

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS
Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel
Programa de Pós-Graduação em Agronomia



Dissertação

PRODUTIVIDADE, QUALIDADE DA MADEIRA E INTERAÇÃO
GENÓTIPO X AMBIENTE DO *Eucalyptus dunnii* Maiden
NO SUL DO BRASIL

Osmarino Pires dos Santos

Pelotas, 2019

Osmarino Pires dos Santos

**PRODUTIVIDADE, QUALIDADE DA MADEIRA E INTERAÇÃO
GENÓTIPO X AMBIENTE DO *Eucalyptus dunnii* Maiden
NO SUL DO BRASIL**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade Federal de Pelotas, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Ciências.

Orientador:

Prof. Dr. Luciano Carlos da Maia – FAEM-UFPeI

Co-orientador:

Prof. Dr. Glêison Augusto dos Santos – DEF-UFV

Pelotas, 2019

Rio Grande do Sul – Brasil

Universidade Federal de Pelotas / Sistema de Bibliotecas
Catalogação na Publicação

S237p Santos, Osmarino Pires dos

Produtividade, qualidade da madeira e interação
genótipo x ambiente do *Eucalyptus dunnii* Maiden no Sul
do Brasil / Osmarino Pires dos Santos ; Luciano Carlos da
Maia, orientador ; Glêison Augusto dos santos,
coorientador. — Pelotas, 2019.

96 f.

Dissertação (Mestrado) — Programa de Pós-Graduação
em Agronomia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel,
Universidade Federal de Pelotas, 2019.

1. *Eucalyptus dunnii* maiden. 2. Herdabilidade. 3.
Seleção. 4. Ganhos genéticos. I. Maia, Luciano Carlos da,
orient. II. santos, Glêison Augusto dos, coorient. III. Título.

CDD : 634.97342

Dedico aos meus genitores, Luciani e Osmarino, assim como também à
minha esposa Caroline e minhas progênies Emilly e João Lucas.

AGRADECIMENTOS

Durante estes cinco anos em que tive a oportunidade de adquirir conhecimento, seja em aulas na graduação, depois como aluno especial, e, posteriormente como aluno integrante do programa de pós-graduação, pude ampliar a visão sobre o melhoramento genético, que, devido à minha formação, sempre foi muito mais prática do que científica. Assim, gostaria de agradecer à todos que estiveram presentes neste longo, mas prazeroso período, repleto de alegrias, mas também de dúvidas e ansiedades.

À Universidade Federal de Pelotas, ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia e ao Centro de Genômica e Fitomelhoramento, pela acolhida e por viabilizar a aquisição de conhecimento científico e pelo aprendizado profissional.

Ao professor orientador Dr. Luciano Carlos da Maia, pela paciência, dedicação e confiança, e, principalmente pela imensa transformação na minha vida profissional e pessoal.

Ao professor co-orientador Dr. Glêison Augusto dos Santos, pelos ensinamentos e amizade, e, por também acreditar que seria possível atingir este objetivo.

À empresa CMPC Celulose Riograndense que teve confiança no trabalho e investiu na minha formação profissional.

Aos meus pais que buscaram sempre viabilizar oportunidades em minha vida para que eu pudesse crescer como ser humano digno.

À minha esposa, que esteve sempre presente, me apoiando de maneira incondicional nesta longa caminhada.

À todos os professores e colegas que fizeram parte deste período de aprendizado, em especial ao Dr. Ivan Ricardo Carvalho e Dr. Andrei Caíque Pires Nunes, pelo apoio nos momentos de dúvidas e anseios.

Resumo

SANTOS, O. P. **Produtividade, qualidade da madeira e interação genótipo x ambiente do *Eucalyptus dunnii* Maiden no Sul do Brasil.** 2019. 96 f. Dissertação de Mestrado - Programa de Pós-Graduação em Agronomia – Fitomelhoramento. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas/RS.

O *Eucalyptus dunnii* tem demonstrado elevado potencial para formação de plantios comerciais no Sul do Brasil, principalmente nas regiões frias, devido a capacidade que possui de tolerar as baixas temperaturas. Além desta característica importante, possui parâmetros de qualidade da madeira importantes para a indústria de celulose, como a densidade básica da madeira de 500 kg m³ e o rendimento médio em celulose de 52%. Com base nisso, o objetivo da pesquisa foi estudar a interação genótipo x ambiente (G x A) dando enfoque às características de crescimento e de qualidade da madeira do *E. dunnii*, em diferentes ambientes de cultivo no Estado do Rio Grande do Sul. Esta pesquisa visou estimar os parâmetros genéticos, as correlações genéticas e os ganhos com seleção para as variáveis de crescimento e produtividade em famílias de meio irmãos de *E. dunnii*, por meio de modelos lineares mistos via Máxima Verossimilhança Restrita e Melhor Preditor Linear Não Viesado (REML/BLUP). Para clones de *E. dunnii*, da mesma forma que para as famílias, foram estimados os parâmetros e as correlações genéticas, além dos ganhos com seleção com base em caracteres de crescimento, produtividade e de qualidade da madeira. Foi utilizada uma rede experimental que pertence a empresa CMPC Celulose Riograndense, sendo que o delineamento adotado foi em blocos casualizados em esquema fatorial com 72 famílias de meio irmãos e 37 clones de *E. dunnii* em comum entre os ambientes e 20 repetições com uma árvore por parcela. A partir da análise de *deviance* (ANADEV) foi possível verificar a significância do modelo utilizado para o efeito de tratamento (nos experimentos com as famílias e com os clones), demonstrando que existem diferenças significativas entre os genótipos para a realização de seleção. Foi possível prever os ganhos genéticos com a seleção realizada entre e dentro das famílias para o caráter incremento médio anual (IMA) dado em m³ ha⁻¹ ano⁻¹. As estimativas de ganhos com seleção entre e dentro das famílias de meio irmãos, obtidas através da aplicação de três metodologias, apresentaram magnitudes diferentes entre si. Nos clones, constatou-se que os caracteres de crescimento apresentam valores baixos de herdabilidade, enquanto que as características de qualidade da madeira apresentam valores moderados. Em clones de *E. dunnii*, os caracteres de crescimento e qualidade da madeira apresentaram alta correlação com o índice proposto formado por uma característica de crescimento (diâmetro à altura do peito – DAP à 1,30 m) e uma característica de qualidade da madeira (densidade básica da madeira – Db) dado por DAPxDb, demonstrando que a seleção indireta com base neste índice possibilita ganhos diretos em volume individual e IMA, e, também em qualidade da madeira. Os ganhos obtidos em relação à média geral dos clones e à melhor testemunha estimados por meio da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) foram muito semelhantes aos ganhos genotípicos médios (u + g + gem).

Palavras-chave: *Eucalyptus dunnii* Maiden, herdabilidade, seleção, ganhos genéticos.

Abstract

SANTOS, O. P. **Genotype and environment effect on productivity and wood quality on forest plantation of *Eucalyptus dunni* Maiden at South of Brazil.** 2019. 86 f. Dissertation - (Master's Degree) – Agronomy Graduation Program. Federal University of Pelotas, Pelotas – RS.

Eucalyptus dunni has been showing a high value for commercial plantation in the South of Brazil, mainly because of high frost tolerance and high wood quality presents in its genotype. Some results have shown wood density of 500 kg m⁻³ and cellulose yield of 52% in *E. dunni*. The main objective of this study was evaluate genotype x environment interaction on growth and wood quality at different weather conditions characteristics in the state of Rio Grande do Sul. Genetics parameters were studied and correlation among them was analyzed establishing a linear correlation to study the relationship between growth and wood quality via *Restricted Maximum Likelihood* and *Best Linear Unbiased Predictor* (REML/BLUP) and to selection of individuals in families of half siblings and clones of *E. dunni*. Data from an experimental network of the company CMPC Celulose Riograndense were used, and the design was randomized blocks in a factorial scheme with 72 families of half siblings and 37 clones of *E. dunni* in common between the environments and 20 replicates, with one tree per plot. The difference between treatments was evaluated via *deviance* analysis (ANADEV). Through *deviance* analysis (ANADEV) it was possible to verify the existence of significant differences for the treatment effect (progenies and clones), demonstrating that there are significant differences among the genotypes for selection. It was possible to predict the genetic gains with the selection made between and within the families for the mean annual increment (MAI) expressed in m³ ha⁻¹ year⁻¹. Growth features showed lower heritability, while wood quality characters showed moderate heritability. The results indicated a higher correlation among DBH x Db and growth features. In clones of *E. dunni*, similar results were also found among DBH x Db and wood quality, suggesting that selection taking account DBH x DB provide direct gains for individual volume and mean annual increment (MAI) and also wood quality. The improvements obtained in relation to the general mean of the clones and the best control estimated by the Harmonic Mean of the Relative Performance of Genetic Values (MHPRVG) were very similar to the gains genotypic average ($u + g + gem$).

Keywords: *Eucalyptus dunni* Maiden, heritability, genetic gains, selection.

Lista de Figuras

Figura 1 - Visão geral do genoma do <i>Eucalyptus grandis</i>	23
Figura 2 - Estrutura básica de uma estratégia de melhoramento.....	25

Lista de Tabelas

Tabela 1 - Exigências climáticas ajustadas para <i>Eucalyptus dunnii</i> Maiden.....	20
Tabela 2 - Localização geográfica e condições edafoclimáticas dos dois ambientes localizados no Rio Grande do Sul utilizados para experimentação.....	44
Tabela 3 - Número de tratamentos utilizados na rede experimental em dois ambientes (ambiente A: Barba Negra e ambiente B: Rincão Bonito).....	45
Tabela 4 - Famílias de meio irmãos de <i>E. dunnii</i> , procedências e origens, utilizadas no estudo de interação G x A.....	45
Tabela 5 - Análise de <i>deviance</i> (ANADEV) para os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (Ht), volume (Vol), incremento médio anual (IMA) e sobrevivência (Sobrev) para famílias de meio irmãos de <i>E. dunnii</i> , avaliados na análise conjunta entre os ambientes.....	51
Tabela 6 - Estimativas de parâmetros genéticos (REML individual), para os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP em cm), altura total (Ht em m), volume (Vol em m ³), incremento médio anual (IMA, em m ³ ha ⁻¹ ano ⁻¹) e sobrevivência (%) para famílias de meio irmãos de <i>E. dunnii</i> avaliados na análise conjunta entre os ambientes.....	51
Tabela 7 - Correlação genética entre os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP em cm), altura total (Ht em m), volume (Vol em m ³), incremento médio anual (IMA, em m ³ ha ⁻¹ ano ⁻¹) e sobrevivência (%) para famílias de meio irmãos de <i>E. dunnii</i> , avaliados na análise conjunta entre os ambientes.....	54
Tabela 8 - Ordenamento das 20 melhores famílias de meio irmãos de <i>E. dunnii</i> para o caráter incremento médio anual (IMA, em m ³ ha ⁻¹ ano ⁻¹) avaliadas na análise conjunta entre os ambientes.....	56
Tabela 9 - Ordenamento dos 20 indivíduos potenciais candidatos a clones de <i>E. dunnii</i> para o caráter incremento médio anual (IMA, em m ³ ha ⁻¹ ano ⁻¹) avaliados na análise individual do ambiente A.....	58
Tabela 10 - Ordenamento dos 20 indivíduos potenciais candidatos a clones de <i>E. dunnii</i> para o caráter incremento médio anual (IMA, em m ³ ha ⁻¹ ano ⁻¹) avaliados na análise individual do ambiente B.....	59

Tabela 11 - Estimativas de ganhos com seleção entre e dentro de famílias de meio irmãos de *E. dunnii* para o caráter incremento médio anual (IMA, em m³ ha⁻¹ ano⁻¹) nos dois ambientes.....60

Tabela 12 - Estimativas de resposta a seleção entre e dentro de famílias de meio irmãos de *E. dunnii* para o caráter incremento médio anual (IMA, em m³ ha⁻¹ ano⁻¹) nos dois ambientes.....61

Tabela 13 - Comparação entre metodologias utilizadas para a obtenção das estimativas de ganhos com a seleção entre e dentro de famílias de meio irmãos de *E. dunnii* para o caráter incremento médio anual (IMA, em m³ ha⁻¹ ano⁻¹) nos dois ambientes.....61

Tabela 14 - Número de clones de diferentes espécies e híbridos de *Eucalyptus* spp., utilizados na rede experimental em três ambientes (ambiente A: HF Rincão dos Soares, ambiente B: HF Quitéria e ambiente C: HF Ramos).....68

Tabela 15 - Localização geográfica e condições edafoclimáticas dos três ambientes localizados no Rio Grande do Sul utilizados para experimentação.....69

Tabela 16 - Análise de *deviance* (ANADEV) para os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (Ht), volume (Vol), incremento médio anual (IMA), Pilodyn, Db (densidade básica), índice DAPxDb e sobrevivência (Sobrev), para clones de *E. dunnii*, avaliados na análise conjunta entre os ambientes.....75

Tabela 17 - Estimativas de parâmetros genéticos (REML individual), para os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP em cm), altura total (Ht em m), volume (Vol em m³), incremento médio anual (IMA, em m³ ha⁻¹ ano⁻¹), Pilodyn (mm.) densidade básica (Db em Kg m³), índice DAPxDb e sobrevivência (%) para clones de *E. dunnii*, avaliados na análise conjunta entre os ambientes.....76

Tabela 18 - Correlações genotípicas entre os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP em cm), altura total (Ht em m), volume (Vol em m³), incremento médio anual (IMA, em m³ ha⁻¹ ano⁻¹), Pilodyn, densidade básica (Db em kg m³), índice DAPxDb e sobrevivência (%) para clones de *E. dunnii*, avaliados na análise conjunta entre os ambientes.....79

Tabela 19 - Correlações genéticas entre os ambientes avaliados par a par, para a característica diâmetro à altura do peito (DAP em cm).....80

Tabela 20 - Correlações genéticas entre os ambientes avaliados par a par, para a característica incremento médio anual (IMA, em m³ ha⁻¹ ano⁻¹).....81

Tabela 21 - Correlações genéticas entre os ambientes avaliados par a par, para a densidade básica (Db em Kg m ³).....	81
Tabela 22 - Correlações genéticas entre os ambientes avaliados par a par, para o índice DAPxDb.....	81
Tabela 23 - Ordenamento dos clones por seus valores genotípicos e ganhos preditos para IMA (m ³ ha ⁻¹ ano ⁻¹), na análise conjunta entre os ambientes.....	84
Tabela 24 - Ordenamento dos clones por seus valores genotípicos e ganhos preditos para o índice DAPxDb, na análise conjunta entre os ambientes.....	86
Tabela 25 - Ordenamento dos clones por seus valores genotípicos e ganhos preditos para o índice DAPxDb, na análise dos dados do Ambiente A.....	87
Tabela 26 - Ordenamento dos clones por seus valores genotípicos e ganhos preditos para o índice DAPxDb, na análise dos dados do Ambiente B.....	88
Tabela 27 - Ordenamento dos clones por seus valores genotípicos e ganhos preditos para o índice DAPxDb, na análise dos dados do Ambiente C.....	89
Tabela 28 - Ordenamento da estabilidade de valores genéticos (MHVG), adaptabilidade de valores genéticos (PRVG) e estabilidade e adaptabilidade simultaneamente (MHPRVG) para o índice DAPxDb. Ordenamento somente dos clones que estavam presentes em todos os três ambientes.....	91

Sumário

1	INTRODUÇÃO GERAL.....	14
2	REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	17
2.1	O Gênero <i>Eucalyptus</i>	17
2.2	Introdução e importância econômica.....	18
2.3	O <i>Eucalyptus dunnii</i>	19
2.4	Melhoramento genético do eucalipto.....	21
2.5	Características da madeira inseridas no melhoramento de <i>Eucalyptus</i>	26
2.6.	Medição indireta da densidade básica da madeira.....	27
2.7	Biometria.....	28
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	32
3	OBJETIVOS DO ESTUDO.....	40
	CAPÍTULO 1: INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE PARA OS CARACTERES DE PRODUTIVIDADE EM FAMÍLIAS DE MEIO IRMÃOS DE <i>Eucalyptus dunnii</i> Maiden EM CULTIVOS NO SUL DO BRASIL.....	42
1	INTRODUÇÃO.....	42
2	MATERIAL E MÉTODOS.....	43
2.1	Rede experimental e genótipos.....	43
2.2	Coleta de dados.....	45
2.3	Modelo estatístico	46
2.4	Ganhos com seleção.....	47
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	50
3.1	Deviance e parâmetros genéticos.....	50
3.2	Correlações genéticas.....	53
3.3	Ganhos com seleção.....	54
4	CONCLUSÕES.....	62
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	63
	CAPÍTULO 2: INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE PARA CARACTERES DE PRODUTIVIDADE E QUALIDADE DA MADEIRA EM CLONES DE <i>Eucalyptus</i> <i>dunnii</i> Maiden EM TRÊS LOCAIS NO SUL DO BRASIL.....	66
1	INTRODUÇÃO.....	66
2	MATERIAL E MÉTODOS.....	68

2.1	Rede experimental e genótipos.....	68
2.2	Coleta de dados.....	70
2.3	Modelo estatístico	72
2.4	Índice DAPxDb.....	72
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	74
3.1	Deviance e parâmetros genéticos.....	74
3.2	Correlações genéticas entre as variáveis.....	77
3.3	Correlações genéticas dos ambientes par a par.....	80
3.4	Análise conjunta dos dados.....	82
4	CONCLUSÕES.....	92
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	93
5	CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	96

1 INTRODUÇÃO GERAL

De acordo com projeções atuais, a população mundial deve atingir 9,1 bilhões de pessoas até 2050, impulsionando a demanda por *commodities* e bioenergia. Visando atender esse volume crescente em um cenário de baixo carbono, energias renováveis e desmatamento zero, serão necessários 250 milhões de hectares adicionais de florestas plantadas no mundo (IBÁ, 2017).

Tendo como principais destinos a produção de celulose, papel, painéis de madeira, pisos laminados, carvão vegetal e biomassa, as florestas plantadas são fonte de centenas de produtos e subprodutos presentes nas residências e atividades cotidianas. Segundo o Relatório 2017 do IBÁ, no ano de 2016 a área de florestas plantadas para fins industriais no Brasil totalizou 7,84 milhões de hectares, sendo que os plantios de eucalipto ocupam 5,7 milhões de hectares deste montante. Dentre os estados com maior área de plantio, destaca-se em quinto lugar o Rio Grande do Sul, contribuindo com uma área de 308.178 ha de eucalipto (IBÁ, 2017).

Entretanto, segundo o IBGE, esses dados são divergentes tendo o Rio Grande do Sul 1,0 milhão de hectares cultivados com florestas plantadas, o que representa mais de 10% da área total de florestas plantadas no Brasil, sendo que o gênero *Eucalyptus* abrange 59% do total destas áreas, enquanto o gênero *Pinus* ocupa 27% (IBGE, 2018).

Os plantios de eucalipto localizados em altitudes elevadas do Sul do Brasil diferem das demais regiões produtoras nacionais pelo restrito número de genótipos comerciais disponíveis (EMBRAPA, 2018). Um dos principais fatores ambientais considerados determinantes na adaptação das espécies do gênero *Eucalyptus* às regiões frias é a ocorrência de geadas (HIGA et al., 2000). Esta limitação está diretamente ligada aos efeitos deletérios sobre o desenvolvimento inicial e o posterior crescimento volumétrico e forma do fuste das diferentes espécies testadas.

Nessa situação, período de cinco dias de geada pode causar danos severos à espécie, desde a queda das folhas, morte do ponteiro apical ou até a morte dos indivíduos pelo frio intenso (LARCHER, 2000; SELLE; VUADEN, 2007; PITZ FLORIANI et al., 2013). Portanto, a ocorrência de geadas é um dos fatores que limitam a produção de madeira e prejudicam a formação de plantios homogêneos de

Eucalyptus no Sul do Brasil, bem como em outras regiões frias do mundo (SILVA; HIGA; SANTOS, 2012; DE MORAES et al., 2015).

As espécies de eucalipto *E. dunnii* e o *E. benthamii*, mostraram-se promissoras para plantios em regiões com ocorrência de geadas (HIGA et al., 2000). O *E. dunnii* é uma espécie de crescimento satisfatório, que apresenta um alto rendimento em celulose, alta densidade da madeira, baixo teor de lignina e, conseqüentemente, baixo consumo específico e menor consumo de cloro no branqueamento. Seu cultivo comercial tem sido possível em várias regiões frias do Sul do Brasil, sendo capaz de se recuperar de geadas quando plantados em regiões mais altas do relevo (FONSECA et al., 2010).

A qualidade da madeira pode ser definida como o conjunto de características físicas, químicas e anatômicas que uma árvore, ou parte dela possui, e que lhe permite cumprir requisitos necessários para ser transformada em distintos produtos finais (MITCHELL, 1961). A realização de análises de qualidade da madeira é indispensável para a seleção de genótipos superiores direcionados para a produção de celulose. Com base nestas informações, pode-se dizer que a qualidade da madeira dos genótipos testados, atrelada a uma seleção acurada, pode identificar indivíduos com maior rendimento de polpa celulósica (CAIXETA et al., 2003).

Características da madeira como densidade e rendimento de celulose são importantes para ser inseridas em programas de melhoramento com foco na produção de celulose e papel (COSTA E SILVA et al., 2009; HAMILTON et al., 2017; MILAGRES et al., 2013). Uma destas características, a densidade básica, tem sido reportada na literatura como um índice universal para avaliar a qualidade do lenho, sendo esta propriedade física a que mais fornece informações sobre as demais características (GOMIDE et al., 2010; QUEIROZ et al., 2004; ROSSI et al., 2015). Mesmo com a elevada importância da análise dessa característica, a sua determinação, assim como os demais critérios tecnológicos, apresenta dificuldades em virtude de seu elevado custo, do tempo despendido para realizar as análises e da necessidade de abate de árvores.

Na busca por soluções para os problemas citados, o método não destrutivo do Pilodyn tem sido empregado para determinação e, ou, ordenamento indireto da densidade básica da madeira em *Eucalyptus* (COUTO et al., 2013; THIERSCH, 2006; WU et al., 2010).

De acordo com os aspectos citados, a inclusão de caracteres relacionados à qualidade da madeira em estudos de interação genótipo x ambiente (G x A) é fundamental para obtenção de ganhos genéticos, uma vez que tais estudos constituem uma das etapas mais importantes num programa de melhoramento florestal (HARDNER et al., 2010). Também devem ser levadas em consideração as análises de adaptabilidade e estabilidade genotípica, que por sua vez tornam possível a identificação de genótipos com comportamento previsível e que sejam responsivos às variações do ambiente, em condições específicas ou amplas (CRUZ, 1994; HARDNER et al., 2010).

As propriedades químicas e físicas da madeira devem ser utilizadas na seleção de genótipos em programas de melhoramento para características da madeira, pois apresentam elevado controle genético (alta herdabilidade), uma vez que complementam os caracteres de crescimento que apresentam menor controle genético (NUNES et al., 2016a, 2017). Mesmo se tratando de um tema importante, são escassos na literatura os trabalhos que abordam a análise da interação G x A considerando características de qualidade da madeira.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 O Gênero *Eucalyptus*

O gênero *Eucalyptus* pertence à família das mirtáceas. Praticamente todas as espécies do gênero *Eucalyptus* são originárias da Austrália, sendo as espécies *Eucalyptus urophylla*, nativa da Indonésia, *Eucalyptus deglupta*, nativa de Nova Guiné, *Eucalyptus tereticornis*, *Eucalyptus pellita* e *Eucalyptus brassiana* que além da Austrália, ocorrem também em Nova Guiné. Este gênero possui mais de 900 denominações diferentes incluindo espécies, subespécies e híbridos (polinização espontânea ou controlada) (FONSECA et al., 2010; GRATTAPAGLIA et al., 2012).

O nome *Eucalyptus* foi estabelecido pelo botânico francês Louis de L'Héritier Brutelle, em 1788, devido à natureza do opérculo da flor na qual faltam pétalas e sépalas distintas (KANTIVILAS, 1996). Segundo Matsumoto et al. (2000), para grande parte das espécies estudadas o número cromossômico é $2n = 2x = 22$ (diploide), assim como a maioria das espécies da família Myrtaceae.

O eucalipto se reproduz predominantemente por alogamia (fecundação cruzada), mas apresenta taxas de autofecundação de até 35%. As flores são hermafroditas e protândricas, sendo que a polinização se dá principalmente por insetos. Dessa forma, as populações de eucalipto são compostas por indivíduos altamente heterozigotos e que expressam alta depressão geral do vigor pela autofecundação (PRYOR, 1978). As plantas atingem alturas que variam de 10 a 50 metros em média, a maioria das espécies do gênero *Eucalyptus* são árvores com características típicas de florestas altas e de florestas abertas (LADIGES et al., 2003).

Nos plantios florestais do Brasil, espécies de eucaliptos têm sido preferencialmente utilizadas por causa de seu rápido crescimento, capacidade de adaptação às diversas regiões ecológicas e pelo potencial econômico de utilização da sua madeira. De acordo com Pinto Junior (2004), a principal vantagem competitiva do Brasil é a sua tecnologia florestal, baseada em programas de melhoramento genético e de multiplicação clonal do eucalipto, sendo esta técnica de propagação desenvolvida nos últimos trinta anos. Para Gonzalez (2002), todo esse conhecimento científico e tecnológico gerou um ganho de produtividade das plantações florestais, passando de

20 m³ ha⁻¹ ano⁻¹ (oito árvores por m³) no início da década de 1970, com produtividades de até 50 m³ ha⁻¹ ano⁻¹ (3,1 árvores por m³) em 1999.

2.2 Introdução e importância econômica

Os primeiros plantios *ex-situ* de eucalipto foram realizados no início do século XVIII em algumas regiões da Europa, Ásia e África. Já em meados do século XIX, algumas espécies do gênero foram plantadas em países como Espanha, Índia e Portugal (PRYOR, 1976).

Na América do Sul, talvez o Chile tenha sido o primeiro país a introduzir o eucalipto, em 1823, recebendo as sementes de um navio inglês. No Uruguai, as primeiras sementes de eucalipto foram recebidas em 1853. A Argentina teria introduzido o eucalipto em seu país em 1865, através do Presidente Garcia Moreno. É difícil determinar, com segurança, a data de introdução do eucalipto no Brasil. Até a algum tempo, tinha-se como certo que os primeiros plantios aconteceram no Rio Grande do Sul, em 1868, por Frederico de Albuquerque. No ano de 1868, o tenente Pereira da Cunha plantou alguns exemplares na Quinta da Boa Vista, no Rio de Janeiro. O acadêmico Osório Duque Estrada afirmou que, em 1875, na antiga propriedade de seu pai, mais tarde transformada em Sanatório da Gávea, havia exemplares de *Eucalyptus globulus* que, pelo seu porte gigantesco, não deviam contar menos de vinte anos, o que faz recuar a data de sua introdução no Brasil para 1855.

Os primeiros plantios florestais com viés comercial no Brasil se deram por volta de 1903, quando Navarro de Andrade iniciou a implantação de ensaios com mudas de eucalipto (*Eucalyptus* spp.) com o objetivo de produzir dormentes para as estradas de ferro. Entretanto, o aumento se deu durante a década de 70 através dos incentivos fiscais para o reflorestamento, o que ampliou consideravelmente a área plantada.

Atualmente, as espécies de eucalipto são cultivadas em quase todos os continentes do mundo, sendo encontradas em mais de 100 países da América do Sul, sul da Europa, Austrália e África, perfazendo um total de mais de 20 milhões de hectares plantados (MYBURG et al., 2014). Para tanto, o motivo determinante que possibilitou a adaptação das diferentes espécies em várias regiões do Mundo é atribuído a excelente resposta do gênero *Eucalyptus* em distintas condições de solo, sejam eles arenosos ou pantanosos e, em inúmeras situações de precipitação e temperatura (TURNBULL, 1999).

Em seus plantios comerciais no Brasil, usualmente, o corte para a industrialização é realizado aos sete anos, em um sistema que proporciona até três rotações sucessivas, com ciclos de até 21 anos. A madeira do eucalipto pode ser empregada para múltiplos fins, como produção de papel, postes, energia, carvão vegetal, madeira serrada, móveis, chapas e fibras, lâminas, compensados, aglomerados, além de serem aproveitados na produção de óleos essenciais e mel (ISHII, 2009).

Para fins comerciais, dentre a grande diversidade de espécies do gênero, as mais utilizadas são: *E. grandis*, *E. globulus*, *E. urophylla* e *E. camaldulensis* (KAGEYAMA, 1980). Entretanto, no Brasil, os atuais plantios clonais de *Eucalyptus* estão constituídos das seguintes espécies e seus híbridos: 65% *E. grandis* x *E. urophylla*, 15% *E. urophylla* (híbridos espontâneos), 7% *E. grandis*, 6% *E. urophylla*, 2,5% *E. saligna*, 0,6% *E. urophylla* x *E. camaldulensis*, 0,5% *E. urophylla* x *E. globulus* e 0,4% *E. camaldulensis* x *E. grandis* (ASSIS et al, 2015). Nesse contexto, é importante destacar que as florestas clonais mais recentes são formadas a partir de genótipos com potencial genético para atingir elevadas produtividades e qualidade de madeira superior nos seus diferentes usos finais, cuja tendência norteia os objetivos atuais e futuros dos programas de melhoramento de eucalipto.

2.3 O *Eucalyptus dunnii*

O *E. dunnii* é uma espécie subtropical, muito utilizada na Região Sul do território brasileiro. Possui restrita distribuição natural na Austrália, sendo encontrada apenas nas latitudes 28°S e 30°S na faixa litorânea dos estados de Queensland e Nova Gales do Sul, entre 100 e 900 m de altitude. Ocorre predominantemente no tipo climático Cfa (clima subtropical úmido), e em menor proporção nos tipos Cfb (clima oceânico temperado) e Cwb (clima subtropical de altitude). Sendo que suas principais exigências climáticas são: temperatura média anual entre 16 e 19°C e precipitação anual entre 900 e 1.600 mm (FLORES, 2016). O melhor crescimento para esta espécie se dá em solos úmidos e altamente férteis de origem basáltica, mas ocorre também em solos de origem sedimentar e bem drenados. Em virtude de sua distribuição geográfica na Austrália, não há grandes variações entre procedências, sendo as mais conhecidas as de Urbenville, Moleton, Acacia Kreek e Ded Horse (FONSECA et al., 2010).

Tabela 1 - Exigências climáticas ajustadas para *Eucalyptus dunnii* Maiden.

Parâmetros climáticos	Indicadores (mínimo/máximo)	
Precipitação média anual	845 mm	1.950 mm
Temperatura média das máximas do mês mais quente	24°C	31°C
Temperatura média das mínimas do mês mais frio	-1°C	17°C
Temperatura média anual	12°C	22°C
Número de meses sem chuvas	0	5
Regime de chuvas	Regular no verão	

Fonte: Jovanovic & Booth (2002).

A introdução do *E. dunnii* no Brasil ocorreu em 1964, na região de Monte Alegre (PR) a 900 m de altitude, demonstrando uma "discreta tolerância ao frio, suportando temperaturas mínimas de até - 5°C" (SPELTZ et al., 1982). Indicado para plantios em regiões com temperaturas mínimas absolutas de até - 5°C, mas sob condições de aclimação prévia por gradual abaixamento de temperatura na estação fria, suportando até 22 geadas anuais contra oito geadas anuais de *E. saligna* (FAO, 1981). Quando da ocorrência de geadas fortes, fora da época normal de ocorrência, pode apresentar índices de mortalidade de até 50 % das plantas em plantios comerciais, conforme observado sob temperatura de -15°C na Argentina (PALUDZYSZYN et al., 2006).

A madeira de *E. dunnii* é considerada de resistência média com densidade básica de 500 kg m⁻³, aproveitável para fins energéticos, estruturas leves, confecção de painéis reconstituídos e para celulose, possui cor clara, tendo o desdobro das toras que ser realizado por cortes no sentido tangencial (ROCHA et al., 2002).

O *E. dunnii* no Brasil apresentou razoável crescimento volumétrico, com produtividades que variaram entre 20 e 33 m³ ha⁻¹ ano⁻¹. Porém, para atingir essas produtividades, a espécie deve ser plantada apenas em áreas mais altas do relevo, onde não ocorre a formação de geadas intensas (SILVA et al., 2012). O *E. dunnii* é considerado uma espécie tolerante ao frio, pois sente os efeitos de geadas severas que causam danos em seus tecidos foliares e vasculares, porém é capaz de se recuperar e atingir boas produtividades quando plantada em áreas mais altas do relevo (SILVA et al., 2012).

2.4 Melhoramento genético do eucalipto

Os estudos utilizando o eucalipto no Brasil iniciaram em 1904 através de Edmundo Navarro de Andrade (Companhia Paulista de Estradas de Ferro), que realizou a introdução de várias espécies e origens deste gênero no Jardim Jundiaí, em São Paulo. O melhoramento genético do eucalipto no país teve início em meados do século XX, tendo como propósito identificar as espécies que melhor se adaptavam as condições climáticas brasileiras visando o fornecimento de combustível e madeira para dormentes e postes para as ferrovias (NAVARRO DE ANDRADE, 1961).

A fácil adaptação à diferentes condições ambientais no Brasil e a possibilidade de aplicação em diversos usos, foi o que impulsionou os estudos com as diversas espécies do gênero, que se tornou um dos mais importantes cultivados no Brasil. A partir de 1941, foi elaborado um programa de melhoramento genético, baseado na seleção de árvores superiores, áreas de produção de sementes, hibridações interespecíficas e seleção de mudas nos viveiros a fim de melhorar a uniformidade das plantações, reduzir falhas, melhorar a forma do tronco, aumentar diâmetro e altura das árvores, melhorar a capacidade de brotação e expandir a produção por unidade de área (FERREIRA, 1997; SILVA, 2006).

No final da década de 1960, a cultura do eucalipto foi inserida em outras regiões do Brasil, sendo que nessa época surgiu o primeiro grande problema da cultura, o cancro, causado pelo fungo *Cryphonectria cubensis* Burner (Hodges). Para buscar resistência à essa doença, foram avaliados os híbridos de *E. grandis* x *E. urophylla*, que apresentavam grande potencial de crescimento e que associavam resistência ao cancro. Com isso, se intensificaram os estudos de propagação vegetativa e em 1979 foi instalada a primeira plantação comercial via propagação vegetativa, com cerca de 1.000 ha, em Aracruz, Espírito Santo (CARVALHO, 2008).

Nas décadas de 1980 e 1990 houve o abandono das estratégias de melhoramento genético, e foco na propagação clonal. Neste período, em que todos os esforços foram dedicados à estaquia (macro – brotações provenientes de árvores abatidas e mini estaquia – brotações de material rejuvenecido), as empresas também intensificaram os estudos para adaptar seus genótipos às novas regiões geográficas em que estavam sendo instaladas as unidades das empresas (CARVALHO, 2008).

As empresas voltaram a investir em seus programas de seleção, com grande ênfase à seleção recorrente recíproca, visando melhorar as suas populações para a

obtenção de híbridos interespecíficos superiores. Atualmente as técnicas de biotecnologia estão sendo inseridas nos programas de melhoramento, principalmente o uso de marcadores moleculares visando à identificação de QTL's ("Quantitative Trait Loci") (CARVALHO, 2008). Os marcadores moleculares tem sido utilizados nos programas de melhoramento genético em muitas questões, que variam desde o mapeamento genético de populações, reconstrução filogenética, análises de diversidade e variabilidade genética, validação de identidade clonal, entre outros (ASSIS et al., 2015).

Outra aplicação, é a seleção assistida por marcadores (SAM), que tem despertado grande interesse dos profissionais da área de silvicultura, pois permite acelerar os programas em fases iniciais, o que, geralmente, não é possível de se realizar ao serem avaliados caracteres morfológicos (DOMINGUES et al., 2006). Recentemente, além da seleção assistida por marcadores (SAM), tem sido enfatizada a utilização da seleção genômica ampla (SGA) nos programas de melhoramento com eucaliptos, com o intuito de reduzir o tempo de seleção de genótipos.

A seleção genômica ampla (SGA) foi proposta há 11 anos, como sendo uma nova ferramenta de apoio ao melhoramento, baseada na seleção assistida de todo genoma, gerando o aumento substancial da taxa de ganho genético em animais e plantas (MEUWISSEM, et al., 2001). Baseada principalmente no uso de marcadores do tipo SNP (polimorfismos de um único nucleotídeo), que resultam da alteração de um único par de bases, essa ferramenta apresenta alto potencial de uso no eucalipto, podendo ser aplicada em qualquer geração de melhoramento (FONSECA et al., 2010; RESENDE et al., 2008).

O uso efetivo da seleção genômica como ferramenta de apoio aos programas de melhoramento tem se tornado rotina, como por exemplo no melhoramento de soja e algodão, em empresas privadas, sendo que na literatura disponível existem trabalhos envolvendo o uso efetivo da seleção genômica nas cultura do milho, arroz, cevada, eucalipto, trigo e cana-de-açúcar (RUTKOSKI et al., 2011; CROSSA et al., 2011; HEFFENER et al., 2011; GRATTAPAGLIA et al., 2011; FRITSCH NETO, 2011).

Myburg et al. (2014) revolucionou o processo de genotipagem, realizando o sequenciamento do genoma de *E. grandis*, sendo esta informação altamente relevante para outras espécies do gênero *Eucalyptus* e seus híbridos. Foi desenvolvido um chip (Chip Illumina 60K) para genotipagem de espécies de eucalipto

em larga escala (SILVA-JUNIOR et al., 2015), sendo o marco que consolida o uso de polimorfismos de um único nucleotídeo (SNP) em estudos genômicos do gênero. Esse estudo foi publicado na revista britânica *Nature* (nº 7.505), utilizando uma das espécies mais importantes para a economia brasileira, o *E. grandis* (Figura 1) e contou com a participação de cientistas brasileiros.

O estudo, que analisou o genoma de 640 milhões de pares de bases do eucalipto contou com a participação de mais de 80 cientistas de 30 instituições em nove países. Do Brasil, além da liderança da Embrapa, também fizeram parte do projeto pesquisadores da Universidade Católica de Brasília, Universidade de Brasília, Universidade Federal de Viçosa, Universidade Federal do Rio de Janeiro e Universidade Federal do Rio Grande do Sul. Esse projeto, iniciado em 2008 através da rede internacional EUCAGEN (Eucalyptus Genome Network), foi liderado por cientistas de três países: Alexander Myburg da Universidade de Pretória (África do Sul); Dario Grattapaglia, da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Brasil), e Gerald Tuskan, do Joint Genome Institute – JGI do Departamento de Energia dos Estados Unidos (DOE).

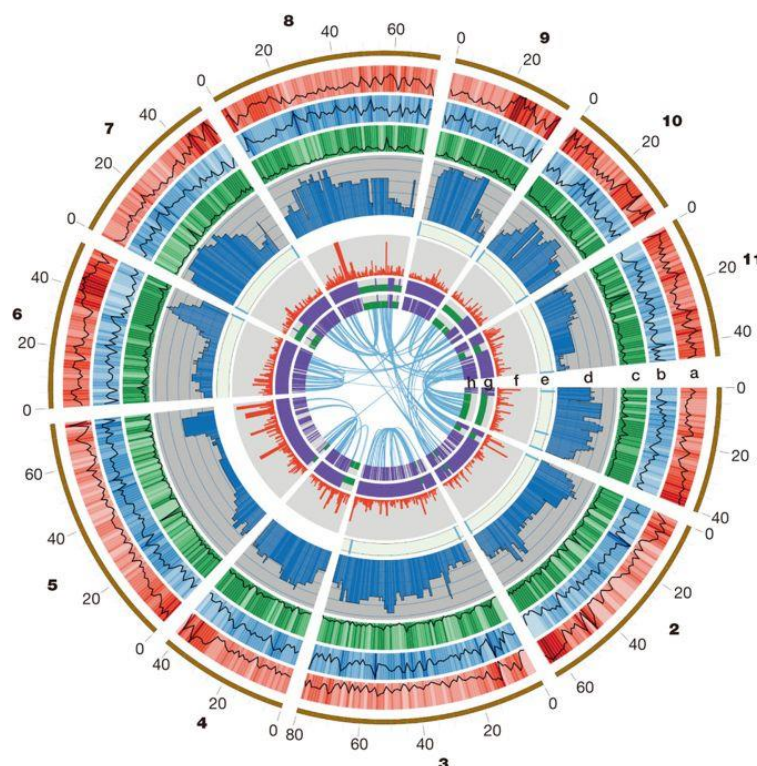


Figura 1 - Visão geral do genoma do *Eucalyptus grandis*.

Fonte: *Nature* (AA Myburg et al. *Nature* 000, 1-7 (2014) doi:10.1038/nature13308).

Ainda, mesmo que com menor representatividade até o momento, os processos de transgenia estão sendo aplicados ao gênero *Eucalyptus*. Os estudos da transgenia em eucalipto iniciaram na década de 1980, e, no início dos anos 2000 as expectativas aumentaram em torno dessa ferramenta. No cenário atual, apenas um genótipo de eucalipto obteve liberação para cultivo no Brasil. A Comissão Técnica Nacional de Biossegurança (CTNBio) aprovou no dia 09 de abril de 2015 a liberação comercial do eucalipto transgênico. A liberação foi solicitada pela FuturaGene Brasil Tecnologia Ltda, empresa de biotecnologia da Suzano Papel e Celulose. A espécie liberada é a *Eucalyptus* spp L., contendo um gene da planta *Arabidopsis thaliana*, que aumentou em 20% a produtividade do clone modificado geneticamente, frente aos genótipos plantados comercialmente pela empresa. De acordo com a empresa, o Brasil é o primeiro país a liberar o eucalipto geneticamente modificado.

O melhoramento genético de *Eucalyptus* no passado teve como base principal as características relacionadas à produtividade de madeira por hectare. Na década de 1990, o setor florestal investiu em programas de melhoramento que atendessem também a parâmetros tecnológicos da madeira, mais relacionado ao que se refere à caracteres da madeira para celulose (SILVA et al., 2012).

Um programa de melhoramento genético deve possuir suas estratégias bem definidas, com a descrição das atividades, prazos e resultados esperados para o curto e longo prazo. Através das estratégias será obtido genótipo melhorado quanto à produtividade e qualidade da madeira, resistência à pragas e doenças e adaptados às condições climáticas adversas (ODA et al., 2007).

Os programas de melhoramento são realizados em ciclos repetidos de seleção e recombinação entre indivíduos superiores selecionados. Sendo as estratégias de melhoramento que irão definir como estes ciclos serão organizados, com o objetivo de desenvolver genótipos superiores para serem empregados nos plantios comerciais (ASSIS et al., 2015).

As fases que formam uma estratégia de melhoramento são: população base, população de melhoramento (indivíduos geneticamente superiores), cruzamentos ou recombinação destes indivíduos para gerar populações base e gerações avançadas, que serão submetidas a ciclos repetidos de seleção, e multiplicação para prover o genótipo melhorado em quantidade para plantios comerciais (sementes e clones), conforme ilustrado na figura 2 (ASSIS et al., 2015; HIGA et al., 1991; RESENDE et al., 2005;).

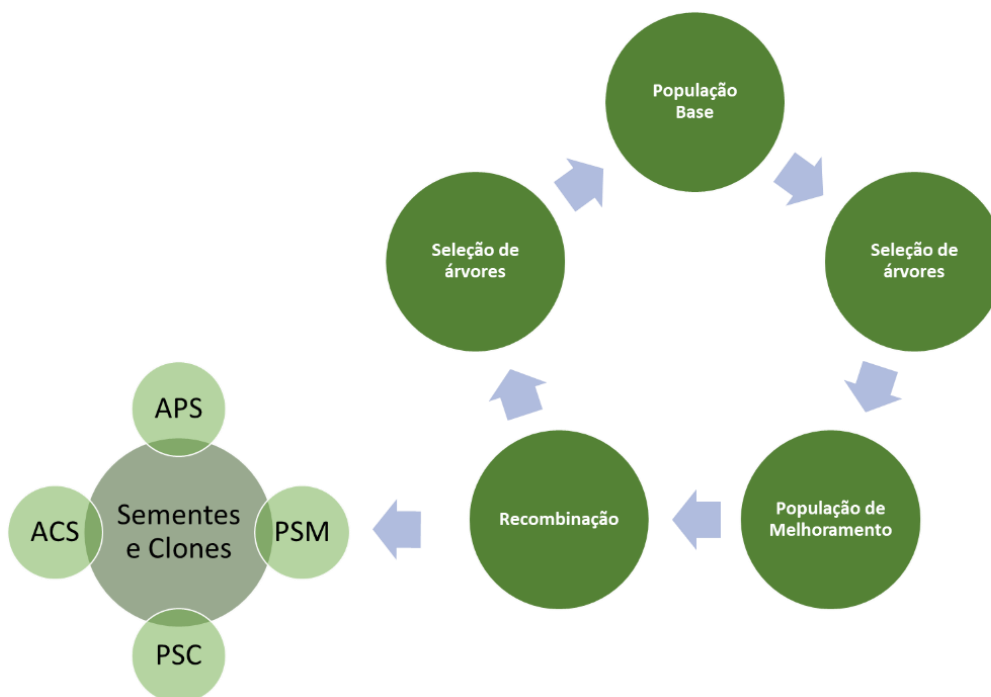


Figura 2 - Estrutura básica de uma estratégia de melhoramento

Adaptado de HIGA, 2012.

ACS = Área de Coleta de Sementes; APS = Área de Produção de Sementes; PSM = Pomar de Sementes por Mudanças; PSC = Pomar de Sementes Clonal.

Nesse contexto, as características de qualidade da madeira têm predominância dos efeitos aditivos no controle genético, o que permite o uso da Seleção Recorrente Intrapopulacional (SRI), visando o aumento ou melhoria de atributos da qualidade da madeira como a densidade, por exemplo. Entretanto, para as características de crescimento (volume da árvore, diâmetro do caule e altura da planta), a estratégia mais indicada é a Seleção Recorrente Recíproca (SRR), porque estes caracteres apresentam dominância alélica e considerável heterose no cruzamento entre populações com divergência genética (RESENDE et al., 2007). Nesse caso, a seleção recorrente recíproca envolvendo populações ou espécies complementares se torna mais eficiente para o aumento dos ganhos a cada geração de melhoramento (ASSIS et al., 2015).

Atualmente, as estratégias utilizadas em programas de melhoramento de *Eucalyptus* são baseadas na seleção de genitores e no direcionamento dos cruzamentos dentro de programas de Seleção Recorrente Recíproca (SRR) entre populações divergentes e também via Seleção Recorrente Intrapopulacional (SRI) em

população híbrida sintética (híbridos obtidos por polinização controlada) oriunda do cruzamento entre clones elites com incorporação de novos clones a cada geração. Essa incorporação de novos clones a cada geração tem sido chamada de Seleção Recorrente Intrapopulacional em População Sintética (SRIPS), e essa população é re-sintetizada a cada geração via cruzamentos controlados (RESENDE et al., 2005).

2.5 Características da madeira inseridas no melhoramento de *Eucalyptus*

Segundo Nunes et al. (2016a), os caracteres relacionados às características da madeira apresentam, de forma geral, elevado controle genético. Em progênies de *E. viminalis* aos 43 meses de idade no município de Santa Cecília, SC, foram encontrados valores de herdabilidade no sentido restrito (h^2) de 0,82 para o caráter densidade básica da madeira (STURION, 2008). O conhecimento das estimativas dos parâmetros genéticos, além de sua importância na inferência sobre o controle genético dos diferentes caracteres e comparação de métodos de seleção, é essencial nos procedimentos de predição dos valores genéticos e, portanto, na seleção propriamente dita (LI et al., 2017). A herdabilidade é um dos mais importantes parâmetros genéticos, pois quantifica a fração da variação fenotípica de natureza herdável, passível de ser explorada na seleção (RESENDE, 2002).

As características da madeira variam entre espécies e entre indivíduos dentro das espécies. Esta variabilidade é hereditária e pode ser aproveitada em programas de melhoramento para o desenvolvimento de genótipos com melhorias nas características da madeira (DOWNES et al., 1997).

Mesmo com o avanço de tecnologias para amostragens não destrutivas, de rápida resposta e baixo custo, ainda hoje, os programas de melhoramento genético da madeira de eucalipto estão baseados principalmente nos critérios de produtividade por hectare, sendo que os parâmetros tecnológicos, como é o caso da qualidade da madeira, também deveriam ser devidamente considerados nos programas de seleção.

Sabendo que os sentidos de seleção para características de qualidade da madeira e de crescimento são contrários (correlação negativa), os programas de melhoramento florestal tem praticado a seleção para esses dois critérios em cenários diferentes (FONSECA et al., 2010). Assim, no início do programa de melhoramento deve-se considerar as características de maior controle genético (densidade básica

da madeira, por exemplo) e mais para o fim do programa, os caracteres de crescimento (FONSECA et al., 2010).

Segundo ESTOPA et al. (2017) valores considerados moderados para herdabilidade individual no sentido restrito foram observados para a espécie *Eucalyptus benthamii* Maiden & Cambage quando avaliado o teor de lignina ($h^2 = 0,454$). Para o rendimento em celulose em *Eucalyptus nitens* (Deane & Maiden) Maiden, SCHIMLECK et al. (2004) observaram valores altos para herdabilidade ($h^2 = 0,56$).

Com base neste contexto, torna-se necessário o uso de métodos de seleção que considerem os caracteres com herdabilidade alta, como a densidade básica, o rendimento em celulose e o teor de lignina, juntamente com os caracteres de baixa herdabilidade, como o DAP e a altura, proporcionando com que sejam selecionados genes e/ou alelos para os caracteres de qualidade da madeira e crescimento.

2.6. Medição indireta da densidade básica da madeira

Os métodos mais utilizados para determinação da densidade básica da madeira são o método de imersão em um líquido de densidade conhecida e o método do máximo teor de umidade, ambos prescritos pela NBR 11941/2003 (Associação Brasileira de Normas Técnicas - ABNT, 2003), aplicados em amostras de cavacos ou discos. Tais métodos exigem o abate das árvores para a formação das amostras, o que os caracterizam como sendo métodos destrutivos, elevando o custo da amostragem e ainda tornando o processo de resposta mais lento.

Atualmente estão sendo empregados métodos de amostragem não destrutivos para a estimação da densidade básica, assim como de outros parâmetros de qualidade da madeira, entre os quais o rendimento de polpa, por exemplo. Para Ross et al., (1998), este tipo de avaliação não destrutiva pode ser caracterizada como o estudo das propriedades físicas e mecânicas de uma peça de determinado material, sem alterar suas capacidades de uso final. A utilização de métodos não destrutivos apresenta inúmeras vantagens, como a rapidez na obtenção de resultados, baixo custo de amostragem, além da manutenção da integridade da árvore.

Um dos métodos não destrutivos mais utilizados é o Pilodyn, que consiste na medição da profundidade de penetração de um pino de aço na madeira, impulsionado por uma mola, que é acionada por um gatilho. O método do Pilodyn surgiu na Suíça

com o objetivo de propiciar avaliações a respeito do grau de podridão de postes de transmissão de energia elétrica (DAVID, 1978).

Segundo Greaves et al. (1996), a determinação da densidade básica dá-se de forma indiretamente proporcional à profundidade de penetração desse pino no lenho da árvore. Essa metodologia possibilita mensurar de forma indireta a densidade básica da madeira.

2.7 Biometria

O principal desafio dos melhoristas é desenvolver florestas geneticamente superiores, quando comparadas à população inicial, mas para que isso ocorra, é necessário praticar a seleção em uma população mista, esperando alta produtividade em plantios uniformes (GRIFFING, 1966).

O melhorista florestal deve realizar uma análise correta da produtividade, e deve ser capaz de praticar a seleção com base no genótipo dos indivíduos, sendo que a Biometria surge para apoiar esta seleção genética, permitindo que a triagem seja feita com base no potencial genético dos indivíduos.

Desse modo, a Biometria pode ser caracterizada como uma área do conhecimento que reúne a Estatística e a Genética Quantitativa como ferramentas para o entendimento de fenômenos biológicos. O conhecimento da Estatística é fundamental para o desenvolvimento correto do melhoramento florestal. Através da Biometria, os fenômenos biológicos podem ser estudados e quantificados, tornando possíveis as tomadas de decisões corretas para a continuidade do programa de melhoramento genético (RESENDE, 2002). A Estatística é uma ferramenta importante para o estudo das variações fenotípicas, genotípicas e ambientais, o que impacta diretamente na seleção de genótipos superiores (PIRES et al., 2011).

Ronald Fisher desenvolveu várias técnicas e conceitos que se tornaram centrais na ciência da Estatística, iniciando os estudos em Genética Quantitativa, publicando em 1918 um trabalho fundamental sobre componentes de variância genética e medidas de parentesco genético aditivo, de dominância e epistática (RESENDE, 2002). Também criou no ano de 1922, o método da máxima verossimilhança e em 1925 desenvolveu a análise de variância (ANOVA). Esta última é uma ferramenta estatística que no melhoramento genético torna possível a

estimação de componentes de variância e o estudo de dados provenientes de diferentes delineamentos experimentais (RESENDE, 2002).

Através da criação do Departamento de Estatística Aplicada na *University College London* em 1911, por Karl Pearson, houve a consolidação da aplicação da estatística para resolução de problemas na área da biologia, e, dando origem assim à Biometria (RESENDE, 2002). Assim a Genética Quantitativa é uma das áreas da Genética que estuda os caracteres, sua herança e os componentes determinantes de sua variação (CRUZ, 2005).

Os caracteres podem ser qualitativos, que são aqueles controlados por um pequeno número de genes, em que cada fenótipo pode ser associado a um ou poucos genótipos, e, quantitativos, que são controlados por um grande número de genes e apresentam elevada influência do meio ambiente (NUNES, 2018). O estudo destes caracteres é realizado através do modelo $F = G + M$, onde F é fenótipo ou valor fenotípico medidos nos indivíduos, como resultado da atuação do genótipo (G) somado às influências do meio ambiente (M) (CRUZ, 2005).

Fischer em 1922, ao desenvolver o princípio da verossimilhança, assumindo que o modelo é verdadeiro e somente os valores dos parâmetros necessitam ser determinados. Essa função fornece uma medida exata da incerteza e resume toda a informação que os dados fornecem para um parâmetro desconhecido. Suas estimativas são relativas e não absolutas, sendo um método exato que independe do tamanho amostral ou da distribuição que os dados assumem (RESENDE et al., 2014). O modelo da verossimilhança considera conjuntamente os efeitos fixos e aleatórios sendo denominados de modelo misto. Desta maneira, as inferências realizadas para os efeitos fixos são definidas como estimativas, em contrapartida, para os efeitos aleatórios o termo correto é predição (LYNCH et al., 1998). Já a máxima verossimilhança (ML) é baseada na obtenção do ponto da máxima função, sendo definida como a função de densidade de probabilidade conjunta para todas as observações experimentais, no entanto, como desvantagem este modelo não considera a perda dos graus de liberdade devido à estimativa dos efeitos fixos, o que culmina em estimadores viesados (RESENDE et al., 2014).

Como o modelo da máxima verossimilhança (ML) apresentava algumas imperfeições, foi desenvolvida a máxima verossimilhança restrita (REML) que possibilitou a eliminação do viés intrínseco da máxima verossimilhança, sendo mantidas as demais propriedades dos estimadores não viesados e componentes

positivos (PATTERSON et al., 1971). Esse modelo permite decompor a variância total obtida em um determinado ensaio experimental em componentes de variância, sendo estes não influenciados pelos efeitos fixos do modelo e ponderados pelos graus de liberdade, proporcionando a obtenção de estimadores não viciados e fidedignos (RESENDE et al., 2014).

Para o melhoramento, a compreensão do valor genético de um determinado genótipo é fundamental, sendo que a predição destes valores tornou-se possível a partir de 1963 através dos estudos de Henderson, que compilou em um só modelo o método dos mínimos quadrados de Yates (1933), os índices de seleção de Lush (1931) e as inferências obtidas pelo melhor preditor linear, vindo assim a ser criado o modelo de melhor preditor linear não viesado (*Best Linear Unbiased Prediction* - BLUP).

Foi através de Paulo Yoshio Kageyama e Roland Vencovsky (pesquisadores da ESALQ), na década de 70 que o Brasil iniciou uma revolução na área de Biometria, através da intensificação e desenvolvimento de metodologias para cálculo de parâmetros genéticos e estudos de implementação ótima da Genética Quantitativa no melhoramento florestal (CASTRO et al., 2016). A partir desta mudança, surgiram diversas metodologias, dentre elas a utilização de modelos mistos (*Restricted Maximum Likelihood/ Best Linear Unbiased Predictor* ou REML/BLUP), que é uma das mais utilizadas nos programas de melhoramento florestal desde a década de 90, impulsionada pelos trabalhos desenvolvidos pelo pesquisador Marcos Deon Vilela de Resende.

O procedimento ótimo de seleção utilizado na área florestal é o BLUP (melhor predição linear não viesada) para os efeitos genéticos aditivos (a), de dominância (d) e genotípicos (g). Este procedimento maximiza a acurácia seletiva e permite o uso simultâneo de vários experimentos instalados em um ou vários locais (RESENDE, 2002), e, depende das estimativas de componentes de variância e de parâmetros genéticos. A metodologia REML/BLUP maximiza a relação entre a predição do valor genético com o verdadeiro valor genético, onde se busca minimizar o erro de predição (RESENDE et al., 2014).

Segundo Cruz (1989) e Vencovsky et al. (1992), o termo adaptabilidade pode ser designado como a capacidade que o genótipo possui em responder de maneira positiva ao estímulo ambiental, e estabilidade, como a capacidade dos genótipos em manter seu comportamento estável em diferentes condições de ambiente.

Na seleção de genótipos superiores em programas de melhoramento, quando aplicados modelos biométricos, existe a necessidade de que estes modelos apresentem resultados com acurácia alta, ou seja, que as estimativas estejam próximas do valor real, e que a mesma esteja ligada às estimativas dos componentes da variância. Neste contexto, o procedimento ótimo para predição de valores genéticos BLUP (melhor predição linear não viciada) e o procedimento ótimo de estimação de componentes de variância REML (máxima verossimilhança residual ou restrita), estão associados a um modelo linear misto, isto é, modelo que contém efeitos fixos além da média geral e efeitos aleatórios além do erro (NUNES et al., 2016b).

As inferências e a seleção de genótipos superiores podem ser realizadas através do método da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG), o qual classifica os efeitos de clones como aleatórios e, portanto, fornece estabilidade e adaptabilidade genotípica e não fenotípica. Através deste método é possível o ordenamento dos genótipos simultaneamente por seus valores genéticos e estabilidade, utilizando o BLUP sob médias harmônicas dos valores genotípicos (MHVG). Já a adaptabilidade pode ser mensurada pela performance relativa dos valores genotípicos (PRVG), onde os valores genotípicos preditos são expressos como proporção da média geral de cada local, obtendo-se posteriormente o valor médio desta proporção através dos locais (RESENDE et al., 2007).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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

ASSIS, T. F.; ABAD, J. I. M.; AGUIAR, A. M. **Melhoramento genético do eucalipto**. Cap. 7. 2015.

CAIXETA, Ronaldo Pereira et al. Variações genéticas em populações de *Eucalyptus* spp. detectadas por meio de marcadores moleculares. **Revista Árvore**, v. 27, n. 3, p. 357–363, 2003.

CARVALHO, A. D. F. HISTÓRICO DO MELHORAMENTO GENÉTICO DE EUCALIPTO NO BRASIL. **Agricultural Research (Washington D.C.)**, p. 11–13, 2008.

CASTRO, Carla Aparecida de Oliveira et al. Brief history of *Eucalyptus* breeding in Brazil under perspective of biometric advances. **Ciência Rural**, v. 46, n. 9, p. 1585–1593, 2016.

COSTA E SILVA, João et al. Genetic parameters for growth, wood density and pulp yield in *Eucalyptus globulus*. **Tree Genetics & Genomes**, Berlin/Heidelberg, v. 5, n. 2, p. 291–305, 2009.

COUTO, Allan Motta et al. Modeling of basic density of wood from *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla* using nondestructive methods. **Cerne**, v. 19, n. 1, p. 27–34, 2013.

CROSSA, J.; PÉREZ, P.; LOS CAMPOS, G.; MAHUKU, G.; DREISIGACKER, S.; MAGOROKOSHO, C. Genomic Selection and Prediction in Plant Breeding. **Journal of Crop Improvement**, v. 25, p. 239-261, 2011.

CRUZ, C.D. **Metodologias de análise de estabilidade e adaptabilidade**. In: CURSO DE GENÉTICA QUANTITATIVA, 2., 1989, Piracicaba. Curso. 1989. 11p.

CRUZ, Cosme Damiao. **Modelos biometricos aplicados ao melhoramento genetico**. 2. ed.. ed. Vicoso: Vicoso UFV, 1994.

CRUZ, Cosme Damião. **Princípios de genética quantitativa**. ed. Viçosa: Viçosa UFV, 2005.

DAVID.J., Cown. Comparison of the Pilodyn and Torsiometer methods for the rapid assessment of wood density in living trees. **New Zealand Journal of Forestry Science** v. 8, n. 3, p. 384–391, 1978.

DE MORAES, M. B. et al. Genetic variability of half sibs eucalyptus progenies for cold tolerance . **Revista Arvore**, v. 39, n. 6, p. 1047–1054, 2015.

DOMINGUES, Douglas Silva et al. Identificação de marcador rapd e scar relacionados ao caractere florescimento precoce em eucalyptus grandis1. **Ciência Florestal**, [s. l.], v. 16, n. 3, p. 251–260, 2006.

DOWNES, G. M. et al. **Sampling plantation eucalypts for wood and fibre properties**. Melbourne, Australia: CSIRO, 1997.

EMBRAPA - Melhoramento genético de eucaliptos subtropicais: contribuições para a espécie *Eucalyptus badjensis*. Paulo Eduardo Telles dos Santos et al. - **Colombo: Embrapa Florestas**, 2018. 95 p.

ESTOPA, R. A. et al. NIR spectroscopic models for phenotyping wood traits in breeding programs of *Eucalyptus benthamii*. **Cerne**, v. 23, n. 3, p. 367–375, 2017.

FAO. **El eucalipto en la repoblacion forestal**. Roma, 1981.

FERREIRA, Mário. **Melhoramento genético florestal dos *Eucalyptus* no Brasil breve histórico e perspectivas** (P. E. T. Santos, IUFRO. Conference on Silviculture and Improvement of Eucalypts (1997 Salvador), Eds.)

FLORES, Thiago Bevilacqua. ***Eucalyptus* no Brasil zoneamento climático e guia para identificação**. Piracicaba: Piracicaba IPEF, 2016.

FONSECA, Sebastião Machado Da et al. **Manual prático de melhoramento genético do eucalipto**. Viçosa: Viçosa UFV, 2010.

FRITSCH NETO. **Seleção Genômica Ampla e Novos Métodos de Melhoramento do Milho**. 2011. 28 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa – MG, 2011.

GOMIDE, Jose Livio; NETO, Humberto Fantuzzi; REGAZZI, Adair José. Análise de critérios de qualidade da madeira de eucalipto para produção de celulose kraft
Analysis of wood quality criteria of eucalyptus wood for kraft pulp production. **Revista Árvore**, v. 34, n. 2, p. 339–344, 2010.

GONZÁLEZ, E. R. et al. Transformação genética do eucalipto. **Biotecnologia, Ciência & Desenvolvimento**, v. 5, n. 26, p. 18-22, maio/jun., 2002.

GRATTAPAGLIA, et al.; Genomic Selection for Growth traits in Eucalyptus: accuracy within and across breeding populations. **BMC Proceedings**, v. 5, p. 1-2, 2011.

GRATTAPAGLIA, et al. Progress in Myrtaceae genetics and genomics: Eucalyptus as the pivotal genus. **Tree Genetics & Genomes**, Berlin/Heidelberg, v. 8, n. 3, p. 463–508, 2012.

GREAVES, B. L. et al. Use of a Pilodyn for the indirect selection of basic density in *Eucalyptus nitens*. **Canadian Journal of Forest Research**, Ottawa, Canada, v. 26, n. 9, p. 1643–1650, 1996.

GRIFFING, B (1966) Selection in reference to biological groups. Individual and group selection applied to populations of unordered groups. **Aust. J. Biol. Sci.** 20: 127-39.

HAMILTON, Matthew et al. Independent lines of evidence of a genetic relationship between acoustic wave velocity and kraft pulp yield in *Eucalyptus globulus*. **Official journal of the Institut National de la Recherche Agronomique (INRA)**, Paris, v. 74, n. 1, p. 1–10, 2017.

HARDNER, Craig et al. Patterns of genotype-by-environment interaction in diameter at breast height at age 3 for eucalypt hybrid clones grown for reafforestation of lands affected by salinity. **Tree Genetics & Genomes**, Berlin/Heidelberg, v. 6, n. 6, p. 833 – 851, 2010.

HEFFNER, E. L.; JANNINK, J.; SORRELLS, M. E. Genomic selection accuracy using multifamily prediction models in a wheat breeding program. **The Plant Genome, Madison**, v. 4, n. 1, p. 65-75, 2011.

HIGA, R.C.V.; RESENDE, M.D.V. de; SOUZA, S.M. de. **Programa de melhoramento genético de Eucalyptus no Brasil**. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL, 1991, Curitiba. O Desafio das Florestas Neotropicais. Curitiba; Universidade Federal do Paraná; Freiburg: Universidade Albert Ludwig, 1991. P. 86-100.

HIGA, Rosana Clara Victoria; HIGA, Antonio Rioyei; TREVISAN, Roberto. Resistência e resiliência a geadas em *Eucalyptus dunnii* Maiden plantados em Campo do Tenente, PR. **Boletim de Pesquisa Florestal**, v. 40, p. 67–76, 2000.

IBÁ. *Relatório Anual. Relatório 2017*. Disponível em: <<https://iba.org/datafiles/publicacoes/pdf/iba-relatorioanual2017.pdf>>, Acesso em: 15 dez 2018.

IBGE. **Produção da Extração Vegetal e da Silvicultura** - PEVS. Disponível em: <<https://www.ibge.gov.br/estatisticas-novoportal/economicas/agricultura-e-pecuaria/9105-producao-da-extracao-vegetal-e-da-silvicultura.html?=&t=o-que-e>>. Acesso em: 21 dez 2018.

ISHII, K. DNA Markers in Eucalyptus with emphasis on species identification. **Environment Control in Biology**, Tokyo, v. 47, n. 1, p. 1-11, 2009.

JOVANOVIĆ, T.; BOOTH, T. Improved species climatic profiles: a report for the RIRDC/L&W Australia/FWPRDC/MDBC Joint Venture Agroforestry Program. 2002. **(RIRDC Publication, n. 02/095)**. Disponível em: <<http://www.rirdc.gov.au/reports/AFT/02-095.pdf>>. Acesso em: 15 nov. 2018.

KAGEYAMA, Paulo Yoshio. **Variação genética em progênies de uma população de Eucalyptus grandis (Hill) maiden**. 1980. Piracicaba, 1980.

KANTIVILAS, G. The Discovery of Tasmanian *Eucalyptus*: na historical sketch. **Tasforests**, 8: 1 – 13, 1996.

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

LARCHER, W. **Ecofisiologia vegetal**. São Carlos: Rima, 2000. 398p.

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

LUSH, J.L. The number of daughters necessary to prove a sire. **Journal of Dairy Science**, v.14, p. 209-220, 1931.

LYNCH, M.; WALSH, B. Genetics and Analysis of Quantitative Traits. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, [s. l.], v. 119, n. 6, p. 406, 1998.

MATSUMOTO, S.T, MORALES, M.A.M., RUAS, C.F., e RUAS, P.M. Cytogenetic analysis of seven species of *Eucalyptus* L' Hé. (Myrtaceae) **Caryologia** 53 (3-4) 205:2012, 2000.

MEUWISSEN, T. H. E.; GOODARD, M. E.; HAYES, B. J. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. **Genetics, Bethesda**, v. 157 pg. 1819-1829, 2001.

MILAGRES, Flaviana Reis et al. Influência da idade na geração de modelos de espectroscopia NIR, para predição de propriedades da madeira de *Eucalyptus* spp. **Revista Árvore**, v. 37, n. 6, p. 1165–1173, 2013.

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

MYBURG, Alexander A. et al. The genome of *Eucalyptus grandis*. **Nature**, v. 510, n. 7505, p. 356, 2014.

NAVARRO DE ANDRADE, Edmundo. **O eucalipto**. 2. ed. ed. São Paulo, Brasil: São Paulo, Brasil s.n., 1961.

NUNES, A. C. P. et al. *Clonal selection of Eucalyptus grandis x Eucalyptus globulus for productivity, adaptability, and stability, using SNP markers*. **Silvae Genetica** (2016) 65-2, 30-38.

NUNES, Andrei Caíque Pires et al. Estabelecimento de zonas de melhoramento para clones de eucalipto no Rio Grande do Sul. **Scientia Forestalis**, v. 44, n. 111, p. 563–574, 2016. b.

NUNES, Andrei Caíque Pires et al. Evaluation of different selection indices combining Pilodyn penetration and growth performance in Eucalyptus clones. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 17, n. 3, p. 206–213, 2017.

ODA, S.; MELLO, E.J.; SILVA, J.F.; SOUZA, I.C G. **Melhoramento Florestal**. In: BORÉM, A. Biotecnologia Florestal. Viçosa: Editora UFV, 2007. P. 123-142.

PALUDZYSZYN FILHO, ESTEFANO; SANTOS, PAULO EDUARDO TELLES DOS SANTOS; FERREIRA, Carlos Alberto. Eucaliptos indicados para plantios no estado do Paraná. **Embrapa Florestas**, Documentos, p. 45, 2006.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of Inter-Block Information when Block Sizes are Unequal. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 545–554, 1971.

PINTO JÚNIOR, José Elidney. **REML/BLUP para a análise de múltiplos experimentos, no melhoramento genético de *Eucalyptus grandis* W. HILL ex maiden**. 2004. Curitiba, 2004.

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

PITZ FLORIANI, M.M.; STEFFENS, C.A.; CHAVES, D.M.; AMARANTE, C.V.T.; PIKART, T.G.; RIBEIRO, M.S. Relação entre concentrações foliares de carboidratos solúveis totais e tolerância ao frio em diferentes espécies de *Eucalyptus* spp. **Ciência Florestal**, v.23, n.1, p.165-174, 2013.

PRYOR, L.D. **Biology of Eucaliptos**. Canberra, Edward Arnold, 1976. 78 p. (Studies in Biology, 61).

QUEIROZ, Simone Cristina Setúbal et al. Influência da densidade básica da madeira na qualidade da polpa kraft de clones híbridos de *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden x *Eucalyptus urophylla* S. T. **Revista Árvore**, v. 28, n. 6, p. 901–909, 2004.

RESENDE, Marcos Deon Vilela De. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Brasília Embrapa Informação Tecnológica, 2002.

RESENDE, M.D.V; BARBOSA, M.H.P. **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada**. Colombo: Embrapa Informação Tecnológica, 2005. 130 p.

RESENDE, Marcos Deon Vilela De et al. **Métodos e Estratégias de Melhoramento de Espécies Perenes: Estado da Arte e Perspectivas**. Embrapa Informação Tecnológica v. 136, n. 1, p. 23–42, 2007.

RESENDE, Marcos Deon Vilela De. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Colombo Embrapa Florestas, 2007.

RESENDE, M. D. V. de; SILVA, F. F. e; AZEVEDO, C. F. **Estatística matemática, biométrica e computacional: modelos mistos, multivariados, categóricos e generalizados (REML/BLUP), inferência bayesiana, regressão, aleatória, seleção genômica, QTL, GWAS, estatística espacial e temporal, competição, sobrevivência**. Viçosa, MG: UFV, 2014.

ROCHA, M. P.; TOMASELLI, I. Efeito do modelo de desdobro na qualidade da madeira serrada de *Eucalyptus dunni*. **Cerne**, v. 8, n. 2, p. 94–103, 2002.

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

ROSSI, Sergio et al. Growth and basic wood properties of black spruce along an altitudinal gradient in Quebec, Canada. **Official journal of the Institut National de la Recherche Agronomique (INRA)**, Paris, v. 72, n. 1, p. 77–87, 2015.

RUTKOSKI, J. E.; HEFFNER, E. L.; SORRELLS, M. E. **Genomic Selection for Durable Stem Rust Resistance in Wheat**. Technical Workshop, St. Petersburg, Russia, 2011.

SCHIMLECK, L. R.; KUBE, P. D.; RAYMOND, C. A. Genetic improvement of kraft pulp yield in *Eucalyptus nitens* using cellulose content determined by near infrared spectroscopy. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 34, p. 2362–2370, 2004.

SELLE, G.L.; VUADEN, E. **Comunicação: efeitos da geada sobre plantações de *Eucalyptus grandis***. Caderno de Pesquisa; Série Biologia, v.20, v.1, p.36-45, 2007.

SILVA, Luciana Duque; HIGA, Antonio Riroyei; SANTOS, Glêison Augusto Dos. **Silvicultura e melhoramento genético de *Eucalyptus benthamii***. Curitiba: Curitiba Fupef, 2012.

SILVA, P. H. M. Da. **Progressos recentes na área florestal**. Brasília: Brasília Embrapa Informação Tecnológica, 2006.

SPELTZ, R.M., MONTEIRO, R.F.R. E. dunnii perspectivas de sua introdução no segundo planalto paranaense. In: CONGRESSO ANUAL DA ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DA CELULOSE E PAPEL - SEMANA DO PAPEL, 15. 1982, São Paulo. **Anais...** São Paulo: ABCP, 1982. 435 p. 5-19.

STURION, J. A. **Controle genético da densidade básica da madeira de *Eucalyptus viminalis* Labill** [recurso eletrônico] / - Dados eletrônicos. - Colombo : Embrapa Florestas, 2008.

THIERSCH, C. R. O uso de modelos matemáticos na estimativa da densidade básica da madeira em plantios de clones de *Eucalyptus* sp., **Cerne**, Lavras, v. 12 n. 3, p. 264–278, 2006.

TURNBULL, J. W.; PRYOR, L. D. Choice of species and seed sources. In: HILLS, W. E.; BROW, A. G. (Ed.). **Eucalyptus: for wood production**. Sydney: CSIRO/Academic Press, 1984. p. 6-65.

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

WU, Shi-jun et al. Use of the pilodyn for assessing wood properties in standing trees of *Eucalyptus* clones. **Journal of Forestry Research**, Heidelberg, v. 21, n. 1, p. 68–72, 2010.

YATES, F. The principles of orthogonality and confounding in replicated experiments. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 23, p. 108-145, 1933.

3 OBJETIVOS DO ESTUDO

O presente estudo teve como objetivo avaliar a presença de interação genótipo x ambiente (G x A) em diferentes ambientes de cultivo de *E. dunnii* e em diferentes estágios de melhoramento (progênies de meios irmãos e clones), no Estado do Rio Grande do Sul. No caso das progênies, foram avaliados os parâmetros genéticos para características quantitativas, sendo que para os clones, avaliou-se conjuntamente caracteres de produtividade e de qualidade da madeira através do uso de um índice de seleção, tornando possível assim a indicação de clones superiores para as regiões do estudo, com base nos critérios de crescimento, densidade básica-crescimento, estabilidade e adaptabilidade.

Objetivos específicos apresentados neste estudo:

1. Estimar os principais parâmetros genéticos, com destaque para as herdabilidades dos caracteres de crescimento (diâmetro a altura do peito DAP, altura total Ht, volume Vol e incremento médio anual IMA) para as famílias de meio irmãos a partir da utilização do procedimento REML/BLUP.
2. Para os caracteres de crescimento, estabelecer as correlações genéticas com vistas a definir um destes parâmetros para estimar os ganhos por seleção em famílias de meio irmãos de *E. dunnii*, através da aplicação de metodologias propostas por diferentes autores.
3. Estimar os parâmetros genéticos referentes às características de crescimento, produtividade e densidade básica da madeira para clones a partir da utilização do procedimento REML/BLUP.
4. Estabelecer as correlações genéticas para os caracteres de crescimento, qualidade da madeira em clones de *E. dunnii*.
5. Associar a característica da densidade básica com caracteres de crescimento, objetivando obter um índice de seleção acurado para os clones.
6. Com a utilização de um índice de seleção, estimar a correlação genética dos ambientes par a par, com vistas a estabelecer zonas de melhoramento, e comparar esses resultados com os obtidos para os caracteres de crescimento e o próprio índice densidade básica-produtividade.

7. Estimar os ganhos com a seleção em clones de *E. dunnii* através da utilização de um índice associativo entre uma característica de crescimento e uma de qualidade da madeira.

8. Estabelecer, por meio do procedimento BLUP, o ordenamento livre da interação genótipo x ambiente (G x A), o ordenamento individual por ambiente, e, avaliar a estabilidade, adaptabilidade, estabilidade e adaptabilidade conjuntamente, em clones com base nos parâmetros de crescimento e de crescimento-densidade básica da madeira, respectivamente.

CAPÍTULO 1: INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE PARA OS CARACTERES DE PRODUTIVIDADE EM FAMÍLIAS DE MEIO IRMÃOS DE *Eucalyptus dunnii* Maiden EM CULTIVOS NO SUL DO BRASIL

1 INTRODUÇÃO

Espécies do gênero *Eucalyptus* e seus híbridos são amplamente plantadas em regiões tropicais, subtropicais e temperadas, em virtude do seu rápido crescimento, curto tempo de rotação, ampla adaptabilidade ambiental e adequação para produção de celulose e papel (BALDIN et al., 2017; GOMES et al., 2015).

A viabilidade comercial de plantios de eucalipto em regiões frias do Sul do Brasil, onde há a ocorrência de geadas, tem sido possível por meio da utilização de espécies tolerantes, como é o caso da espécie *E. dunnii*, que além de tolerar as temperaturas baixas, apresenta bom crescimento e caracteres de qualidade da madeira interessantes para a indústria de celulose e papel. Essa ocorre originalmente na Austrália, nas regiões de Coffs Harbor em New South Wales e ao sul de Queensland (SANTOS, 2012).

O melhoramento genético é um dos principais pilares para que sejam alcançados o aumento e a manutenção da produtividade das plantações florestais. Assim, um programa de melhoramento, dependendo da espécie, pode contemplar tanto procedimento sexuado (sementes) como assexuado (clones). Quando do uso de sementes para plantios comerciais, um dos principais aspectos, é a garantia da manutenção de ampla base genética, ou seja, maior variabilidade entre os indivíduos, possibilitando a obtenção de genótipos distintos e adaptados a diferentes condições de solo e clima (SILVA et al., 2006).

Para auxiliar na seleção de genótipos com maior crescimento e produtividade, deve-se fazer uso de testes genéticos. Entre eles, os testes de progênies permite estimar parâmetros e estimar ganhos genéticos mediante seleção. Dessa maneira, o objetivo desta pesquisa foi estimar os parâmetros genéticos, analisar a interação genótipo x ambiente (G x A) para as progênies de meio irmãos de *E. dunnii* nos locais de estudo e determinar os percentuais de ganho com seleção.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Rede experimental e genótipos

Os experimentos foram instalados em áreas de plantio da empresa CMPC Celulose Riograndense, localizados nos municípios de Barra do Ribeiro (horto florestal Barba Negra) e Encruzilhada do Sul (horto florestal Rincão Bonito). O plantio obedeceu ao espaçamento de 3,85 x 1,95 m e 3,00 x 2,50 m, respectivamente, totalizando uma área de 7,50 m² por planta. Os dados edafoclimáticos de cada um dos locais encontram-se na tabela 2. Foram utilizadas neste estudo 97 famílias de meio irmãos de *E. dunnii*, colhidas em Pomares de Sementes por Mudas (PSM), localizados nas áreas de plantio da CMPC Celulose Riograndense.

Os experimentos foram implantados no ano de 2014, sendo que o delineamento adotado foi em blocos casualizados em esquema fatorial com 72 famílias de meio irmãos em comum entre os dois ambientes, cada local com 20 repetições, considerando uma árvore por parcela. As testemunhas utilizadas nestes ensaios foram clones comerciais de diversas espécies e/ou híbridos de eucalipto, ambas comuns entre os ensaios.

Tabela 2 - Localização geográfica e condições edafoclimáticas dos dois ambientes localizados no Rio Grande do Sul utilizados para experimentação.

Parâmetros		HF Barba Negra – ambiente A	HF Rincão Bonito - ambiente B
Coordenadas geográficas	Lat	30°24'35.41"S	30°41'14.78"S
	Long	51°13'48.70"W	52°34'34.46"W
Altitude (m)		39	365
Município		Barra do Ribeiro	Encruzilhada do Sul
Ocupação Anterior		Floresta comercial plantada	Floresta comercial plantada
Tipo de solo		Argissolo Vermelho Amarelo espessarênico distrófico	Cambissolo Háplico distrófico típico
Fertilidade		média a baixa	média a alta
Profundidade do solo (mm)		raso	médio
Relevo		plano	ondulado
Temperatura média (°C)		19,8 °C	16,6 °C
Temperatura mínima absoluta (°C)		2,0 °C	- 3,2 °C
Temperatura máxima absoluta (°C)		37,3 °C	34,5 °C
Umidade relativa (%)		83,1	79,7
Risco de ocorrência de geadas		Baixo	Médio
Pluviosidade (mm)		1.735	1.368
Velocidade do vento (m/s)		7,9	6,2

As informações sobre os tratamentos e as famílias utilizadas neste estudo estão disponíveis nas tabelas 3 e 4, respectivamente.

Tabela 3 – Número de tratamentos utilizados na rede experimental em dois ambientes (ambiente A: Barba Negra e ambiente B: Rincão Bonito).

Espécie ou híbrido	Número de tratamentos		Fatores
	Barba Negra	Rincão Bonito	
<i>E. dunnii</i> (famílias)	72	97	Tratamentos
<i>E. saligna</i> (clone)	1	1	Testemunha comercial
<i>E. benthamii</i> (clone)	1	1	Testemunha
<i>E. dunnii</i> (clone)	1	1	Testemunha
<i>E. urophylla</i> (clone)	1	1	Testemunha

Tabela 4 - Famílias de meio irmãos de *E. dunnii*, procedências e origens, utilizadas no estudo de interação G x A.

Procedência	Município	NM	Local de origem
HF Aldo Sani	Butiá/RS	PSM	Moleton NSW Austrália
HF Aldo Sani	Butiá/RS	PSM	Clouds Creek NSW - Austrália
HF Aldo Sani	Butiá/RS	PSM	Koreelah SF NSW - Austrália
HF Aldo Sani	Butiá/RS	PSM	Moleton - Kangaroo SF NSW - Austrália
HF Aldo Sani	Butiá/RS	PSM	Richmond Range SF NSW - Austrália
HF Aldo Sani	Butiá/RS	PSM	Spicers GAP QLD - Austrália
HF Aldo Sani	Butiá/RS	PSM	Spicers Peak SF QLD - Austrália
HF Aldo Sani	Butiá/RS	PSM	Teviot Falls SF QLD - Austrália
HF Barba Negra	Barra do Ribeiro/RS	PSM	Koreelah SF NSW - Austrália
HF Santa Rita	Butiá/RS	PSM	Koreelah SF NSW - Austrália
HF Santa Rita	Butiá/RS	PSM	Clouds Creek NSW - Austrália
HF Santa Rita	Butiá/RS	PSM	PSC HF Rodeio Alto II - Guaíba/RS
HF Santa Rita	Butiá/RS	PSM	Richmond Range SF NSW - Austrália
HF Santa Rita	Butiá/RS	PSM	Spicers GAP QLD - Austrália
HF Santa Rita	Butiá/RS	PSM	Spicers Peak SF QLD - Austrália
HF Santa Rita	Butiá/RS	PSM	Moleton NSW - Austrália
HF Santa Rita	Butiá/RS	PSM	Teviot Falls SF QLD - Austrália

Procedência = local onde foram colhidas as sementes; NM = Nível de Melhoramento; PSM = Pomar de Sementes por Mudas formado a partir de um teste de progênies; Local de origem = local onde foram colhidas as sementes em sua área de ocorrência.

2.2 Coleta de dados

Foram mensurados aos três anos de idade, o diâmetro à altura do peito (DAP – medido a 1,30 m da superfície do solo) e a altura total (Ht) das árvores dos

experimentos. A mensuração do DAP foi realizada por meio do uso de uma fita diamétrica e a altura foi obtida com o uso do relascópio. Para calcular o volume da árvore (VOL), foi utilizada a equação de Schumacher e Hall (1934) conforme descrita abaixo:

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

Onde:

VOL = volume da árvore em m³;

DAP = diâmetro à altura do peito em cm;

Ht = altura total das árvores em m.;

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

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

O incremento médio anual (IMA, m³ ha⁻¹ ano⁻¹) foi calculado utilizando o VOL de cada árvore do experimento produzido na área de 7,50 m², extrapolado para um hectare (ha) e dividido pela idade (três anos), conforme abaixo:

$$IMA = \frac{VOL \times 1333}{3}$$

Onde:

IMA = incremento médio anual (IMA, m³ ha⁻¹ ano⁻¹);

VOL: volume da árvore em m³, aos três anos de idade.

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

2.3 Modelo estatístico

Os caracteres foram analisados pelo procedimento REML/BLUP, proposto por RESENDE (2002) e RESENDE (2007), através do Modelo 22 do software Selegen,

que é adequado aos testes de progênies de meios irmãos sob delineamento de blocos completos casualizados, em vários locais e com uma observação por parcela.

Para análise do experimento estabelecido em dois locais, sendo as famílias originadas de três procedências e diferentes origens da Austrália, o modelo estatístico utilizado foi:

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

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

A partir dos valores genotípicos preditos para o IMA de cada progênie foi possível ajustar o crescimento volumétrico de cada progênie e indivíduo pela sobrevivência das mesmas. Esta correção permite avaliar de forma mais acurada as progênies que mesmo com valores genéticos altos, apresentam baixa sobrevivência.

A significância do modelo estatístico foi obtida através da Análise de *Deviance* (ANADEV), pelo método REML (máxima verossimilhança restrita), que substitui com vantagens a análise de variância (ANOVA) (como por exemplo em casos de dados desbalanceados), pelo teste da razão da máxima verossimilhança (LRT) (RESENDE, 2007). As *deviances* foram obtidas conforme descrito por Resende (2007), utilizando-se o modelo com e sem os respectivos efeitos, subtraindo a *deviance* obtida no modelo completo do modelo sem o efeito e comparada com o valor do Qui-quadrado (χ^2) com um grau de liberdade. As análises foram realizadas utilizando o programa de Seleção Genética Computadorizada - Selegen- REML/BLUP (RESENDE, 2016).

2.4 Ganhos com seleção

Para as estimativas de ganhos com a seleção entre e dentro das progênies, foi aplicada uma intensidade de seleção de 5%, sendo obtidas de acordo com o proposto por (CRUZ, 2005):

Seleção entre: $GSe = h^2m * DS$

$$GSe\% = \frac{100 * GSe}{X_0}$$

Onde:

GSe = ganho com seleção entre progênes;

h^2m = herdabilidade média das progênes livre dos efeitos de interação;

DS = diferencial de seleção;

X_0 = média da população original;

$GSe\%$ = percentual de ganho com a seleção entre progênes.

Seleção dentro: $GSd = h^2a * DS_m$

$$GSd\% = \frac{100 * GSd}{X_0}$$

Onde:

GSd = ganho com seleção dentro das progênes;

h^2a = é a herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos;

DS_m = é o diferencial de seleção médio dentro das progênes selecionadas;

X_0 = média da população original;

$GSd\%$ = percentual de ganho com a seleção dentro das progênes.

A resposta a seleção foi calculada de acordo com FALCONER (1987), aplicando uma pressão de seleção entre famílias de 5% resultando na intensidade de seleção de 2,063 (k), e, dentro de famílias (indivíduos) de 1%, consequentemente uma intensidade de seleção (*i*) de 2,665 (k).

Seleção entre e dentro: $R = h^2a * (i) * \sqrt{Vp}$

Onde:

R é a resposta à seleção entre e dentro das progênes;

$h^2_a = h^2$ é a herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos;

(i) é a intensidade de seleção (pressão de seleção 5% = 2,063 (k));

V_p é a variância fenotípica.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 *Deviance* e parâmetros genéticos

A análise de *deviance* (Tabela 5) permitiu detectar diferenças significativas para os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (Ht), volume (Vol), incremento médio anual (IMA) e sobrevivência (Sobrev), indicando uma alta variação. Para todas as características foram detectadas diferenças significativas entre progênies, ou seja, seus efeitos explicam parte da variação total, o que demonstra a possibilidade de obtenção de ganhos genéticos mediante a seleção dessas características. Também foram identificadas significâncias para o coeficiente de interação entre os ambientes, indicando que a seleção e indicação de possíveis candidatos à clones deve ser realizada individualmente para cada ambiente.

Os parâmetros genéticos das características de crescimento analisados foram estimados e podem ser observados na tabela 6. As estimativas dos parâmetros genéticos, como herdabilidade dos caracteres e correlações genéticas entre os mesmos, são importantes para determinar os ganhos decorrentes na seleção de genótipos em programas de melhoramento florestal (LI et al., 2017). A natureza herdável de um caráter é determinada pela variância genética aditiva presente naquela geração. Este componente de variância é baseado no grau de semelhança entre os genitores e a progênie, que corresponde ao efeito médio destes alelos (FALCONER, 1987).

Tabela 5 - Análise de *deviance* (ANADEV) para os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (Ht), volume (Vol), incremento médio anual (IMA) e sobrevivência (Sobrev) para famílias de meio irmãos de *E. dun nii*, avaliados na análise conjunta entre os ambientes.

Efeito	DAP		H		Vol		IMA		Sobrev	
	Dev.	LRT	Dev.	LRT	Dev.	LRT	Dev.	LRT	Dev.	LRT
Progênie	10.662,55	99,04**	8.131,13	77,26**	- 14.113,25	109,54**	21.185,92	109,54**	- 3.765,46	21,37**
Interação	10.673,58	88,01**	8.137,50	70,89**	- 14.103,58	99,87**	21.195,59	99,87**	- 3.767,18	23,09**
Modelo completo	10.761,59		8.208,39		- 14.003,71		21.295,46		- 3.744,09	

Dev = deviance; LRT = teste da razão da máxima verossimilhança.

Qui-quadrado tabelado: 3,84 e 6,63 para os níveis de significância de 5% (*) e 1% (**), respectivamente.

Tabela 6 - Estimativas de parâmetros genéticos (REML individual), para os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP em cm), altura total (Ht em m), volume (Vol em m³), incremento médio anual (IMA, em m³ ha⁻¹ ano⁻¹) e sobrevivência (%) para famílias de meio irmãos de *E. dun nii* avaliados na análise conjunta entre os ambientes.

Parâmetros	DAP	Ht	Vol	IMA	Sobrev
h ² a	0,24	0,20	0,25	0,25	0,05
h ² mp	0,57	0,48	0,56	0,56	0,25
Acurácia	0,75	0,69	0,75	0,75	0,50
c ² int	0,02	0,02	0,03	0,03	0,02
rgloc	0,74	0,68	0,71	0,71	0,43
Média	13,74	14,51	0,10	43,77	0,87

h²a: h²: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

h²mp: herdabilidade da média de progênies corrigida de acordo com .FAM

c²int: coeficiente de determinação dos efeitos da interação progênies x ambientes.

r_{gloc}: correlação genotípica entre o desempenho das progênies nos vários ambientes.

Média: Média geral do experimento.

Um dos parâmetros genéticos que possui maior importância é a herdabilidade, uma vez que quantifica a fração da variação fenotípica de natureza herdável ao longo das gerações de melhoramento, passível de ser explorada na seleção (RESENDE, 2002). As magnitudes das herdabilidades individuais podem ser classificadas em baixa ($0,01 \geq h^2 \leq 0,15$), média ou moderada ($0,15 > h^2 < 0,50$) e alta ($h^2 \geq 0,50$) (RESENDE, 2015).

Valores classificados em herdabilidade com sentido restrito moderada foram observados para diâmetro à altura do peito (DAP) ($h^2 = 0,24$), altura total (Ht) ($h^2 = 0,20$), volume (Vol) ($h^2 = 0,25$) e incremento médio anual (IMA) ($h^2 = 0,25$). Valores classificados em herdabilidade individual no sentido restrito baixa, foram observados para o caráter sobrevivência ($h^2 = 0,05$) (Tabela 6).

A herdabilidade média das progênes (h^2_{mp}) avaliada de forma conjunta nos dois ambientes, apresentou valores de média a alta magnitude para todas as características avaliadas neste estudo, variando de 0,25 (Sobrev) a 0,57 (DAP). A h^2_{mg} é estimada quando se usam médias como unidade de avaliação e de seleção e possui maior nível de precisão, em razão da diminuição dos erros experimentais e incremento do número de repetições (PINTO et al., 2014).

Esta superioridade da herdabilidade média de progênes em relação à herdabilidade genética aditiva tem sido observada em diversos trabalhos e com diversas espécies, como em *Pinus maximinoi* (ETTORI; SATO; SHIMIZU, 2004), *Eucalyptus cloeziana* (BERTI et al., 2011) e sugerem maiores possibilidades de ganhos pela seleção das melhores progênes do que dentro de progênes (SATO et al., 2007). As herdabilidades em nível de média de progênes podem ser superiores às individuais, quando os efeitos ambientais são minimizados pelo número de repetições e de plantas por parcela (VENCOVSKY, 1992). Assim, pode-se assumir que a seleção pode ser mais eficiente com base nas médias de progênes do que em plantas individuais.

O coeficiente de determinação dos efeitos da interação (c^2) para o caráter IMA foi considerado baixo ($c^2_{int} = 0,02$), significando que apenas 2% das variações fenotípicas ocorrem em virtude da interação com os ambientes. De acordo com Resende (2007), quando os efeitos da interação genótipo x ambiente forem significativos e a correlação genética entre os ambientes for alta, constata-se que a interação é de natureza simples, ou seja, devida à mudança de variabilidade genética de um ambiente para outro. As características DAP, Ht, Vol e IMA, com correlações

genotípicas entre o desempenho das progênies nos dois ambientes (r_{gloc}) da ordem de 0,74, 0,68, 0,71 e 0,71 respectivamente, ou seja, efeito de interação significativo, apresentam interação de natureza simples, não se configurando como sendo um problema para o melhorista, podendo ser utilizada a seleção dos indivíduos e/ou famílias com base em todos locais mediante ordenamento de seus valores genotípicos ($u + g$) (GALLO et al., 2018; PUPIN et al., 2015). Alta ou baixa r_{gloc} (correlação genotípica entre o desempenho das progênies nos vários ambientes) é devida à complexidade de cada característica em interagir com o ambiente (GION et al., 2011).

Os resultados apontam para um baixo coeficiente de determinação dos efeitos da interação, e, conseqüentemente alta correlação entre o desempenho das progênies nos ambientes na análise conjunta entre os locais mediante a utilização do modelo estatístico proposto, mas a análise de *deviance* (ANADEV) apresentou diferença significativa à 1% para o coeficiente de interação (c^2_{int}). Sendo assim, neste estudo serão apresentados os resultados da análise conjunta para as famílias (seleção entre) e separados para o nível de indivíduos (seleção dentro), visando a obtenção de maiores ganhos com a seleção local.

A maioria dos valores genéticos das características avaliadas nesse trabalho foram preditos com altas acurácias, segundo Resende e Duarte (2007). Obteve-se valores variando de 0,50 a 0,75 (tabela 5), podendo ser classificados como de precisão alta, as variáveis DAP (0,75), Vol (0,75), IMA (0,75) e Ht (0,69), e de precisão moderada, o caráter sobrevivência (0,50). Com base nessa informação, nota-se que as herdabilidades estimadas nesse trabalho para crescimento e produtividade em *E. dunnii*, são adequadas para a possibilidade de obtenção de ganhos genotípicos com a seleção.

3.2 Correlações genéticas

Correlações genéticas foram observadas para as características de crescimento (DAP, Ht, Vol e IMA) de acordo com a tabela 6. Os estudos de correlações genéticas são importantes, porque, além de inferir se os efeitos dos genes são pleiotrópicos e se existe desequilíbrio de ligação, permite também determinar caso ocorra seleção, qual característica será positiva a essa seleção e qual negativa, bem como a intensidade sobre respostas indiretas de uma característica em outra (GION et al., 2011; HUNG et al., 2015).

Tabela 7 - Correlação genética entre os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP em cm), altura total (Ht em m), volume (Vol em m³), incremento médio anual (IMA, em m³ ha⁻¹ ano⁻¹) e sobrevivência (%) para famílias de meio irmãos de *E. dunnii*, avaliados na análise conjunta entre os ambientes.

	DAP	Ht	Vol	IMA	Sobrev
DAP	-	0,90	0,97	0,97	0,23
Ht		-	0,86	0,86	0,20
Vol			-	1,00	0,17
IMA				-	0,17
Sobrev					-

As correlações genéticas entre os caracteres avaliados (tabela 6) foram positivas, mas com diferentes magnitudes. As correlações genéticas entre caracteres permitem inferir se a seleção direta baseada em uma característica irá favorecer outras, proporcionando ganhos indiretos (FALCONER, 1987). Foram observados valores elevados de correlação genética entre todos os parâmetros de crescimento, variando de 0,86 a 1,00, porém valores expressivamente menores para a variável sobrevivência (0,17 a 0,23). Os resultados das correlações entre as variáveis de crescimento demonstram que a seleção com base em IMA poderá ser realizada sem que haja perda nos ganhos genotípicos e fenotípicos das demais variáveis. Quando a seleção é realizada com base em variáveis com correlações positivas e de alta magnitude, espera-se uma alta resposta correlacionada, ou seja, ocorre uma vantagem na seleção, pois é a mesma para os demais caracteres (SAMPAIO, et. al., 2002).

3.3 Ganhos com seleção

Um dos objetivos no melhoramento genético é indicar e ou desenvolver estratégias que levam ao resultado desejado, com o menor tempo e com a maior precisão possível. Neste sentido, a seleção tem por finalidade identificar, por meio de critérios previamente estabelecidos, os indivíduos que devem permanecer em um programa de melhoramento ao longo das gerações. Segundo Rosado (2003), durante o processo de seleção podem ser manipuladas as populações, famílias e indivíduos, levando em consideração os seus respectivos valores fenotípicos ou genotípicos.

Como IMA (incremento médio anual, expresso em m³ ha⁻¹ ano⁻¹) apresentou alta correlação genética com as demais variáveis de crescimento (DAP, Ht e Vol), e,

devido a sua importância nos mais diversos programas de melhoramento florestal, a mesma foi definida para análise dos experimentos e apresentação dos ganhos, sendo que na tabela 8 são apresentados os resultados obtidos na análise conjunta entre os ambientes em nível de famílias. As 20 melhores famílias foram ranqueadas pelo seu ganho genético, sendo que os valores relativos foram calculados com base no IMA ajustado pela média de sobrevivência das famílias.

Os ganhos genéticos obtidos sobre o total de ganho acumulado na população, demonstram que mais de 11% de todo ganho acumulado (100%), está concentrado nas cinco famílias superiores. Isto indica que caso o programa de melhoramento seja baseado na propagação sexuada (através de sementes), praticando a seleção destas cinco famílias é possível, a obtenção de ganhos médios acima de 10% na formação da próxima geração. O percentual de ganho individual foi predito pela performance em relação à média geral das famílias e também pela performance em relação ao melhor tratamento testemunha. Foram observados valores de 40,31% de ganho das cinco melhores famílias em relação à média do experimento, e, de 20,33% sobre a melhor testemunha (clone de *E. dunnii*) comum entre os ambientes. Essa última forma de estimativa do ganho genético é de grande importância, pois um programa de melhoramento deve visar à superioridade quanto aos genótipos existentes e não somente ganhos sobre a média da população ao longo do tempo (SANTOS et al., 2015).

Na análise individual do ambiente A (horto florestal Barba Negra) e ambiente B (horto florestal Rincão Bonito) (Tabelas 9 e 10), foram ranqueados os 20 melhores indivíduos de acordo com o ganho genético predito para a variável IMA. Com base nestas informações foram calculados os percentuais de ganho relativo em relação ao acumulado e também em relação à melhor testemunha. No ambiente A os dados demonstram que 4,49% do ganho genético total acumulado pode ser obtido com a seleção destes 20 melhores indivíduos, e, que o percentual médio de ganho em relação à média geral é de 12,53%. Já o percentual médio de ganho relativo à melhor testemunha em IMA é de 7,20%, variando desde 6,23% até 10,69%. Os resultados obtidos na análise dos dados coletados no ambiente B indicam que 3,95% do ganho genético total acumulado pode ser obtido por meio da seleção dos 20 melhores indivíduos, sendo que o percentual de ganho relativo à média geral é de 14,18%, e, o ganho em relação à melhor testemunha comum entre os dois ambientes variou entre 0,70% e 10,17%, com uma média de 2,39% em IMA.

Como em um programa de melhoramento florestal um dos principais objetivos práticos é a superação do clone plantado na atualidade, o ganho para o caráter IMA na seleção de indivíduos candidatos a clone em testes de progênie é de suma importância, e, deve ser estimado para que sejam selecionados os indivíduos com maior ganho relativo à melhor testemunha, que usualmente é um dos clones comerciais da empresa (NUNES et al., 2016). A análise do ganho individual relativo a melhor testemunha indica que existem 228 e 30 indivíduos com ganhos superiores sobre a melhor testemunha comum nos ambientes A e B, respectivamente.

Tabela 9 - Ordenamento dos 20 indivíduos potenciais candidatos a clones de *E. dununii* para o carácter incremento médio anual (IMA, em m³ ha⁻¹ ano⁻¹) avaliados na análise individual do ambiente A.

[illegible]

Como existem outras abordagens sobre metodologias para cálculo de ganhos com seleção, no presente estudo, além de apresentados os ganhos relativos com base no ranqueamento das famílias e à nível de indivíduos dentro das famílias, outras duas metodologias são abordadas e os resultados estão nas tabelas 11 e 12.

Os ganhos estimados com a seleção para o caráter IMA (Tabela 11), foram de 8,64 para a seleção entre as famílias, resultando em um incremento de 22,70% sobre o valor médio do IMA das famílias. Quanto à seleção dentro das famílias, os valores encontrados foram de 1,25 e 1,32, para os ambientes A e B, respectivamente. O percentual de ganho esperado com a seleção à nível de indivíduos dentro das famílias foi de 3,16% no ambiente A e 3,58% no ambiente B. Os resultados obtidos através do método de estimação de ganhos por seleção de Cruz (2005) demonstram que a seleção entre as famílias resultará na obtenção dos maiores ganhos na formação da população da nova geração de melhoramento.

Tabela 11 - Estimativas de ganhos com seleção entre e dentro de famílias de meio irmãos de *E. dunnii* para o caráter incremento médio anual (IMA, em $\text{m}^3 \text{ha}^{-1} \text{ano}^{-1}$) nos dois ambientes.

Ganho com seleção	IMA	
	seleção dentro	
	Ambiente A	Ambiente B
GS _d	1,25	1,32
GS _d %	3,16	3,58
X ₀	39,60	36,78
X ₁	40,85	38,10
	seleção entre	
	8,64	
	22,70	
	38,09	
	46,73	

GS = ganho com seleção; GS% = percentual de ganho com a seleção; X₀ = média da população; X₁ = população melhorada

Os valores estimados para IMA com a seleção entre as famílias foi de 12,12, e, para a seleção dentro das famílias foi de 15,35 no ambiente A e de 15,88 no ambiente B (Tabela 12).

Os valores estimados utilizando a metodologia proposta por Falconer (1987), demonstram pequena diferença quando se realiza a seleção entre famílias e à nível de indivíduos, indicando que não existe vantagem quanto à seleção das melhores

famílias sobre a seleção dos melhores indivíduos, como verificado na metodologia proposta por CRUZ (2005).

Tabela 12 - Estimativas de resposta a seleção entre e dentro de famílias de meio irmãos de *E. dunnii* para o caráter incremento médio anual (IMA, em $\text{m}^3 \text{ha}^{-1} \text{ano}^{-1}$) nos dois ambientes.

Resposta a seleção	IMA	
	seleção dentro	
	Ambiente A	Ambiente B
R_d	15,35	15,88
X_0	39,60	36,78
X_1	54,96	52,67
	seleção entre	
	R_e	12,12
	X_0	38,09
	X_1	50,21

R_d = resposta a seleção dentro das progênies; X_0 = média da população; X_1 = população melhorada; R_e = resposta a seleção entre as progênies.

Tabela 13 - Comparação entre metodologias utilizadas para a obtenção das estimativas de ganhos com a seleção entre e dentro de famílias de meio irmãos de *E. dunnii* para o caráter incremento médio anual (IMA, em $\text{m}^3 \text{ha}^{-1} \text{ano}^{-1}$) nos dois ambientes.

Seleção		Ranqueamento	Ganho de seleção	Resposta à seleção
entre		15,36	8,64	12,12
dentro	amb_A	4,96	1,25	15,35
	amb_B	5,22	1,32	15,88

De acordo com os resultados obtidos pelas três diferentes metodologias, as maiores magnitudes de incremento para IMA na formação da nova população foram dados pelo Ranqueamento (NUNES, 2016) na seleção entre famílias (15,36), e, à nível de indivíduos dentro das famílias a Resposta à seleção (FALCONER, 1987) obteve os maiores ganhos (15,35 e 15,88) nos ambientes A e B, respectivamente.

4 CONCLUSÕES

Os caracteres de crescimento apresentaram moderada herdabilidade no sentido restrito, sendo que o caráter IMA, definido para a realização das análises, apresentou magnitude de $h^2 = 0,25$, indicando que parte da variabilidade fenotípica é devida à variação ambiental, uma vez que esta característica possui moderado controle genético.

Foram observados valores altos de correlação genética entre os caracteres de crescimento (variando de 0,86 a 1,00), sendo que para sobrevivência os valores encontrados foram considerados baixos (de 0,17 a 0,23). Os altos valores de correlação entre os caracteres de crescimento corroboram com a definição da variável IMA para a execução das análises, pois não há perda para as demais características, quando realizada a seleção com base nesta variável.

Os ganhos apresentados nas análises conjuntas e individuais demonstram que é possível a obtenção de ganhos expressivos, tanto na seleção entre, quanto dentro das famílias. Como os ganhos obtidos com a seleção dentro das famílias foram considerados elevados (incrementos de até $15,88 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$), sugere-se que sejam clonados os 258 indivíduos superiores (228 e 30, no ambiente A e B respectivamente) e introduzidos em testes clonais, com o objetivo de futura indicação para composição de plantios comerciais da empresa.

As estimativas de ganhos com seleção entre e dentro das famílias, obtidas através da utilização de três metodologias distintas, apresentaram magnitudes muito diferentes entre si. Os valores encontrados por meio da Resposta a Seleção (FALCONER, 1987) foram superiores aos obtidos através da utilização das outras duas metodologias, quando a seleção foi realizada à nível de indivíduos dentro das famílias, devido a introdução da variância fenotípica no cálculo, uma vez que para o caráter IMA esta foi considerada magnitude alta (543,4192). A metodologia do Ranqueamento proposta por Nunes (2016) demonstra ser de mais fácil obtenção, podendo ser interpretada como a captura do ganho direto por clonagem, uma vez que desconsidera a herdabilidade da característica analisada para fins de formação de gerações avançadas (propagação sexuada).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BALDIN, Talita et al. Anatomia da madeira e potencial de produção de celulose e papel de quatro espécies jovens de *Eucalyptus* L'Hér. **Revista Ciência da Madeira - RCM**, v. 8, n. 2, p. 114–126, 2017.

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

CRUZ, Cosme Damião. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: Viçosa UFV, 2005.

ETTORI, Lígia de Castro; SATO, Aida Sanae; SHIMIZU, Jarbas Yukio. Variação genética em procedências e progênes mexicanas de *Pinus maximinoi*. **Revista do Instituto Florestal**, v. 16, n. 1, p. 1–9, 2004.

FALCONER, D. S. **Introducao a genetica quantitativa**. Vicoso: Vicoso UFV, 1987.

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

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

GOMES, Fernando José Borges et al. Thorough Characterization of Brazilian New Generation of Eucalypt Clones and Grass for Pulp Production. **International Journal of Forestry Research**, [s. l.], v. 2015, n. 2015, 2015.

HUNG, Tran et al. Estimates of genetic parameters for growth and wood properties in *Eucalyptus pellita* F. Muell. to support tree breeding in Vietnam. **Official journal of the Institut National de la Recherche Agronomique (INRA)**, Paris, v. 72, n. 2, p. 205–217, 2015.

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

NUNES, Andrei Caíque Pires et al. Estabelecimento de zonas de melhoramento para clones de eucalipto no Rio Grande do Sul. **Scientia Forestalis**, v. 44, n. 111, p. 563–574, 2016.

PINTO, Danielle Silva et al. Seleção precoce para características de crescimento em testes clonais de *Eucalyptus urophylla*. **Scientia Forestalis/Forest Sciences**, v. 42, n. 102, 2014.

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

RESENDE, Marcos Deon Vilela De. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Brasília Emprapa Informação Tecnológica, 2002.

RESENDE, Marcos Deon Vilela De. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Colombo Embrapa Florestas, 2007.

RESENDE, M. D. V. **Genética quantitativa e de populações**. Viçosa: Suprema, 2015.

RESENDE, Marcos Deon Vilela De. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 4, p. 330–339, 2016.

ROSADO, Antonio Marcos. **Seleção Entre e Dentro de Famílias e Baseada nos Valores Genéticos Obtidos pelo Índice Combinado e BLUP em Eucalipto**. Tese de Doutorado - UFV, 2003.

SAMPAIO, P. T. B.; RESENDE, M. D. V.; ARAUJO, A. J. Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus oocarpa* Shiede. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 5, p.625-636, 2002.

SANTOS, Gleison Augusto. **INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES PARA PRODUTIVIDADE DE HÍBRIDOS MULTI-ESPÉCIES DE EUCALIPTO NO RIO GRANDE DO SUL**. Tese de Doutorado, UFPR, 2012.

SANTOS, Gleison Augusto et al. INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES PARA PRODUTIVIDADE DE CLONES DE *Eucalyptus* L'Hér. NO ESTADO DO RIO GRANDE DO SUL. **Revista Árvore**, v. 39, n. 1, p. 81–91, 2015.

SATO, Aida Sanae et al. Seleção dentro de progenies de *Eucalyptus resinifera* aos 21 anos de idade em Luiz Antônio – SP. Selection within progenies of *Eucalyptus resinifera* at 21 years old in Luiz Antônio – SP. **Revista do Instituto Florestal**, v. 19, n. 2, p. 93–100, 2007.

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

SILVA, P. H. M.; ANGELI, A. Implantação e Manejo de Florestas Comerciais. **Ipef**, v. 18, p. 16, 2006.

VENCOVSKY, R. **Genetica biometrica no fitomelhoramento**. Ribeirao Preto: Ribeirao Preto Sbg, 1992.

CAPÍTULO 2: INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE PARA CARACTERES DE PRODUTIVIDADE E QUALIDADE DA MADEIRA EM CLONES DE *Eucalyptus dunnii* Maiden EM TRÊS LOCAIS NO SUL DO BRASIL

1 INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento são realizados em ciclos repetidos de seleção e recombinação entre indivíduos superiores selecionados, e, uma das etapas primárias está relacionada com a pesquisa para o conhecimento da população base principal, e na sequência, a realização de seleção para formação da população de melhoramento (ASSIS et al., 2015).

Há diversos estudos que relatam a existência de variabilidade genética no gênero *Eucalyptus*, em suas espécies e procedências para regiões tropicais, temperadas e subtropicais sob diferentes condições edafoclimáticas (TIBBITS et al., 2006). O Brasil possui a maior coleção *ex-situ* de germoplasma de eucaliptos do mundo e possibilitou aumentos expressivos na produtividade quantitativa e qualitativa das florestas cultivadas (PINTO JÚNIOR et al., 2013).

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

Um dos principais fatores limitantes para obtenção de florestas produtivas e homogêneas na Região Sul do Brasil é o frio (HIGA et al, 1994). Para auxiliar o melhorista na obtenção e seleção de genótipos superiores para diversas condições ambientais, as estimativas dos parâmetros genéticos como os coeficientes de variação genética, herdabilidade e a interação genótipo x ambiente (G x A), são de grande utilidade no planejamento dos programas de melhoramento (DE MORAES et

al., 2015; MIRANDA et al., 2013). Portanto, a definição e conhecimento das herdabilidades dos parâmetros de crescimento, aliados à qualidade da madeira e a tolerância ao frio já inerente a espécie *Eucalyptus dunnii*, possibilita a seleção de indivíduos superiores para caracteres de crescimento, produtividade e qualidade de produto final.

Dessa maneira, o objetivo deste trabalho foi identificar a interação genótipo x ambiente (G x A), avaliando conjuntamente a produtividade e a qualidade da madeira em clones de *E. dunnii*, visando à indicação de clones superiores para a região Sul do país.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Rede experimental e genótipos

Os experimentos foram instalados em áreas de plantio da empresa CMPC Celulose Riograndense, localizados nos municípios de Lavras do Sul (horto florestal Rincão dos Soares), Dom Feliciano (horto florestal Quitéria) e São Jerônimo (horto florestal Ramos). O plantio foi realizado com espaçamento de 3,50 x 2,14 m., totalizando uma área de 7,50 m² por planta. Foram utilizados neste estudo 75 clones de *E. dunnii* selecionados em plantios comerciais da empresa CMPC Celulose Riograndense (Tabela 14).

Tabela 14 - Número de clones de diferentes espécies e híbridos de *Eucalyptus* spp., utilizados na rede experimental em três ambientes (ambiente A: HF Rincão dos Soares, ambiente B: HF Quitéria e ambiente C: HF Ramos).

Espécie	Número de tratamentos			Fatores
	ambiente A	ambiente B	ambiente C	
<i>E. dunnii</i> (clones)	75	48	37	Tratamentos
<i>E. saligna</i> (clone)	1	1	1	Testemunha
<i>E. benthamii</i> (clone)	1	1	1	Testemunha
<i>E. urophylla</i> (clone)	1	1	1	Testemunha
<i>E. dunnii</i> (clone)	4	4	4	Testemunha

Os experimentos foram implantados no ano de 2013, com a utilização do delineamento de blocos casualizados em esquema fatorial com 37 tratamentos e 5 testemunhas (clones comerciais de diversas espécies de eucalipto) comuns entre os 3 ambientes e 20 repetições, com uma árvore por parcela.

Os dados edafoclimáticos de cada um dos locais encontram-se na tabela 15.

Tabela 15 - Localização geográfica e condições edafoclimáticas dos três ambientes localizados no Rio Grande do Sul utilizados para experimentação

Parâmetros		HF Rincão dos Soares – ambiente A	HF Quitéria – ambiente B	HF Ramos – ambiente C
Coordenadas geográficas	Lat	30° 57' 40.9536"S	30° 30' 2.718"S	30° 27' 18.8532"S
	Long	54° 5' 58.0524"W	52° 4' 50.1204"W	52° 7' 51.546"W
Altitude (m)		301	378	250
Município		Lavras do Sul	Dom Feliciano	São Jerônimo
Ocupação Anterior		Floresta comercial plantada	Floresta comercial plantada	Floresta comercial plantada
Tipo de solo		Argissolo Vermelho distrófico típico	Argissolo Vermelho Amarelo distrófico típico	Argissolo Vermelho distrófico abruptico
Fertilidade		média a baixa	média a alta	média a alta
Profundidade do solo		profundo	raso	médio
Relevo		plano suave ondulado	ondulado	ondulado
Temperatura média (°C)		16,8 °C	16,6 °C	16,6 °C
Temperatura mínima absoluta (°C)		0,0 °C	- 3,2 °C	- 3,2 °C
Temperatura máxima absoluta (°C)		34,7 °C	34,5 °C	34,5 °C
Umidade relativa (%)		74,5	79,7	79,7
Risco de ocorrência de geadas		Médio	Baixo	Baixo
Pluviosidade (mm)		1399	1368	1368
Velocidade do vento (m/s)		3,3	6,2	6,2

2.2 Coleta de dados

Foram mensurados aos 3,5 anos de idade, o diâmetro à altura do peito (DAP) e a altura total (Ht) das árvores dos experimentos. A mensuração do DAP foi realizada através do uso de uma fita diamétrica e a altura foi obtida com o uso do relascópio. Para calcular o volume da árvore (VOL), foi utilizada a equação de Schumacher e Hall (1934) conforme descrita abaixo:

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

Onde:

VOL = volume da árvore em m³;

DAP = diâmetro à altura do peito em cm (a 1,30 m da superfície do solo);

Ht = altura total das árvores em m;

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

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

O incremento médio anual (IMA, m³ ha⁻¹ ano⁻¹) foi calculado utilizando o VOL de cada árvore do experimento produzido na área de 7,50 m² e extrapolado para um hectare (ha) e dividido pela idade (3,5 anos), conforme abaixo:

$$IMA = \frac{VOL \times 1333}{3,5}$$

Onde:

IMA = incremento médio anual (IMA, m³ ha⁻¹ ano⁻¹);

VOL: volume da árvore em m³, aos 3,5 anos de idade.

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

Para a determinação indireta da densidade básica, utilizou-se o método do Pilodyn. Esse método consiste na penetração de uma agulha de aço com 2,5 mm de diâmetro na face exterior do tronco, impulsionada por uma mola com força constante

de 6 joules (GREAVES et al., 1996). Foi retirada previamente uma secção retangular da casca no tronco de aproximadamente 3 cm de comprimento, por 2 cm de largura na altura à 1,3 metros do solo (DAP), para que assim a agulha de aço penetrasse apenas no lenho da árvore. Depois de encostado o aparelho ao tronco, é disparado o gatilho e mede-se a penetração da agulha, no lenho da árvore em milímetros, através de um visor numérico presente no aparelho.

O equipamento foi utilizado duas vezes, uma na face norte e outra na face sul da árvore, sempre buscando reduzir possíveis problemas com variações da anatomia das plantas, tais como nós internos, bolsas de resina, entre outros. Quando o resultado de alguma das duas leituras foi discrepante, foi realizada uma terceira leitura, desconsiderando a leitura anterior. Foi considerada a média das duas leituras para as análises.

Os dados de profundidade de penetração (mm) do Pilodyn foram convertidos para densidade básica em quilograma por metro cúbico (Kg m^{-3}) por meio da multiplicação por um fator de conversão, proposto por Nunes (2015). Tal fator foi encontrado considerando:

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

Onde:

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

F = fator de conversão a ser encontrado;

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

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

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

Onde:

Db = densidade básica medida indiretamente pelo Pilodyn e convertida para Kg m^{-3} ;

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

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

2.3 Modelo estatístico

O modelo estatístico utilizado para análise dos dados de testes clonais em diferentes ambientes foi dado por

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

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

Nesses modelos, os valores genotípicos preditos livres da interação, considerando todos os locais são dados por $u + g$, em que u é a média de todos os locais. Para cada local j , os valores genotípicos são preditos por $u_j + g + g_e$, em que u_j é a média do local j . Com os valores genéticos preditos, foi obtida a correlação conjunta entre os ambientes e a correlação entre os locais tomados par a par.

As *deviances* foram obtidas conforme descrito por RESENDE (2007), utilizando-se o modelo com e sem os respectivos efeitos, subtraindo o resultado obtido no modelo completo do modelo sem o efeito e comparada com o valor do Qui-quadrado (χ^2) com um grau de liberdade.

Todas as análises foram realizadas utilizando o programa de Seleção Genética Computadorizada - Selegen-REML/BLUP (RESENDE, 2016).

2.4 Índice DAPxDb

Foi utilizado o índice de peso de madeira DAPxDb proposto por Nunes et al. (2016), unindo a densidade básica da madeira a um critério de crescimento, com o objetivo de tornar as análises mais acuradas e maximizar o ganho genético:

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

Onde:

DAPxDb = índice de peso de madeira;

Db = densidade básica medida indiretamente pelo Pilodyn e convertida para Kg m⁻³;

DAP = diâmetro à altura do peito em cm (a 1,30 m da superfície do solo);

S_{DAP} = desvio padrão da variável diâmetro à altura do peito;

S_{Db} = desvio padrão da variável densidade básica.

Foram atribuídos pesos econômicos relativos iguais para os dois caracteres que formam o índice de seleção (DAP e Db).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 *Deviance* e parâmetros genéticos

Através da análise de *deviance* (Tabela 16), foram detectadas diferenças significativas para todos os caracteres mensurados (diâmetro à altura do peito - DAP), altura total (Ht), volume (Vol), incremento médio anual (IMA), Pilodyn, densidade básica (Db), DAPxDb e sobrevivência (Sobrev), demonstrando que existe uma variação genética alta e a possibilidade de ganhos genéticos mediante a seleção de clones com base nestas características.

Os parâmetros genéticos para as características de crescimento, produtividade, qualidade da madeira e sobrevivência podem ser observados na tabela 17, onde segundo a classificação proposta por RESENDE (2002), neste estudo foram observados valores moderados de herdabilidade individual no sentido amplo livre da interação para Pilodyn ($H^2 = 0,32$), densidade básica (Db) ($H^2 = 0,29$), índice DAPxDb ($H^2 = 0,18$), volume (Vol) ($H^2 = 0,16$), incremento médio anual (IMA) ($H^2 = 0,16$) diâmetro à altura do peito (DAP) ($H^2 = 0,12$). Valores de herdabilidade baixos foram observados para os caracteres altura total (Ht) ($H^2 = 0,07$) e sobrevivência ($H^2 = 0,002$). Esse último valor indica que a sobrevivência é um caráter fortemente influenciado pelo ambiente nos casos de testes clonais. Resultados similares foram encontrados por Nunes et. al (2016), que reportaram valores de herdabilidade individual no sentido amplo moderada para o caráter diâmetro à altura do peito (DAP) de 0,18 e volume (Vol) de 0,15 e baixos para altura, sendo de 0,08, em estudo realizado com clones híbridos de *Eucalyptus* spp. no Rio Grande do Sul.

Tabela 16 - Análise de *deviance* (ANADEV) para os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (Ht), volume (Vol), incremento médio anual (IMA), Pilodyn, Db (densidade básica), índice DAPxDb e sobrevivência (Sobrev), para clones de *E. dunnii*, avaliados na análise conjunta entre os ambientes.

Efeitos	DAP		Ht		Vol		IMA	
	Dev.	LRT	Dev.	LRT	Dev.	LRT	Dev.	LRT
Clones	9.180,74	286,48**	6.936,79	112,10**	- 10.908,46	358,89**	17.900,41	358,90**
Interação G x A	9.162,39	304,83**	6.953,00	95,89**	- 10.905,71	356,14**	17.903,17	356,14**
Modelo completo	9.467,22		7.048,89		- 10.549,57		18.259,31	

Efeito	Pilodyn		Db		DAPxDb		Sobrev	
	Dev.	LRT	Dev.	LRT	Dev.	LRT	Dev.	LRT
Clones	3.882,19	531,72**	15.035,05	464,01**	1.831,71	251,93**	- 1.723,38	22,90**
Interação G x A	3.955,40	458,51**	15.107,77	391,29**	1.864,26	219,38**	- 1.779,04	78,56**
Modelo completo	4.413,91		15.499,06		2.083,64		- 1.700,48	

Dev = *deviance*; LRT = teste da razão da máxima verossimilhança

Qui-quadrado tabelado: 3,84 e 6,63 para os níveis de significância de 5% (*) e 1% (**), respectivamente.

Tabela 17 - Estimativas de parâmetros genéticos (REML individual), para os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP em cm), altura total (Ht em m), volume (Vol em m³), incremento médio anual (IMA, em m³ ha⁻¹ ano⁻¹), Pilodyn (mm.) densidade básica (Db em Kg m³), índice DAPxDb e sobrevivência (%) para clones de *E. dunnii*, avaliados na análise conjunta entre os ambientes.

Parâmetros	DAP(cm)	Ht(m)	Vol	IMA	Pilodyn	Db	DAPxDb	Sobrev
H ²	0,12	0,07	0,16	0,16	0,32	0,29	0,18	0,00
h ² mg	0,70	0,71	0,78	0,78	0,91	0,91	0,83	0,05
Acgen	0,84	0,84	0,88	0,88	0,95	0,95	0,91	0,22
c ² int	0,09	0,03	0,07	0,07	0,05	0,04	0,06	0,06
r _{gloc}	0,59	0,70	0,69	0,69	0,87	0,88	0,77	0,03
CVgi%	8,99	4,22	19,73	19,73	7,16	6,97	11,35	3,12
CVe%	22,69	15,20	43,35	43,35	10,15	10,55	23,06	64,69
Média	15,49	15,47	0,13	50,62	16,47	430,74	4,01	0,69

H²: Coeficiente de herdabilidade individual no sentido amplo;

h²mg: Herdabilidade da média de clone;

Acgen: Acurácia genética na seleção de clones;

c²int: Coeficiente de determinação da interação genótipo x ambiente;

r_{gloc}: Correlação genotípica entre os ambientes;

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

CVgi (%): Coeficiente de variação genotípica;

CVe (%): Coeficiente de variação experimental.

As estimativas dos parâmetros genéticos são importantes no direcionamento dos programas de melhoramento, pois auxiliam no processo de seleção e na recomendação de novos clones comerciais (MAIA et al., 2009). Dentre estes parâmetros, a herdabilidade e a correlação genética são os mais importantes para o estabelecimento de um programa de melhoramento (ROSADO, 2003).

Segundo Resende e Duarte (2007), os valores genéticos das características de crescimento e qualidade da madeira avaliadas nesse estudo foram preditos com altas acurácias. Valores entre 0,95 e 0,84 foram observados para estas características, podendo ser classificadas como de alta precisão os caracteres DAP e Ht (0,84), Vol e IMA (0,88), e, de precisão muito alta, o índice DAPxDB (0,91), Pilodyn e Db (0,95). Baseado nesta informação, fica evidenciado que as herdabilidades estimadas, tanto para as características de crescimento, quanto para qualidade da madeira, são adequadas e demonstram a possibilidade de obtenção de ganhos genotípicos com a seleção dos melhores clones.

O coeficiente de determinação dos efeitos da interação (c^2) para todos os caracteres foi considerado baixo, variando de 0,03 para altura, até 0,08 para DAP. Isto significa que apenas 3% a 8% das variações fenotípicas ocorrem em virtude da interação entre os ambientes (STURION et al., 2011). As correlações genotípicas entre o desempenho dos clones nos três ambientes (r_{gloc}) para as características de crescimento e qualidade da madeira, apresentaram valores da ordem de 0,59 (DAP) à 0,88 (Db), sendo que para o índice DAPxDB o valor encontrado foi de 0,77. Estes resultados demonstram a estabilidade do índice DAPxDB nos três ambientes, possibilitando a seleção com base em todos locais mediante ordenamento de seus valores genotípicos ($u + g$). Quando ocorre o contrário, ou seja, são apontados valores baixos para r_{gloc} , indica que a performance relativa dos clones não é consistente nos ambientes da rede experimental, e surge a interação $G \times A$, sendo necessário separar áreas específicas para determinados genótipos, visando não prejudicar a seleção dos clones superiores pois caso contrário, a seleção dos genótipos superiores fica prejudicada (OSORIO et al., 2001).

3.2 Correlações genéticas entre as variáveis

As correlações genéticas entre todas as características avaliadas (Tabela 18) apresentaram valores altos, principalmente entre os caracteres DAP, Vol e IMA,

indicando que a seleção com base no DAP possibilita ganhos diretos em volume individual e IMA. Além disso, os caracteres de crescimento e qualidade da madeira apresentaram alta correlação com o índice DAPxDb, possibilitando assim a seleção indireta de clones superiores de *E. dunnii* visando ganhos em DAP, altura, volume, IMA e Db através da utilização deste índice. Outro ponto importante evidenciado pela análise de correlações genéticas foi que o caráter densidade básica não se correlaciona com nenhuma das demais características, implicando em não poder ser utilizada como parâmetro isolado para seleção de clones superiores, pois haverá prejuízo para características de crescimento.

A seleção indireta pode promover maiores ganhos em relação à direta se o caráter auxiliar apresentar maior herdabilidade que o principal, e se a correlação genética entre ambos for positiva e de magnitude alta (FALCONER, 1987). Como as herdabilidades no sentido amplo (H^2) para DAP e Db foram classificadas como moderadas (0,1241 e 0,2914, respectivamente), corroboram para que sejam obtidos maiores ganhos com a seleção indireta através de um índice criado entre ambos caracteres.

A correlação genética entre DAP e Db foi negativa (-0,04), indicando que a seleção unicamente para DAP resultará em declínio para Db e vice-versa. Valores negativos para a correlação genética entre DAP e Db foram reportados por NUNES et al., (2016) (-0,27), e, por Wei e Borralho (1997), (-0,36) num estudo com progênies de *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake.

Tabela 18 - Correlações genótípicas entre os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP em cm), altura total (Ht em m), volume (Vol em m³), incremento médio anual (IMA, em m³ ha⁻¹ ano⁻¹), Pilodyn, densidade básica (Db em kg m⁻³), índice DAPxDb e sobrevivência (%) para clones de *E. dunnii*, avaliados na análise conjunta entre os ambientes.

	DAP	Ht	Vol	IMA	Pilodyn	Db	DAPxDb	Sobrev
DAP	-	0,87	0,98	0,98	0,05	-0,04	0,71	0,09
Ht		-	0,86	0,86	-0,01	0,02	0,64	0,09
Vol			-	1,00	-0,01	0,02	0,76	0,03
IMA				-	-0,01	0,02	0,76	0,03
Pilodyn					-	-0,99	-0,61	0,14
Db						-	0,62	-0,13
DAPxDb							-	-0,08
Sobrev								-

A criação do índice DAPxDb unindo os caracteres de crescimento e qualidade da madeira torna-se ideal numa cadeia produtiva de alto rendimento, uma vez que o DAP pode ser medido de modo rápido e confiável, assim como a medição indireta da densidade básica por meio do Pilodyn (NUNES et al., 2016).

3.3 Correlações genéticas dos ambientes par a par

Foram estabelecidas as correlações genéticas dos caracteres DAP, Db, IMA e DAPxDb, no estudo dos ambientes par a par, nas tabelas 19, 20, 21 e 22. Para o caráter Db todas as correlações foram muito altas, acima de 0,85 (Tabela 19). Para os caracteres IMA e índice DAPxDb, os valores encontrados indicam que existe interação do tipo simples (VENCOVSKY, 1992).

Tabela 19 - Correlações genéticas entre os ambientes avaliados par a par, para a característica diâmetro à altura do peito (DAP em cm).

	Rincão dos Soares	Quitéria	Ramos
Rincão dos Soares	-	0,52	0,48
Quitéria		-	0,65
Ramos			-

Na análise da correlação genética entre os ambientes para o caráter DAP foram obtidos valores abaixo de 0,67 estabelecido por Resende, (2007). Isso indica que existe interação do tipo complexa (VENCOVSKY, 1992), havendo a necessidade de estratificação dos clones de acordo com o ambiente.

Para o caráter IMA, a análise da interação genética entre os ambientes par a par, revelou valores que indicam a existência de interação entre os ambientes Rincão do Soares e Quitéria (0,68), sendo que Quitéria também apresenta correlação com Ramos (0,69) (Tabela 20). Por apresentar um valor de correlação bastante próximo de 0,67 (RESENDE, 2007), pode-se dizer que a interação entre os ambientes foi do tipo simples (VENCOVSKY, 1992), tornando possível a indicação dos clones selecionados através do caráter IMA para todos os três ambientes.

Tabela 20 - Correlações genéticas entre os ambientes avaliados par a par, para a característica incremento médio anual (IMA, em $\text{m}^3 \text{ha}^{-1} \text{ano}^{-1}$).

	Rincão dos Soares	Quitéria	Ramos
Rincão dos Soares	-	0,68	0,60
Quitéria		-	0,69
Ramos			-

Tabela 21 - Correlações genéticas entre os ambientes avaliados par a par, para a densidade básica (Db em Kg m^3).

	Rincão dos Soares	Quitéria	Ramos
Rincão dos Soares	-	0,86	0,85
Quitéria		-	0,91
Ramos			-

A análise de correlação entre os ambientes para o caráter densidade básica (Db) demonstrou que não existe interação entre os três ambientes, ou seja, não existe a necessidade de indicação de clones distintos para cada ambiente. Esse fato se deve ao elevado controle genético desta característica ($H^2 = 0,2394$).

Tabela 22 - Correlações genéticas entre os ambientes avaliados par a par, para o índice DAPxDb.

	Rincão dos Soares	Quitéria	Ramos
Rincão dos Soares	-	0,85	0,65
Quitéria		-	0,70
Ramos			-

Da mesma maneira que ocorreu com o caráter densidade básica (Db), as correlações genéticas entre os ambientes avaliadas par a par, indicam interação do tipo simples, não havendo a necessidade de criação de “zonas de melhoramento” para

seleção e indicação de clones (NUNES et al., 2016). A estratificação de ambientes é importante para que a interação complexa não reduza os ganhos genéticos (MAIA et al., 2009).

Quando há a criação de “zonas de melhoramento”, no interior das mesmas a interação genótipo x ambiente ($G \times A$) será desprezível e, entre essas a interação não acarretará problemas para o melhorista. Assim, cada zona de melhoramento necessita da criação de um programa de melhoramento específico, sendo que o número destas zonas indicará o número mínimo de populações de melhoramento a serem empregadas (RESENDE, 2005).

Com base nos resultados deste estudo, por meio do índice DAPxDB criado, não se fez necessária a estratificação dos ambientes, implicando diretamente na redução de custos e maior praticidade na seleção de clones superiores. Isso demonstra a importância da utilização deste índice agregando uma característica de crescimento (DAP), de fácil medição e de alta correlação com volume de madeira e IMA, e uma característica de qualidade da madeira, que pode ser medida indiretamente (Pilodyn) e que possui elevado controle genético.

3.4 Análise conjunta dos dados

Foram ordenados os 20 melhores clones de acordo com a análise conjunta entre os três ambientes para a característica IMA e índice DAPxDB (Tabelas 23 e 24). Os valores genotípicos livres de interação ($u + g$) e os valores genotípicos médios ($u + g + gem$), de ambas variáveis foram corrigidos pela sobrevivência média de cada clone dada pelo modelo utilizado na análise (modelo 54) - Seleção Genética Computadorizada - Selegen-REML/BLUP (RESENDE, 2016).

A utilização do ordenamento dos melhores 20 clones para o caráter IMA de acordo com seu valor genotípico livre de interação ($u + g$) (tabela 23), é indicado quando se deseja recomendar os clones superiores à testemunha para plantio em qualquer área, desconsiderando o efeito do ambiente (PINTO JÚNIOR, 2004). Os ganhos genéticos obtidos sobre o total de ganho acumulado na população demonstram que em torno de 14% de todo ganho acumulado (100%), está concentrado nos cinco melhores clones. Na avaliação, o ganho predito com base na média dos cinco melhores clones em relação à média geral dos experimentos é relativamente alto, da ordem de 30,59%, demonstrando que ganhos significativos

podem ser obtidos, se o melhoramento for feito em relação à população. Quando estimados os ganhos dos mesmos cinco melhores clones do ranking em relação a melhor testemunha comum entre os ambientes, que é um clone comercial de *E. dunnii* (genótipo 80), pode ser obtido um ganho de 25,75%. Ganhos relativamente altos podem ser obtidos, pois foram encontrados 17 clones superiores à melhor testemunha comum entre os ambientes, com média de 13,45% de ganho, variando desde 1% (17ª posição) até 32,13% (1ª posição).

Também foram calculados os ganhos para os efeitos genotípicos médios ($u + g + gem$), em que gem é o efeito médio das interações com locais (tabela 22). Segundo Resende (2007), o valor genotípico $u + g + gem$ é ideal para recomendar clones que serão plantados nas três áreas estudadas, pois ele capitaliza uma interação média entre esses ambientes. Ao selecionar os cinco melhores clones, foram obtidos ganhos relativos à média da população de 34,67%, e, quando comparados ao melhor clone testemunha, o valor médio obtido é de 29,33% (Tabela 23). Conforme constatado na seleção dos clones pelo valor genotípico livre de interação ($u + g$), os ganhos foram expressivos demonstrando que existe a possibilidade de obtenção de ganhos elevados sobre os clones comerciais para o caráter IMA ($m^3 ha^{-1}.ano^{-1}$).

Os 20 melhores clones segundo a análise conjunta dos dados dos três ambientes para o índice DAPxDb com seu valor genotípico livre de interação ($u + g$), foram ordenados do mesmo modo que realizado para o carácter IMA (Tabela 24). Na avaliação dos ganhos genéticos obtidos sobre o total de ganho acumulado na população, verifica-se que mais de 15% de todo ganho acumulado (100%), está concentrado nos cinco clones superiores. Quando comparadas as médias dos cinco melhores clones em relação à média da população, foi obtido um ganho da ordem de 18,98%. Já na comparação do ganho médio dos cinco primeiros clones em relação à média da melhor testemunha, é de 15,32%.

Os ganhos referentes aos valores genotípicos $u + g + gem$ para o índice DAPxDb foram calculados, e, quando comparados à média dos cinco melhores clones em relação à média da população, é obtido valor da ordem de 20,89% de ganho. Foi obtido ganho médio dos cinco melhores clones em relação ao melhor clone testemunha, de 16,81% (Tabela 24). Da mesma forma que fora constatado na seleção dos clones para o carácter IMA, a seleção pelo índice DAPxDb apresentou ganhos expressivos sobre o clone comercial, mas, como o índice associa características de crescimento e qualidade da madeira, se torna mais interessante do que a seleção somente para produtividade (IMA).

Após a análise dos dados de forma conjunta entre os ambientes, foram avaliados os resultados por ambiente, ou seja, realizou-se o ordenamento dos 20 melhores clones de acordo com o índice estabelecido DAPxDb. No ambiente A foram obtidos ganhos médios em relação a melhor testemunha comum entre os três locais da ordem de 19,37% na seleção dos cinco melhores clones (Tabela 25). Quando avaliado em separado, na seleção dos melhores cinco clones no ambiente B (Tabela 26), os ganhos médios foram de 20,64%, e, no ambiente C, apresentaram uma média de 14,64%, em relação à melhor testemunha comum entre ambos locais (Tabela 27).

Estes resultados corroboram com os valores obtidos na análise conjunta entre os ambientes, onde o ganho médio em relação à mesma testemunha foi de 16,81%, mas demonstram que caso seja realizada a seleção distinta por ambientes, os maiores ganhos serão obtidos no ambiente B. O clone 34 se manteve na primeira posição do ranque nos três ambientes, o que demonstra a sua estabilidade e adaptabilidade, tornando possível a sua introdução em plantios em maior escala com ganhos em DAP e Db superiores a 30% (Tabelas 25 e 26).

Tabela 25 - Ordenamento dos clones por seus valores genotípicos e ganhos preditos para o índice DAPxDb, na análise dos dados do Ambiente A.

Ordem	Genótipo	DAPxDb (u + g + ge)	Ganho Genético	Ganho genético relativo entre os clones (%)	Ganho individual em relação a melhor testemunha (%)
1	34	5,45	1,52	4,57	33,76
2	27	4,85	1,22	3,67	19,12
3	40	4,71	1,07	3,23	15,64
4	63	4,71	1,00	3,01	15,62
5	24	4,59	0,93	2,81	12,72
6	9	4,56	0,88	2,65	11,89
7	66	4,53	0,84	2,53	11,33
8	65	4,52	0,81	2,44	10,98
9	77	4,48	0,78	2,35	10,07
10	42	4,46	0,76	2,28	9,56
11	54	4,46	0,74	2,22	9,45
12	68	4,46	0,72	2,16	9,42
13	58	4,41	0,70	2,11	8,36
14	8	4,39	0,68	2,06	7,94
15	11	4,38	0,67	2,01	7,58
16	21	4,36	0,65	1,97	7,18
17	6	4,32	0,64	1,92	6,11
18	37	4,31	0,62	1,88	5,84
19	43	4,30	0,61	1,84	5,68
...					
31	80 (test)	4,07	0,46	1,39	0,00
Ganho (u+g+ge) dos cinco melhores clones em relação à melhor testemunha comum = 19,37%					

Tabela 26 - Ordenamento dos clones por seus valores genotípicos e ganhos preditos para o índice DAPxDb, na análise dos dados do Ambiente B.

Ordem	Genótipo	DAPxDb (u + g + ge)	Ganho Genético	Ganho genético relativo entre os clones (%)	Ganho individual em relação a melhor testemunha (%)
1	34	5,50	1,43	6,10	31,60
2	27	5,16	1,26	5,37	23,48
3	40	4,99	1,14	4,88	19,29
4	9	4,86	1,05	4,50	16,22
5	24	4,71	0,97	4,14	12,58
6	12	4,62	0,90	3,84	10,53
7	42	4,62	0,85	3,62	10,40
8	8	4,55	0,80	3,42	8,76
9	43	4,51	0,76	3,25	7,78
10	50	4,50	0,73	3,10	7,54
11	18	4,48	0,70	2,98	7,07
12	11	4,47	0,67	2,87	6,87
13	46	4,37	0,64	2,75	4,50
14	21	4,33	0,62	2,63	3,68
15	15	4,31	0,59	2,52	3,18
16	54	4,27	0,57	2,42	2,19
17	5	4,26	0,54	2,32	1,80
18	33	4,25	0,52	2,24	1,57
19	25	4,21	0,50	2,15	0,62
20	53 (test)	4,18	0,48	2,06	0,00
Ganho (u+g+ge) dos cinco melhores clones em relação à melhor testemunha comum = 20,64%					

Tabela 27 - Ordenamento dos clones por seus valores genotípicos e ganhos preditos para o índice DAPxDb, na análise dos dados do Ambiente C.

Ordem	Genótipo	DAPxDb (u + g + ge)	Ganho Genético	Ganho genético relativo entre os clones (%)	Ganho individual em relação a melhor testemunha (%)
1	34	5,05	1,01	5,97	19,81
2	9	4,92	0,95	5,60	16,86
3	24	4,86	0,91	5,36	15,32
4	27	4,71	0,85	5,01	11,82
5	41	4,61	0,79	4,69	9,40
6	12	4,60	0,75	4,46	9,19
7	8	4,57	0,72	4,27	8,52
8	18	4,39	0,68	4,00	4,29
9	11	4,38	0,64	3,78	4,02
10	39	4,25	0,60	3,53	0,99
11	21	4,23	0,56	3,32	0,50
12	15	4,22	0,53	3,14	0,32
13	6	4,22	0,50	2,98	0,32
14	37	4,22	0,48	2,84	0,15
15	42 (test)	4,21	0,46	2,72	0,00
16	10	4,21	0,44	2,62	-0,01
17	5	4,20	0,43	2,52	-0,23
18	23	4,17	0,41	2,43	-1,04
19	25	4,13	0,39	2,33	-2,04
20	33	4,11	0,38	2,23	-2,38
Ganho (u+g+ge) dos cinco melhores clones em relação à melhor testemunha comum = 14,64%					

3.5 Estabilidade e adaptabilidade

Foram estimados os valores para estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG) e estabilidade, adaptabilidade e produtividade simultaneamente (MHPRVG*MG) para o índice DAPxDb (tabela 28). Segundo Santos et al. (2016), o uso da MHPRVG*MG promove incremento de ganhos com seleção em relação aos valores genotípicos médios (u+g+gem). Entretanto, de acordo com os resultados observados na tabela 28, este incremento não foi constatado.

Segundo Resende (2007), a análise da Média Harmônica dos Valores Genéticos (MHVG) é baseada na média harmônica dos dados, sendo que quanto menor for o desvio padrão do comportamento genotípico através dos locais, maior será a média harmônica de seus valores genotípicos entre os ambientes. Os valores de Performance Relativa dos Valores Genéticos (PRVG) e Média Harmônica da

Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) indicam a superioridade média do genótipo em relação à média do ambiente em que for cultivado.

Os clones sublinhados são os nove melhores do ordenamento de efeitos genotípicos médios ($u + g + gem$) na seleção conjunta entre os ambientes, presentes também no ordenamento da seleção para estabilidade, adaptabilidade e estabilidade e adaptabilidade (nove em nove, 100%). No ordenamento dos clones para o índice DAPxDb em relação aos critérios PRVG, MHVG e MHPRVG (Tabela 28), os primeiros nove clones coincidem totalmente com o ordenamento de efeitos genotípicos médios entre os ambientes (Tabela 24), não havendo a inversão de ordem dentre os coincidentes. Esse fato demonstra a equivalência do método utilizado no estudo, uma vez que assim como o ordenamento por $u + g + gem$ foi igual ao do MHPRVG*MG, os ganhos foram similares.

Os ganhos relativos à média geral dos clones e à melhor testemunha, foram de 20,53% e 15,56%, respectivamente. Estes valores obtidos através da MHPRVG foram muito semelhantes aos ganhos por $u + g + gem$, sendo que este último critério possibilitou ganhos ligeiramente menores. Tal fato pode ser explicado, uma vez que o método MHPRVG*MG, além de apresentar os valores genotípicos acrescidos por um efeito médio entre os ambientes, ele também fornece os valores genéticos já descontados (penalizados) da instabilidade e capitalizados pela adaptabilidade (RESENDE, 2007).

Tabela 28 - Ordenamento da estabilidade de valores genéticos (MHVG), adaptabilidade de valores genéticos (PRVG) e estabilidade e adaptabilidade simultaneamente (MHPRVG) para o índice DAPxDb. Ordenamento somente dos clones que estavam presentes em todos os três ambientes.

[illegible]

4 CONCLUSÕES

Neste estudo observaram-se valores moderados de herdabilidade individual no sentido amplo para os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP) ($H^2 = 0,1241$), densidade básica (Db) ($H^2 = 0,2914$) e para o índice DAPxDb ($H^2 = 0,1841$) (RESENDE, 2002). Como foram encontrados valores altos de correlação entre os caracteres de crescimento, qualidade da madeira e o índice DAPxDb, a seleção indireta com base na utilização deste índice irá possibilitar ganhos diretos em DAP, altura, volume individual e IMA, assim como em densidade.

Com base nos resultados da análise de correlação entre os ambientes (correlação par a par), utilizando o índice DAPxDb, não se faz necessária a estratificação dos ambientes, implicando diretamente na redução de custos e maior praticidade na seleção de clones superiores. Esta informação possibilitará a seleção de clones comuns para os três ambientes de estudo, com base em características de fácil mensuração e de resposta rápida.

Tanto na análise conjunta, quanto na avaliação individual dos ambientes, apresentando ganhos superiores a 28% para o índice DAPxDb em relação à melhor testemunha, o clone 34 se mostrou superior aos demais genótipos, sendo sugerida a sua introdução em áreas expandidas para a observação do seu desempenho em maior escala, além da caracterização da qualidade da madeira, visando uma possível indicação para plantios comerciais no futuro próximo.

Os valores obtidos com a seleção em relação à média geral dos clones e à melhor testemunha estimados através da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) foram muito semelhantes aos ganhos genotípicos médios ($u + g + gem$), sendo que este último critério possibilitou ganhos ligeiramente menores. A seleção baseada nos critérios de MHPRVG é considerada de suma importância para direcionar cruzamentos controlados, avaliar as fases do programa de melhoramento e recomendar os genótipos superiores para o uso comercial.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ASSIS, T. F.; ABAD, J. I. M.; AGUIAR, A. M. **Melhoramento genético do eucalipto**. Cap. 7. 2015.

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

DE MORAES, M. B. et al. Genetic variability of half sibs eucalyptus progenies for cold tolerance . **Revista Arvore**, v. 39, n. 6, p. 1047–1054, 2015.

FALCONER, D. S. **Introducao a genetica quantitativa**. Vicosas: Vicosas UFV, 1987.

GREAVES, B. L. et al. Use of a Pilodyn for the indirect selection of basic density in Eucalyptus nitens. **Canadian Journal of Forest Research**, Ottawa, Canada, v. 26, n. 9, p. 1643–1650, 1996.

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

MIRANDA, Aline et al. Heritability for resistance to Puccinia psidii Winter rust in Eucalyptus grandis Hill ex Maiden in Southwestern Brazil. **Tree Genetics & Genomes**, Berlin/Heidelberg, v. 9, n. 2, p. 321–329, 2013.

NUNES, Andrei Caíque Pires et al. Estabelecimento de zonas de melhoramento para clones de eucalipto no Rio Grande do Sul. **Scientia Forestalis**, v. 44, n. 111, p. 563–574, 2016.

NUNES, Andrei Caíque Pires et al. Evaluation of different selection indices combining Pilodyn penetration and growth performance in Eucalyptus clones. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 17, n. 3, p. 206–213, 2017.

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

PINTO JÚNIOR, José Elidney. **REML/BLUP para a análise de múltiplos experimentos, no melhoramento genético de *Eucalyptus grandis* W. HILL ex maiden**. 2004. Curitiba, 2004.

RESENDE, Marcos Deon Vilela De. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Brasília Embrapa Informação Tecnológica, 2002.

RESENDE, M.D.V; BARBOSA, M.H.P. **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada**. Colombo: Embrapa Informação Tecnológica, 2005. 130 p.

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

RESENDE, Marcos Deon Vilela De et al. Métodos e Estratégias de Melhoramento de Espécies Perenes: Estado da Arte e Perspectivas. Embrapa Informação Tecnológica, 2007.

RESENDE, Marcos Deon Vilela De. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Colombo Embrapa Florestas, 2007.

RESENDE, Marcos Deon Vilela De. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [s. l.], v. 16, n. 4, p. 330–339, 2016.

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

ROSADO, Antonio Marcos. **Seleção Entre e Dentro de Famílias e Baseada nos Valores Genéticos Obtidos pelo Índice Combinado e BLUP em Eucalipto**. Tese de Doutorado - UFV , 2003.

SANTOS, G. A. et al. **Potencial da silvicultura clonal de *Eucalyptus benthamii* para o sul do Brasil**. In: SILVA, L. D.; HIGA, A. R.; SANTOS, G. A. (Org.). Silvicultura e melhoramento genético de *Eucalyptus benthamii*. Imprensa Universitária: UFPR, 2012. p. 77–102.

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

STURION, José Alfredo; RESENDE, Marcos Deon Vilela De. Seleção de progênies de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hill.) para a produtividade, estabilidade e adaptabilidade temporal de massa foliar. **Pesquisa Florestal Brasileira**, n. 50, 2011.

TIBBITS, W. N. et al. Genetic variation in frost resistance of *Eucalyptus globulus* ssp. *globulus* assessed by artificial freezing in winter. **Australian Journal of Botany**, v. 54, n. 6, p. 521–529, 2006.

VENCOVSKY, R. **Genetica biometrica no fitomelhoramento**. Ribeirao Preto: Ribeirao Preto Sbg, 1992.

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

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A análise de *deviance* indicou a existência de diferença significativa para todas as características avaliadas, e, para o efeito de tratamentos (progênes), demonstrando que existe variabilidade para a realização de seleção, tanto entre, quanto dentro das famílias.

O caráter IMA, analisado nos dados coletados nas famílias, apresenta moderada herdabilidade individual no sentido restrito (0,2521). Este resultado demonstra que grande parte da variabilidade fenotípica dessas características é devido à variação ambiental, pois não há um controle genético alto para este tipo de característica.

Na análise dos dados coletados nas famílias de meio irmãos de *Eucalyptus dunnii* foram obtidos altos valores de correlação genética entre os caracteres de crescimento (0,86 a 1,00), o que comprova a assertividade na definição da variável IMA para a execução das análises, pois não há perda para as demais características, quando realizada a seleção com base nesta variável.

Através da utilização de métodos de análise para a estimação dos ganhos com a seleção foi possível constatar a existência de valores expressivos, chegando a incrementos de até $15 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$, resultando em uma população melhorada com IMA estimado superior a $54 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$.

Com a obtenção de incrementos como o citado acima ($15 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$) com a seleção dentro das famílias, sugere-se que sejam clonados os 258 indivíduos superiores (228 e 30, no ambiente A e B respectivamente), para posterior introdução em testes clonais, visando a análise da competição intra e inter clonal, com o objetivo de futura indicação para inserção no grupo de clones comerciais da empresa.

Na análise dos parâmetros genéticos na rede experimental clonal, o índice utilizado (DAPxDB) apresentou valores moderados para herdabilidade individual no sentido amplo livre da interação ($H^2 = 0,1841$), sendo que a correlação deste índice com as demais características de crescimento (DAP, Vol e IMA) e qualidade da madeira (Db) foi considerada elevada (0,62 a 0,76), demonstrando que a seleção direta com base no DAPxDB possibilita ganhos indiretos em volume individual e IMA, e, também em qualidade da madeira.

Os valores para a acurácia de seleção foram elevados para praticamente todas as características analisadas (baixo apenas para sobrevivência), demonstrando que as herdabilidades estimadas são adequadas e demonstram a possibilidade de obtenção de ganhos genotípicos com a seleção dos melhores clones.

Houve coincidência de 100% no ranqueamento dos nove primeiros clones, para o índice DAPxDb em relação aos critérios Performance Relativa dos Valores Genéticos (PRVG), Média Harmônica dos Valores Genéticos (MHVG) e Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) (Tabela 28) e o ordenamento de efeitos genotípicos médios entre os ambientes ($u + g + gem$) (Tabela 23). Isso demonstra a equivalência do método utilizado no estudo, uma vez que assim como o ordenamento pelos valores genotípicos médios ($u + g + gem$) foi igual ao do Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG*MG), os ganhos foram similares.

Tanto na análise conjunta dos dados, quanto individual por ambiente, o clone 34 se destacou pela obtenção dos maiores ganhos com relação à melhor testemunha comum entre os locais para o índice DAPxDb (acima de 28%). Seria muito interessante a ampliação dos estudos quanto às demais características da madeira deste clone, assim como a avaliação do seu comportamento em plantios em maior escala (plantios de observação).