos colegas de pós-graduação Karine Caiafa, Alex Freitas e Marcus Borges por me apoiarem nos momentos difíceis e sempre confiarem no meu trabalho.

Aos meus amigos Igor Mauad e Tiago Moreira, pelas longas conversas e todo o apoio

**MUITO OBRIGADO!**

Matança

É o mesmo brado que a gente tem que dar, dizendo assim  
Cipó caboclo tá subindo na virola  
Chegou a hora do pinheiro balançar  
Sentir o cheiro do mato, da imburana  
Descansar, morrer de sono na sombra da barriguda  
De nada vale tanto esforço do meu canto  
Pra nosso espanto tanta mata haja vão matar  
Tal Mata Atlântica e a próxima Amazônica  
Arvoredos seculares, impossível replantar  
Que triste sina teve o cedro, nosso primo  
Desde menino que eu nem gosto de falar  
Depois de tanto sofrimento, seu destino  
Virou tamborete, mesa, cadeira, balcão de bar  
Quem por acaso ouviu falar da sucupira  
Parece até mentira que o jacarandá  
Antes de virar poltrona, porta, armário  
Mora no dicionário, vida eterna, milenar  
Quem hoje é vivo corre perigo  
E os inimigos do verde dá sombra ao ar  
Que se respira e a clorofila  
Das matas virgens destruídas vão lembrar  
Que quando chegar a hora  
É certo que não demora  
Não chame Nossa Senhora  
Só quem pode nos salvar é  
Caviúna, cerejeira, baraúna  
Imbuia, pau-d'arco, solva  
Juazeiro e jatobá  
Gonçalo-alves, paraíba, itaúba  
Louro, ipê, paracaúba  
Peroba, massaranduba  
Carvalho, mogno, canela, imbuzeiro  
Catuaba, janaúba, aroeira, araribá  
Pau-ferro, angico, amargoso, gameleira  
Andiroba, copaíba, pau-brasil, jequitibá  
Antônio Jatobá

## RESUMO

FREIRE, Henrique Silva Araújo, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, agosto de 2023. **Interação genótipos x ambientes em híbridos multiespécies de *Eucalyptus* para tolerância à seca.** Orientador: Gleison Augusto dos Santos. Coorientadora: Genaina Aparecida de Souza.

A escassez de materiais genéticos adaptados ao déficit hídrico representa um dos principais entraves à manutenção da produtividade florestal em regiões sujeitas à seca prolongada. Este trabalho teve como objetivo avaliar o desempenho de genótipos híbridos multiespécies de *Eucalyptus* spp., desenvolvidos para atender essa demanda, com foco em produtividade, adaptabilidade e estabilidade fenotípica, voltado à seleção de materiais superiores para regiões com alta incidência de déficit hídrico. Neste contexto, este trabalho teve como objetivo avaliar o desempenho de genótipos híbridos multiespécies de *Eucalyptus* spp., com potencial para tolerância ao estresse hídrico, quanto ao incremento médio anual de volume (IMA), à interação genótipo x ambiente (GxA), à adaptabilidade e à estabilidade fenotípica. Especificamente, buscou-se: (i) identificar os materiais mais produtivos por local; (ii) verificar a existência de genótipos com bom desempenho nos diferentes ambientes testados; (iii) compreender o padrão da interação GxA e (iv) avaliar a consistência e a resiliência dos genótipos frente às variações ambientais. Foram analisadas 260 progênies de irmãos completos, aos trinta meses, oriundas de cruzamentos controlados entre clones comerciais e espécies puras tolerantes ao déficit hídrico. Os testes de progênies foram implantados nos Municípios de Buritizeiro, MG; Bocaiuva, MG; Inhambupe, BA. O delineamento estatístico adotados em todos os sites foram blocos completos casualizados, contendo 20 repetições em cada experimento, com parcela de árvore única/single-tree-plot (PPU/STP). As análises genéticas foram realizadas no software Selegen REML/BLUP. Na análise dos parâmetros genéticos, por site, Bocaiuva se destaca com as melhores condições representativas, apresentando as maiores herdabilidades. Inhambupe, se destaca como o melhor ambiente, pois obteve as maiores médias de produtividade. A acurácia de predição foi alta em todos os ambientes, demonstrando confiabilidade experimental. Em Buritizeiro a média de produtividade dos 20 melhores ranqueados foi de 23,86 m<sup>3</sup>/ha.ano. Em Bocaiúva o incremento médio anual (IMA) dos 20 materiais com melhor performance foi de 30,40 m<sup>3</sup>/ha.ano, apesar desse ambiente apresentar menor média geral a média dos 20 melhores foi superior a Buritizeiro. Inhambupe apesar das maiores médias produtivas o ganho em

relação a melhor testemunha é baixo. A análise conjunta revelou interação GxA do tipo complexa. Os 20 melhores indivíduos apresentaram ganhos genéticos de 29,91% sobre a média geral e 61,76% em relação às testemunhas. Na análise de adaptabilidade e estabilidade, os ganhos dos melhores materiais foram de 34,23% e 29,09%, respectivamente. O clone GG 1923 destacou-se por sua ampla plasticidade fenotípica, enquanto a progênie GG2752xVS02 foi a única com presença recorrente entre os mais bem posicionados em diferentes ambientes e análises. O estudo foi conduzido no âmbito do Projeto Tolerância à Seca®, mas seu foco principal reside na seleção de genótipos superiores para ambientes sujeitos a déficit hídrico severo, contribuindo com informações estratégicas para programas de melhoramento genético florestal.

Palavras-chave: déficit hídrico; melhoramento florestal; progênies; seca crítica ; Silvicultura; Eucalyptus

## ABSTRACT

FREIRE, Henrique Silva Araújo, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, August, 2023. **Genotype x environment interaction in *Eucalyptus* multispecies for drought tolerance.** Adviser: Gleison Augusto dos Santos. Co-adviser: Genaina Aparecida de Souza.

The scarcity of genetic materials adapted to water deficit is one of the main obstacles to maintaining forest productivity in regions subject to prolonged drought. This study aimed to evaluate the performance of multispecies hybrid genotypes of *Eucalyptus* spp., developed to meet this demand, focusing on productivity, adaptability, and phenotypic stability, targeting the selection of superior materials for regions with high incidence of water deficit. In this context, the objective was to assess the performance of hybrid genotypes of *Eucalyptus* spp. with potential drought tolerance regarding average annual volume increment (IMA), genotype × environment (GxE) interaction, adaptability, and phenotypic stability. Specifically, the study sought to: (i) identify the most productive genotypes for each site; (ii) verify the existence of genotypes with good performance across different environments; (iii) understand the nature of GxE interaction; and (iv) evaluate the consistency and resilience of genotypic performance under environmental variation. A total of 260 full-sib progenies, at thirty months of age, were analyzed, resulting from controlled crosses between commercial clones and pure species tolerant to water deficit. The progeny trials were established in the municipalities of Buritizeiro (MG), Bocaiuva (MG), and Inhambupe (BA). The experimental design adopted at all sites was randomized complete blocks, with 20 replications in each experiment and single-tree plots (PPU/STP). Genetic analyses were carried out using Selegen REML/BLUP software. In the site-specific analysis, Bocaiuva stood out for its more representative conditions and higher heritability estimates, while Inhambupe showed the highest productivity averages. Prediction accuracy was high across all sites, confirming experimental reliability. In Buritizeiro, the average productivity of the top 20 ranked genotypes was 23.86 m<sup>3</sup>/ha.year. In Bocaiuva, the IMA of the top 20 genotypes was 30.40 m<sup>3</sup>/ha.year, and although this environment had a lower overall mean, the top-performing genotypes surpassed those in Buritizeiro. Inhambupe, despite having the highest overall productivity, showed low genetic gains over the best control. The joint analysis revealed a complex GxE interaction. The top 20 individuals achieved genetic gains of 29.91% over the general mean and 61.76% over the control mean. In the adaptability and stability analysis, the best

genotypes reached gains of 34.23% and 29.09%, respectively. Clone GG 1923 stood out for its broad phenotypic plasticity, while progeny GG2752xVS02 was the only one consistently ranked among the top performers across different environments and analyses. The study was conducted within the scope of the Drought Tolerance Project®, but its primary focus lies in the selection of superior genotypes for regions under severe water deficit, providing strategic insights for forest genetic improvement programs.

Keywords: Critical drought; Eucalyptus; forest breeding; Progenies; silviculture; water deficit

## LISTA DE FIGURAS

Figura 1 Representação geográfica dos três sites escolhidos para receberem os experimentos de campo.....	52
--	----

## LISTA DE TABELAS

Tabela 1 Clones selecionados para os cruzamentos controlados e as espécies que compõe cada um deles.....	32
Tabela 2 Matriz de cruzamentos em semi-diaeto, representando todos os cruzamentos entre clones e entre clones e espécies.....	35
Tabela 3 Progênes obtidas dos cruzamentos controlados.....	36
Tabela 4 Lista dos cruzamentos híbridos avaliados e as espécies que compõem a família.....	38
Tabela 5 Formulação da adubação de crescimento utilizada – mistura de 200L.....	49
Tabela 6 Formulação da adubação de rustificação – mistura para 200 L.....	50
Tabela 7 Informações dos sites de plantio dos experimentos.....	51
Tabela 8 Estimativas dos parâmetros genéticos (reml individual) para o caractere IMA (m <sup>3</sup> . ha/ano) aos 30 meses.....	55
Tabela 9 Parâmetros genéticos da interação G x A para o caractere IMA (m <sup>3</sup> . ha /ano) aos 30 meses de idade.....	56
Tabela 10 Ranking das 20 melhores famílias para o caráter IMA (m <sup>3</sup> * ha / ano) no site Buritizeiro, ganhos em relação a média geral e em relação à média das testemunhas.....	59
Tabela 11 Ranking das 20 melhores famílias para o caráter IMA (m <sup>3</sup> * ha / ano) no site Bocaiúva, ganhos em relação à média geral e em relação a média das testemunhas.....	60
Tabela 12 Ranking das 20 melhores famílias para o caráter IMA (m <sup>3</sup> * ha / ano) no site Inhambupe, ganhos em relação à média geral e em relação a média das testemunhas.....	61
Tabela 13 Ranking das 20 melhores progênes pelo IMAvol (m <sup>3</sup> /ha/ano) na análise conjunta entre os três ambientes.....	63
Tabela 14 Estabilidade de valores genotípicos (MHVG), adaptabilidade de valores genotípicos (PRVG) e estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG) preditos pela análise BLUP, para o caráter produtividade (volume m <sup>3</sup> /ha.ano) .....	65

## SUMÁRIO

<b>1 INTRODUÇÃO</b> .....	<b>13</b>
<b>2 OBJETIVOS</b> .....	<b>16</b>
<b>3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA</b> .....	<b>17</b>
<b>3.1 Importância do Eucalipto no Brasil</b> .....	<b>17</b>
<b>3.2 Melhoramento genético em eucalipto: Fundamentos e aplicações</b> .....	<b>19</b>
<b>3.3 Seleção por Testes de progênies</b> .....	<b>20</b>
<b>3.3.1 Análises via REML/BLUP</b> .....	<b>22</b>
<b>3.3.2 Parâmetros genéticos</b> .....	<b>23</b>
<b>3.4 Interação Genótipo x Ambiente (G x A)</b> .....	<b>24</b>
<b>3.5 Adaptabilidade e estabilidade</b> .....	<b>29</b>
<b>4. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	<b>32</b>
<b>4.1 Seleção dos materiais genéticos</b> .....	<b>32</b>
<b>4.2 Polinizações controladas</b> .....	<b>34</b>
<b>4.3 Produção das mudas híbridas</b> .....	<b>49</b>
<b>4.3.1 Adubação de crescimento</b> .....	<b>49</b>
<b>4.3.2 Adubação de rustificação</b> .....	<b>50</b>
<b>4.4 Caracterização das regiões de estudo</b> .....	<b>51</b>
<b>4.5 Tratamentos e delineamento experimental</b> .....	<b>54</b>
<b>4.6 Coleta de dados</b> .....	<b>54</b>
<b>4.7 Análises Genéticas</b> .....	<b>55</b>
<b>4.7.1 Análise em cada site</b> .....	<b>55</b>
<b>4.7.2 Análise conjunta</b> .....	<b>55</b>
<b>5 RESULTADOS E DISCUSÃO</b> .....	<b>56</b>
<b>5.1 Parâmetros genéticos por site</b> .....	<b>56</b>
<b>5.2 Parâmetros genéticos da análise da interação genótipos x ambientes</b> .....	<b>57</b>
<b>5.3 Seleção de indivíduos para o parâmetro IMA por site</b> .....	<b>59</b>
<b>5.4 Interação G x A</b> .....	<b>64</b>
<b>5.5 Adaptabilidade e Estabilidade</b> .....	<b>66</b>
<b>6 CONCLUSÕES</b> .....	<b>69</b>
<b>REFERÊNCIAS</b> .....	<b>70</b>

## 1 INTRODUÇÃO

A silvicultura brasileira consolidou-se como um dos pilares da economia nacional, impulsionada por avanços tecnológicos, estratégias de manejo e expansão territorial. Ao longo dos anos, o setor florestal tem experimentado um progresso histórico, tornando-se cada vez mais relevante no cenário econômico do Brasil. Enquanto o Produto Interno Bruto (PIB) nacional cresceu apenas 7,4% entre 2010 e 2021, o valor adicionado pelo setor florestal ao PIB apresentou um incremento de 20,5% no mesmo período. Mesmo diante das adversidades impostas pela pandemia da Covid-19, a balança comercial dos produtos oriundos da cadeia florestal permaneceu superavitária, alcançando US\$ 10,7 bilhões em 2021 (IBA, 2023). Nesse contexto, destaca-se o gênero *Eucalyptus*, responsável por 75,8% da área de florestas plantadas no Brasil e por 1,95% da área global (FAO, 2020; IBA, 2023).

Uma das principais contribuições para esse progresso é o desenvolvimento de programas de melhoramento genético, que permitiram a introdução de várias espécies de eucalipto no país e a produção de novos híbridos. Esses programas têm como foco principal o aumento da produtividade e a melhoria de características importantes, como a qualidade da madeira, a tolerância a pragas e doenças, bem como a adaptabilidade a diferentes ambientes (ASSIS, 2012). Os avanços tecnológicos e silviculturais alcançados colocaram o Brasil como referência mundial em produtividade e tecnologia florestal. Os ganhos de produtividade capitaneados pelo setor florestal brasileiro foram possíveis graças ao desenvolvimento de técnicas de manejo, incluindo prescrições silviculturais adequadas às condições locais, a seleção de genótipos adaptados e as técnicas de propagação vegetativa. O melhoramento genético nas empresas florestais detém notável importância para contribuir com a redução dos custos na produção de madeira. Tal importância reside no fato de que tais aprimoramentos impulsionam a produtividade florestal, permitindo que uma maior quantidade de madeira seja produzida por unidade de área.

Entre 2012 e 2016, o Brasil enfrentou um período de estiagem prolongada em diversas partes do país impactando, negativamente a produtividade florestal. Estes eventos acenderam um alerta nas empresas do setor, que tem investido no desenvolvimento de materiais genéticos produtivos e adaptados às condições de déficit hídrico prolongado. Os eventos de seca relatados no Brasil são uma tendência mundial. Estudos recentes sugerem que as secas se intensificarão em diversas partes do mundo (MEDEIROS et al., 2020; ZIA et al., 2021).

Dentro dos inúmeros desafios enfrentados na eucaliptocultura, que podem ser superados através da aplicação de melhoramento genético, o desenvolvimento de novos materiais genéticos resilientes diante de situações de grave escassez de água emerge como uma das mais importantes e complexas características a serem abordadas por pesquisadores.

A seca representa o estresse abiótico mais crucial na agricultura, devido ao seu potencial para causar perdas significativas na produtividade das culturas (FRACASSO et al., 2016). A escassez de água acarreta estresse hídrico quando a disponibilidade reduzida de água passa a afetar processos fisiológicos como transpiração, fotossíntese (VELLINI, 2008), abertura estomática (FLEXAS et al., 2002; CHAVES et al., 2003; WRIGHT et al., 2004), produção de ácido abscísico (TAYLOR et al., 2000; SEKI et al., 2007) e ajuste osmótico (BRAY, 1997; CALLISTER et al., 2006).

Os efeitos da escassez de água nas plantas são de natureza complexa. É uma tarefa árdua discernir um mecanismo universal de tolerância à seca. Pois as plantas reagem a esse estresse por meio de diversos processos adaptativos (NOGUEIRA et al., 2005). Empregam mais de um mecanismo correlacionado para garantir sua sobrevivência em condições desfavoráveis de disponibilidade de água (VELLINI, 2008).

Melhoramento genético em busca de tolerância à seca é uma empreitada desafiadora, uma vez que envolve respostas de natureza poligênica (SHINOZAKI; YAMAGUCHI-SHINOZAKI, 2007). A elevada taxa de mortalidade registrada entre 2013 e 2015 nos plantios florestais evidencia a escassez de materiais adaptados ou minimamente tolerantes a tais condições. Esse cenário se deve, em grande parte, ao grande número de híbridos interespecíficos entre *E. grandis* x *E. urophylla* produzidos nas décadas de 1980 e 1990 (CARVALHO, 2000). Devido à extensão da cultura do Eucalipto no Brasil, ela está espalhada por quase todo o território nacional (VELLINI, 2008), algumas regiões de cultivo já apresentam ou podem vir a enfrentar limitações à sobrevivência e desenvolvimento das plantas decorrentes de novos eventos de déficit hídrico. Nesse contexto, a seleção criteriosa do material genético para áreas de risco de déficit hídrico pode determinar a sobrevivência ou mortalidade de uma floresta, o que, em última instância, se traduz em rentabilidade ou prejuízo para os proprietários dos ativos florestais em questão.

Diante dessa conjuntura, um consórcio formado por 15 grandes *players* do setor florestal - Aperam, ArcelorMittal, Bracell, Cenibra, CMPC Celulose Riograndense, Duratex, Eldorado Papel e Celulose, Frondosa Participações, Gerdau, International Paper, Klabin, Minasligas, Suzano, Vallourec e Veracel - uniram esforços com a Universidade Federal de Viçosa (UFV) por intermédio da Sociedade de Investigações Florestais (SIF) objetivando o desenvolvimento

de novos materiais genéticos com potencial de tolerância a condições de déficit hídrico, sem afetar negativamente a produtividade dos plantios de eucalipto.

Nos últimos anos, com a expansão das áreas de plantio de eucalipto para novas regiões do país, sujeitas a diferentes condições edafoclimáticas, faz-se necessário reavaliar a estratégia de seleção de materiais genéticos, enfocando a maior estabilidade e tolerância a condições adversas de crescimento. A interação de genótipos com o ambiente tem sido um desafio para os melhoristas ao indicar um genótipo para um ambiente específico. Às vezes, um genótipo apresenta bom desempenho em um ambiente, mas não em outro, em comparação com os demais genótipos avaliados. Essa interação dificulta a recomendação de cultivares com ampla adaptabilidade (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2006; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004). O problema é ainda mais agravado no contexto de mudanças climáticas, uma vez que os ambientes onde os clones foram testados em experimentos de testes clonais dificilmente serão replicados nos próximos anos, quando o genótipo será plantado em escala comercial.

O Projeto Tolerância à Seca® representa uma das maiores iniciativas já realizadas no mundo voltadas ao melhoramento genético de *Eucalyptus* para ambientes com limitação hídrica. Ao levar a campo mais de 100.000 indivíduos com diferentes combinações genéticas, o projeto permite não apenas identificar materiais capazes de suportar condições de déficit hídrico, mas, sobretudo, selecionar aqueles que aliam tolerância ao estresse com elevada produtividade. Embora nem todo clone tolerante seja, necessariamente, altamente produtivo, os avanços obtidos neste estudo demonstram que é possível reunir essas duas características em materiais superiores. A exemplo disso, os melhores genótipos selecionados neste trabalho apresentaram incrementos médios anuais (IMA) de até 30,40 m<sup>3</sup>/ha.ano mesmo sob estresse severo. Assim, ao oferecer estimativas concretas de desempenho em diferentes regiões, o projeto fornece respostas diretas a demandas do campo, permitindo que produtores adotem decisões baseadas em evidência genética e adaptação ambiental. Encontrar clones que performam de forma estável em ambientes adversos é, portanto, mais do que um avanço científico — é um passo estratégico para garantir segurança produtiva e sustentabilidade na silvicultura brasileira.

## 2 OBJETIVOS

### 2.1 Objetivo geral

Contribuir para o melhoramento genético de *Eucalyptus* spp. por meio da avaliação de genótipos híbridos multiespécies com potencial de tolerância ao déficit hídrico, visando a seleção de materiais com desempenho produtivo superior, ampla adaptabilidade e estabilidade fenotípica em condições ambientais adversas.

### 2.2 Objetivos específicos

- Identificar os materiais genéticos mais produtivos em cada sítio experimental e indicar aqueles com potencial para testes clonais em fases posteriores do projeto;
- Verificar a existência de materiais com desempenho superior e consistente nos diferentes ambientes avaliados;
- Compreender a interação genótipo × ambiente (GxA) entre os locais de estudo, por meio da análise conjunta dos dados de produtividade;
- Avaliar a estabilidade e a adaptabilidade dos genótipos, com ênfase na consistência e resiliência do desempenho em ambientes com diferentes níveis de restrição hídrica.

### 3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

#### 3.1 Importância do Eucalipto no Brasil

O gênero *Eucalyptus* é originário, predominantemente, da Austrália e foi descrito em 1788 por um botânico francês chamado Louis L'Héritier de Brutelle. No Brasil, sua introdução ocorreu em meados do século XIX, quando algumas sementes foram plantadas no Jardim botânico do Rio de Janeiro pelo botânico Alemão Friedrich Sellow (LONGUE JUNIOR et al., 2013).

Em 1904, o cientista brasileiro Edmundo Navarro de Andrade iniciou seus estudos com espécies deste gênero. Seu objetivo era fornecer madeira para produção de moirões, cercas e para produção de energia para locomotivas da época. Seu trabalho foi responsável por introduzir grande parte das espécies que conhecemos hoje no país (PEREIRA et al., 2000).

Algumas espécies de eucalipto ganharam destaque no Brasil em função do aumento dos investimentos em pesquisa e da crescente demanda da indústria de base florestal nas décadas de 1970 e 1980 (VALVERDE et al., 2012). Nesse período, o governo brasileiro implementou políticas públicas de estímulo ao setor, sendo a principal delas a Lei de Incentivos Fiscais, instituída pelo Decreto-Lei nº 1.376/1974. Essa legislação permitiu a dedução de investimentos em reflorestamento do imposto de renda de empresas, o que atraiu grandes aportes privados para a formação de florestas plantadas, principalmente com espécies de rápido crescimento, como o eucalipto. Como resultado, diversas empresas florestais passaram a investir na produção e no manejo sustentável de florestas de eucalipto, contribuindo significativamente para o desenvolvimento econômico do país (LONGUE JUNIOR et al., 2013).

As espécies de eucaliptos se destacaram no país em função da sua alta produtividade, que pode ser atribuída, às condições edafoclimáticas favoráveis, presentes na maior parte do território brasileiro. O clima tropical e subtropical, que predomina no Brasil, e condições físicas dos solos, permitem um crescimento ininterrupto e, conseqüentemente, um rápido acúmulo de biomassa (VALVERDE et al., 2012). A alta produtividade permite a redução da idade de rotação, garantindo uma liderança mundial do Brasil no setor de florestas plantadas (LONGUE JUNIOR et al., 2013).

A madeira de eucalipto é bastante versátil e pode ser utilizada para diferentes finalidades. Atualmente, os principais usos são carvão vegetal, celulose, lâminas, chapas, compensados, aglomerados, madeira serrada e movelaria. Também merece destaque alguns produtos não

madeireiros, como o óleo essencial e a produção de mel (QUEIROZ et al., 2007). Contudo, no Brasil os usos que ganham maior destaque são carvão vegetal e celulose.

O eucalipto é uma excelente fonte alternativa para a produção de energia. O Brasil, atualmente está no topo do ranking dos maiores produtores mundiais de carvão vegetal (FORTALEZA et al., 2019). A biomassa vegetal substitui o carvão mineral, de origem fóssil, o que reduz a emissão de gases de efeito estufa (GEEs) na siderurgia, por exemplo (BRITO, 2007). A utilização de carvão de origem vegetal na indústria de Siderurgia Ferro-gusa e Aço atingiu a marca de 4,25 milhões de toneladas. O setor de florestas cultivadas desempenha um papel significativo, contribuindo com 94% da produção de carvão vegetal (IBA, 2023).

Embora o termo “eucalipto” seja amplamente utilizado no Brasil para se referir a diversas árvores de uso florestal, é importante esclarecer que, do ponto de vista botânico, ele designa especificamente espécies pertencentes ao gênero *Eucalyptus*. No entanto, na linguagem comum, o nome também é frequentemente aplicado a espécies de outros gêneros da família Myrtaceae, como *Corymbia* e *Angophora*, que compartilham características morfológicas semelhantes. Essa generalização pode gerar confusão, sobretudo em contextos técnicos, onde a precisão taxonômica é fundamental. Neste trabalho, o termo “eucalipto” é utilizado exclusivamente em referência às espécies do gênero *Eucalyptus*, envolvidas nos cruzamentos e avaliações realizadas.

A produção de celulose tem uma participação importante nas exportações brasileiras, desempenhando um papel relevante no comércio exterior nacional (LONGUE JUNIOR, 2013). O Brasil se mantém como o maior exportador de celulose do mundo, tendo exportado aproximadamente US\$ 1,9 bilhão a mais do que o segundo colocado, que é o Canadá (IBA, 2023).

Atualmente, a área cultivada com espécies florestais no Brasil é de 9,93 milhões de hectares, gerando mais de 5.000 bioprodutos de origem renovável, que estocam carbono, biodegradáveis, em sua maioria, e recicláveis. A maior parte desta área é composta pelo cultivo de eucalipto (75,8%) (IBA, 2023). O Brasil está passando por um processo de desindustrialização, mas, em contrapartida, o setor florestal está em fase de expansão. A participação do segmento de árvores no valor adicionado da atividade foi de 7,3% no ano de 2021.

No ano de 2021, o setor nacional de árvores plantadas, gerou, aproximadamente R\$ 28 bilhões em impostos federais e estaduais. Além disso, o setor encerrou o ano com, aproximadamente, 553 mil empregos diretos e 1,59 milhão indiretos (IBA, 2023). Demonstrando assim, a importância deste setor na balança comercial brasileira, bem como no futuro comercial do país.

### 3.2 Melhoramento genético em eucalipto: Fundamentos e aplicações

Desde os primórdios da agricultura, no período neolítico, o melhoramento de plantas vem sendo realizado pelo homem. Os agricultores adaptam as plantas, selecionam as espécies e variedades que mais lhe interessam. Esses esforços resultaram no processo de domesticação das espécies cultivadas (BOREM; MIRANDA, 2013).

O objetivo do melhoramento de plantas moderno é desenvolver sistemas produtivos na economia global e atender a nichos específicos de mercado, proporcionando um diferencial competitivo para países, regiões ou empresas (BOREM; MIRANDA, 2013).

Os programas de melhoramento requerem recursos humanos, financeiros, infraestrutura para testes, validação, métodos de melhoramento e acesso a germoplasma estruturado. A escolha inadequada de qualquer um desses componentes pode limitar o progresso do programa (BOREM; MIRANDA, 2013).

No Brasil, a maioria dos plantios de eucalipto é realizada com clones oriundos de progênies híbridas. Nos programas de melhoramento seleciona-se cuidadosamente os genitores e realiza-se cruzamentos estratégicos, alinhados com a finalidade do programa. Esses programas incluem a Seleção Recorrente Recíproca (SRR), que envolve cruzamentos entre populações distintas, e a Seleção Recorrente Intrapopulacional (SRI), realizada em populações sintéticas híbridas provenientes de cruzamentos entre clones de alto desempenho. Ao definir a estratégia a ser adotada, é essencial considerar o controle genético das características que se pretende melhorar (ASSIS; ABAD; AGUIAR, 2016).

A genética molecular também tem sido utilizada no melhoramento de plantas, o que inclui a cultura do eucalipto. Esse método utiliza-se da biologia molecular e genômica para identificar locus gênicos ou regiões genômicas de interesse. Em geral, os melhoristas de eucalipto exploram a seleção genômica ampla, que utiliza milhares de marcadores moleculares para acelerar e aumentar a precisão de seleção durante o programa de melhoramento (FONSECA et al. 2010).

Em um programa de melhoramento genético florestal eficiente, é essencial atingir diversos objetivos fundamentais. Entre eles, destaca-se a geração, teste e seleção de clones híbridos de eucalipto que se adaptem de forma adequada às variadas condições edafoclimáticas da região de plantio. Esses clones devem proporcionar melhorias contínuas, especialmente no que diz respeito à produtividade e qualidade da madeira (FONSECA et al., 2010). Ao aumentar

a produtividade, conseqüentemente a área necessária para o cultivo e os custos associados à atividade florestal reduzem.

Os programas de melhoramento concentram-se, sobretudo, em cruzamentos entre diferentes espécies de eucalipto, visando selecionar clones híbridos com alta heterose, a fim de maximizar a produtividade da madeira. Além disso, tais programas enfocam cada vez mais as características tecnológicas da madeira resultando em uma melhor qualidade da matéria-prima para o fim desejado. Recentemente, no contexto atual de instabilidades climáticas, tem-se dado importância à estabilidade das plantas selecionadas e multiplicadas para os plantios comerciais em diferentes áreas das empresas. Clones que demonstram desempenho estável em diversas condições ambientais conferem maior segurança econômica ao empreendimento.

Na eucaliptocultura, uma estratégia de aprimoramento consiste na obtenção de híbridos superiores, ou seja, aqueles que apresentam heterose positiva para os caracteres de interesse (FONSECA et al., 2010). A heterose refere-se à superioridade do híbrido (geração F1) em relação à média dos parentais.

Atualmente, os principais desafios enfrentados pelos programas de melhoramento estão relacionados ao aumento da produtividade em termos de madeira, celulose, biorredutor, adaptação a ambientes estressantes e aprimoramento da qualidade da madeira para diversos usos (ASSIS; ABAD; AGUIAR, 2016).

A produtividade é a característica mais relevante, independentemente do propósito para o qual a madeira será utilizada. Inicialmente, é fundamental produzir madeira e, em seguida, garantir a boa qualidade da madeira. Desse modo, a prioridade sempre recai sobre as características de adaptabilidade do material genético em cada local, sendo o crescimento volumétrico o principal indicador de adaptabilidade (FONSECA et al., 2010).

O principal obstáculo no melhoramento genético florestal é o tempo necessário para completar um ciclo de seleção e recombinação, pois muitas das características quantitativas expressam-se em idades avançadas, sendo difícil selecionar eficientemente a nível individual (QUOIRIN et al. 1995). Destarte, estratégias eficientes de melhoramento dependem intrinsecamente do conhecimento prévio dos mecanismos genéticos envolvidos na herança do caráter que se pretende melhorar (RESENDE, 2002).

### **3.3 Seleção por Testes de progênies**

A avaliação das progênies é uma ferramenta fundamental para estimar os parâmetros fenotípicos e genéticos, permitindo prever os valores genéticos resultantes de cruzamentos,

além de analisar as relações entre os caracteres avaliados. Além disso, essas avaliações também são essenciais para verificar a eficiência dos métodos de seleção utilizados (PALUDZYSZYN FILHO et al., 2002).

Os testes realizados com progênies têm o propósito de avaliar a suposta superioridade visual de determinados indivíduos. Eles permitem identificar se essa aparente superioridade é resultado de uma constituição genética privilegiada ou de condições ambientais favoráveis (ASSIS, 1996).

A utilização de experimentos com diferentes materiais genéticos é de extrema importância nos programas de melhoramento genético, uma vez que permite quantificar a herança de características quantitativas com valor econômico, bem como estimar os ganhos genéticos almejados por meio da seleção. Os testes de progênies são utilizados para estimar parâmetros genéticos e selecionar os melhores genótipos (KRAS et al., 2007).

A partir das avaliações realizadas com progênies, é possível obter informações relevantes para identificar estratégias de melhoramento adequadas. Essas informações incluem o potencial genético individual, dos diferentes grupos de parentesco, coeficientes de variação genética, acurácia e outros fatores relevantes que podem ser utilizados na seleção dos melhores indivíduos (RESENDE, 1991).

Os dados obtidos nos testes de progênies são frequentemente utilizados e considerados valiosos para prever ganhos em diferentes métodos de seleção, auxiliando os melhoristas na escolha da estratégia de melhoramento mais adequada para uma determinada espécie perene (RAMALHO et al., 2012).

A utilização de testes de progênies, tanto a partir de sementes provenientes de polinização livre quanto de cruzamentos controlados, é uma das abordagens mais vantajosas no âmbito do melhoramento florestal (KAGEYAMA, 1980). Esses testes permitem estimar os valores genéticos das matrizes e classificá-las com base no desempenho de suas progênies (ROUTSALAINEN e LINDGREEN, 1998).

A avaliação do valor genotípico dos pais selecionados é melhor realizada por meio do cultivo de suas progênies, permitindo uma avaliação precisa de seu valor como reprodutores. Além de determinar o valor dos pais, os testes de progênies têm um uso de longo prazo igualmente importante na eucaliptocultura, que é a obtenção de material genético de qualidade, através da propagação assexuada dos materiais identificados como superiores (KAGEYAMA, 1980).

### 3.3.1 Análises via REML/BLUP

A metodologia REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita / Melhor Predição Linear não Viciada) é especialmente recomendada quando se lida com conjuntos de dados desbalanceados. Seu principal objetivo é maximizar o ganho genético e a eficiência dos programas de melhoramento, levando em consideração o parentesco genético entre os indivíduos (RESENDE, 2007; PIRES et al., 2011). O software Selegen REML/BLUP tem sido amplamente utilizado com sucesso em programas de melhoramento de espécies florestais, como o *Eucalyptus spp.* (OLIVEIRA et al., 2015).

Desenvolvida por Resende (2002) a partir de adaptações da genética animal, essa metodologia oferece uma ampla gama de possibilidades no melhoramento genético florestal. É capaz de trabalhar com múltiplos sistemas reprodutivos e diversos métodos de seleção, permitindo o planejamento de programas que buscam maximizar o progresso genético a curto prazo, ao mesmo tempo em que preservam a variabilidade genética necessária para o longo prazo (MORAES et al., 2008).

O método REML possibilita a obtenção de estimativas ou previsões mais precisas dos efeitos dos tratamentos, mesmo quando há dados ausentes nos experimentos. Já o BLUP ajusta os dados para os efeitos ambientais não identificáveis e, ao mesmo tempo, prevê os valores genéticos dos indivíduos que são candidatos à seleção (RESENDE, 2002).

Atualmente, o REML é considerado o método padrão para estimar os componentes de variância em dados não balanceados de espécies arbóreas (PATTERSON e THOMPSON, 1971). Ele é capaz de fornecer estimativas e previsões mais precisas dos efeitos dos tratamentos, mesmo na presença de dados ausentes. Além disso, o REML leva em consideração variâncias heterogêneas para cada grupo de tratamento, resolve o problema da estimação em casos de dados faltantes e permite a modelagem da estrutura de correlação em experimentos com dependência espacial, medidas repetidas e múltiplos experimentos (RESENDE, 2004).

O BLUP, desenvolvido por Henderson (1973) e mencionado por Resende (2002), é utilizado para realizar a "melhor predição linear não viciada" de variáveis aleatórias. Esse procedimento ajusta os dados em relação a fatores ambientais não identificáveis, como efeitos de bloco, ano de medição, local de plantio, entre outros, e prevê os valores genéticos dos indivíduos candidatos à seleção (RESENDE, 2002).

No contexto da análise de dados, os melhoristas necessitam de assistência, e, por isso, é fundamental utilizar softwares especializados em análise genética. Softwares como o Selegen REML/BLUP (RESENDE, 2002) e o Genes (CRUZ, 2013) são amplamente utilizados em

pesquisas realizadas em universidades, empresas privadas e institutos de pesquisa públicos no Brasil.

No âmbito do melhoramento de espécies arbóreas, a aplicação de técnicas de avaliação genética baseadas em modelos mistos REML/BLUP é essencial para a predição de valores genéticos aditivos e genotípicos de indivíduos com potencial de seleção, tanto em nível intrapopulacional quanto interpopulacional (RESENDE e DIAS, 2000).

O SELEGEN-REML/BLUP se baseia nos modelos, estimadores e preditores propostos por Resende e Higa (1993) e Resende (2000; 2002a), podendo ser aplicado em plantas alógamas, autógamas e com sistema reprodutivo misto. Embora tenha sido desenvolvido para espécies perenes e semiperenes, esse programa também pode ser utilizado em espécies anuais, bem como no melhoramento animal (MORAES et al., 2015).

### **3.3.2 Parâmetros genéticos**

A melhoria das populações com o objetivo de atender às demandas de produtividade florestal requer a capacidade de identificar os genótipos desejados dentro da população em processo de seleção (KAGEYAMA, 1980). A fim de definir estratégias de melhoramento mais adequadas, é essencial obter estimativas de parâmetros genéticos e a previsão de ganhos por meio de testes de progênies (RESENDE, 1991; FERNANDES et al., 2004).

A estimativa dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos é fundamental para a previsão dos valores genéticos. Segundo Resende (1999), essas estimativas podem ser obtidas por meio do método dos quadrados mínimos para dados balanceados ou do método da máxima verossimilhança restrita para dados desbalanceados, entre outras abordagens. A obtenção precisa dos componentes de variância é de extrema importância no campo do melhoramento genético, pois permite estimar as variações genotípicas com base nas observações fenotípicas (CRUZ, 2005).

Nos estudos de progênies, os parâmetros genéticos de interesse para os melhoristas abrangem as variações genéticas em suas componentes aditivas e não aditivas, o coeficiente de herdabilidade tanto em sentido amplo como restrito, as interações dos efeitos genéticos e ambientais e as correlações genéticas entre os caracteres (ROBINSON e COCKERHAM, 1965).

No melhoramento, é crucial contar com estimativas dos parâmetros genéticos populacionais, pois elas permitem compreender o controle genético dos caracteres, comparar

métodos de seleção e estimar o progresso genético esperado com a seleção. Em espécies perenes, em particular, a obtenção precisa dessas estimativas se torna ainda mais relevante devido ao longo ciclo de vida das plantas, exigindo decisões mais acuradas dos melhoristas. Assim, a condução cuidadosa de experimentos de campo, com delineamentos apropriados, é essencial para obter estimativas confiáveis (BISON, 2004).

Os coeficientes de herdabilidade assumem um papel fundamental na genética quantitativa aplicada ao melhoramento genético (PIEPHO; MOHRING, 2007). São eles que norteiam a escolha das estratégias de melhoramento mais adequadas para cada espécie (WHITE et al., 2007). Portanto, a importância desses parâmetros é indiscutível, uma vez que estão presentes em diversas fórmulas relacionadas à previsão do ganho genético nos métodos de melhoramento e influenciam inúmeras decisões práticas (MIRANDA, 2012). É importante ressaltar que os coeficientes de herdabilidade não são constantes, pois suas estimativas variam de acordo com o caráter em estudo, o método de estimação, a variabilidade genética na população, o nível de endogamia, o tamanho da amostra avaliada, o número e tipo de ambientes considerados, a unidade experimental utilizada, a precisão na condução do experimento e a coleta de dados (BOREM, 1998).

O software SELEGEN-REML/BLUP é amplamente utilizado para a determinação dos parâmetros genéticos, foi desenvolvido pelo pesquisador e professor Marcos Deon de Vilela Resende. Esse programa emprega a metodologia de modelos lineares mistos, sendo especialmente adequado para análises de experimentos balanceados e desbalanceados em espécies florestais e agronômicas (RESENDE, 2007).

### **3.4 Interação Genótipo x Ambiente (G x A)**

A interação entre os genótipos e os ambientes representa um desafio significativo no melhoramento de plantas. Essa interação dificulta a seleção adequada dos genótipos para diferentes ambientes e pode resultar em uma estimativa exagerada dos ganhos genéticos, comprometendo o sucesso dos programas de melhoramento (SILVA; DUARTE, 2006; CRUZ et al., 2014).

O ambiente, que engloba as condições edafoclimáticas, as práticas culturais, a presença de patógenos e outros fatores que influenciam o desenvolvimento das plantas, desempenha um papel crucial. Em outras palavras, o ambiente inclui todos os fatores não relacionados à genética que afetam o crescimento das plantas (BOREM; MIRANDA, 2013).

A resposta dos genótipos às variações ambientais pode ser classificada como previsível ou imprevisível. A previsibilidade está relacionada aos fatores ambientais permanentes, como o clima, o tipo de solo e as práticas de cultivo estabelecidas pelo homem, como datas de plantio, densidade populacional, preparo do solo, entre outros. Por outro lado, a imprevisibilidade abrange variáveis do ambiente que não podem ser previstas, como a quantidade e a distribuição de chuvas, a temperatura e outros fatores climáticos, além do estresse biótico e abiótico (RAMALHO et al., 2012).

O fenótipo resultante é uma combinação da interação entre o genótipo e o ambiente. No entanto, quando diferentes ambientes são considerados, observa-se um efeito adicional além dos efeitos genéticos e ambientais, que é resultado da interação entre eles. Por essa razão, é de extrema importância avaliar essa interação para o sucesso do processo de melhoramento de plantas. As causas dessa interação são atribuídas a fatores fisiológicos e bioquímicos de cada genótipo, uma vez que seu desenvolvimento ocorre em sistemas sujeitos a grandes flutuações, levando a respostas diferenciais de acordo com as variações ambientais (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

O objetivo central de um programa de melhoramento é selecionar genótipos altamente produtivos e consistentes para uma ampla variedade de ambientes (MATHESON e RAYMOND, 1986). No entanto, essa tarefa desafiadora envolve a escolha adequada dos melhores indivíduos para serem os progenitores das próximas gerações, considerando a influência direta dos diversos fatores ambientais. Para mitigar os efeitos da interação genótipo-ambiente ( $G \times A$ ) na seleção de genótipos, existem pelo menos três opções viáveis: realizar o zoneamento ecológico, identificar genótipos específicos para cada ambiente e identificar genótipos com maior estabilidade (RAMALHO et al., 1993).

O conhecimento da interação  $G \times A$ , seja do tipo genótipos  $\times$  locais ou genótipos  $\times$  anos, é extremamente importante, pois direciona as estratégias de melhoramento e a recomendação de cultivares, além de ser um fator determinante para a estabilidade fenotípica dos genótipos em uma determinada região (SANTOS, 2009). Caracteres relacionados à tolerância à deficiência hídrica possuem herança quantitativa e são fortemente influenciados pelo ambiente (RIOSTERRA et al. 2013).

A interação  $G \times A$  pode ser classificada como simples ou complexa. A interação simples ocorre quando a diferença entre os genótipos não causa uma inversão na classificação desses indivíduos, o que não representa um problema significativo. Por outro lado, a interação complexa surge quando as cultivares apresentam comportamentos divergentes, não há correlação entre os genótipos, resultando em uma mudança no "ranqueamento" dos mesmos.

Essa interação complexa torna a seleção de genótipos com adaptação ampla mais desafiadora (MAIA et al., 2009). Ao considerar um número maior de ambientes e cultivares, a presença de interação complexa geralmente indica a existência de cultivares especialmente adaptadas a ambientes específicos (CARVALHO, 2015).

A interação  $G \times A$  é um fenômeno natural que faz parte da evolução das espécies, permitindo o surgimento de genótipos estáveis e adaptados a ambientes específicos, assim como de genótipos com comportamento geral adequado a diferentes ambientes (EBERHART e RUSSEL, 1966; LAVORANTI, 2003). No entanto, a análise simples da interação  $G \times E$  não fornece informações completas e precisas sobre o comportamento de cada genótipo diante das variações ambientais. As causas dessa interação podem ser atribuídas a fatores fisiológicos, adaptativos e relacionados à escala de medição das variáveis, entre outros (CRUZ e REGAZZI, 1994; CRUZ e CARNEIRO, 2003).

Dentro do contexto do melhoramento de plantas, os caracteres de interesse econômico frequentemente apresentam natureza quantitativa, tornando-os sensíveis a pequenas variações ambientais. Um exemplo é a produção volumétrica de madeira em espécies florestais, na qual variações ambientais mínimas podem causar modificações fenotípicas significativas (PATIÑO VALERA et al., 1988).

Quando a avaliação dos genótipos acontece em um único ambiente, a variabilidade genética pode ser erroneamente maximizada, uma vez que podem estar presentes componentes da interação  $G \times A$ . Essa interação pode influenciar a expressão fenotípica do caráter, reduzir a correlação entre fenótipo e genótipo, modificar a variabilidade genética e, conseqüentemente, afetar parâmetros dependentes, como herdabilidade e ganho genético esperado com a seleção (ROCHA e VELLO, 1999).

Ao avaliar os mesmos genótipos em diferentes ambientes, é comum observar um componente adicional que influencia o valor fenotípico, conhecido como interação entre efeitos genotípicos e ambientais. Essa interação quantifica o comportamento diferenciado dos genótipos diante das variações ambientais (RESENDE, 2002). A interação  $G \times A$  está relacionada à estabilidade e adaptabilidade dos materiais genéticos, levando em conta pequenas variações nos ambientes e a capacidade de resposta desses materiais a melhorias ambientais (RESENDE, 2005). Uma estratégia para lidar com os efeitos da interação  $G \times A$  é selecionar genótipos que sejam altamente produtivos, adaptáveis e estáveis (CRUZ e CARNEIRO, 2003). Para tanto, são realizadas análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica, que permitem identificar genótipos com comportamento previsível e responsivo às variações ambientais em condições específicas ou amplas (CRUZ e REGAZZI, 1994). Essas análises fornecem

informações detalhadas sobre o comportamento de cada genótipo diante das flutuações ambientais (MAIA et al., 2009).

A adaptabilidade é à capacidade dos genótipos de responder de forma vantajosa aos estímulos ambientais, enquanto a estabilidade diz respeito à capacidade desses genótipos de apresentar um comportamento altamente previsível diante dos estímulos ambientais (CRUZ et al., 2014).

Selecionar genótipos e populações com boa adaptabilidade e alta produtividade em diferentes ambientes é um dos principais objetivos do melhoramento de plantas. No entanto, a presença da interação genótipos x ambientes pode dificultar essa seleção, resultando em comportamentos variáveis dos materiais cultivados em diferentes condições ambientais (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2006).

Ao abordarmos os desafios relacionados ao plantio de eucalipto no Brasil, deparamo-nos com algumas contradições que surgem a partir de diferentes análises. No entanto, é importante ressaltar que essas análises muitas vezes não são diretamente comparáveis, pois consideram situações distintas em termos de clima, solo e manejo. Essas divergências podem resultar na recomendação de um mesmo clone para diferentes locais, ignorando as peculiaridades de cada ambiente. O impacto do ambiente na produtividade do eucalipto pode ser observado nas diferentes produtividades alcançadas em distintas regiões, em clima tropical, é comum obter uma maior produtividade em um período de tempo mais curto (MORA; GARCIA, 2000).

Há o risco de descartar um genótipo que não se adapte a um ambiente específico, mesmo que esse mesmo genótipo possa ser altamente produtivo em outro ambiente. Da mesma forma, recomendar um genótipo que apresente baixo desempenho em um ambiente particular pode gerar problemas, pois esse ambiente pode diferir das condições em que ocorreu a seleção do genótipo em questão (SQUILASSI, 2003).

Diante dessa complexidade, torna-se crucial avaliar os clones em diversos locais de plantio para analisar sua interação com os diferentes ambientes. Essas avaliações permitem uma recomendação mais eficiente dos clones, aproveitando, sempre que possível, a interação entre genótipos e ambientes. No entanto, é importante ressaltar que, mesmo com uma avaliação abrangente das cultivares antes do plantio em escala comercial, não é possível prever com precisão o comportamento dessas cultivares em futuros plantios. Isso se deve à imprevisibilidade dos componentes ambientais, que afetam a interação entre a cultivar e as condições futuras de plantio (SQUILASSI, 2003).

Apesar das dúvidas em relação às condições ambientais futuras, o conhecimento das interações entre genótipos e ambientes, assim como sua relação com o fenótipo em diferentes contextos, auxilia na tomada de decisões mais acertadas em relação à seleção de clones em ambientes heterogêneos. Quando a expressão fenotípica de um genótipo é fortemente influenciada pelo ambiente, as estimativas de herdabilidade tendem a ser baixas e variáveis, dependendo das variações ambientais. Portanto, o entendimento das relações entre genótipos e fenótipos em diferentes ambientes contribui para previsões mais precisas em espécies com habitats heterogêneos, seja em termos espaciais ou temporais (SQUILASSI, 2003).

No desenvolvimento de um programa de melhoramento genético em uma empresa do setor florestal, é importante estabelecer uma área de abrangência baseada nas regiões onde ocorrem os plantios comerciais da empresa, considerando fatores geográficos, edáficos, climáticos, tecnológicos e comerciais. Dessa forma, o programa pode definir sua área de atuação de acordo com suas possibilidades e objetivos, utilizando a avaliação da interação entre genótipos e ambientes para recomendar o genótipo mais adequado para cada contexto, maximizando seu desempenho e proporcionando maiores retornos para a empresa (CHAVES, 2001). Considerando que os recursos técnicos e financeiros são limitados, não é viável realizar experimentos (testes de progênies e testes clonais) em todas as propriedades e talhões da empresa. Assim, o conhecimento da interação entre genótipos e ambientes pode ser utilizado para estratificar as áreas da empresa, identificando regiões mais homogêneas onde a interação não seja tão significativa.

No melhoramento genético, obter informações sobre a capacidade dos genótipos de responder a estímulos externos e de se manter estáveis diante de diferentes alterações ambientais é de suma importância, pois esses fatores têm um impacto direto na recomendação de novas variedades. Geralmente, a seleção de genótipos que apresentam estabilidade considerável em relação a um determinado caráter recebe atenção especial, ao mesmo tempo em que se busca identificar variedades com desempenho superior em ambientes específicos (CARVALHO, 2015).

Um aspecto importante da interação genótipos x ambientes, muitas vezes negligenciado pelos melhoristas, é a competição entre plantas do mesmo genótipo (clone). Além disso, é essencial considerar a maximização da resposta aos fatores ou insumos controláveis (adaptabilidade) e a minimização da resposta aos fatores incontroláveis (estabilidade) (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2006).

A seleção adequada de genótipos para o plantio em diferentes ambientes, ou locais de cultivo, é uma etapa crucial para o sucesso de um programa de silvicultura clonal em escala

comercial (SANTOS et al., 2012). Essa seleção requer uma análise cuidadosa das características dos genótipos em relação às demandas específicas de cada ambiente, levando em consideração fatores como clima, solo e manejo. Garantir a escolha correta dos genótipos é fundamental para obter resultados satisfatórios e maximizar a produtividade no plantio clonal em larga escala.

### **3.5 Adaptabilidade e estabilidade**

A seleção e avaliação de variedades ou progênies desempenham um papel crucial nos programas de melhoramento, visando identificar e recomendar materiais genéticos de excelência. Os testes são conduzidos em diferentes condições climáticas, de solo e de manejo, com o objetivo de determinar a produtividade, adaptabilidade e estabilidade das progênies em face da diversidade ambiental. É essencial adotar metodologias apropriadas para a seleção, a fim de proporcionar recomendações otimizadas (PINTO JUNIOR et al., 2006; SCAPIM et al., 2010).

A adaptabilidade de uma cultivar está associada à sua capacidade de aproveitar vantajosamente as variações do ambiente. Já a estabilidade diz respeito à consistência do seu desempenho, mesmo diante das flutuações ambientais (BOREM; MIRANDA, 2013).

A capacidade de um genótipo exibir um desempenho consistente, independentemente das variações na qualidade ambiental, refere-se a sua estabilidade. Destarte, as respostas distintas dos genótipos às diversas condições do ambiente destacam a importância desses estudos, que se tornam uma das principais estratégias nos programas de melhoramento florestal, visando à obtenção de alta produtividade e qualidade dos materiais genéticos em diferentes ambientes (LAVORANTI, 2003). A avaliação da estabilidade considera como os genótipos se comportam diante das variações ambientais, sejam elas relacionadas a diferentes locais, anos de cultivo ou outros fatores (RAMALHO et al., 2012a).

Apesar de estarem relacionadas, adaptabilidade e estabilidade não devem ser consideradas como um único fenômeno (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992). A adaptabilidade do material genético refere-se à capacidade do indivíduo de sobreviver, crescer e se reproduzir nas condições ambientais do local de introdução, sendo um ponto fundamental nos estudos de melhoramento genético de plantas. A eficiência dos indivíduos em adaptar-se depende de diversas influências bióticas e interações edafoclimáticas (LOPEZ e FORNÉS, 1997).

É fundamental que uma cultivar apresente alta produtividade em diferentes condições ambientais, e essa superioridade deve ser consistente, ou seja, estável. Embora haja concordância entre os melhoristas quanto à importância da estabilidade para garantir uma alta

produtividade, existem divergências em relação à definição mais apropriada de estabilidade e aos métodos para quantificá-la (BOREM; MIRANDA, 2013).

Uma cultivar considerada estável ou bem adaptada é aquela capaz de ajustar seu comportamento fenotípico para alcançar altos níveis de produtividade e estabilidade em um local e ano específicos. Essa estabilidade na produção pode ser alcançada de duas maneiras, escapando da interação genótipos x ambientes. Uma delas é a cultivar ser composta por diversos genótipos adaptados a diferentes ambientes, enquanto a outra é cada indivíduo da população ser bem adaptado, ou seja, todos os membros da população são bem adaptados em vários ambientes (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2006).

Existem diversas metodologias para análise da adaptabilidade e estabilidade, utilizadas para avaliar grupos de materiais genéticos testados em ambientes diferentes. Todas essas metodologias são baseadas na presença de interações, e variam nos conceitos de estabilidade adotados em sua metodologia estatística. A escolha da metodologia de análise depende dos dados experimentais, incluindo o número de ambientes analisados, a precisão desejada e o tipo de informação requerida. É importante destacar que alguns métodos são alternativos, enquanto outros podem ser complementares, podendo ser utilizados de forma combinada (CRUZ, 2012).

A interação genótipos x ambientes tem grande importância no contexto do melhoramento, mas não fornecem informações detalhadas sobre o comportamento de cada genótipo diante das variações ambientais. Por isso, realizam-se análises de adaptabilidade e estabilidade, as quais permitem identificar cultivares com alta previsibilidade e responsividade às variações ambientais, tanto em condições específicas quanto em ambientes mais amplos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

Diferentes métodos têm sido propostos para avaliar a estabilidade e adaptabilidade de genótipos. Annicchiarico (1992) e Lin e Binns (1988) desenvolveram métodos que combinam medidas de estabilidade e adaptabilidade em uma única estatística, sendo amplamente enfatizados e recomendados por Cruz e Carneiro (2003).

Um dos métodos utilizados é o procedimento BLUP (Melhores Predições Lineares Não Viesadas) com médias harmônicas, mencionado por Resende (2002), que permite classificar os genótipos considerando simultaneamente seus valores genéticos (produtividade) e estabilidade. Nesse método, os dados são transformados em sua recíproca ( $1/y$ ), representando a média harmônica (H) dos valores genéticos. Quanto menor for a variação genotípica entre os locais, maior será a média harmônica dos valores genéticos, possibilitando a seleção de genótipos com altos valores de produtividade e estabilidade. Além disso, essa abordagem também leva em consideração a instabilidade dentro dos locais.

Resende (2004) ressalta que um modelo univariado que considera todos os locais simultaneamente é adequado para a seleção com foco na produtividade média em todos os ambientes. No entanto, um modelo mais abrangente pode fornecer informações adicionais, permitindo a seleção de genótipos específicos para cada local, a escolha de genótipos estáveis em diferentes locais, a identificação de genótipos responsivos (com alta adaptabilidade) à melhoria do ambiente e a seleção considerando os três atributos (produtividade, estabilidade e adaptabilidade) de forma simultânea. Para isso, o método da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) tem se mostrado vantajoso em relação a outros métodos, como mencionado por Sturion e Resende (2005). Esse método leva em conta a aleatoriedade dos efeitos genotípicos, lida com a heterogeneidade de variâncias, trabalha com dados não balanceados, lida com delineamentos não ortogonais, considera a correlação dos erros dentro dos locais e fornece valores genéticos já ajustados para a instabilidade. Além disso, os resultados são expressos na mesma escala do caráter avaliado.

Estudos realizados com espécies perenes, como mencionados por Pinto Junior et al. (2006), Maia et al. (2009) e Verardi et al. (2009), têm demonstrado que a metodologia MHPRVG é vantajosa, pois permite uma seleção otimizada, considerando a informação das progênies e dos indivíduos, e levando em conta a adaptabilidade, estabilidade e produtividade média das progênies.

É importante ressaltar que a detecção de interação entre genótipos e ambientes nem sempre indica diferenças na adaptabilidade. Em alguns casos, a interação pode ser resultado de inadequações do modelo estatístico adotado na análise dos dados. Por exemplo, a presença de uma interação significativa pode ocorrer quando o efeito ambiental sobre o tratamento genético ocorre de forma multiplicativa, em vez de aditiva, como preconizado pelo modelo. Essas situações destacam a importância de testar a aditividade do modelo (RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2012).

## 4. MATERIAL E MÉTODOS

### 4.1 Seleção dos materiais genéticos

Os materiais genéticos avaliados neste estudo foram oriundos do Projeto Tolerância à Seca®, resultado de cruzamentos controlados entre clones comerciais e espécies puras com características desejáveis para ambientes de restrição hídrica. A seleção envolveu 260 progênies de irmãos completos, conduzidas com o objetivo de gerar variabilidade genética e identificar indivíduos com elevado potencial produtivo e tolerância ao déficit hídrico. O Projeto Tolerância à Seca® surgiu a partir de uma demanda coletiva de empresas do setor florestal brasileiro, com foco no desenvolvimento de materiais genéticos superiores quanto à produtividade e sobrevivência em condições ambientais adversas. Para tanto, foi estabelecida uma matriz de cruzamentos controlados com os clones cedidos pelas empresas participantes do projeto, a saber: Aperam; ArcelorMittal; Bracell; Cenibra; CMPC Celulose Riograndense; Duratex; Eldorado Papel e Celulose; Frondosa Participações; Gerdau; International Paper; Klabin; Minasligas; Suzano; Vallourec; Veracel. Devido ao expressivo número de empresas envolvidas no projeto cooperativo, os materiais genéticos cedidos, com potencial de tolerância à seca, propiciaram uma grande variabilidade e representatividade de genótipos envolvidos nos cruzamentos controlados. No total, nove espécies do gênero *Eucalyptus* estiveram presentes nos cruzamentos realizados, sendo as sete espécies citadas abaixo, além de *E. grandis* e *E. urophylla*. (Tabela 1).

Além dos clones oriundos das empresas, foram selecionadas sete espécies puras de ocorrência natural em áreas de acentuada deficiência hídrica na Austrália, para participarem dos cruzamentos como doadoras de pólen. As espécies foram: *E. argophloia*; *E. brassiana*; *E. camaldulensis*; *E. longirostrata*; *E. pellita*; *E. resinífera*; *E. tereticornis*. Dessas espécies foi utilizado um pólen mix com pelo menos seis genótipos elite de cada espécie.

Tabela 1 - Clones selecionados para os cruzamentos controlados e as espécies que compõem cada um deles.

<b>Clones</b>	<b>Espécies</b>
AEC2034	<i>E. urophylla</i> x ( <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i> )
AEC2197	<i>E. urophylla</i> x ( <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i> )
AEC3000	<i>E. camaldulensis</i>
CNB016	<i>E. urophylla</i> (híbrido espontâneo)
CO1275	<i>E. urophylla</i> (híbrido espontâneo)
CO1277	<i>E. grandis</i> x <i>E. Camaldulensis</i>
CO1445	<i>E. urophylla</i> x <i>E. camaldulensis</i>
LR 830	<i>E. longirostrata</i>
LR 831	<i>E. longirostrata</i>
G03030	<i>E. longirostrata</i>
GG0682	<i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>
GG0918	<i>E. camaldulensis</i>
GG0927	<i>E. camaldulensis</i>
GG1883	<i>E. urophylla</i>
GG2034	<i>E. grandis</i> (híbrido espontâneo)
GG2759	<i>E. urophylla</i>
GG3389	<i>E. urophylla</i> (híbrido espontâneo)

GG3633	<i>E. camaldulensis</i>
GG4302	<i>E. brassiana</i>
GG4304	<i>E. urophylla</i> x <i>E. tereticornis</i>
GG4383	( <i>E. grandis</i> x <i>E. brassiana</i> ) x <i>E. pellita</i>
GG4386	<i>E. pellita</i> x <i>E. brassiana</i>
VCC1006	<i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>
VCC2880	<i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>
VM1	<i>E. urophylla</i> x <i>E. camaldulensis</i>
VM4	<i>E. urophylla</i> (híbrido espontâneo)
VM7	<i>E. urophylla</i> (híbrido espontâneo)
VS02	<i>E. camaldulensis</i>
VS62	<i>E. camaldulensis</i>
VT04	<i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>

---

Fonte: Dados do projeto.

#### 4.2 Polinizações controladas

As polinizações controladas deste estudo foram realizadas a partir de matrizes propagadas via enxertia por garfagem em fenda cheia. Após o pegamento, as plantas foram submetidas a tratos culturais específicos, com foco em adubações balanceadas e podas sistemáticas, com o objetivo de formar copas amplas e de baixa altura, facilitando o manejo e antecipando o florescimento. Os propágulos utilizados foram coletados em campo, acondicionados em embalagens vedadas, transportados ao viveiro e enxertados em porta-enxertos a aproximadamente 10 cm do solo, conforme

metodologia descrita por Xavier et al. (2013). A interface de enxertia foi protegida com filme plástico parafinado (Parafilm M®), com o intuito de manter a umidade, evitar infecções e favorecer a cicatrização cambial.

Com o desenvolvimento das copas, e ao atingirem diâmetros superiores a um metro, aplicou-se o regulador de crescimento paclobutrazol (PBZ), um composto pertencente à classe dos triazóis, conhecido por inibir a ação das giberelinas e modular o crescimento das plantas (Soumya et al., 2017; Hasan & Reid, 1995). Tal ação contribui para a redução do porte e indução de florescimento em menor tempo, encurtando o ciclo de seleção. Segundo Kishore et al. (2015), essa substância atua como antagonista hormonal, retardando a elongação celular e promovendo alterações fisiológicas que favorecem a expressão reprodutiva. O uso conjunto da enxertia, do manejo cultural e da aplicação do PBZ resultou em florescimento precoce, observado a partir do 12º mês após a enxertia (Gardner et al., 2016).

O pólen utilizado nos cruzamentos foi coletado pelas empresas parceiras do projeto e mantido sob congelamento (-17 °C) nas instalações da Universidade Federal de Viçosa até o momento da polinização. As fecundações foram conduzidas com a técnica da Protoginia Artificialmente Induzida (PAI), descrita por Assis et al. (2005), que consiste em remover o opérculo floral no estágio pré-antético, expondo o estigma e aplicando o pólen de forma controlada, assegurando a efetividade da hibridação.

Os genitores selecionados foram combinados com base em uma matriz de cruzamentos previamente definida pelo projeto (Tabela 3), totalizando 260 cruzamentos híbridos. Para cada combinação, foram realizadas cerca de 240 polinizações manuais, visando a obtenção de, no mínimo, 300 mudas viáveis por família. Essa densidade permitiu o plantio de 100 indivíduos por família em cada um dos três locais definidos para os testes de campo.

Os cruzamentos foram realizados tanto no pomar indoor do Viveiro de Pesquisas do Departamento de Engenharia Florestal da UFV quanto em instalações das empresas participantes. O pomar localizado na UFV situa-se a 652 metros de altitude, em região classificada como Cwb segundo Köppen, com clima subtropical úmido, temperatura média anual de 22,31 °C, médias mensais variando de 16,4 °C (mínimas) a 28,2 °C (máximas), precipitação média de 1.185 mm e umidade relativa do ar em torno de 80%.

Após o período de maturação, as sementes foram coletadas, beneficiadas e armazenadas na UFV até o momento da semeadura. As progênies obtidas na primeira safra de cruzamentos (2017/2018) encontram-se listadas na Tabela 4.

Tabela 2 - Matriz de cruzamentos em semi-dialeto, representando todos os cruzamentos entre clones e entre clones e espécies.

Mãe / Pai	Entre Clones																				Com espécies																				
	GG 0682	GG 0918	GG 0927	GG 1883	GG 2034	GG 2759	GG 3389	GG 3633	GG 4302	GG 4304	GG 4383	GG 4386	AEC 2034	AEC 2197	AEC 3000	CO 1275	CO 1277	CO 1445	GO 3083	LR 830	LR 831	VM 01	VM 04	VM 07	VCC 1006	VCC 2880	VS 02	VS 62	CNB 016	VT 04	<i>E. long.</i> <sub>1</sub>	<i>E. camal.</i> <sub>2</sub>	<i>E. pellita</i> <sub>3</sub>	<i>E. bras.</i> <sub>4</sub>	<i>E. resinif.</i> <sub>5</sub>	<i>E. teret.</i> <sub>6</sub>	<i>E. argop.</i> <sub>7</sub>				
GG0682	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
GG0918		x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
GG0927			x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
GG1883				x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
GG2034					x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
GG2759						x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
GG3389							x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
GG3633								x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
GG4302									x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
GG4304										x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
GG4383											x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
GG4386												x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
AEC2034													x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
AEC2197														x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
AEC3000															x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
CO1275																x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
CO1277																	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
CO1445																		x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
GO3083																			x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
LR00830																				x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
LR00831																					x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
VM01																						x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
VM04																							x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
VM07																								x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
VCC1006																										x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x
VCC2880																											x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x
VS02																												x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x
VS62																													x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x
CNB016																															x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x
VT04																																x	x	x	x	x	x	x	x	x	x

Onde: 1. *E. Longirostrata*; 2. *E. Camaldulensis*; 3. *E. Pellita*; 4. *E. Brassiana*; 5. *E. Resinifera*; 6. *E. Tereticornis*; 7. *E. Argophloia*.

Tabela 3 - Progenies obtidas dos cruzamentos controlados.

Progenies		
AEC2034xAEC2197	GG3389xAEC2034	GG0682xVS62
AEC2034xCAM	GG3389xAEC2197	GG0682xVT04
AEC2034xCNB016	GG3389xBRA	GG0682xVT04
AEC2034xAEC3000	GG3389xCNB016	GG0918xAEC2034
AEC2034xLON	GG3389xGG3633	GG0918xAEC2197
AEC2034xLR830	GG3389xGG4302	GG0918xBRA
AEC2034xLR831	GG3389xGG4304	GG0918xCNB016
AEC2034xRES	GG3389xGG4383	GG0918xGG2759
AEC2034xTER	GG3389xGG4386	GG0918xGG4302
AEC2034xVCC2880	GG3389xAEC3000	GG0918xGG4304
AEC2034xVM1	GG3389xPEL	GG0918xGG4383
AEC2197xAEC3000	GG3389xTER	GG0918xGG4386
AEC2197xLR830	GG3389xVCC2880	GG0918xGG0918
AEC2197xLR831	GG3389xVM1	GG0918xGG927
AEC2197xVCC1006	GG3389xVM4	GG0918xAEC3000
AEC2197xVM1	GG3389xVM7	GG0918xPEL
AEC2197xVM4	GG3389xVS02	GG0918xTER
AEC2197xVT04	GG3389xVS62	GG0918xVCC1006
CNB016xBRA	GG3389xVT04	GG0918xVCC2880
CNB016xCAM	GG3633xAEC2034	GG0918xVM7
CNB016xCNB016	GG3633xAEC2197	GG0918xVM1
CNB016xPEL	GG3633xBRA	GG0918xVM4
CNB016xTER	GG3633xCNB016	GG0918xVS02
CNB016xVT04	GG3633xGG3633	GG0918xVS62
GG1883xAEC2034	GG3633xGG4302	GG0918xVT04
GG1883xBRA	GG3633xGG4304	AEC3000xVS02
GG1883xCNB016	GG3633xAEC3000	AEC3000xVS62
GG1883xGG1883	GG3633xPEL	AEC3000xCNB016
GG1883xGG2034	GG3633xTER	AEC3000xRES
GG1883xGG2759	GG3633xVM1	AEC3000xTER
GG1883xGG3389	GG3633xVM4	AEC3000xVCC1006
GG1883xGG3633	GG3633xVM7	AEC3000xVM1
GG1883xGG4302	GG3633xVS02	AEC3000xVM4
GG1883xGG4304	GG3633xVS62	AEC3000xVS02
GG1883xGG4383	GG3633xVT04	AEC3000xVS62
GG1883xGG4386	GG4302xAEC2034	AEC3000xVT04
GG1883xAEC3000	GG4302xAEC2197	VM1xBRA
GG1883xPEL	GG4302xGG4302	VM1xCAM
GG1883xTER	GG4302xGG4304	VM1xCNB016
GG1883xVCC1006	GG4302xGG4383	VM1xLON
GG1883xVCC2880	GG4302xGG4386	VM1xPEL
GG1883xVM1	GG4304xAEC2034	VM1xRES

(Continua)

(Continuação)

<b>Progênie</b>		
GG1883xVM4	GG4304xAEC2197	VM1xTER
GG1883xVM7	GG4304xGG4304	VM1xVCC1006
GG1883xVS02	GG4304xGG4383	VM1xVCC2880
GG1883xVT04	GG4304xAEC3000	VM1xVM4
GG2034xAEC2197	GG4304xVM4	VM1xVS02
GG2034xCNB016	GG4304xVT04	VM1xVT04
GG2034xGG2034	GG4383xAEC2034	VM4xBRA
GG2034xGG2759	GG4383xAEC2197	VM4xCAM
GG2034xGG3389	GG4383xGG4383	VM4xCNB016
GG2034xGG4302	GG4383xGG4386	VM4xLON
GG2034xGG4304	GG4383xAEC3000	VM4xPEL
GG2034xGG4383	GG4383xVT04	VM4xRES
GG2034xGG4386	GG4386xAEC2034	VM4xTER
GG2034xPEL	GG0682xAEC2034	VM4xVCC1006
GG2034xTER	GG0682xAEC3000	VM4xVCC2880
GG2034xVM07	GG0682xBRA	VM4xVM7
GG2034xVM1	GG0682xCAM	VM4xVS02
GG2034xVM4	GG0682xCNB016	VM4xVT04
GG2034xVS02	GG0682xGG2034	VM7xCAM
GG2034xVS62	GG0682xGG2759	VM7xCNB016
GG2034xVT04	GG0682xGG3389	VM7xLON
GG2034xVT04	GG0682xGG4302	VM7xPEL
GG2759xAEC2034	GG0682xGG4304	VM7xTER
GG2759xAEC2197	GG0682xGG4383	VM7xVCC1006
GG2759xBRA	GG0682xGG4386	VM7xVCC2880
GG2759xCAM	GG0682xGG0682	VM7xVM4
GG2759xCNB016	GG0682xGG0918	VM7xVM7
GG2759xGG2759	GG0682xGG927	VM7xVS02
GG2759xGG3389	GG0682xAEC3000	VM7xVS62
GG2759xGG4302	GG0682xPEL	VM7xVT04
GG2759xGG4304	GG0682xTER	VT04xVT04
GG2759xGG4383	GG0682xVCC1006	GG2759xVT04
GG2759xGG4386	GG0682xVCC2880	GG0682xVS02
GG2759xVS02	GG0682xVM1	GG0682xVM4
GG2759xVS62		

Fonte: Dados do projeto

Tabela 4 - Lista dos cruzamentos híbridos avaliados e as espécies que compõem a família.

<b>CRUZAMENTO</b>	<b>ESPÉCIES</b>
VM7xVT4	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
VM4xVT4	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
VM4xVS2	<i>(E. urophylla HE) x (E. camaldulensis)</i>
CNB16xBRA	<i>(E. urophylla HE) x (E. brassiana)</i>
CNB16xVT4	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
CNB16xPEL	<i>(E. urophylla HE) x (E. pellita)</i>
CNB16xCNB16	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla HE)</i>
CNB16xTER	<i>(E. urophylla HE) x (E. tereticornis)</i>
CNB16xCAM	<i>(E. urophylla HE) x (E. camaldulensis)</i>
VT4xVT4	<i>(E. urophylla x E. grandis) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
I3000xTER	<i>(E. camaldulensis) x (E. tereticornis)</i>
I3000xVCC1006	<i>(E. camaldulensis) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
AEC1528	<i>Testemunha (E. grandis x E. urophylla)</i>
I3000xVT4	<i>(E. camaldulensis) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
I3000xRES	<i>(E. camaldulensis) x (E. resinifera)</i>
I3000xCL62	<i>(E. camaldulensis) x (E. camaldulensis)</i>
I3000xVM1	<i>(E. camaldulensis) x (E. urophylla x E. camaldulensis)</i>
I3000xCNB16	<i>(E. camaldulensis) x (E. urophylla HE)</i>
I3000xCL2	<i>(E. camaldulensis) x (E. camaldulensis)</i>
I3000xVT4	<i>(E. camaldulensis) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
GG918xPEL	<i>(E. camaldulensis) x (E. pellita)</i>
GG918xBRA	<i>(E. camaldulensis) x (E. brassiana)</i>
GG682xCAM	<i>(E. urophylla x E. grandis) x (E. camaldulensis)</i>
GG1883xTER	<i>(E. urophylla) x (E. tereticornis)</i>

(Continua)

(Continuação)

<b>CRUZAMENTO</b>	<b>ESPÉCIES</b>
GG1883xBRA	<i>(E. urophylla) x (E. brassiana)</i>
GG3389xPEL	<i>(E. urophylla HE) x (E. pellita)</i>
GG2034xTER	<i>(E. grandis HE) x (E. tereticornis)</i>
GG918xPEL	<i>(E. camaldulensis) x (E. pellita)</i>
GG682xTER	<i>(E. urophylla x E. grandis) x (E. tereticornis)</i>
GG3633xPEL	<i>(E. camaldulensis) x (E. pellita)</i>
GG3389xTER	<i>(E. urophylla HE) x (E. tereticornis)</i>
GG682xPEL	<i>(E. urophylla x E. grandis) x (E. pellita)</i>
GG918xI3000	<i>(E. camaldulensis) x (E. camaldulensis)</i>
GG3633xBRA	<i>(E. camaldulensis) x (E. brassiana)</i>
GG1883xPEL	<i>(E. urophylla) x (E. pellita)</i>
GG3633xTER	<i>(E. camaldulensis) x (E. tereticornis)</i>
GG3389xBRA	<i>(E. urophylla HE) x (E. brassiana)</i>
AEC2197xLR830	<i>(E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis)) x (E. longirostrata)</i>
AEC2197xI3000	<i>(E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis)) x (E. camaldulensis)</i>
AEC2197xVM1	<i>(E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis)) x (E. urophylla x E. camaldulensis)</i>
AEC2197xLR831	<i>(E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis)) x (E. longirostrata)</i>
AEC2197xVM4	<i>(E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis)) x (E. urophylla HE)</i>
AEC2197xVT4	<i>(E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis)) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
GG1980	<i>Testemunha (E. urophylla)</i>
GG918xAEC2197	<i>(E. camaldulensis) x (E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis))</i>
GG2759xGG4386	<i>(E. urophylla) x (E. pellita x E. brassiana)</i>
GG682xVCC1006	<i>(E. urophylla x E. grandis) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
GG1883xI3000	<i>(E. urophylla) x (E. camaldulensis)</i>

(Continua)

(Continuação)

<b>CRUZAMENTO</b>	<b>ESPÉCIES</b>
GG3389xGG4386	<i>(E. urophylla HE) x (E. pellita x E. brassiana)</i>
GG4302xAEC2034	<i>(E. brassiana) x (E. grandis HE)</i>
GG4383xVT4	<i>((E. grandis x E. brassiana) x E. pellita) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
GG918xVT4	<i>(E. camaldulensis) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
GG4304xAEC2197	<i>(E. urophylla x E. tereticornis) x (E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis))</i>
GG1883xVCC2880	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
GG4304xI3000	<i>(E. urophylla x E. tereticornis) x (E. camaldulensis)</i>
I3000xVM4	<i>(E. camaldulensis) x (E. urophylla HE)</i>
GG1883xGG1883	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla)</i>
GG918xGG4386	<i>(E. camaldulensis) x (E. pellita x E. brassiana)</i>
GG3633xGG4304	<i>(E. camaldulensis) x (E. urophylla x E. tereticornis)</i>
GG3633xGG3633	<i>(E. camaldulensis) x (E. camaldulensis)</i>
GG1883xGG3389	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla HE)</i>
GG3389xVM7	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla HE)</i>
GG1883xVM4	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla HE)</i>
GG3389xI3000	<i>(E. urophylla HE) x (E. camaldulensis)</i>
GG918xI3000	<i>(E. camaldulensis) x (E. camaldulensis)</i>
GG1883xGG3633	<i>(E. urophylla) x (E. camaldulensis)</i>
GG3389xGG3633	<i>(E. urophylla HE) x (E. camaldulensis)</i>
GG4304xGG4383	<i>(E. urophylla x E. tereticornis) x ((E. grandis x E. brassiana) x E. pellita)</i>
GG4383xAEC2197	<i>((E. grandis x E. brassiana) x E. pellita) x (E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis))</i>
GG4304xVM4	<i>(E. urophylla x E. tereticornis) x (E. urophylla HE)</i>
GG3633xVT4	<i>(E. camaldulensis) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
GG3633xAEC2034	<i>(E. camaldulensis) x (E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis))</i>

(Continua)

(Continuação)

<b>CRUZAMENTO</b>	<b>ESPÉCIES</b>
GG3633xGG4302	<i>(E. camaldulensis) x (E. brassiana)</i>
GG4383xI3000	<i>((E. grandis x E. brassiana) x E. pellita) x (E. camaldulensis)</i>
GG1883xGG2759	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla)</i>
GG1883xGG4302	<i>(E. urophylla) x (E. brassiana)</i>
GG1883xVM7	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla HE)</i>
GG1883xGG2034	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis))</i>
GG1883xGG4304	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla x E. tereticornis)</i>
GG4383xAEC2034	<i>((E. grandis x E. brassiana) x E. pellita) x (E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis))</i>
GG3633xGG3633	<i>(E. camaldulensis) x (E. camaldulensis)</i>
GG918xVCC2880	<i>(E. camaldulensis) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
GG1883xVT4	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
GG3633xGG3633	<i>(E. camaldulensis) x (E. camaldulensis)</i>
GG1883xAEC2034	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis))</i>
GG3389xVM4	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla HE)</i>
GG4383xI3000	<i>((E. grandis x E. brassiana) x E. pellita) x (E. camaldulensis)</i>
GG1883xCNB16	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla HE)</i>
VM4xPEL	<i>(E. urophylla HE) x (E. pellita)</i>
GG4383xGG4383	<i>((E. grandis x E. brassiana) x E. pellita) x ((E. grandis x E. brassiana) x E. pellita)</i>
GG918xGG4383	<i>(E. camaldulensis) x ((E. grandis x E. brassiana) x E. pellita)</i>
GG918xCNB16	<i>(E. camaldulensis) x (E. urophylla HE)</i>
VM4xVS02	<i>(E. urophylla HE) x (E. camaldulensis)</i>
GG3633xVM1	<i>(E. camaldulensis) x (E. urophylla x E. camaldulensis)</i>
GG1883xVS2	<i>(E. urophylla) x (E. camaldulensis)</i>
GG918xVCC1006	<i>(E. camaldulensis) x (E. urophylla x E. grandis)</i>

(Continua)

(Continuação)

<b>CRUZAMENTO</b>	<b>ESPÉCIES</b>
GG1883xGG4383	<i>(E. urophylla) x ((E. grandis x E. brassiana) x E. pellita)</i>
GG4302xGG4302	<i>(E. brassiana) x (E. brassiana)</i>
GG1883xPEL	<i>(E. urophylla) x (E. pellita)</i>
GG918xVCC1006	<i>(E. camaldulensis) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
GG3633xGG3633	<i>(E. camaldulensis) x (E. camaldulensis)</i>
GG3633xCNB16	<i>(E. camaldulensis) x (E. urophylla HE)</i>
GG918xVM1	<i>(E. camaldulensis) x (E. urophylla x E. camaldulensis)</i>
GG1883xVM1	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla x E. camaldulensis)</i>
GG3389xGG3633	<i>(E. urophylla HE) x (E. camaldulensis)</i>
GG3633xVM4	<i>(E. camaldulensis) x (E. urophylla HE)</i>
GG4386xAEC2034	<i>(E. pellita x E. brassiana) x (E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis))</i>
GG1883xVCC1006	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
GG4302xGG4304	<i>(E. brassiana) x (E. urophylla x E. tereticornis)</i>
GG1883xGG4386	<i>(E. urophylla) x (E. pellita x E. brassiana)</i>
AEC2034xVCC2880	<i>(E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis)) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
GG3633xVS62	<i>(E. camaldulensis) x (E. camaldulensis)</i>
GG4302xGG4383	<i>(E. brassiana) x ((E. grandis x E. brassiana) x E. pellita)</i>
GG4302xAEC2197	<i>(E. brassiana) x (E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis))</i>
GG4383xGG4386	<i>((E. grandis x E. brassiana) x E. pellita) x (E. pellita x E. brassiana)</i>
GG3633xVM7	<i>(E. camaldulensis) x (E. urophylla HE)</i>
GG4302xGG4386	<i>(E. brassiana) x (E. pellita x E. brassiana)</i>
AEC2034xLR831	<i>(E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis)) x (E. longirostrata)</i>
AEC2034xI3000	<i>(E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis)) x (E. camaldulensis)</i>
AEC2034xVM1	<i>(E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis)) x (E. urophylla x E. camaldulensis)</i>

(Continua)

(Continuação)

<b>CRUZAMENTO</b>	<b>ESPÉCIES</b>
GG2034xPEL	<i>(E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis)) x (E. pellita)</i>
AEC2034xLON	<i>(E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis)) x (E. longirostrata)</i>
AEC2034xLR830	<i>(E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis)) x (E. longirostrata)</i>
AEC2034xAEC2197	<i>(E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis)) x (E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis))</i>
AEC2034xRES	<i>(E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis)) x (E. resinifera)</i>
GG4304xVM1	<i>(E. urophylla x E. tereticornis) x (E. urophylla x E. camaldulensis)</i>
AEC2034xCAM	<i>(E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis)) x (E. camaldulensis)</i>
AEC2034xTER	<i>(E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis)) x (E. tereticornis)</i>
GG2759xGG4304	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla x E. tereticornis)</i>
GG2034xAEC2197	<i>(E. grandis HE) x (E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis))</i>
GG2034xGG2759	<i>(E. grandis HE) x (E. urophylla)</i>
GG2759xGG4302	<i>(E. urophylla) x (E. brassiana)</i>
GG3389xGG4304	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla x E. tereticornis)</i>
GG682xGG3389	<i>(E. urophylla x E. grandis) x (E. urophylla HE)</i>
GG682xVS62	<i>(E. urophylla x E. grandis) x (E. camaldulensis)</i>
GG918xVS62	<i>(E. camaldulensis) x (E. camaldulensis)</i>
GG3389xAEC2034	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis))</i>
GG1923	<i>Testemunha (E. urophylla)</i>
GG3389xVS62	<i>(E. urophylla HE) x (E. camaldulensis)</i>
GG2034xCNB16	<i>(E. grandis HE) x (E. urophylla HE)</i>
GG918xGG918	<i>(E. camaldulensis) x (E. camaldulensis)</i>
GG3389xGG4302	<i>(E. urophylla HE) x (E. brassiana)</i>
GG2759xAEC2034	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis))</i>

(Continua)

(Continuação)

<b>CRUZAMENTO</b>	<b>ESPÉCIES</b>
GG2759xCNB16	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla HE)</i>
GG2759xGG4383	<i>(E. urophylla) x ((E. grandis x E. brassiana) x E. pellita)</i>
GG2759xGG2759	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla)</i>
GG682xGG2759	<i>(E. urophylla x E. grandis) x (E. urophylla)</i>
GG2034xVS02	<i>(E. grandis HE) x (E. camaldulensis)</i>
GG682xGG4302	<i>(E. urophylla x E. grandis) x (E. brassiana)</i>
GG2034xVT04	<i>(E. grandis HE) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
GG2034xVS62	<i>(E. grandis HE) x (E. camaldulensis)</i>
GG3389xGG4383	<i>(E. urophylla HE) x ((E. grandis x E. brassiana) x E. pellita)</i>
VM1xVCC2880	<i>(E. urophylla x E. camaldulensis) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
VM4xLON	<i>(E. urophylla HE) x (E. longirostrata)</i>
GG682xGG4304	<i>(E. urophylla x E. grandis) x (E. urophylla x E. tereticornis)</i>
GG682xGG682	<i>(E. urophylla x E. grandis) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
GG2034xGG4386	<i>(E. grandis HE) x (E. pellita x E. brassiana)</i>
GG682xGG4383	<i>(E. urophylla x E. grandis) x (3 (E. grandis x E. brassiana) x E. pellita)</i>
GG2034xGG4304	<i>(E. grandis HE) x (E. urophylla x E. tereticornis)</i>
GG682xGG2034	<i>(E. urophylla x E. grandis) x (E. grandis HE)</i>
VM1xVM4	<i>(E. urophylla x E. camaldulensis) x (E. urophylla HE)</i>
VM1	<i>Testemunha (E. urophylla x E. camaldulensis)</i>
GG2034xGG4304	<i>(E. grandis HE) x (E. urophylla x E. tereticornis)</i>
VM1xLON	<i>(E. urophylla x E. camaldulensis) x (E. longirostrata)</i>
VM7xTER	<i>(E. urophylla HE) x (E. tereticornis)</i>
GG682xVS02	<i>(E. urophylla x E. grandis) x (E. camaldulensis)</i>
VM7xTER	<i>(E. urophylla HE) x (E. tereticornis)</i>

(Continua)

(Continuação)

<b>CRUZAMENTO</b>	<b>ESPÉCIES</b>
GG918xGG4302	<i>(E. camaldulensis) x (E. brassiana)</i>
GG3389xCNB16	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla HE)</i>
GG918xGG927	<i>(E. camaldulensis) x (E. camaldulensis)</i>
GG682xVT04	<i>(E. urophylla x E. grandis) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
GG682xGG4386	<i>(E. urophylla x E. grandis) x (E. pellita x E. brassiana)</i>
GG3389xAEC2197	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis))</i>
GG682xAEC3000	<i>(E. urophylla x E. grandis) x (E. camaldulensis)</i>
GG918xGG2759	<i>(E. camaldulensis) x (E. urophylla)</i>
GG682xVM01	<i>(E. urophylla x E. grandis) x (E. urophylla x E. camaldulensis)</i>
GG4304xAEC2034	<i>(E. urophylla x E. tereticornis) x (E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis))</i>
GG2034xVM07	<i>(E. grandis HE) x (E. urophylla HE)</i>
GG2034xGG2034	<i>(E. grandis HE) x (E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis))</i>
GG682xCNB16	<i>(E. urophylla x E. grandis) x (E. urophylla HE)</i>
GG682xVM04	<i>(E. urophylla x E. grandis) x (E. urophylla HE)</i>
I144	<i>Testemunha (E. urophylla)</i>
GG4304xVT04	<i>(E. urophylla x E. tereticornis) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
GG2673	<i>Testemunha (E. urophylla)</i>
VM4xPEL	<i>(E. urophylla HE) x (E. pellita)</i>
VM4xTER	<i>(E. urophylla HE) x (E. tereticornis)</i>
VM7xLON	<i>(E. urophylla HE) x (E. longirostrata)</i>
VM7xVM7	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla HE)</i>
VM4xCAM	<i>(E. urophylla HE) x (E. camaldulensis)</i>
VM7xVCC1006	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
VM4xVM7	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla HE)</i>

(Continua)

(Continuação)

<b>CRUZAMENTO</b>	<b>ESPÉCIES</b>
VM7xPEL	<i>(E. urophylla HE) x (E. pellita)</i>
VM7xVM4	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla HE)</i>
VM4xRES	<i>(E. urophylla HE) x (E. resinifera)</i>
VM7xVS2	<i>(E. urophylla HE) x (E. camaldulensis)</i>
VM4xCNB16	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla HE)</i>
VM7xVCC2880	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
VM7xCNB16	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla HE)</i>
VM4xVCC1006	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
VM7xCAM	<i>(E. urophylla HE) x (E. camaldulensis)</i>
VM7xVS62	<i>(E. urophylla HE) x (E. camaldulensis)</i>
VM4xVCC2880	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
VM1xVM7	<i>(E. urophylla x E. camaldulensis) x (E. urophylla HE)</i>
VM1xLON	<i>(E. urophylla x E. camaldulensis) x (E. longirostrata)</i>
VM1xPEL	<i>(E. urophylla x E. camaldulensis) x (E. pellita)</i>
VM1xVS2	<i>(E. urophylla x E. camaldulensis) x (E. camaldulensis)</i>
VM1xCNB16	<i>(E. urophylla x E. camaldulensis) x (E. urophylla HE)</i>
VM1xRES	<i>(E. urophylla x E. camaldulensis) x (E. resinifera)</i>
VM1xCAM	<i>(E. urophylla x E. camaldulensis) x (E. camaldulensis)</i>
VM1xBRA	<i>(E. urophylla x E. camaldulensis) x (E. brassiana)</i>
VM1xTER	<i>(E. urophylla x E. camaldulensis) x (E. tereticornis)</i>
VM1xVT4	<i>(E. urophylla x E. camaldulensis) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
VM4xBRA	<i>(E. urophylla HE) x (E. brassiana)</i>
GG682xGG918	<i>(E. urophylla x E. grandis) x (E. camaldulensis)</i>
GG2034xGG3389	<i>(E. grandis HE) x (E. urophylla HE)</i>

(Continua)

(Continuação)

<b>CRUZAMENTO</b>	<b>ESPÉCIES</b>
GG682xAEC2034	<i>(E. urophylla x E. grandis) x (E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis))</i>
GG2034xAEC2034	<i>(E. grandis HE) x (E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis))</i>
GG2759xVS62	<i>(E. urophylla) x (E. camaldulensis)</i>
GG2759xAEC2197	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis))</i>
GG2759xVS02	<i>(E. urophylla) x (E. camaldulensis)</i>
VM1xVCC1006	<i>(E. urophylla x E. camaldulensis) x (E. urophylla x E. grandis)</i>
GG3389xVS02	<i>(E. urophylla HE) x (E. camaldulensis)</i>
GG918xVS02	<i>(E. camaldulensis) x (E. camaldulensis)</i>
GG2034xGG4302	<i>(E. grandis HE) x (E. brassiana)</i>
GG2034xGG4383	<i>(E. grandis HE) x ((E. grandis x E. brassiana) x E. pellita)</i>

Fonte: Dados do projeto.

### 4.3 Produção das mudas híbridas

As sementes híbridas geradas pelos cruzamentos foram armazenadas em câmara fria a 5 °C na UFV até a sementeira. A produção de mudas foi conduzida no viveiro experimental do Departamento de Engenharia Florestal, onde também ocorreram parte das polinizações.

A sementeira foi realizada em tubetes de 55 cm<sup>3</sup>, previamente esterilizados com hipoclorito de sódio a 2%, contendo substrato composto por casca de pinus, fibra de coco e vermiculita expandida. A adubação de base incluiu superfosfato simples (7 kg/m<sup>3</sup>) e fertilizante de liberação controlada Osmocote® 15-09-12 (2 kg/m<sup>3</sup>). Cada progênie foi representada por 300 tubetes, semeados com 2 a 4 sementes e cobertos com uma fina camada de substrato peneirado.

Para proteção inicial, os canteiros foram cobertos com sombrite de 50%, formando uma barreira contra radiação direta, ventos e aves, além de suavizar a irrigação. As telas foram retiradas após a germinação para induzir o crescimento das plântulas.

A repicagem foi realizada quando as mudas apresentaram cerca de 5 cm e 2 a 3 pares de folhas, mantendo-se uma planta por tubete. As plântulas excedentes foram transplantadas e mantidas sob sombreamento temporário, com irrigação intensiva para minimizar estresse.

Durante a aclimação, as mudas foram organizadas em bancadas por classe de tamanho, técnica que visou reduzir o sombreamento entre plantas e garantir desenvolvimento uniforme até o estágio de rustificação.

#### 4.3.1 Adubação de crescimento

A adubação de crescimento tem objetivo de promover maior desenvolvimento e vigor das mudas, suprindo os nutrientes absorvidos ou lixiviados do substrato. As adubações de crescimento foram realizadas entre trinta a sessenta dias, a partir da germinação das mudas, via fertirrigação, em frequência semanal (Tabela 5).

Tabela 5 – Formulação da adubação de crescimento utilizada – mistura de 200L.

PRODUTO	QUANTIDADE	UNIDADE
NITRATO DE CÁLCIO	100	gramas
MAP	26,8	gramas
CLORETO DE POTÁSSIO	7,6	gramas
SULFATO DE MAGNÉSIO	72	gramas
SULFATO DE AMÔNIO	20	gramas
* SOLUÇÃO DE MICRONUTRIENTES	858	mL
* SOLUÇÃO DE MICRONUTRIENTES		
SULFATO DE COBRE	60	gramas
SULFATO DE ZINCO	7	gramas
MOLIBIDATO DE SÓDIO	2	gramas
ÁGUA	10	litros

Fonte: Dados do projeto.

#### 4.3.2 Adubação de rustificação

Entre setenta e noventa dias, a adubação de crescimento foi substituída pela adubação de rustificação (Tabela 6). Essa formulação busca fortalecer a planta e potencializar sua resistência ao estresse hídrico. Destarte, a muda tende a apresentar maior sobrevivência após plantio em campo.

Durante os vinte dias que antecederam a expedição para o campo, a frequência da adubação passou a ser três vezes por semana. As adubações foram realizadas por fertirrigação, sempre após as 18h.

Tabela 6 – Formulação da adubação de rustificação – mistura para 200 L.

PRODUTO	QUANTIDADE	UNIDADE
CLORETO DE CÁLCIO	220	gramas
MAP	160	gramas
CLORETO DE POTÁSSIO	236	gramas
SULFATO DE MAGNÉSIO	120	gramas
SULFATO DE AMÔNIO	41	gramas
* SOLUÇÃO DE MICRONUTRIENTES	200	mL
* SOLUÇÃO DE MICRONUTRIENTES		
SULFATO DE COBRE	6	gramas
SULFATO DE ZINCO	2.5	gramas
MOLIBIDATO DE SÓDIO	1	gramas
ÁCIDO BORICO	90	gramas
ÁGUA	10	litros

Fonte: Dados do projeto.

#### 4.4 Caracterização das regiões de estudo

Os testes de progênies de *Eucalyptus* foram implantados nos Municípios de Buritizeiro, MG (16°54'50.6''S e 44°56'51.6''W), Inhambupe, BA (11°52'10.2''S e 38°23'21.3''W) e Bocaiúva, MG (17°19'44.8''S e 43°49'23''.2W). (Figura 1)

O primeiro site, localizado em Buritizeiro/MG, segundo a classificação de Köppen, apresenta clima do tipo Aw (tropical, com invernos secos), com temperatura média anual de 23,7°C e precipitação média anual média de 1126 mm.

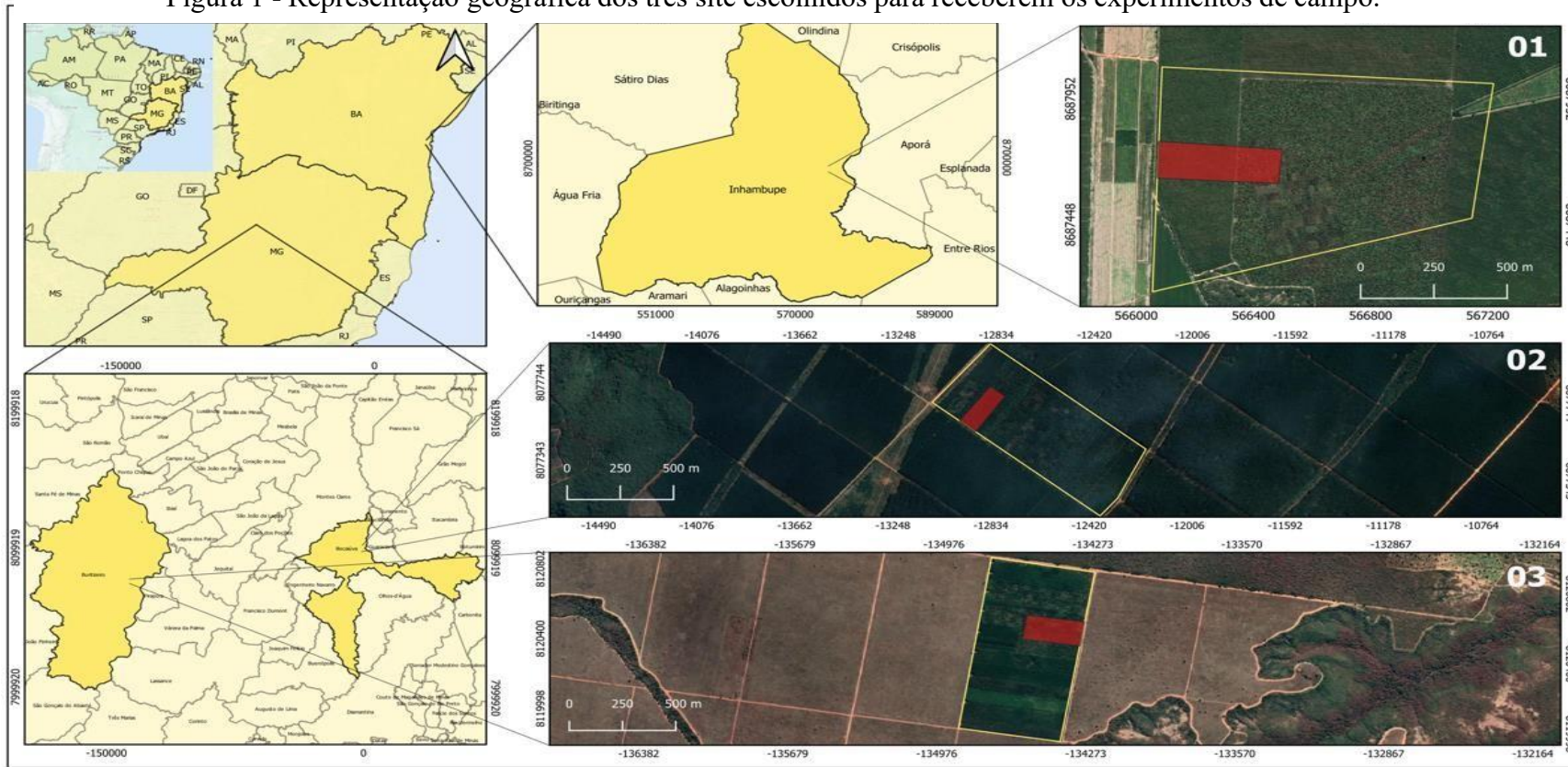
O segundo site, localizado em Inhambupe-BA, segundo a classificação de Köppen, apresenta clima do tipo Aw (tropical, com invernos secos), com temperatura média anual de 23,5°C e precipitação média anual de 905 mm.

O terceiro site, localizado em Bocaiúva/MG, segundo a classificação de Köppen, apresenta clima do tipo Aw (tropical, com invernos secos), com temperatura média anual de 22,3°C e precipitação média anual de 1058 mm.

Tabela 7 - Informações dos sites de plantio dos experimentos.

	<b>Buritizeiro</b>	<b>Bocaiúva</b>	<b>Inhambupe</b>
Número de tratamentos	214	224	204
Número de testemunhas	6	6	6
Coordenadas Geográficas	Latitude: 16°54'50.6"S Longitude: 44°56'51.6"W	Latitude: 17°19'44.8"S Longitude: 43°49'23.2"W	Latitude: 11°52'10.2"S Longitude: 38°23'21.3"W
Altitude (metros)	507	693	159
Fazenda	Fartura	Corredor	Salgado
Ocupação Anterior	Plantio de <i>Eucalyptus</i> (Área de reforma)	Plantio de <i>Eucalyptus</i> (Área de reforma)	Plantio de <i>Eucalyptus</i> (Área de reforma)
Tipo de Solo	Argissolo vermelho (Textura Média)	Latossolo vermelho, distrófico típico, texturamuito argilosa	Argissolo amarelo distrófico coeso
Temperatura Média (°C)	23,7	22,3	23,5
Risco de Ocorrência de Seca	Alta	Alta	Alta
Pluviosidade histórica (mm)	1126	1058	905
Média pluviometria dos últimos 5 anos (mm)	725	767	700
Menor pluviosidade dos últimos 5 anos	2015 – 511 mm	2017 - 396 mm	2017 - 621 mm

Figura 1 - Representação geográfica dos três site escolhidos para receberem os experimentos de campo.



Informações Adicionais

Sites Selecionados	Coordenadas		Sistema de Coordenadas	Sistema de Informação Geográfica - SIG
	X	Y		
Área 01 - Fazenda Salgado	566317.19	8687673.00	UTM 24 Sul Datum: SIRGAS 2000 EPSG: 31984	QGIS 3.16.1 - Hannover
Área 02 - Fazenda Corredor	625058.44	8083653.85		
Área 03 - Fazenda Fartura	505593.81	8130102.35		

Fonte: Dados da pesquisa.

#### 4.5 Tratamentos e delineamento experimental

Os testes de progênies foram implantados entre fevereiro e abril de 2019, em três locais distintos: Buritizeiro, Bocaiuva e Inhambupe com 214, 224 e 204 tratamentos (progênies), respectivamente. Para fins comparativos, foram incluídos em todos os experimentos seis clones comerciais com desempenho já conhecido: GG1980, GG1923, GG2673, I144, VM01 e AEC1528.

O delineamento estatístico adotados em todos os sites foram blocos completos casualizados, com 20 repetições e parcelas constituídas por uma única planta (single-tree-plot, PPU/STP). O espaçamento adotado entre plantas foi de 3,5 m x 2,67 m. O preparo do talhão e adubação de base foram realizados seguindo-se os procedimentos operacionais padrões de cada empresa.

#### 4.6 Coleta de dados

A avaliação do experimento foi realizada aos 2,5 anos de idade, após severa seca entre os meses de maio e setembro de 2021 na região. Os dados obtidos no inventário florestal podem contribuir para uma seleção assertiva de genótipos com alto potencial de tolerância à seca e produtividade.

As mensurações dendrométricas foram realizadas em campo pela equipe do projeto, quando os cultivos atingiram a idade de 30 meses.

Para a coleta dos dados em campo, foi utilizada uma fita métrica para a mensuração da CAP (circunferência a altura do peito), medidas a altura de 1,30 m em relação ao solo.

Para a medida da altura total foi utilizada uma vara graduada.

Para a conversão do CAP para DAP (diâmetro a altura do peito) foi utilizada a fórmula:  

$$DAP = CAP / \pi$$

A variável volume individual (VOL m<sup>3</sup>/árvore) foi obtida com a Equação 1, fórmula do volume do cilindro ( $\pi \times DAP^2/40000 \times Ht$ ) em m<sup>3</sup> multiplicado por um fator de forma médio “f”.

$$\text{Equação 1: VOL (m}^3\text{)} = (\pi * DAP^2/40000 * Ht)*0,45$$

A partir do volume individual foi calculado o incremento médio anual do experimento aos 30 meses (IMA2.5), utilizando a Equação 2:

$$\text{Equação 2: IMA(m}^3\text{ ha / ano)} = \text{VOL} * \text{n}^\circ \text{ de plantas por ha / idade em anos}$$

## 4.7 Análises Genéticas

Todas as análises genéticas foram realizadas no *software* Selegen REML/BLUP (RESENDE, 2016), segundo os modelos descritos a seguir.

### 4.7.1 Análise em cada site

Para análise dos testes de progênes de irmãos germanos em cada site foi utilizado o modelo 147 do Selegen REML/BLUP, cuja a equação é descrita a seguir:

$$\text{Equação 3: } \mathbf{y} = \mathbf{Xr} + \mathbf{Zg} + \mathbf{Wp} + \mathbf{e}$$

Onde:

y: é o vetor dados com valores fenotípicos;

r: é o vetor de dados com efeitos de média e repetição, assumidos como fixos;

g: é o vetor de efeitos genotípicos, assumidos como aleatórios;

p: é o vetor de efeitos de parcela assumidos como fixo;

e: é o vetor de erros residuais assumidos como aleatório;

X, Z, W: são as matrizes de incidência para seus respectivos efeitos.

### 4.7.2 Análise conjunta

Para a análise dos três sites em conjunto foi utilizado o modelo 54 do *software* Selegen REML/BLUP, cuja a equação é descrita a seguir:

$$\text{Equação 4: } \mathbf{y} = \mathbf{Xr} + \mathbf{Zg} + \mathbf{Wi} + \mathbf{e}$$

Onde:

y: é o vetor dados com valores fenotípicos;

r: é o vetor de dados com efeitos de repetição, assumidos como fixos;

g: é o vetor de efeitos genotípicos, assumidos como aleatórios;

i: é o vetor de efeitos da interação genótipo x ambiente, assumidos como aleatórios;

e: é o vetor de erros residuais, assumidos como aleatórios;

X, Z, W: são as matrizes de incidência para seus

## 5 RESULTADOS E DISCUSÃO

### 5.1 Parâmetros genéticos por site

Os principais componentes de variância estimados via REML para os três locais de estudo se encontram na tabela 9. O sítio Bocaiúva apresentou melhor condução experimental, implicando em maior valor de herdabilidade estimada, de forma que aumenta a confiança na seleção, uma vez que a fonte de variação genética é maior quando o controle ambiental é mais eficiente. Conforme a classificação de Resende (2002) o sítio de Bocaiúva apresenta herdabilidade no sentido restrito, considerada alta, enquanto os demais sítios de Inhambupe e Buritizeiro herdabilidades moderadas.

Tabela 8 - Estimativas dos parâmetros genéticos (reml individual) para o caractere IMA (m<sup>3</sup>. ha/ano) aos 30 meses.

<b>Componentes de Variância</b>	<b>Inhambupe</b>	<b>Bocaiúva</b>	<b>Buritizeiro</b>
<b>Vg</b>	66.62	22.37	9.33
<b>Vdentro</b>	271.89	50.28	34.55
<b>Vf</b>	372.28	78.86	48.16
<b>h2a</b>	0.36	0.57	0.39
<b>h2mp</b>	0.81	0.89	0.83
<b>Acprog</b>	0.90	0.94	0.91
<b>h2ad</b>	0.25	0.44	0.27
<b>Media</b>	21.89	13.04	14.31

Fonte: Dados da pesquisa.

Em que: Vg: variância genotípica entre progênes de irmãos germanos; Vdentro: variância residual dentro de parcela; Vf: variância fenotípica individual; h2a: coeficiente de herdabilidade individual no sentido restrito; h2ad: herdabilidade aditiva dentro da parcela; h2mp: herdabilidade média de progênes; Acprog: acurácia da seleção de progênes; Média: média geral do experimento.

Apesar de maior confiança experimental, e efeito genético mais representativo, em Bocaiúva, as médias observadas foram inferiores, apontando este, um local crítico com condições adversas expressivas. Tendo em vista que o objetivo do programa é a seleção de

genótipos com melhor desempenho frente às condições de estresse hídrico, Bocaiúva se destaca devido a melhor condição representativa para seleção de indivíduos superiores. Mamo et al. (2023) destaca a importância das condições representativas para maior sucesso com a seleção.

As acurácias de predição são classificadas em todos os sítios como alta, de acordo com Resende e Duarte (2007). Desta forma, implicando em boa precisão ao predizer os valores genotípicos e ranquear os melhores indivíduos. Romão et al (2023) aponta que acurácia elevada é indicativo de qualidade experimental, neste trabalho principalmente devido ao número de repetições, e confiabilidade na seleção por meio dos valores genotípicos preditos no modelo. A análise individual por ambiente permite conhecimento do comportamento dos genótipos instalados por ambiente, pelo estudo dos componentes de variância e valores genéticos individualmente. Castro et al. (2018) destacam que a análise por sítio permite a detecção dos locais mais propensos a prática de seleção, a partir dos resultados obtidos. O sítio experimental de Inhambupe apresentou a maior produtividade média entre os ambientes avaliados, alcançando um incremento médio anual (IMA) de 21,89 m<sup>3</sup>/ha.ano. Esse resultado evidencia que as condições edafoclimáticas do local foram mais favoráveis ao desenvolvimento das progênies, favorecendo o desempenho dos materiais testados.

Em contrapartida, Bocaiuva destacou-se pelas maiores estimativas de herdabilidade, indicando maior controle genético sobre os caracteres avaliados e menor interferência do ambiente nas respostas fenotípicas. Dessa forma, materiais bem-posicionados nesse ambiente oferecem maior segurança para fins de seleção e melhoramento. Considerando esses dois cenários, a recomendação ideal seria priorizar genótipos que associem alto desempenho produtivo em Inhambupe com boa expressão genética em Bocaiuva, equilibrando ganhos imediatos em campo com consistência genética para ciclos futuros de seleção.

## **5.2 Parâmetros genéticos da análise da interação genótipos x ambientes**

Os componentes de variância da análise conjunta dos ambientes estão apresentados na Tabela 10. Nas análises genéticas o estudo dos componentes de variância, bem como o entendimento da interação genótipo x ambiente (G x A), auxilia no processo de seleção (LI; WU, 2023).

Tabela 9 - Parâmetros genéticos da interação G x A para o caractere IMA (m<sup>3</sup>. ha /ano) aos 30 meses de idade.

<b>Parâmetros Genéticos e Componentes de Variância (REML Individual)</b>			
<b>Vg</b>	=		13.93
<b>Vint</b>	=		20.34
<b>Ve</b>	=		134.59
<b>Vf</b>	=		168.86
<b>h2g</b>	=		0.08
<b>h2mg</b>	=		0.57
<b>Acgen</b>	=		0.76
<b>c2int</b>	=		0.12
<b>rgloc</b>	=		0.41

(Continua)

(Continuação)

<b>Parâmetros Genéticos e Componentes de Variância (REML Individual)</b>			
<b>CVgi%</b>	=		22.75
<b>CVe%</b>	=		70.73
<b>Media geral</b>	=		16.40

Fonte: Dados da pesquisa.

Em que: Vg: variância genotípica.

Vint: variância da interação genótipo x ambiente.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2g = h2: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c2int = c2: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente.

h2mg: herdabilidade da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa.

Acgen: acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

CVgi%: coeficiente de variação genotípica.

CVe%: coeficiente de variação residual

A correlação estimada (Rgloc) de 0,41 entre os ambientes foi de baixa magnitude, Santos et al. (2015) discute em seu trabalho que isso é o indicativo de interação genótipo por ambiente do tipo complexa, onde há alteração da expressão fenotípica dos genótipos nos diferentes ambientes. Outro aspecto que demonstra a presença de interação G x A é o coeficiente de determinação da interação, no qual encontrou-se que 12% da variação total é devido este componente (G x A). A interação GxA do tipo complexa interfere negativamente consumindo a variabilidade genética, e diminuindo a herdabilidade e acurácia de predição (PATIL et al., 2023). A análise conjunta entre os três ambientes em estudo demonstrou que há interação do

tipo complexa entre os ambientes ( $rg_{loc}=0,41$ ). A herdabilidade individual no sentido amplo ( $h^2g$ ), para o caractere avaliado foi da ordem de 0,08 (Tabela 10). Este resultado é de baixa magnitude (RESENDE, 2002), que indica que este é um caráter altamente influenciado pelo ambiente e reforça a importância da análise de interação G x A de forma a amplificar os ganhos de seleção. Os estudos de interação GxA permitem entender o comportamento dos tipos de interação (simples ou complexa), afim de auxiliar no processo de seleção e ranqueamento dos genótipos (ALVES et al., 2020).

A acurácia de predição estimada de 0,76 é classificada como alta, de acordo Resende e Duarte (2007). Esses mesmos autores relatam que experimentos com elevado número de repetições alcançam metas superiores de acurácia, mesmo quando a relação  $CV_{gi}/CV_e$  é inferior a 0,40 conforme o presente trabalho (0,32). Para sucesso no processo seletivo, é ideal o cenário de acurácia maior que 0,70 (Resende e Alves, 2020).

O  $CV_{gi}$  estimado de 22,75% no presente trabalho é classificado como moderado por Ziegler e Tambarussi (2022), desta forma indicando nível de variabilidade devido a efeitos genéticos. A variabilidade genética, ou o efeito genético influenciando na variabilidade da característica é altamente desejada nos programas de melhoramento genético (CARIGNATO et al., 2019).

### **5.3 Seleção de indivíduos para o parâmetro IMA por site**

Em sequências das análises genéticas, foram ranqueados 20 indivíduos com maior BLUP individual. Inicialmente, as análises foram conduzidas por sítio (análise individual) para compreensão do desempenho de cada genótipo nos ambientes testados separadamente. Nas tabelas de 11, 12 e 13 estão ranqueados os 20 indivíduos de melhor desempenho nos sítios de Buritizeiro, Bocaiuva e Inhambupe, respectivamente. Os ganhos computados em relação à média geral dos experimentos somaram 66,76%; 154,50% e 161,28% para os ambientes de Buritizeiro, Bocaiuva e Inhambupe, respectivamente. Contudo, quando se considera a média das testemunhas adotadas os ganhos alcançados foram de 28,90%; 42,80% e 97,84% em Buritizeiro, Bocaiuva e Inhambupe. Os progressos genéticos com base na seleção estimada foram expressivos, com ganhos consideráveis. A computação dos ganhos em relação a testemunha é indispensável para superar a produtividade atual das empresas ou dos clones comerciais (SANTOS et al., 2015).

Em Buritizeiro a média de IMA dos 20 melhores ranqueados foi de 23,86  $m^3/ha.ano^{-1}$ . Dentre os materiais ranqueados duas testemunhas GG2673 e VM1 se destacaram nas 8<sup>a</sup> e 16<sup>a</sup>

posição, respectivamente. De forma geral, apesar de serem ranqueadas progênies com melhor desempenho em relação a melhor testemunha, as produtividades alcançadas foram pouco expressivas. Destaca-se que, sete progênies geradas no projeto ocupam as primeiras posições do ranking.

No sítio de Bocaiúva a média de IMA para os 20 materiais de melhor performance foi de  $30,40 \text{ m}^3/\text{ha.ano}^{-1}$ , apesar deste ambiente apresentar menor média geral, a produtividade dos 20 melhores foi superior aos de Buritizeiro. As testemunhas GG2673 e GG1923 foram ranqueadas nas 7ª e 10ª posição, respectivamente. A melhor progênie ranqueada neste ambiente foi superior em  $7,13 \text{ m}^3/\text{ha.ano}^{-1}$  em relação a melhor testemunha, clone GG2673.

Em Inhambupe a característica de maior média observada nos componentes de variância foi mantida, alcançando produtividade de  $51,38 \text{ m}^3/\text{ha.ano}^{-1}$  das 20 melhores progênies/clone. Dentre os 20 melhores foi ranqueada apenas a testemunha GG1923 na 2ª posição. Apesar de maiores médias produtivas, neste ambiente o ganho em relação a melhor testemunha é baixo.

Tabela 10 - Ranking das 20 melhores famílias para o caráter IMA (m<sup>3</sup> \* ha / ano) no site Buritizeiro, ganhos em relação à média geral e em relação à média das testemunhas.

Ordem	Progênie	Clone	Espécie/cruzamento	ImaVol	g	Ganho	Nova Média	Ganho (%)	Ganho testemunha (%)
1	24	GG3389xGG4302	<i>(E. urophylla HE) x (E. brassiana)</i>	28.11	13.81	13.81	28.11	96.46	51.85
2	36	GG2759xVS02	<i>(E. urophylla) x (E. camaldulensis)</i>	26.81	12.51	13.16	27.46	91.91	48.34
3	184	VM7xVM4	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla HE)</i>	24.92	10.61	12.31	26.61	85.98	43.75
4	25	GG3389xGG4304	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla x E. tereticornis)</i>	24.54	10.24	11.79	26.10	82.36	40.96
5	163	AEC2034xLR831	<i>(E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis)) x (E. longirostrata)</i>	24.50	10.19	11.47	25.78	80.13	39.23
6	41	GG3389xAEC2034	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis))</i>	24.22	9.91	11.21	25.52	78.32	37.83
7	199	VM4xCAM	<i>(E. urophylla HE) x (E. camaldulensis)</i>	24.13	9.83	11.01	25.32	76.93	36.76
8	11	GG2673	Testemunha <i>(E. urophylla)</i>	23.73	9.43	10.81	25.12	75.55	35.69
9	24	GG3389xGG4302	<i>(E. urophylla HE) x (E. brassiana)</i>	23.70	9.39	10.66	24.96	74.44	34.84
10	25	GG3389xGG4304	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla x E. tereticornis)</i>	23.52	9.21	10.51	24.82	73.43	34.06
11	91	GG1883xGG4302	<i>(E. urophylla) x (E. brassiana)</i>	23.30	9.00	10.37	24.68	72.47	33.31
12	162	AEC2034xLR830	<i>(E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis)) x (E. longirostrata)</i>	23.26	8.96	10.26	24.56	71.65	32.68
13	177	I3000xVM1	<i>(E. camaldulensis) x (E. urophylla x E. camaldulensis)</i>	23.15	8.85	10.15	24.45	70.89	32.09
14	25	GG3389xGG4304	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla x E. tereticornis)</i>	23.08	8.78	10.05	24.36	70.20	31.56
15	199	VM4xCAM	<i>(E. urophylla HE) x (E. camaldulensis)</i>	23.08	8.77	9.97	24.27	69.61	31.10
16	23	VM1	Testemunha <i>(E. urophylla x E. camaldulensis)</i>	22.89	8.59	9.88	24.18	69.01	30.63
17	158	GG3633xBRA	<i>(E. camaldulensis) x (E. brassiana)</i>	22.85	8.54	9.80	24.11	68.46	30.21
18	154	GG3389xTER	<i>(E. urophylla HE) x (E. tereticornis)</i>	22.57	8.26	9.71	24.02	67.86	29.75
19	208	VM1xVT4	<i>(E. urophylla x E. camaldulensis) x (E. urophylla x E. grandis)</i>	22.46	8.15	9.63	23.94	67.29	29.30
20	92	GG1883xGG4304	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla x E. tereticornis)</i>	22.44	8.13	9.56	23.86	66.76	28.90

Tabela 11 - Ranking das 20 melhores famílias para o caráter IMA (m<sup>3</sup> \* ha / ano) no site Bocaiúva, ganhos em relação à média geral e em relação a média das testemunhas.

Ordem	Progênie	Clone	Espécie/cruzamento	ImaVol	g	Ganho	Nova Média	Ganho (%)	Ganho testemunha (%)
1	75	GG1883xAEC2034	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis))</i>	40.37	27.34	27.34	40.37	209.61	73.72
2	181	VM4xVCC2880	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla x E. grandis)</i>	37.66	24.62	25.98	39.01	199.19	67.88
3	204	GG2759xVS02	<i>(E. urophylla) x (E. camaldulensis)</i>	35.92	22.88	24.95	37.98	191.28	63.44
4	192	GG2034xGG3389	<i>(E. grandis HE) x (E. urophylla HE)</i>	34.44	21.40	24.06	37.10	184.48	59.62
5	48	I3000xVM4	<i>(E. camaldulensis) x (E. urophylla HE)</i>	34.08	21.04	23.46	36.49	179.85	57.02
6	30	GG1883xPEL	<i>(E. urophylla) x (E. pellita)</i>	33.78	20.75	23.01	36.04	176.39	55.08
7	210	GG2673	Testemunha	33.24	20.20	22.60	35.64	173.32	53.36
8	75	GG1883xAEC2034	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis))</i>	33.09	20.05	22.29	35.32	170.87	51.99
9	111	GG2034xAEC2197	<i>(E. grandis HE) x (E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis))</i>	32.51	19.48	21.97	35.01	168.48	50.64
10	207	GG1923	Testemunha	32.47	19.43	21.72	34.76	166.53	49.55
11	48	I3000xVM4	<i>(E. camaldulensis) x (E. urophylla HE)</i>	32.15	19.11	21.48	34.52	164.71	48.53
12	68	GG1883xGG2034	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis))</i>	31.95	18.91	21.27	34.30	163.07	47.61
13	3	VM4xVS2	<i>(E. urophylla HE) x (E. camaldulensis)</i>	31.91	18.87	21.08	34.12	161.66	46.82
14	58	GG1883xGG3633	<i>(E. urophylla) x (E. camaldulensis)</i>	31.87	18.83	20.92	33.96	160.42	46.12
15	36	AEC2197xVT4	<i>(E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis)) x (E. urophylla x E. grandis)</i>	31.84	18.81	20.78	33.82	159.34	45.52
16	54	GG3389xVM7	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla HE)</i>	31.69	18.65	20.65	33.68	158.32	44.94
17	41	GG3389xGG4386	<i>(E. urophylla HE) x (E. pellita x E. brassiana)</i>	31.65	18.62	20.53	33.57	157.40	44.43
18	169	VM7xVCC1006	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla x E. grandis)</i>	31.55	18.51	20.42	33.45	156.54	43.95
19	2	VM4xVT4	<i>(E. urophylla HE) x (E. urophylla x E. grandis)</i>	31.18	18.15	20.30	33.33	155.62	43.43
20	59	GG3389xGG3633	<i>(E. urophylla HE) x (E. camaldulensis)</i>	30.40	17.36	20.15	33.19	154.50	42.80

Fonte: Dados da pesquisa.

Tabela 12 - Ranking das 20 melhores famílias para o caráter IMA (m<sup>3</sup> \* ha / ano) no site Inhambupe, ganhos em relação à média geral e em relação a média das testemunhas.

Ordem	Progênie	Clone	Espécie/cruzamento	ImaVol	g	Ganho	Nova Média	Ganho (%)	Ganho testemunha (%)
1	155	GG3389xGG4383	<i>(E. urophylla HE) x ((E. grandis x E. brassiana) x E. pellita)</i>	65.56	43.66	43.66	65.56	199.48	126.76
2	141	GG1923	Testemunha	64.27	42.38	43.02	64.91	196.54	124.53
3	223	GG2759xAEC2197	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis))</i>	63.06	41.17	42.40	64.30	193.73	122.40
4	225	GG2759xGG3389	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla HE)</i>	62.76	40.87	42.02	63.91	191.97	121.08
5	4	CNB16xBRA	<i>(E. urophylla HE) x (E. brassiana)</i>	59.08	37.19	41.05	62.95	187.56	117.73
6	24	GG1883xTER	<i>(E. urophylla) x (E. tereticornis)</i>	58.77	36.87	40.36	62.25	184.38	115.33
7	24	GG1883xTER	<i>(E. urophylla) x (E. tereticornis)</i>	57.22	35.33	39.64	61.53	181.10	112.84
8	225	GG2759xGG3389	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla HE)</i>	57.00	35.11	39.07	60.97	178.51	110.88
9	149	GG2759xGG2759	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla)</i>	56.29	34.40	38.55	60.45	176.14	109.09
10	155	GG3389xGG4383	<i>(E. urophylla HE) x ((E. grandis x E. brassiana) x E. pellita)</i>	56.26	34.36	38.13	60.03	174.22	107.64
11	148	GG2759xGG4383	<i>(E. urophylla) x ((E. grandis x E. brassiana) x E. pellita)</i>	56.20	34.30	37.79	59.68	172.63	106.43
12	91	VM4xPEL	<i>(E. urophylla HE) x (E. pellita)</i>	56.11	34.22	37.49	59.38	171.27	105.40
13	26	GG3389xPEL	<i>(E. urophylla HE) x (E. pellita)</i>	55.68	33.79	37.20	59.10	169.97	104.42
14	4	CNB16xBRA	<i>(E. urophylla HE) x (E. brassiana)</i>	55.26	33.37	36.93	58.82	168.72	103.47
15	155	GG3389xGG4383	<i>(E. urophylla HE) x ((E. grandis x E. brassiana) x E. pellita)</i>	55.23	33.34	36.69	58.58	167.63	102.64
16	223	GG2759xAEC2197	<i>(E. urophylla) x (E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis))</i>	54.90	33.00	36.46	58.35	166.58	101.85
17	4	CNB16xBRA	<i>(E. urophylla HE) x (E. brassiana)</i>	53.79	31.90	36.19	58.09	165.35	100.92
18	24	GG1883xTER	<i>(E. urophylla) x (E. tereticornis)</i>	52.92	31.03	35.90	57.80	164.04	99.93
19	91	VM4xPEL	<i>(E. urophylla HE) x (E. pellita)</i>	52.15	30.26	35.61	57.50	162.68	98.90
20	91	VM4xPEL	<i>(E. urophylla HE) x (E. pellita)</i>	51.38	29.48	35.30	57.20	161.28	97.84

O desempenho elevado das testemunhas, conforme observado nas tabelas de ranqueamento (11; 12; 13), aponta que estes materiais apresentam boa adaptação frente as condições ambientais que foram submetidas. O bom desempenho do clone GG1923 em Inhambupe aponta indícios de adaptabilidade, uma vez que este clone foi responsivo ao melhor ambiente testado, condizente com a definição de adaptabilidade (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

De forma geral, há variabilidade genética no experimento e foram computados ganhos expressivos em relação à média geral e a média de todas testemunhas. Dentre os 20 materiais de melhor performance em todos ambientes de forma individual, algumas testemunhas não se sobressaíram, apontando progênes candidatas a futuros clones comerciais. Em cada ambiente há baixa coincidência de ranqueamento dos indivíduos, apontando indícios de interação G x A, com necessidade de análise conjunta de dados multiambientes (FERREIRA et al., 2022).

O ranqueamento dos 20 melhores indivíduos em cada sítio, maior BLUP individual, reforça que a interação genótipos por ambientes é do tipo complexa, visto haver pouca repetibilidade das progênes no ranking de cada local. Para lidar com a interação genótipo-ambiente (G x A) do tipo complexa na seleção de genótipos, a literatura preconiza, pelo menos três opções viáveis: realizar a estratificação ambiental de forma a mitigar esses efeitos; identificar genótipos específicos para cada ambiente, ou seja, com melhor adaptabilidade ao ambiente; identificar genótipos com maior estabilidade.

#### **5.4 Interação G x A**

O ranqueamento dos 20 melhores indivíduos no experimento a partir da análise conjunta considerando os três ambientes em estudo, estão na tabela 14. A análise conjunta dos ambientes, pondera o desempenho das progênes avaliadas, de tal forma que ranqueia aquele que apresentam maior desempenho médio (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Os ganhos genéticos alcançados na análise conjunta, considerando os 20 indivíduos de melhor performance, somou 29,91% e 61,76% para média geral e média das testemunhas, respectivamente. A média de produtividade selecionando os 20 melhores indivíduos foi de 22,12 m<sup>3</sup>/ha.ano<sup>-1</sup>, considerando os indivíduos que apresentam desempenho médio entre superior os ambientes. Dentre os 20 ranqueados as testemunhas GG1923, GG2673 e I144 ocupam as 1<sup>a</sup>, 5<sup>a</sup> e 13<sup>a</sup> posição, respectivamente.

Dentre os seis clones comerciais implantados como testemunhas no experimento, três deles estão entre os 20 melhores materiais, apontando boa plasticidade fenotípica, ou melhor performance média frente as condições ambientais dos locais testados. Os demais clones AEC1528, GG1980 e VM1 apresentaram performance inferior ocupando as 27ª, 70ª e 86ª posição, respectivamente. Os clones de menor performance apresentaram menor média em relação às testemunhas a ponto inferior à média geral do experimento.

Tabela 13 - Ranking das 20 melhores progênes pelo IMAvol (m<sup>3</sup>/ha/ano) na análise conjunta entre os três ambientes.

Ordem	Genótipo	Cruzamento	g	u+g	Ganho	Nova Média	u + g + gem	Ganho MG (%)	Ganho Testemunha (%)
1	176	GG1923	16,63	33,04	16,63	33,04	41,13	93,99	167,14
2	186	GG2759xAEC2197	7,35	23,76	11,99	28,40	27,34	66,74	122,34
3	105	GG3389xGG4383	7,06	23,46	10,35	26,75	26,90	57,09	106,46
4	196	GG2759xGG3389	6,80	23,20	9,46	25,86	26,51	51,87	97,89
5	76	GG2673	6,67	23,07	8,90	25,31	26,32	48,59	92,49
6	91	GG2759xVS02	6,26	22,67	8,46	24,87	25,72	46,01	88,24
7	263	VM4xPEL	6,09	22,49	8,12	24,53	25,46	44,02	84,97
8	159	VM4xPEL	5,91	22,31	7,85	24,25	25,19	42,39	82,30
9	107	GG3389xGG4386	5,14	21,54	7,55	23,95	24,04	40,63	79,39
10	88	GG2759xGG4383	5,07	21,47	7,30	23,70	23,94	39,17	77,00
11	94	GG3389xAEC2034	4,63	21,03	7,06	23,46	23,28	37,75	74,66
12	166	GG2034xPEL	4,62	21,03	6,85	23,26	23,28	36,56	72,70
13	115	I144	4,54	20,94	6,67	23,08	23,15	35,51	70,98
14	126	VM1xVCC1006	4,36	20,77	6,51	22,91	22,89	34,54	69,38
15	207	GG3633xBRA	4,29	20,69	6,36	22,76	22,77	33,67	67,95
16	174	GG682xAEC2034	4,03	20,43	6,22	22,62	22,39	32,81	66,54
17	8	CNB16xBRA	3,88	20,29	6,08	22,48	22,18	32,01	65,22
18	61	VM1xPEL	3,87	20,27	5,96	22,36	22,15	31,29	64,03
19	28	GG1883xGG2759	3,73	20,13	5,84	22,24	21,95	30,60	62,90
20	139	VM4xVCC2880	3,47	19,88	5,72	22,12	21,57	29,91	61,76
27	217	AEC1528	3,23	19,63	5,09	21,49	21,21	26,20	55,67
70	185	GG1980	1,33	17,73	3,25	19,65	18,38	15,38	37,87
86	120	VM1	0,90	17,30	2,84	19,25	17,74	13,01	33,98

O melhor material ranqueado foi o clone comercial GG1923, que apresentou desenvoltura superior aos demais no experimento, se mostrando superior frente as condições

edafoclimáticas dos ambientes testados. Apesar do clone assumir a 1ª posição, os demais indivíduos ranqueados mostram de boa performance em relação as demais testemunhas. Outros aspectos podem ser levados em consideração para maior sucesso no processo seletivo como a estratificação ambiental e análise de adaptabilidade e estabilidade (SILVA et al., 2022; MARCATTI et al., 2017).

A avaliação da interação entre os diferentes genótipos e ambientes assume uma importância significativa no melhoramento genético. Isso se dá pelo fato de que, ao reconhecer essa interação, podemos constatar que um determinado genótipo pode ser vantajoso em um ambiente específico, mas não em outro. Essa circunstância tem um impacto direto no ganho de seleção, dificultando, ao mesmo tempo, a recomendação de cultivares que sejam amplamente adaptáveis. Assim sendo, cabe aos melhoristas a tarefa de avaliar minuciosamente a magnitude e a significância dessa interação, além de quantificar os seus efeitos. Essas análises fornecem subsídios cruciais para a adoção de procedimentos adequados na recomendação de cultivares, buscando maximizar o potencial de adaptação e desempenho em diferentes ambientes.

## **5.5 Adaptabilidade e Estabilidade**

Os estudos e análises de estabilidade, adaptabilidade e adaptabilidade e estabilidade simultânea auxiliam no processo de seleção de materiais superiores, estes testes consideram além da desenvoltura nos ambientes consistência e resiliência de desempenho dos genótipos, sua produtividade. O MHPRVG (média harmônica das performances relativas dos valores genotípicos) considera simultaneamente a adaptabilidade, a estabilidade e a produtividade. Pontuando os adaptados e penalizando os não estáveis.

Os ranqueamentos dos 20 indivíduos superiores considerando estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG) e estabilidade e adaptabilidade simultaneamente (MHPRVG), estão na Tabela 15. Os estudos e análises de estabilidade e adaptabilidade auxiliam no processo de seleção de materiais superiores, estes testes consideram além da desenvoltura a produtividade (OLIVEIRA et al., 2018).

No geral, há coincidência entre os 20 materiais superiores nas análises conjunta, estabilidade, adaptabilidade e adaptabilidade e estabilidade simultânea. Contudo, há alteração da ordem dos genótipos, de forma que a inclusão destes efeitos pode auxiliar na seleção dos indivíduos de melhor performance.

O teste de estabilidade adotado considera o princípio da média harmônica (MH), onde os menores desvios padrão ao longo dos ambientes apresentam maiores MH, acarretando em

materiais com maior estabilidade frente a alteração ambiental. Para adaptabilidade o teste considera a performance relativa em relação à média geral de cada ambiente, onde os indivíduos com maior performance relativa são mais adaptados frente as condições edafoclimáticas (MAIA, 2009). O ranqueamento para cada teste individual, juntamente com a produtividade está representado na Tabela 15.

Ao selecionar os indivíduos por meio do teste MHPRVG, os 20 indivíduos com melhor performance nos ambientes somam ganhos de 34,23% e 29,09% para a média geral e média de testemunhas, respectivamente. Dentre os 20 indivíduos de maior desempenho os clones GG1923, GG2673, I144 e AEC1528 que são testemunhas do experimento estão ranqueados na 1<sup>a</sup>, 2<sup>a</sup>, 13<sup>a</sup> e 14<sup>a</sup> posição, respectivamente.

Duas testemunhas ocuparam as primeiras posições para o teste de MHPRVG, mostrando que são clones com alto desempenho frente as condições locais (Tabela 15). A comparação dos materiais com a média das testemunhas se faz necessário para que a seleção genética atue em recomendar materiais com desempenho superior aos clones comerciais já recomendados. Apesar das testemunhas se destacarem, Resende (2007) discute que a seleção simultânea de novos materiais capitaliza o ganho média entre os ambientes, com isso as testemunhas clonais são alavancadas. Pois as repetições no ensaio estão representadas pelo mesmo indivíduo e não por uma família como ocorre com as progênies.

A adaptabilidade e estabilidade são considerados atualmente fatores quantitativos de controle genético, que podem ser melhorados com a seleção de materiais que apresentam alta performance em diferentes condições ambientais (LUCHE et al., 2013). A seleção de materiais considerando estes fatores favorece os programas de melhoramento genético, com a recomendação de genótipos com superioridade e mais adaptáveis frente as alterações climáticas (OLIVEIRA et al., 2021)

Tabela 14 - Estabilidade de valores genotípicos (MHVG), adaptabilidade de valores genotípicos (PRVG) e estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG) preditos pela análise BLUP, para o caráter produtividade (volume m<sup>3</sup>/ha.ano).

Ranking	Estabilidade		Adaptabilidade		Estabilidade e adaptabilidade					
	Progênes	MHVG	Progênes	PRVG	Progênes	Cruzamento	MHPRVG	MHPRVG*MG	Ganho MG (%)	Ganho Testemunha (%)
1	176	41,1187	176	2,5955	176	GG1923	2,58	42,25	101,44	114,55
2	257	30,0326	76	1,689	76	GG2673	1,66	27,20	71,06	49,84
3	76	26,6196	186	1,6796	186	GG2759xAEC2197	1,66	27,15	62,33	54,28
4	186	26,2094	196	1,588	91	GG2759xVS02	1,54	25,24	56,30	47,20
5	196	25,5153	105	1,5551	196	GG2759xGG3389	1,53	25,10	53,33	50,68
6	207	24,4367	91	1,5453	263	VM4xPEL	1,50	24,59	50,63	46,07
7	260	24,344	263	1,5409	105	GG3389xGG4383	1,48	24,32	49,55	52,37
8	259	24,1507	159	1,4711	159	VM4xPEL	1,43	23,39	47,86	44,90
9	91	23,7399	107	1,4246	94	GG3389xAEC2034	1,41	23,17	45,68	36,57
10	263	23,4791	115	1,4237	207	GG3633xBRA	1,41	23,13	43,73	34,36
11	174	22,9924	217	1,4192	174	GG682xAEC2034	1,40	23,04	41,99	32,68
12	105	22,2268	94	1,4135	107	GG3389xGG4386	1,40	23,02	41,10	39,90
13	115	22,076	207	1,4101	115	I144	1,40	23,02	40,07	35,98
14	94	21,9749	174	1,4049	217	AEC1528	1,38	22,68	38,61	27,51
15	244	21,7222	88	1,39	257	GG1883xPEL	1,38	22,59	37,40	28,23
16	254	21,5519	257	1,377	166	GG2034xPEL	1,35	22,07	36,82	36,55
17	159	21,5204	166	1,3726	28	GG1883xGG2759	1,33	21,87	36,00	30,76
18	107	21,4247	28	1,3571	254	GG3633xGG3633	1,33	21,78	35,14	28,45
19	28	21,0622	126	1,3441	88	GG2759xGG4383	1,32	21,68	34,92	39,47
20	201	20,8306	139	1,3329	139	VM4xVCC2880	1,32	21,58	34,23	29,09
22	-	-	-	-	220	GG1980	1,31	21,43	33,12	18,14
95	-	-	-	-	120	VM1	1,07	17,55	31,87	12,37

## 6 CONCLUSÕES

Deve-se evoluir para a derivação de populações de melhoramento e recomendação de materiais genéticos mais específicos para cada ambiente, a partir das evidências geradas neste estudo. A análise conjunta de adaptabilidade e estabilidade permitiu identificar cinco progênies de destaque, com alto potencial para formação de novos híbridos e testes clonais em fase avançada: GG2759xAEC2197, GG2759xVS02, GG2759xGG3389, VM4xPEL e GG3389xGG4383. A ampliação dessas famílias por meio de novos cruzamentos é uma estratégia recomendada para aumentar a base genética e as chances de obtenção de clones superiores.

A progênie GG2759xVS02 merece atenção especial, por apresentar desempenho expressivo e recorrente em múltiplas análises e ambientes — segunda posição em Buritizeiro, terceira em Bocaiuva, além de destaque nas análises de interação GxA, adaptabilidade e estabilidade. Sua performance consistente reforça seu potencial como material de uso direto em campo e como base para novos avanços no programa de melhoramento.

Além das progênies, as testemunhas GG1923 e GG2673 também demonstraram vigor e estabilidade, ocupando as primeiras posições nos rankings do teste MHPRVG. Sua validação em condições adversas sugere que podem ser estrategicamente exploradas em ambientes semelhantes aos dos ensaios, assegurando ganhos produtivos com menor risco climático.

Com base nos resultados obtidos, conclui-se que para o plantio clonal em regiões de déficit hídrico severo, a escolha de genótipos deve priorizar materiais com elevada estabilidade, ainda que com leve sacrifício no pico de produtividade, uma vez que consistência e resiliência se tornam ativos estratégicos nessas condições. No entanto, genótipos que conseguem aliar estabilidade e adaptabilidade — como os aqui identificados — devem ser considerados prioritários.

Este estudo, ao identificar materiais promissores sob severas restrições hídricas, não apenas cumpre os objetivos propostos, mas também contribui de forma concreta para a construção de uma silvicultura mais resiliente, técnica e alinhada às novas exigências ambientais do setor florestal brasileiro.

## REFERÊNCIAS

- ALVES, R. S. et al. Optimization of Eucalyptus breeding through random regression models allowing for reaction norms in response to environmental gradients. **Tree genetics & genomes**, v. 16, n. 2, p. 1-21, 2020.
- ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in northern Italy. **Journal of Genetics and Plant Breeding**, Rome, v. 46, p. 269-278, 1992.
- ASSIS, T. F. Melhoramento genético do eucalipto. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte-MG, v. 18, n. 185, p. 32-51, 1996.
- ASSIS, T. F.; ABAD, J. I. M.; AGUIAR, A. M. **Melhoramento genético do eucalipto**. In: SHUMACHER, M. V.; VIEIRA, M. (Org.). *Silvicultura do eucalipto no Brasil*. Santa Maria: Ed. UFSM, 2016. p. 225-247.
- ASSIS, T. F.; WARBURTON, P.; HARWOOD, C. Artificially induced protogyny: an advance in the controlled pollination of Eucalyptus. **Australian Forestry**, Melbourne, v. 68, n. 1, p. 27-33, 2005.
- BISON, O. **Melhoramento de Eucalyptus visando à obtenção de clones para a indústria de celulose**. 2004. 169 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2004.
- BOREM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa, MG: Ed. UFV. 2013. 523 p.
- BRAY, E.A. Plant responses to water deficit. **Trends in Plant Science**, [s. l.], v. 2, p. 48-54, 1997.
- BRITO J.O. O uso energético da madeira. **Estudos Avançados**, Piracicaba, v. 21, n. 59, p. 185-193, 2007.
- BUENO, L. C. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. **Melhoramento genético de plantas: princípios e procedimentos**. 2. ed. Lavras: Ed. UFLA, 2006.
- CALLISTER, A. N.; ARNDT, S. K.; ADAMS, M. A. Comparison of four methods for measuring osmotic potential of tree leaves. **Physiologia Plantarum**, [s.l.], v. 127, p. 383-392, 2006.
- CARIGNATO, A. et al. Variability and plasticity in cuticular transpiration and leaf permeability allow differentiation of *Eucalyptus* clones at an early age. **Forests**, v. 11, n. 1, p. 1-9, 2019.
- CARVALHO, A. D. F. **Histórico do melhoramento genético de eucalipto no Brasil**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 2000. Disponível em: <http://www.genetica.esalq.usp.br/pub/seminar/ADFCarvalho-200602-Resumo.pdf>. Acesso em: 07 jul. 2023.

CARVALHO, L. C. B. Interpretação da interação genótipos x ambientes em feijão-caupi usando modelos multivariados, mistos e covariáveis ambientais. 2015. 115 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2015.

CASTRO, C. A. DE O. et al. Comportamento da interação genótipos por locais aos três e nove anos em clones de eucalipto. **Scientia forestalis**, v. 46, n. 120, 2018.

CHAVES, L. J. **Interação de genótipos com ambientes**. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). Recursos Genéticos & Melhoramento de Plantas. Rondonópolis: Fundação de Apoio à Pesquisa Agropecuária de Mato Grosso, 2001. p. 673-713.

CHAVES, L. J. **Interação de genótipos com ambientes**. In: NASS, L. L. et al. (Org.). Recursos genéticos e melhoramento: planta. Rondonópolis: Fundação MT. 2001. p. 673-713.

CHAVES, M. M.; PEREIRA, J. S.; MAROCO, J.; RPDRIGUES, M. L.; RICARDO, C. P.; OSORIO, M. L.; CARVALHO, I.; FARIA, T.; PINHEIRO, C. How plants cope with water stress in the field. Photosynthesis and growth. **Annals of Botany**, [s.l.], v. 89, p. 907-916, 2002.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 3. ed. Viçosa: Editora UFV. 2014. 668p.

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

CRUZ, C. D. Genes: A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. 1.ed. Viçosa: UFV, 2005. 391p.

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa, MG: Ed. UFV. 2012. 394 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v. 2. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2003. 585 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v. 2. 3. ed. Viçosa: Ed. UFV, 2014. 668 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, MG: Ed. UFV. 2004. 480 p.

DA SILVA, P. H. M. et al. Adaptability and stability of novel eucalypt species and provenances across environments in Brazil at two assessment. **New forests**, v. 53, n. 5, p. 779–796, 2022.

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

FERNANDES, J. S. C. et al. Estudo comparativo de delineamentos experimentais para estimativas de parâmetros genéticos em erva-mate (*Ilexparaguariensis* A. St. – Hil.). **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 28, n. 5, p. 663-671, 2004.

FERREIRA, F. M. et al. Multivariate Bayesian analysis for genetic evaluation and selection of Eucalyptus in multiple environment trials. **Bragantia: Boletim técnico do Instituto Agrônomo do Estado de São Paulo**, v. 81, e2922, 2022.

FLEXAS, J.; BOTA, J.; ESCALONA, J. M.; SAMPOL, B.; MEDRANO, H. Effects of drought on photosynthesis in grapevines under field conditions. **Functional Plant Biology**, [s.l.], v. 29, p. 461-471, 2002.

FONSECA, S. M. et al. **Manual prático de melhoramento genético do eucalipto**. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2010. 210 p.

FAO, Food and Agriculture Organization of The United Nations . The state of the world's forests: forests, biodiversity and people. 2020. Disponível em: <https://www.fao.org/3/ca8642en/ca8642en.pdf>. Acessado em: 18/07/2023.

FORTALEZA, A. P. et al. Biomassa de espécies florestais para produção de carvão vegetal. **Ciência Florestal**, v. 29, n. 3, p. 1436–1451, 2019.

FRACASSO, A.; TRINDADE, L.; AMADUCCI, S. Drought tolerance strategies highlighted by two Sorghum bicolor races in a dry-down experiment. **Journal of Plant Physiology**, [s.l.], v. 190, p. 1-14, 2016.

GARDNER RAW, BERTILING I, SAVAGE MJ, NAIDOO S. Investigating optimal site conditions for flower bud production in Eucalyptus smithii orchards in South Africa. *Australian Forestry*. 2016; 79: 137-146. doi: 10.1080/00049158.2016.1159164

HASAN O, REID JB. Reduction of generation time in Eucalyptus globulus. *Plant Growth Regulation*. 1995;17(1):53–60 (1995). <https://doi.org/10.1007/BF00024495>

IBA 2023. Indústria Brasileira de Árvores. **Relatório Anual de 2022**. Disponível em: <https://www.iba.org/datafiles/publicacoes/relatorios/relatorio-anual-iba2022-compactado.pdf>. Acesso em: 14 de julho de 2023.

KAGEYAMA, P. Y. **Varição genética em progênies de uma população de Eucalyptus grandis (Hill) Maiden**. 125 f. Tese (Doutorado em Ciências Florestais) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba. 1980.

KISHORE K, Singh HS, Kurian RM. Paclobutrazol use in perennial fruit crops and its residual effects: A review. *Indian Journal of Agricultural Sciences*. 2015; 85(7): 863-72.

KRAS, S. M.; COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; ROA, R. A. R. Vigor juvenil em progênies de erva-mate (*Ilex paraguariensis* A. St.-Hil.) nativas do estado de Mato Grosso do Sul. **Revista Ciência Florestal**, Santa Maria-RS, v. 17, n. 1, p. 33-41, 2007.

LAVORANTI, O. J. **Estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da reamostragem “bootstrap” no modelo AMMI**. 2003. 166 f. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agronômica) -Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2003.

LI, Z.; WU, W. Genotype recommendations for high performance and stability based on multiple traits selection across a multi-environment in rapeseed. **European journal of agronomy: the journal of the European Society for Agronomy**, v. 145, e126787, 2023.

LIN, C. S.; BINNS, M. R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 68, p. 193-198, 1988.

LONGUE JÚNIOR, D.; COLODETTE, J. L. Importância e versatilidade da madeira de eucalipto para a indústria de base florestal. **Pesquisa florestal brasileira**, v. 33, n. 76, p. 429–438, 2013.

LÓPEZ, C. R.; FORNÉS, L. F. Estabilidade genética em progênies de *Eucalyptus grandis* (Hill) ex Maiden. In: IUFRO CONFERENCE ON SILVICULTURE AND IMPROVEMENT OF EUCALYPTUS, 1997, Salvador. **Proceedings...** Colombo: EMBRAPA, 1997. v. 1, p. 163-168.

LUCHE, H. S.; CRESTANI, M.; RIBEIRO, G.; WOYANN, L. G.; SILVA, J. A. G.; MAIA, L. C.; OLIVEIRA, C. A. Parâmetros de adaptabilidade e estabilidade em cultivares brasileiras e estrangeiras de aveia branca. **Current Agricultural Science and Technology**, v. 19, p. 31-40, 2013.

MAIA, et al. Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 39, n. 1, p. 43-50, 2009.

MAIA, M. C. C. et al. Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 39, n. 1, p. 43-50, 2009.

MAMO, W. et al. Phenotypic variability, heritability and GGE biplot analysis for agronomic traits in Ethiopian sorghum [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] genotypes. **Ecological genetics and genomics**, v. 27, n. 100170, p. 100170, 2023.

MARCATTI, G. E. Et al. GIS-based approach applied to optimizing recommendations of Eucalyptus genotypes. **Forest ecology and management**, v. 392, p. 144–153, 2017.

MATHERSON, A. C.; RAYMOND, C. A. A review of provenance x environment interaction: its practical importance and use with particular reference to the tropics. **The Commonwealth Forestry Review**, Shropshire, v. 65, n. 4, p. 283-302, 1986.

MEDEIROS, F.J., de OLIVEIRA, C.P. & TORRES, R.R. Climatic aspects and vertical structure circulation associated with the severe drought in Northeast Brazil (2012–2016). *Clim Dyn* 55, 2327–2341 (2020). <https://doi.org/10.1007/s00382-020-05385-1>

- MIRANDA, A. C. **Produtividade, estabilidade e adaptabilidade em progênies de *Eucalyptus grandis***. Botucatu, 2012. 56f. Dissertação (Mestrado em Ciência Florestal) Instituto de Biociências de Botucatu, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 2012.
- MORA, A. L.; GARCIA, C.H. **A cultura do eucalipto no Brasil**. São Paulo: Sociedade Brasileira de Silvicultura, 2000. 112 p.
- MORAES, C. B.; CARVALHO, E. V.; ZIMBACK, L.; LUZ, O. S. L.; PIERONI, G. B.; MORI, E. S.; LEAL, T. C. A. B. Variabilidade genética em progênies de meios-irmãos de eucaliptos para tolerância ao frio. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 39, n. 6, p.1047-1054, 2015.
- MORAES, M. L. T.; MORI, E. S.; SILVA, A. M.; CANUTO, D. S. O.; SILVA, J. M.; GOMES, J. E.; AULES, D. S. Demonstração da utilização do software Selegen – “seleção genética computadorizada” para o melhoramento de espécies perenes. **Revista Científica Eletrônica de Engenharia Florestal**, Garça, v. 10, n. 12, p. 120-122, 2008.
- NOGUEIRA, R. J. M. C.; ALBUQUERQUE, M. B. de; SILVA, E. C. da. **Aspectos ecofisiológicos da tolerância à seca em plantas da caatinga**. In: NOGUEIRA, R. J. M. C.; ARAÚJO, E. de L.; WILLADINO, L. G.; CAVALCANTE, U. M. T. (Eds.). **Estresses ambientais: danos e benefícios em plantas**. Recife: UFRPE, Imprensa Universitária, 2005. p. 22-31.
- OLIVEIRA, L. G. M. et al. Produtividade, adaptabilidade e estabilidade genotípica de clones de *Eucalyptus* spp. e *Corymbia* spp. em diferentes espaçamentos de plantio. **Scientia forestalis**, v. 49, n. 131, 2021.
- OLIVEIRA, L. S.; DIAS, P. C.; ALMEIDA, M. Avaliação genética do enraizamento de miniestacas de uma procedência de *Eucalyptus cloeziana*. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 35, n. 84, p. 391-397, 2015.
- OLIVEIRA, T. W. G. DE et al. Stability and adaptability for wood volume in the selection of *Eucalyptus saligna* in three environments. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 53, n. 5, p. 611–619, 2018.
- PALUDZYSZYN FILHO, E.; FERNADES, J. S. C.; RESENDE, M. D. V. Avaliação e seleção precoce para crescimento de *Pinus taeda*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília-DF, v. 37, n. 12, p. 1719-1726, dez. 2002.
- PATIL, A. E. et al. A comprehensive investigation of Genotype-Environment interaction effects on seed cotton yield contributing traits in *Gossypium hirsutum* L. Using multivariate analysis and artificial neural network. **Computers and electronics in agriculture**, v. 211, e107966, 2023.
- PATIÑO VALERA, F.; KAGEYAMA, P. Y. Interação genótipo x espaçamento em progênies de *Eucalyptus saligna*. **SMITH IPEF**, Piracicaba, n. 39, p. 5-16, 1988.
- PATTERSON, H. D; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when blocks sizes are unequal. **Biometrika**, Oxford, v. 58, p. 545-554, 1971.

PEREIRA, J. C. D.; STURION, J. A.; HIGA, A. R.; RIGA, R. C. V.; SHIMIZU, J. Y. Características da madeira de algumas espécies de eucalipto plantadas no Brasil. **Documentos Embrapa Florestas**, Colombo, v. 38, 113 p. 2000.

PIEPHO, H. P.; MOHRING, J. Computing heritability and selection response from unbalanced plant breeding trials. **Genetics**, Bethesda, v. 177, n. 3, p. 1881-1888, 2007.

PINTO JÚNIOR, J. E. et al. Avaliação simultânea de produtividade, adaptabilidade e estabilidade genotípica de *Eucalyptus grandis* em distintos ambientes do Estado de São Paulo. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 53, p. 79-108, 2006.

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

QUEIROZ, L. R. S.; BARRICHELLO, L. E. G. **O eucalipto: um século no Brasil**. São Paulo: Ed. A. Belline, 2007. 127 p.

QUOIRIN, M.; VIEIRA, R. C. Rhizogenesis and nodule formation from callus of *Eucalyptus grandis*, and *E. grandis x urophylla*. **Arquivos de Biologia e Tecnologia**, Curitiba, v. 38, n. 3, p. 793-798, 1995.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Ed. UFLA. 2012a. 522 p.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. ed. Lavras: UFLA, 2012. 522 p.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 3. ed. Lavras: Ed. UFLA. 2012. 323 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**. Goiânia: Ed. UFG, 1993. 272 p.

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

RESENDE, M. D. V. Correções nas expressões do progresso genético com seleção em função da amostragem finita dentro de famílias de populações e implicações no melhoramento florestal. **Boletim Pesquisa Florestal**, Colombo-PR, n. 22/23, p. 61-77, 1991.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, DF: EMBRAPA Informação Tecnológica. 2002. 975 p.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 362p.

RESENDE, M. D. V. **Melhoramento de essências florestais**. In: BORÉM, A. (Ed.). Melhoramento de espécies cultivadas. Viçosa, MG: Ed. UFV, 1999. p. 589-648.

RESENDE, M. D. V. **Melhoramento de essências florestais**. In: BORÉM, A. (Ed.). *Melhoramento de espécies cultivadas*. v. 2. Viçosa, MG: Ed. UFV. 2005. p. 717-780.

RESENDE, M. D. V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. v. 1. Colombo: Embrapa Florestas. 2004. 57 p.

RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEN-REML/BLUP**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002a. 45p. (Documentos 77).

RESENDE, M. D. V.; ALVES, R. S. Linear, Generalized, Hierarchical, Bayesian and Random Regression Mixed Models in Genetics/Genomics in Plant Breeding. **Functional plant breeding journal**, v. 3, n. 2, p. 121-152, 2020.

RESENDE, M. D. V.; HIGA, A. R.; LAVORANTI, O. J. Predição de valores genéticos no melhoramento de *Eucalyptus*: melhor predição linear. In: CONGRESSO FLORESTAL BRASILEIRO, 7., 1993, Curitiba. **Anais...** Curitiba: SBF, 1993. p. 144-147.

RESENDE, M.D.V. **Melhoramento de Essências Florestais**. In: BORÉM, A. *Melhoramento de Espécies Cultivadas*. Viçosa, Editora UFV, 2005. 717-780. RESENDE, M.D.V. *Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético*. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 562p.

RIOSTERRA, T. G. et al. Tolerância de linhagens de arroz em terras altas. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 43, n. 3, p. 201-208, 2013.

ROBINSON, H. F.; COCKERHAM, C. C. Estimación y significado de los parámetros genéticos. **Fitotecnia Latino Americana**, Caracas, v. 2, p. 23-38, 1965.

ROCHA, M. M.; VELLO, N. A. Interação genótipos e locais para rendimento de grãos de linhagens de soja com diferentes ciclos de maturação. **Bragantia**, Campinas, v. 58, n. 1, p. 69-81, 1999.

ROMÃO, K. DE C. S. et al. Multi-site comparison of clonal arrangements for tropical and subtropical hybrids of *Eucalyptus*. **Industrial crops and products**, v. 197, n. 116536, p. 116536, 2023.

ROUTSALAINEN, S.; LINDGREEN, D. Predicting genetic gain of backward and forward selection in forest tree breeding. **Silvae Genetica**, Deutschland, v. 47, n. 1, p. 42-50, 1998.

SANTOS, G. A. et al. Interação genótipos x ambientes para produtividade de clones de *Eucalyptus L'her*. No estado do rio grande do sul. **Revista Árvore**, v. 39, n. 1, p. 81-91, 2015.

SANTOS, G. A. et al. **Potencial da silvicultura clonal de *Eucaliptus benthamii* para o sul do Brasil**. In: SILVA, L. D.; HIGA, A. R.; SANTOS, G. A. (Org.). *Silvicultura e melhoramento genético de *Eucaliptus benthamii**. Curitiba: Ed. FUPEF. 2012. p. 77-103.

SANTOS, V. B. **Avaliação de linhagens genotípicas do arroz em terras altas via modelos mistos**. 2009. 153 p. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2009.

SCAPIM, C. A. et al. Correlations between the stability and adaptability statistics of popcorn cultivars. **Euphytica**, Wageningen, v. 174, p. 209-218, 2010.

SEKI, M.; UMEZAWA, T.; URANO, K.; SHINOZAKI, K. Regulatory metabolic networks in drought stress responses. **Current Opinion in Plant Biology**, [s.l.], v. 10, p. 296-302, 2007.

SHINOZAKI, K.; YAMAGUCHI-SHINOZAKI, K. Gene networks involved in drought stress response and tolerance. **Journal of Experimental Botany**, [s.l.], v. 58, p. 221-227, 2007.

SILVA, W. C. J.; DUARTE, J. B. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 1, p. 23-30, 2006.

SOUMYA PR, KUMAR P, PAL M. Paclobutrazol: a novel plant growth regulator and multistress ameliorant. *Indian Journal of Plant Physiology*. 2017;22(1):267–278. doi: 10.1007/s40502-017-0316-x

SQUILASSI, M. G. **Interações genótipos com ambientes**. Aracaju: Ed. Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2003. 47 p.

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

TAYLOR, I. B.; BURBIDGE, A.; THOMPSON, A. J. Control of abscisic acid synthesis. **Journal of Experimental Botany**, [s.l.], v. 51, p. 1563-1575, 2000.

VALVERDE, A. E. L.; VALVERDE, S. R.; ALVARENGA, A. P.; MARQUES, G. M.; MENDONÇA, F. M.; OLIVEIRA, P. R. S. **Cadeia produtiva de celulose**. In: REZENDE, J. B. Cadeias produtivas do complexo agroindustrial de florestas plantadas em Minas Gerais: estrutura e dinâmica. Viçosa, MG: EPAMIG, 2012. p. 71-92.

VELLINI, A. L. T. T. et al. Respostas fisiológicas de diferentes clones de eucalipto sob diferentes regimes de irrigação. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 32, n. 4, p. 651-663, 2008.

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

VERARDI, C. K. et al. Adaptabilidade e estabilidade da produção de borracha e seleção em progênies de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 44, n. 10, p.1277-1282, 2009.

XAVIER A, WENDLING I, SILVA RL. **Silvicultura clonal - princípios e técnicas**. Viçosa: Editora UFV, 2013.

WHITE, T. L.; ADAMS, W. T.; NEALE, D. B. **Forest genetics**. Wallingford: CABI, 2007. 704p.

WRIGHT, I. J.; GROOM, P. K.; LAMONT, B. B.; POOT, P.; PRIOR, L. A.; REICH, P. B.; SCHULZE, E-D.; VENEKLAAS, E. J.; WESTOBY, M. Leaf trait relationships in Australian plant species. **Functional Plant Biology**, [s.l.], v. 31, p. 551-558, 2004.

ZIA R., NAWAZ M.S., SIDIQUE M. J. HAKIM S., IMRAN A., Plant survival under drought stress: Implications, adaptive responses, and integrated rhizosphere management strategy for stress mitigation, **Microbiological Research**, Volume 242, 2021

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