

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS  
CENTRO DE CIÊNCIAS E TECNOLOGIAS PARA A SUSTENTABILIDADE  
*CAMPUS SOROCABA*  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM “PLANEJAMENTO E USO DE RECURSOS  
RENOVÁVEIS”.

BRUNO MARCHETTI DE SOUZA

INTERAÇÃO GENÓTIPO-AMBIENTE E GANHOS NA SELEÇÃO EM TESTES DE  
PROGÊNIES DE *Corymbia citriodora* HOOK.

**SOROCABA 2018**

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS  
CENTRO DE CIÊNCIAS E TECNOLOGIAS PARA A SUSTENTABILIDADE  
*CAMPUS* SOROCABA  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM “PLANEJAMENTO E USO DE RECURSOS  
RENOVÁVEIS”.

BRUNO MARCHETTI DE SOUZA

**INTERAÇÃO GENÓTIPO-AMBIENTE E GANHOS NA SELEÇÃO EM TESTES  
DE PROGÊNIES DE *Corymbia citriodora* HOOK**

Dissertação apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias para a Sustentabilidade da Universidade Federal de São Carlos, *Campus* Sorocaba, para a obtenção do título de mestre em Planejamento e Uso de Recursos Renováveis.

Orientação: Prof. Dr. Miguel Luiz Menezes Freitas  
Coorientação: Profa. Dra. Ananda Virginia de Aguiar

**SOROCABA 2018**

Marcetti de Souza, Bruno

INTERAÇÃO GENÓTIPO-AMBIENTE E GANHOS NA SELEÇÃO EM  
TESTES DE PROGÊNIES DE *Corymbia citriodora* HOOK / Bruno Marcetti  
de Souza. -- 2018.

71 f. : 30 cm.

Dissertação (mestrado)-Universidade Federal de São Carlos, campus  
Sorocaba, Sorocaba

Orientador: Miguel Luiz Menezes Freitas

Banca examinadora: Karina Martins, Rinaldo Cesar de Paula

Bibliografia

1. Melhoramento genético . 2. Conservação genética. 3. Interação  
genótipo-ambiente. I. Orientador. II. Universidade Federal de São Carlos. III.  
Título.

Ficha catalográfica elaborada pelo Programa de Geração Automática da Secretaria Geral de Informática (SIn).

DADOS FORNECIDOS PELO(A) AUTOR(A)

Bibliotecário(a) Responsável: Maria Aparecida de Lourdes Mariano – CRB/8 6979

**BRUNO MARCHETTI DE SOUZA**

**INTERAÇÃO GENÓTIPO-AMBIENTE E GANHOS NA  
SELEÇÃO EM TESTES DE PROGÊNIES DE *Corymbia  
citriodora* HOOK**

**Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação para obtenção do título de  
mestre em Planejamento e Uso de Recursos Renováveis.  
Universidade Federal de São Carlos.  
Sorocaba, 14 de dezembro de 2018.**

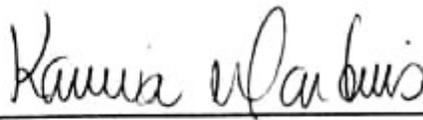
**Orientador:**



---

**Prof. Dr. Miguel Luiz Menezes Freitas  
Instituto Florestal de São Paulo**

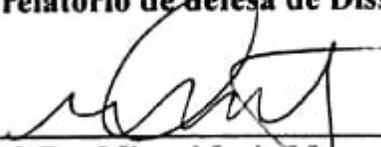
**Examinadores:**



---

**Prof. Dra. Karina Martins  
Universidade Federal de São Carlos – UFSCar *Campus Sorocaba***

**Certifico que a sessão de defesa foi realizada com a participação à distância do Dr. Rinaldo Cesar de Paula (Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – UNESP Jaboticabal) e, depois das arguições e deliberações realizadas, o participante à distância está de acordo com o conteúdo do parecer da comissão examinadora redigido no relatório de defesa de Dissertação de Bruno Marchetti de Souza.**



---

**Prof. Dr. Miguel Luiz Menezes Freitas  
Presidente da Comissão Examinadora**

## AGRADECIMENTOS

À minha família sem a qual o apoio nada disso seria possível. Obrigado por todo amor, carinho, suporte e compreensão de sempre.

Ao meu orientador Prof. Dr. Miguel Luíz Menezes Freitas, pela oportunidade, acolhimento, paciência e confiança.

À minha coorientadora Profa. Dra. Ananda Virgínia de Aguiar pelos ensinamentos, amizade e exemplo de dedicação à profissão.

Aos professores: Dr. Rinaldo Cesar de Paula e Dr. Mário de Moraes por prontamente aceitarem dar suas contribuições para o trabalho.

Profa. Dra. Karina Martins com quem tive o prazer de continuar aprendendo durante esse período.

Ao Instituto Florestal e a toda equipe responsável pela rede experimental do instituto que tornaram esse trabalho possível.

À equipe do PPGPur e da UFSCar pelo suporte.

À equipe da Embrapa Florestas pelo acolhimento e por me propiciar novos aprendizados. Especialmente aos estagiários e pesquisadores: Dr. Edilson, Dr. Estefano, Dr. Paulo Eduardo e Dra. Márcia que contribuíram diretamente no desenvolvimento deste trabalho; assim como aos estagiários: Lucas e Júlio.

Aos meus novos e velhos amigos da pós que com certeza levarei pra vida toda. Gabi, Laris, Olivia, Harvey, Rayssa, Carla, Erick, Porsche. Não consigo imaginar essa parte da minha vida sem vocês, jamais teria sido a mesma coisa.

À CAPES pela bolsa concedida.

Ao programa ELAP do Governo canadense e ao Dr. Ritland pela oportunidade única que tive aquisição de conhecimento e enriquecimento pessoal.

## RESUMO

*Corymbia citriodora* é uma das espécies florestais mais cultivadas no Brasil por pequenos produtores para produção de madeira sólida, devido à densidade elevada da madeira e sua alta taxa de crescimento. Apesar da sua importância comercial, o melhoramento genético, especificamente para essa espécie, é incipiente no país. A interação genótipo-ambiente (GE) é um dos fatores mais importantes na condução de um programa de melhoramento. O conhecimento da magnitude e padrões da GE permite definir quais as zonas de melhoramento e os genótipos mais adequados para ambientes específicos. O objetivo dessa proposta foi estimar os parâmetros genéticos e os padrões de GE com base em testes de progênie de *C. citriodora*, bem como estimar os ganhos que poderiam ser obtidos por meio de processos de seleção. Os ensaios foram estabelecidos a partir de 56 progênies de polinização aberta de *C. citriodora* em três locais na estação experimental de Luiz Antônio, SP. Os três se diferenciam pelo tipo de solo, principalmente a estrutura do solo (local LVM: Latossolo Vermelho de textura intermediária, Local NQ: Neossolo Quartzarênico de textura arenosa, local LVA: Latossolo vermelho de textura argilosa). Os seguintes caracteres foram medidos aos 30 anos de idade: altura total (AT), diâmetro na altura do peito (DAP), forma do fuste e sobrevivência. Com base nos dados de altura e DAP, o volume individual (VOL) foi estimado. As análises estatísticas e os parâmetros genéticos, inclusive a interação genótipo-ambiente, foram estimados pelo procedimento “máxima verossimilhança restrita / melhor predição linear não viciada” (REML/BLUP). O método MHPRVG (Média harmônica do desempenho relativo dos valores genéticos) foi utilizado para estimar a produtividade, estabilidade e adaptabilidade dos materiais genéticos. Com base nos valores genéticos aditivos (BLUP) foram estimados os ganhos considerando quatro métodos de seleção e 10 níveis de intensidade diferentes. E por fim foram estabelecidas intensidades ideias de seleção para cada método. A sobrevivência variou de 38% (local NQ) a 55% (local LVA). Os valores médios gerais para AT e DAP foram 26,79 m e 21,5 cm, respectivamente. As maiores taxas de crescimento foram encontradas no local LVA. A GE não foi significativa para os caracteres de crescimento, sendo detectada somente para o caráter sobrevivência. Logo, para os caracteres de crescimento as progênies mais estáveis são também as mais adaptadas e as mais produtivas. Esse cenário sugere que as melhores progênies podem ser indicadas para os mesmos tipos de solos avaliados. A análise conjunta mostrou diferença significativa entre as progênies para DAP, sobrevivência e VOL. Nas análises individuais, os caracteres de crescimento só diferiram no solo NQ. O local NQ também foi o que apresentou o valor mais elevado de herdabilidade para os caracteres de crescimento. Os ganhos estimados por meio da seleção foram de baixos a moderados atingindo o valor mais alto de 20% no local NQ. Ao consideramos uma intensidade de seleção otimizada em relação a diversidade os ganhos variam entre 3,36 % a 5,68 % e o número de indivíduos selecionados varia bastante. Como analisado a população apresenta possibilidade de obtenção de ganhos, mas para que esses ganhos sejam contínuos ao longo de outros ciclos de seleção é necessário o aumento da diversidade genética com o acréscimo de novos genótipos advindos de outras fontes.

**Palavras-chave:** progênies; melhoramento florestal; interação genótipo-ambiente

## ABSTRACT

*Corymbia citriodora* is one of the most cultivated hardwood species by small farmers in Brazil, it combines a high growth rate with high wood density. Its timber is used for a wide range of products, such as poles, railway sleepers, posts, scantlings, wharf and construction lumber. Despite its commercial importance, this species does not have a formal breeding program. Genotype-by-environment interaction (GE) is one of the most important elements in the management of a tree breeding program to define breeding zones and to select genotypes that are targeted to specific environmental conditions. The aim of this research was to estimate genetic parameters to understand GE patterns based on *C. citriodora* progeny tests. The experiment was established using 56 open-pollinated families in three different locations within the Luiz Antônio's experimental station in state of São Paulo, Brazil. The three sites differ contrastingly on their soil type (LVM: Red Latosol, QN: Quartzarenic Neosol, LVA: Clay Latosol). The following traits were measured at 30 years of age: total height (HT), diameter at breast height (DBH), stem form and survival. Based on these data the individual stem volume (VOL) was calculated. Statistical analyses and genetic parameters were estimated by REML/BLUP methodology. The MHPRVG (harmonic mean relative performance of genetic values) predicted by BLUP was used to analyze the productivity, stability and adaptability. Based on the genetic values, the genetic gains were estimated considering 4 selection methodologies combined with 10 intensity levels. And finally, an optimal intensity of selection regarding the diversity was calculated for methodology. The survival ranged from 38% (QN site) to 55% (LVC site). The overall mean values for HT and DBH were 26.79 m and 21.5 cm, respectively. The highest growth rates were found in the LVC soil. The GE was not significant to all growth traits. A complex GE was detected only for survival, proving the importance of choosing the right genotypes of the species to specific sites. The joint analysis showed a significant difference between families for DBH, survival and VOL. In the individual analyses, progenies growth traits performances were considerably different only in the QN site. This site also presented high narrow-sense heritability values. The estimated gains were low to moderate peaking 20% on QN site. The selection method that provides superior gains was the family selection. Considering the optimal selection regarding the diversity, the gains ranged from 3.36% to 5.68%, selecting different numbers of individuals. In summary, the families studied here presents potential to obtain considerable genetic gains through selection. However to keep these gains continuous over the next selection cycles it is necessary to incorporate more genetic diversity in order to increase the diversity observed among the progenies.

**Keywords:** progeny test; tree breeding; genotype-by-environment interaction.

## SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO .....	1
2. REFERENCIAL TEÓRICO.....	2
2.1. <i>A Corymbia citriodora</i> .....	2
2.1.1. Características gerais da espécie.....	2
2.1.2. Uso e mercado da espécie no Brasil.....	5
2.2. Melhoramento genético .....	7
2.3. Interação genótipo-ambiente. ....	10
2.4. Métodos estatísticos para análise da interação genótipo-ambiente. ....	11
3. MATERIAL E MÉTODOS .....	14
3.1. Caracterização dos locais de ensaios .....	14
3.2. Delineamento experimental .....	17
3.3. Coleta de dados.....	17
3.3. Análises estatísticas.....	18
3.3.1. Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos.....	18
3.3.2. Produtividade, estabilidade e adaptabilidade. ....	20
3.3.3. Diversidade e ganhos esperados com a seleção .....	21
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO. ....	22
4.1. Desenvolvimento do teste. ....	22
4.2. Qualidade da avaliação individual.....	25
4.3. Análise de deviance individual e estimativa de parâmetros genéticos .....	26
4.3.1. Análise de deviance .....	26
4.3.2. Parâmetros genéticos. ....	28
4.4. Análise conjunta e estimativa de parâmetros genéticos .....	30
4.4.1. Análise de deviance .....	30
4.4.2. Parâmetros Genéticos.....	34
4.5. Estabilidade, adaptabilidade e produtividade. ....	38
4.6. Ganhos com seleção e diversidade genética .....	41
5. CONCLUSÕES.....	49
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	50

## 1. INTRODUÇÃO

O Brasil ocupa posição de destaque no mercado de florestas produtivas. Em 2017 foi líder mundial em produtividade florestal e se destacou como o 2º maior produtor de celulose do mundo. As áreas de florestas plantadas para fins industriais no país somam cerca de 7,84 milhões de hectares. Contudo, essa realidade produtiva não se reflete tão fortemente no setor de madeira sólida. Somente 4% de toda área reflorestada brasileira é destinada a esse fim (IBA, 2018). Dentre as espécies mais cultivadas no Brasil para essa finalidade está a *Corymbia citriodora*, a qual se encontra amplamente difundida no território nacional (ABRAF 2010). A espécie é nativa de Queensland, Austrália, cuja região possui clima subtropical, apresenta crescimento rápido e madeira de alta densidade (FLORES et al., 2016). Segundo Lan (2011), sua madeira é das mais comercializadas na costa leste australiana. A Madeira é muito indicada para: serraria, carvão vegetal, lenha, dormentes, postes, estacas e mourões. De suas folhas é extraído óleo essencial, muito usado na indústria química e farmacêutica (MORA e GARCIA, 2000). No Brasil, apesar da espécie ser utilizada por pequenos e médios produtores e do interesse recente por empresas de maiores portes, ainda não há programas de melhoramento específicos para espécie.

Em virtude da dificuldade de importação de materiais genéticos da Austrália na fase atual, bem como da considerável quantidade de genótipos que foram importados da Austrália nas décadas de 1970 e 1980, torna-se pertinente que um levantamento minucioso seja conduzido, de forma a resgatar materiais genéticos via sementes, pólen e/ou propagação vegetativa visando à conservação *ex situ* dessa espécie para futuras propostas de melhoramento para diferentes finalidades, principalmente madeira sólida e óleo essencial. Na atualidade, há poucos registros sobre o estado de conservação dessa imensa rede experimental. Há evidências de que boa parte desse acervo genético tenha sido eliminada ou não se encontra em bom estado de conservação (REIS et al., 2013). Com base nesse germoplasma será possível propor uma estratégia de melhoramento genético para espécie, visando atender as demandas de pequenos e médios produtores rurais, visto que a espécie não é de prioridade para grandes empresas. Os investimentos em pesquisa com a espécie são baixos, tanto em empresas privadas quanto em instituições públicas, o que justifica estudos mais detalhados dos materiais existentes em instituições públicas, como Instituto Florestal de São Paulo e Embrapa (VIEIRA, 2004).

A escolha de um processo de melhoramento eficaz implica na adoção de métodos acurados de seleção. A seleção, por sua vez, se baseia em fatores como: herdabilidade do caráter objetivo da seleção, número de famílias e indivíduos avaliados em experimentos e heterogeneidade ambiental na área do experimento (FALCONER e MACKAY, 1997). Uma das etapas mais importantes em um programa de melhoramento florestal são estudos de estimativas de Interação genótipo-ambiente (GE). A GE exerce uma grande influência na correlação entre genótipo e fenótipo, podendo assim dificultar o reconhecimento dos melhores genótipos. Informações a respeito dos padrões e magnitude dessas interações são imprescindíveis para escolha de métodos eficazes de seleção (BURDON, 1977).

Lee (2007) utilizou o método BLUP ao estudar progênies de *C. citriodora* em Queensland na Austrália, conseguindo acessar de forma satisfatória os valores genéticos das populações avaliadas e assim direcionar de forma adequada os processos de seleção da espécie para a região. Hung et al. (2016) e Brawner et al. (2011) também realizaram estudos semelhantes com a espécie.

Para análise de interação genótipo-ambiente Resende (2007b) aponta o procedimento MHPRVG (média harmônica da performance relativa dos valores genéticos) que além da produtividade incorpora os conceitos de estabilidade e adaptabilidade. O processo é baseado na média harmônica dos valores genotípicos das progênies em relação aos diferentes ambientes. O que possibilita o ordenamento dos maiores valores genotípicos considerando simultaneamente os critérios de produtividade, estabilidade e adaptabilidade dentro do contexto de modelos mistos.

Dentro desse contexto, objetiva-se estimar os parâmetros genéticos e a interação genótipo-ambiente para caracteres silviculturais (quantitativos) em testes de progênie de *C. citriodora* em três tipos de solos, assim como determinar as estratégias de seleção adequadas visando o melhoramento e a conservação genética dos testes.

## **2. REFERENCIAL TEÓRICO.**

### **2.1. A *Corymbia citriodora***

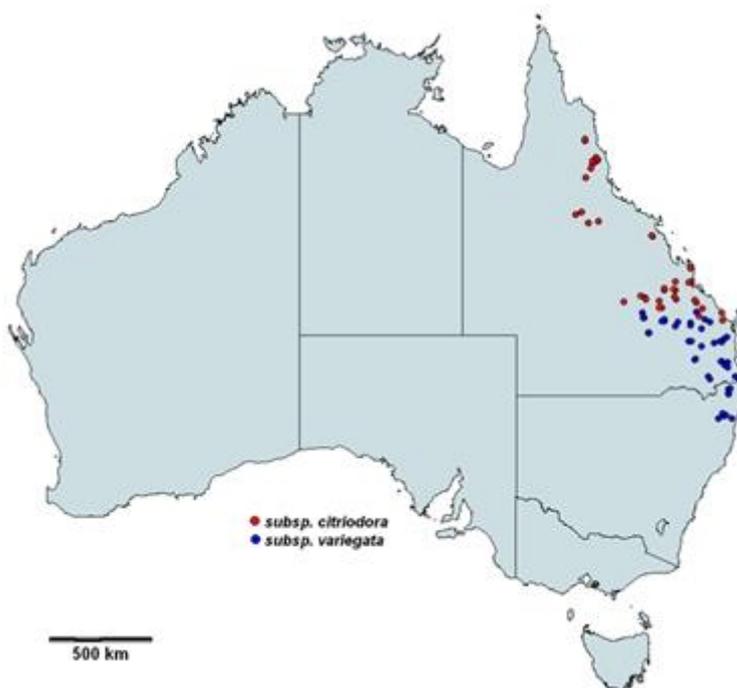
#### *2.1.1. Características gerais da espécie.*

A espécie a *Corymbia citriodora* (Hook.) K.D. Hill & L.A.S. Johnson (Myrtaceae), antigo *Eucalyptus citriodora* Hook, é composta por duas subespécies: *C. citriodora* subsp.

*citriodora* e *C. citriodora* subsp. *variegata*. Segundo Boland et al., (2006), *C. citriodora* habita locais onde o clima é quente e úmido a sub-húmido. Possui ocorrência natural na faixa leste da Austrália, principalmente no estado de Queensland (QLD). A subsp. *citriodora* ocorre exclusivamente no estado de QLD. As populações naturais da subespécie tem uma distribuição descontínua ao norte do estado, no entanto, a densidade dos povoamentos aumenta nas regiões mais ao sul de QLD. As temperaturas médias locais variam de 29 °C a 30 °C nos meses mais quentes, e de 8 °C a 9 °C nos mais frios, com precipitações pluviométricas anuais variando de 600 mm a 2.000 mm. Nas regiões mais ao sul do estado podem ocorrer povoamentos mistos das duas subespécies. A subsp. *variegata* possui uma área de ocorrência mais ampla, que se estende desde da região centro-sul de QLD até o estado de New South Wales (NSW). As temperaturas nessas áreas apresentam uma média de 26 °C a 29 °C nos meses mais quentes e médias de 0 °C a 6 °C nos meses mais frios. Enquanto que a pluviosidade pode variar de 600 mm a 1.600 mm por ano. Ambas as subespécies podem ser encontradas em altitudes que variam de 30 m a 1.100 m. (Figura 1)

Figura 1- Mapa da Austrália, com destaque para a área de ocorrência natural das subespécies de *Corymbia citriodora*.

Fonte: Austrália Florabank



A espécie, de maneira geral, apresenta tronco ereto e casca lisa, com coloração que oscila do creme, rosa a acobreado, a depender do estágio de intemperismo, o que confere ao fuste um aspecto manchado (Figura 2A) (FLORES et al., 2016). O percentual de casca é

elevado, podendo chegar a 30% do volume do tronco. Segundo Flores et al. (2016), a sua ramagem é longa, a qual permite a formação de uma copa aberta (Figura 3). As folhas são caracterizadas por forte odor de citronela. As folhas maduras são alternas, estreito-lanceoladas, eventualmente falcadas, pecioladas, verde-escuras em ambas as faces, de 10 cm a 20 cm de comprimento, com as nervuras secundárias, divergindo em 45 graus em relação à principal (Figura 2B). As inflorescências apresentam de três a cinco flores brancas em panículas terminais (Figura 2D). As cápsulas dos frutos têm formato ovóide e são deiscentes, com valvas inclusas, de cerca de 10 mm de diâmetro (Figura 2C). As sementes, apesar de deiscentes, permanecem em suas cápsulas quando ainda maduras, o qual permite o planejamento de coletas de cápsulas em áreas de produção de sementes, seguida de secagem e obtenção de sementes (ELDRIDGE et al., 1993). As sementes possuem cor negra (FLORES et al., 2016).

Figura 2- Detalhes dos órgãos reprodutivos e vegetativos de *Corimbia citriodora*: (A)Caule (B) Folhas (C) Frutos (D) Flores.

Fonte: Australian Plant Image Index



Figura 3- Individuo de *Corymbia citriodora*

Fonte: Forest and Kim Starr, USGS



*Corymbia citriodora* é uma espécie com potencial considerável para áreas subtropicais que historicamente foram consideradas marginais para a silvicultura. A capacidade da espécie de sobreviver em condições difíceis, tolerar pragas e doenças endêmicas, a alta densidade de madeira e o rendimento considerável de polpa para celulose a tornam uma opção de menor risco e em algumas situações mais lucrativa que a cultura de consagradas commodities em áreas subtropicais da Austrália (LEE et al., 2011). A espécie detém propriedades superiores de madeira em relação às outras espécies de eucalipto comumente cultivadas pra produção de polpa celulósica (SMITH et al., 2007). A excelente qualidade da madeira da espécie oferece mais oportunidades com a produção de produtos de maior valor agregado, tais como: dormentes, postes, móveis.

#### *2.1.2. Uso e mercado da espécie no Brasil*

No Brasil, os plantios de *C. citriodora* foram iniciados com vistas à adaptação fisiológica, crescimento e produção de madeira para produção de carvão vegetal. No decorrer do tempo, os objetivos dos plantios foram ampliados no intuito de produção de madeira para serraria, energia e exploração de folhas para extração de óleo essencial (VITTI e BRITO, 1999). As principais razões para a sua utilização no Brasil são a boa adaptação às diferentes regiões edafoclimáticas, relativo incremento volumétrico de madeira, boa forma e capacidade de brotação (XAVIER, 1993). Ressalta-se que a espécie é recomendada para

reflorestamento em quase todo o Brasil central, além de norte do Paraná, São Paulo, Minas Gerais e no litoral da Região Nordeste. No entanto, não é indicada para os estados de Pernambuco, Paraíba e Amazônia, onde os plantios não apresentam bom desenvolvimento satisfatório (FLORES et al., 2016)

A espécie possui múltiplos usos. Sua madeira de elevada densidade é utilizada na produção de carvão vegetal, cabos de ferramentas, cercas, cruzetas, dormentes, lenha, mourões, pontaletes, postes, serraria (vigas, caibros e móveis), dentre outros usos (BOLAND et al., 2006). O óleo essencial, citronelal, extraído de suas folhas, tem sido usado na aromatização de ambientes e produção de desinfetantes, detergentes, sabões, ceras, saponáceos, pedras sanitárias e como matéria-prima para a indústria de perfumaria e fármacos (VIEIRA, 2004).

Em razão da relevância econômica da espécie, há registros de introdução de 37 lotes de sementes de *C. citriodora* no Brasil entre 1970 e 1984. A maioria das sementes foi obtida diretamente da *Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation* (CSIRO), Austrália. As introduções foram feitas inicialmente pelo “Projeto de Desenvolvimento e Pesquisa Florestal” (PRODEPEF), convenio estabelecido entre o ex-Instituto Brasileiro de Desenvolvimento Florestal (IBDF), atual Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis (IBAMA) e a Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura (FAO); pelo Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais (IPEF) e suas empresas associadas; pelo Instituto Florestal de São Paulo (IF-SP), dentre outras instituições públicas e privadas como a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) (FERREIRA, 2001). A partir desses genótipos, vários experimentos foram implantados em todo o Brasil com vistas ao melhor conhecimento do desempenho silvicultural da espécie. No relatório do Programa Nacional de Pesquisas de Florestas, o qual foi estabelecido pelo ministério do meio ambiente que também incorporou experimentos do extinto PRODEPEF, são descritos cerca de 112 experimentos com presença de *C. citriodora* implantados até 1987. A análise desses experimentos indicou potencialidades de espécies e procedências até então não utilizadas, além de identificar a necessidade de pesquisas para determinar as espécies e procedências para diferentes regiões de plantio, áreas para produção de sementes, levantamentos de pragas, dentre outros objetivos (EMBRAPA, 1987)

## 2. 2. Melhoramento genético

É de consenso geral que a solução, ou pelo menos a minimização, dos problemas relacionados com a produção de madeira adequada ao uso industrial depende do desenvolvimento de programas específicos de melhoramento genético. A possibilidade de predição de ganhos a serem obtidos por certa estratégia de melhoramento é uma das mais importantes contribuições ao cultivo de plantas (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1988).

Grandes progressos obtidos por meio do melhoramento clássico têm sido relatados para as espécies florestais, especialmente o eucalipto. No Brasil podemos acompanhar essa evolução principalmente a partir das espécies do gênero eucalipto. A produtividade média de das espécies de eucaliptos evoluiu desde valores como 20m<sup>3</sup>/ha/ano em 1960 para valores próximos aos 40 m<sup>3</sup>/ha/ano nos anos 2000, sendo que cerca de 50% desses ganhos podem ser creditados ao melhoramento genético. Isto equivale a um ganho genético de 1,25% por ano (RESENDE et al., 2005). Atualmente a produtividade média das florestas de eucaliptos no Brasil é de 36 m<sup>3</sup>/ha/ano (IBÁ 2018). É importante destacar que, em um programa de melhoramento genético, o primeiro aspecto a ser considerado é o objetivo ou produto final esperado. A espécie em questão pode ser melhorada para aspectos distintos como: serraria; bioenergia, produção de celulose e de óleo essencial. Dependendo do objetivo final são definidos os caracteres de interesse a serem avaliados (FALCONER e MACKAY, 1997).

Os caracteres de importância econômica podem ser divididos basicamente em caracteres qualitativos (monogênicos ou oligogênicos) e quantitativos (poligênicos). Os caracteres qualitativos podem ser melhorados de forma mais direta por meio da transferência de alelos/genes via as seguintes alternativas: (i) retrocruzamentos (transferência de alelos); (ii) retrocruzamentos monitorados por marcadores moleculares (transferência de alelos); (iii) transgenia (transferência de genes). O que ocorre é que a maioria dos caracteres relativos ao crescimento das árvores, que são geralmente os de maior interesse do setor florestal, são de natureza quantitativa. Para tais caracteres, devido ao elevado número de genes, não é possível atingir o objetivo do melhoramento em apenas um ciclo seletivo. Esses caracteres são controlados por um grande número de genes e sujeitos a elevada influência ambiental, apresentando baixa herdabilidade. Em plantas perenes, as estratégias de seleção recorrente assumem grande importância devido à necessidade de se obter o maior ganho possível em cada ciclo seletivo (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992).

O melhoramento genético de caracteres quantitativos geralmente baseia-se em três estratégias globais: (i) melhoramento e seleção dentro de população; (ii) melhoramento e seleção em populações sintéticas ou compostas; (iii) melhoramento do cruzamento ou híbrido entre indivíduos de diferentes populações. As estratégias de melhoramento correspondentes são respectivamente: (i) seleção recorrente intrapopulacional (SRI); (ii) seleção recorrente recíproca (SRR); (iii) seleção recorrente intrapopulacional em população sintética (SRIPS) (RESENDE et al., 2002).

A estratégia intrapopulacional (i) visa o melhoramento do valor genético aditivo médio da população por meio de vários ciclos seletivos via seleção recorrente (SRI). Neste processo melhora-se também de forma indireta o valor genético no sentido amplo, agregando assim os efeitos de dominância e heterozigose. Esta estratégia é comumente adotada em várias espécies de plantas perenes, alógamas e com sistema reprodutivo misto, visando a utilização em plantios via sementes (valor genético aditivo) ou clonagem (valor genético). É geralmente adotado em estágios iniciais do melhoramento de cada espécie (RESENDE 2002).

Na estratégia de melhoramento do cruzamento ou híbrido entre populações (ii) o objetivo é melhorar a média do cruzamento entre duas ou mais populações (ou indivíduos) divergentes. E o melhoramento da média do cruzamento implica melhorar, simultaneamente, a média do valor genético aditivo interpopulacional das duas populações bem como a heterose do cruzamento entre as mesmas. A heterose é função direta da divergência genética entre as populações e do grau de dominância do caráter sob melhoramento. O processo de melhoramento da média do cruzamento e da heterose é a seleção recorrente recíproca (SRR) ou interpopulacional (COMSTOCK et al., 1949). A SRI aplicada às duas populações é também capaz de melhorar a média do cruzamento, mas não melhora a heterose, sendo assim, um procedimento inferior quando o grau de dominância é considerável e existe divergência genética. Comparações entre a SRR e SRI para o melhoramento do híbrido interpopulacional são apresentadas por Resende (2002).

Já o melhoramento em populações sintéticas ou compostas (iii) a estratégia baseia-se na formação de uma nova população. Busca aos mesmos objetivos citados anteriormente: o melhoramento do valor genético aditivo médio via SRI e, de forma indireta, do valor genotípico. Entretanto, a população sintética resulta de cruzamentos entre diferentes populações (espécies ou grupos heteróticos), linhagens ou raças. Este fato conduz a uma

maior variabilidade e heterozigose na população. A maior variabilidade culmina com a possibilidade de obtenção e seleção de indivíduos segregantes transgressivos em termos de valor genético aditivo. A maior heterozigose possibilita aumentar o efeito de dominância ou contribuição dos locos em heterozigose e, conseqüentemente, contribui também para aumentar o valor genotípico dos indivíduos. Esta estratégia é utilizada no melhoramento da maioria das espécies de plantas e animais. O processo de melhoramento é a seleção recorrente interpopulacional em população sintética (SRIPS) (RESENDE 2002).

No Brasil, pode-se citar em ordem cronológica o uso dos seguintes métodos de seleção: seleção massal e a seleção entre e dentro de progênies (KAGEYAMA e VENCOVSKY, 1983); índice de seleção multivariado (RESENDE e VENCOVSKY, 1990); índice de seleção univariado (RESENDE e HIGA, 1994); índice de seleção multivariado multiefeitos (RESENDE et al., 1994); seleção entre e dentro de progênies com equivalência entre unidades de seleção e de recombinação (RESENDE, 1999).

Com relação ao melhoramento da espécie *C. citriodora*, a sua grande importância para o desenvolvimento de plantios em áreas subtropicais de menor pluviosidade australianas levou ao desenvolvimento de três programas de melhoramento genético no país (LEE, 2007). No Brasil foi encontrado, além da rede experimental do Instituto Florestal de São Paulo e da EMBRAPA, apenas mais um relato sobre uma proposta de melhoramento genético de *C. citriodora* executado pela empresa Aperam (ex-Acesita Energética). Essa empresa estabeleceu pomares clonais de sementes, que têm abastecido boa parte do mercado nacional de sementes. De maneira geral, nos testes de progênies instalados pelas instituições públicas tem-se notado resposta positiva à seleção para crescimento e forma das árvores. Um bom indício que o melhoramento genético para espécies será eficiente (REIS et al., 2013).

A clonagem consiste em um dos maiores gargalos da multiplicação dos genótipos selecionados da espécie e da ampliação de seu uso em escala comercial por empresas do setor. Apesar da clonagem para inúmeras espécies de *Eucalyptus* já encontrar-se validada, algumas ainda necessitam de desenvolvimento e validação de protocolos de propagação de enxertia mais eficientes. O aprimoramento de técnicas de propagação vegetativa pode trazer novos horizontes ao cultivo de *C. citriodora* no Brasil (comunicação pessoal)<sup>1</sup>.

---

<sup>1</sup> Informação obtida com o pesquisador da EMBRAPA Florestas Dr. Paulo Eduardo Telles dos Santos em Curitiba, 2017.

Em relação à formação de híbridos, há carência de informações silviculturais de *C. citriodora* em comparação às espécies como: o *E. grandis*, *E. urophylla* e ao híbrido dessas duas espécies. No momento, o cruzamento entre *C. torelliana* e *C. citriodora* tem ocupado o centro das atenções de vários pesquisadores de instituições públicas e privadas no Brasil. Isso porque alguns híbridos resultantes desse cruzamento têm apresentado vantagens significativas em termos de crescimento, facilidade na propagação vegetativa, além de tolerância a doenças, a insetos e ao frio (comunicação pessoal)<sup>2</sup>. Na Austrália, esses híbridos têm exibido alta plasticidade fenotípica, com plantios conduzidos em diferentes condições edafoclimáticas, muitas vezes não adequadas às espécies genitoras (LEE, 2007). No entanto, esses híbridos não são naturais, sendo obtidos a partir de técnica de polinização controlada.

### **2.3. Interação genótipo-ambiente.**

Os cultivos florestais são desenvolvidos em diferentes locais, os quais, naturalmente divergem em condições ambientais. Neste contexto, é preciso saber que as características fenotípicas expressas por um indivíduo não são resultantes apenas do genótipo ou do ambiente no qual está inserido, e sim desses dois fatores somados e adicionados à interação dos mesmos (GE). Há divergência entre o desenvolvimento dos mesmos genótipos dentro de ambientes diferentes, o desempenho pode variar com maior ou menor intensidade conforme a adaptação do genótipo à variação ambiental. A GE, desta forma, estabelece genótipos mais e menos adaptados a um determinado ambiente. Genótipos que apresentam uma baixa GE exibem um comportamento previsível em ampla variedade de ambientes; esses genótipos são referidos como estáveis. E por outro lado há genótipos que podem exibir comportamentos muito discrepantes em função do ambiente onde estão inseridos, sendo estes referidos como adaptados (HARDNER et al., 2010; HARDNER et al., 2011).

Se uma espécie possui perspectivas de uso comercial, estudos que forneçam informações sobre sua interação com o ambiente são fundamentais. Este passo constitui uma das etapas mais importantes de um programa de melhoramento. A determinação do método de seleção mais adequada só é possível com os conhecimentos do padrão e da magnitude dos efeitos dessa interação. A seleção então pode ser direcionada, de forma genérica, em dois sentidos. A busca pode ser por melhores genótipos com um comportamento previsível

---

<sup>2</sup> Informação obtida com o pesquisador da EMBRAPA Florestas Dr. Estefano Paludzyszyn Filho em Curitiba, 2017.

que apresentem um bom desempenho em ambientes variados. Ou então, pode ser pelo genótipo mais adaptado a um ambiente específico, capaz de explorar mais intensamente as condições do ambiente (NAMKOONG, 1979).

Contudo, a caracterização estatística dos efeitos da GE não é simples. Para maximizar os ganhos com a seleção em diferentes locais é preciso inserir no modelo estatístico os efeitos da heterogeneidade ambiental, no entanto, este tipo de abordagem introduz maior complexidade aos modelos utilizados para as análises. A maneira clássica de se modelar a interação genótipo ambiente em ensaios com vários locais consiste em incluir no modelo linear um termo correspondente à interação entre os principais efeitos do genótipo e do ambiente. Uma das discussões sobre o comportamento desses efeitos nos modelos é se eles devem ser tratados como fixos ou aleatórios. Na prática eles têm sido mais comumente tratados como fixos (WATT et al., 2008).

Um dos métodos mais utilizados para estudar a GE é o de Eberhart e Russell (1966), baseado em regressão linear. Para sua aplicação um índice ambiental é calculado pela subtração entre a média do ambiente (média de todos os genótipos neste ambiente) menos a média geral (média geral de todos os genótipos em todos os ambientes). Outro método vastamente utilizado é o de Lin e Binns (1988), que baseia-se em análises não paramétricas. Nesta metodologia o desempenho de cada genótipo é comparado com a resposta máxima em cada ambiente, fornecendo uma medida ( $p_i$ ) que indica superioridade. Quanto menor o valor de  $p_i$ , menor será o desvio em torno da produtividade máxima; assim, maior estabilidade está relacionada, obrigatoriamente, com alta produtividade. Já segundo Burdon et al. (1977), uma maneira mais próxima à realidade seria a de modelar, por meio de uma matriz de variância-covariância, o desempenho dos genótipos em cada repetição como sendo diferentes tratamentos. Desta forma, os padrões no desempenho de genótipos individuais em cada repetição podem ser preditos e combinados utilizando-se o método de índice de seleção (BURDON et al., 1977).

#### **2.4. Métodos estatísticos para análise da interação genótipo-ambiente.**

Diferentes procedimentos veem sendo aperfeiçoados com o passar do tempo para a avaliação da GE. A princípio os efeitos da interação eram avaliados por meio da análise de variância tradicional (ANOVA). Posteriormente surgiram os métodos não paramétricos, os que utilizam análise de regressão e os métodos multiplicativos. Dentre as metodologias mais recentes, estão as análises AMMI (*Additive Main effects and Multiplicative Interaction*), que

combinam técnicas estatísticas para ajustar os efeitos principais (genótipos e ambientes) e os efeitos da GE, cujo modelo é baseado em efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (ZOBEL et al., 1988). Outro modelo geralmente aplicado é o GGE biplot (*genotype main effects + genotype environment interaction*) proposto por YAN et al. (2002), que considera o efeito principal de genótipo mais a interação genótipo-ambiente. Ambas as análises, baseadas em gráficos biplot, representam graficamente uma matriz de dados. No entanto, esses procedimentos não são os mais indicados para lidar com situações como: dados desbalanceados, delineamentos não ortogonais ou heterogeneidade entre as variâncias dos locais do experimento. Nesses casos a metodologia de modelos mistos se mostra a mais adequada para atender a demanda do melhoramento, especialmente quando considera os efeitos dos genótipos como aleatórios visando à obtenção dos BLUPs (melhor predição linear não viesada). Desta forma o modelo preferível seria o BLUP multivariado, no qual os vários ambientes são considerados como caracteres.

Os métodos estatísticos são as ferramentas utilizadas para identificar os padrões e a magnitude da GE em florestas plantadas. Ao longo do desenvolvimento dessas análises podemos destacar os métodos como: AMMI, análise biplot GGE, FA (fator analítico) e norma de reação. Os três primeiros métodos produzem agrupamentos de ambientes e genótipos, com base exclusivamente em dados fenotípicos por meio da análise de componentes principais (PCA). As análises biplot AMMI e GGE testam a significância da GE e o tamanho relativo da variância da GE em relação variância genética permitindo assim a identificação dos ambientes onde os genótipos se desenvolvem melhor, bem como, sua estabilidade. Esses, em geral, são os métodos mais adequados para a tomada de decisões no que diz respeito à escolha dos genótipos adequados para múltiplos ambientes (LI et al., 2017).

O modelo FA tem a capacidade de estimar uma matriz de variância/covariância não estruturada pra um grande número de ambientes sem utilizar um número excessivo de parâmetros de variância. Este tipo de modelo pode ser usado para explicar a natureza e a magnitude da GE. A correlação genética estimada pelo método (Correlação do tipo B) pode mostrar claramente se há diferença entre as listagens de melhores progênes entre os ambientes. Os modelos FA são estatisticamente eficientes para estimar valores referentes aos processos de melhoramento, propiciando uma abordagem confiável e holística das estimativas de correlação genética entre os ambientes. Os modelos FA são altamente

indicados para os processos de seleção direcionados a implantação de populações de melhoramento (MEYER, 2009).

Já a abordagem da norma de reação usa uma combinação de dados fenotípicos e ambientais para fazer inferências relativas aos determinadores da GE. Este método é indicado para avaliar caracteres que variam gradativamente e continuamente ao longo de um gradiente ambiental. Neste processo as variáveis ambientais incluídas devem ser claramente bem definidas. Nesse caso a análise de estabilidade tem um apelo mais intuitivo nos processos de melhoramento, permitindo a identificação dos genótipos mais estáveis e reduzindo riscos de longo prazo (KOLMODIN et al., 2002).

No entanto, grande parte das vezes, é preciso lidar com experimentos com singularidades como: dados desbalanceados, heterogeneidade de variâncias e delineamentos não ortogonais (blocos incompletos). Para esta finalidade, uma alternativa é utilizar a abordagem de modelos mistos, que possibilita a análise da estrutura de interdependência das observações. Recentemente, tem-se utilizado modelos mistos, aumentando assim a flexibilidade ao lidar com o desequilíbrios e melhorar a precisão da predição dos efeitos genéticos. A utilização de modelos mistos permite modelar simultaneamente efeitos fixos e aleatórios, além do erro. Pode-se assim então obter soluções para os efeitos fixos e predições para os efeitos aleatórios (CAMARINHA FILHO, 2002).

No contexto dos modelos mistos, um método para ordenamento de genótipos, simultaneamente, por seus valores genéticos (produtividade) e estabilidade, refere-se ao procedimento BLUP sob médias harmônicas (RESENDE, 2002) - MHPRVG. Neste caso, o vetor de dados deve ser trabalhado, como a recíproca dos dados observados. Isto produz resultados que são funções da média harmônica dos dados. A metodologia foi inicialmente proposta por HENDERSON (1949) e consiste na obtenção de predições de valores genéticos, tratados como sendo fatores aleatórios, corrigidos para os demais efeitos fixos contidos no modelo, sendo assim possível obter o Melhor Preditor Linear não Viesado (BLUP) dos valores genéticos de cada indivíduo. Para aplicação do BLUP é necessário estimar os componentes de variância e de parâmetros genéticos, como a herdabilidade. O procedimento ótimo de estimação desses componentes de variância é o de máxima verossimilhança residual ou restrita (REML). O procedimento ótimo de avaliação genética é, então, o REML/BLUP (RESENDE, 2007b).

O BLUP permite o uso simultâneo de várias fontes de informação, tais quais aquelas advindas de vários experimentos instalados em um ou vários locais. É possível estimar assim a GE, mesmo os genótipos não sendo os mesmos nos diferentes ambientes (GARCIA e NOGUEIRA, 2005). De acordo com Resende (2007b), o processo envolve montar e solucionar equações para cada efeito de ambiente e para cada indivíduo a ser avaliado. Os efeitos ambientais devem ser considerados fixos ou aleatórios no melhoramento genético, enquanto que os efeitos genéticos ou de tratamentos devem ser considerados como de efeitos aleatórios. Com isso, há a possibilidade de extrapolar os valores de uma amostra (variância e média) como sendo de toda uma população.

O método conduz as previsões em direção à média geral, obtendo valores genéticos e não fenotípicos, que resolvem o problema quando se tem dados desbalanceados, seja por número de repetições ou tratamentos, quando em experimentos de várias localidades, permitindo lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos) (RESENDE, 2002).

No melhoramento vegetal, a utilização da análise de modelos mistos por BLUP tem sido frequente na avaliação de dados em culturas de eucalipto (MARC e WHITE 2002; HARDNER et al., 2011; HODGE e DVORAK 2015; HUNG et al., 2015). Alguns trabalhos comparam a eficiência estratégica, sendo frequentemente o BLUP apontado como o que possibilita maiores ganhos com os processos de seleção (RESENDE, 2002; MARTINS et al., 2005; NUNES et al., 2008; FREITAS et al., 2009; ROSADO et al., 2009). Um modelo mais enxuto para o BLUP multivariado é o fator analítico multiplicativo misto (FAMM), o qual é análogo ao AMMI uma vez que é multiplicativo, porém considera os efeitos do genótipo como aleatórios.

### **3. MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.1. Caracterização dos locais de ensaios**

Para o estudo foram testadas 56 progênies de *C. citriodora* estabelecidas em teste de progênies instalado em 1983 na Estação Experimental de Luiz Antônio pertencente ao Instituto Florestal de São Paulo com as seguintes coordenadas geográficas: 21°40' S, 47°49' W e altitude de 550 m (Figura 4). As progênies foram originadas de polinização livre de árvores matrizes selecionadas para caracteres de crescimento, forma e sanidade em plantios comerciais da Estação Experimental de Pederneiras, do Instituto Florestal de São Paulo.

Os testes foram conduzidos em três locais diferentes, que se particularizam em função do tipo de solo. Os tipos de solo correspondentes a cada local são segundo Curi (2017): RQ2 - Neossolo Quartzarênico órtico típico, A moderado, álico (NQ); LV21- Latossolo Vermelho distrófico típico, de textura média, com horizonte superficial A moderado e álico (LVM); LV1- Latossolo Vermelho eutroférico típico, textura argilosa ou muito argilosa, com horizonte superficial A moderado (LVA). Para facilitar a identificação dos locais foram usadas siglas referentes aos tipos de solo, distinguindo-os principalmente com relação à textura. O solo do local NQ é o de textura arenosa, o solo do LVM textura intermediária e o solo do LVA textura argilosa.

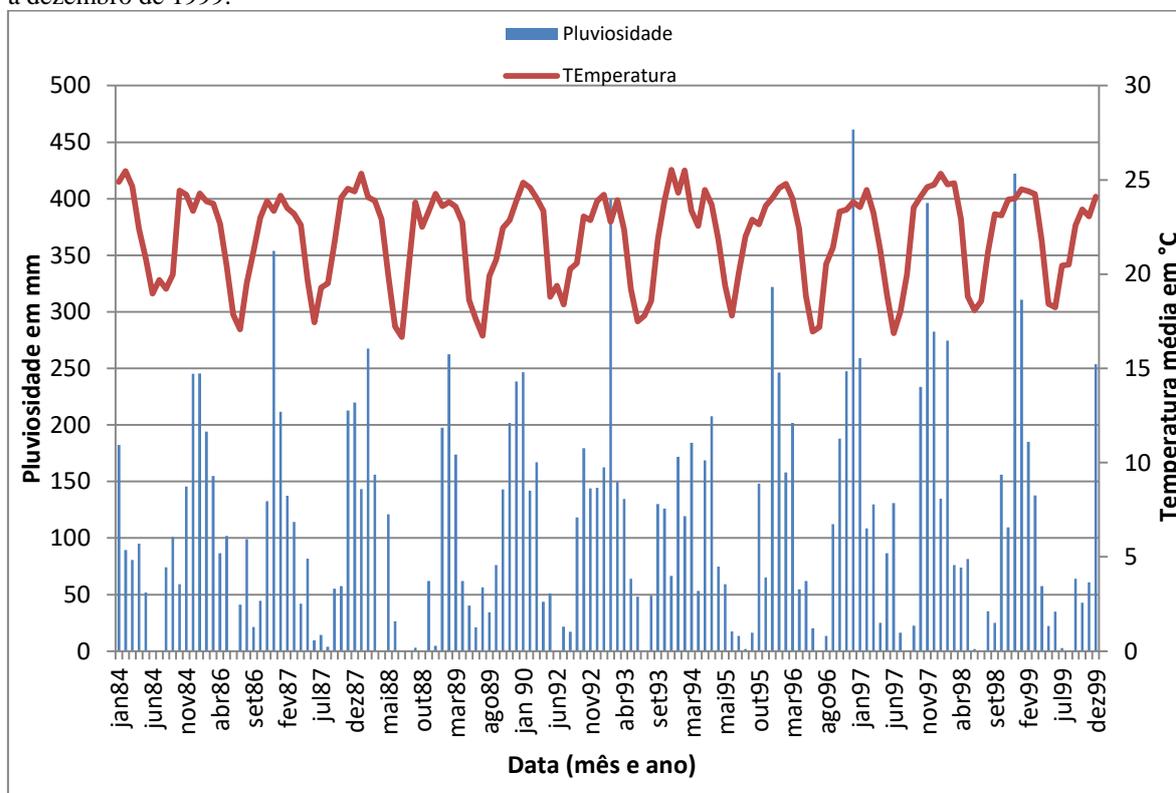
Nimer (1979) classifica o clima da Estação Experimental de Luiz Antônio como tropical do Brasil Central, subtropical e úmido, tendo duas estações bem definidas, uma chuvosa e outra seca. A precipitação pluviométrica anual média é de 1.433 mm e a temperatura média anual de 21,7° C. Os meses quentes ocorrem em janeiro, fevereiro (período chuvoso), e os mais frios em junho e julho (período de seca). Devido a proximidade entre suas localizações, os três locais foram expostos as mesmas condições climáticas ao longo dos anos (Figuras 5 e 6).

Figura 4- Vista aérea da estação experimental de Luiz Antônio pertencente ao Instituto Florestal de São Paulo.



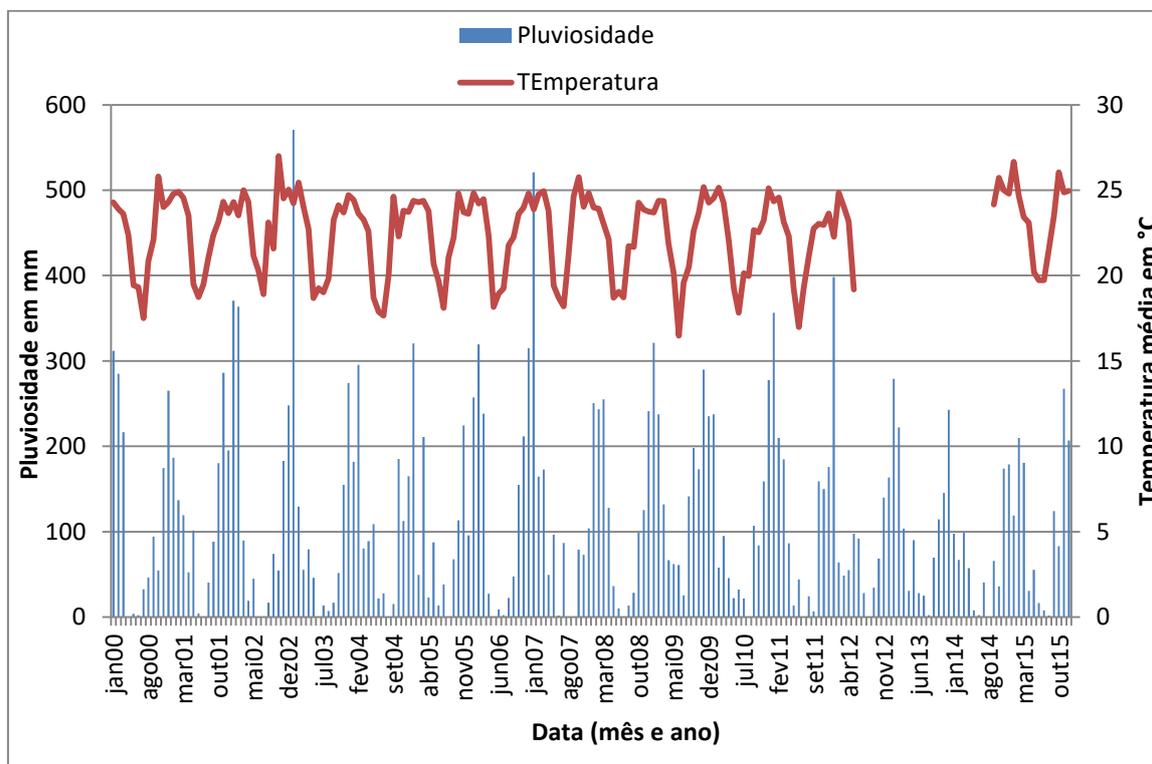
Fonte: Google Earth (2017)

Figura 5- Precipitação total e temperatura média anual na região de Luiz Antônio, SP. De janeiro de 1984 a dezembro de 1999.



Fonte: Estação meteorológica do município de São Simão, SP.

Figura 6-Precipitação total e temperatura média anual na região de Luiz Antônio em SP. De janeiro de 2000 a dezembro de 2015.



Fonte: Estação meteorológica do município de São Simão, SP.

### 3.2. Delineamento experimental

O delineamento experimental adotado em cada local foi o látice retangular 7 x 8, com três repetições. As parcelas foram lineares contendo dez plantas. Há bordadura simples para todo o ensaio. As árvores não receberam adubação e o espaçamento utilizado entre e dentro de linhas foi de 3 x 2 m.

### 3.3. Coleta de dados

Em 2016, aos 33 anos após o plantio, foram avaliados os seguintes caracteres quantitativos: altura total em metros (H), DAP (diâmetro à altura do peito – 1,30 m a partir do solo) (cm), forma do fuste (FUSTE) e sobrevivência (SOB). Para avaliar a forma do fuste utilizou-se um sistema de notas que variaram de 1(pior nota) a 5 (melhor nota). Com os valores de diâmetro e altura foram estimados os volumes individuais. As curvas de incremento em volume de madeira para o plantio foram elaboradas com a utilização do

software SisEucalypto (OLIVEIRA et al., 2011) utilizando técnica de prognose com base em dados estimados a partir da medição aos 33 anos.

A seguinte equação foi utilizada para o cálculo do volume:

$$V = 0,7854 . f . DAP^2 . H$$

Com diâmetro à altura do peito (DAP), a altura da árvore (H) e o fator de forma (f). O valor adotado para o fator de forma foi de 0,47. O valor foi estabelecido com base em uma média de valores encontrados na literatura (MARTINS et al., 2016; OLIVEIRA et al., 1999).

### 3.3. Análises estatísticas.

#### 3.3.1. Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos

Para verificar a existência de diferenças entre progênies foi realizada a análise de deviance. As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pelo método REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita / melhor predição linear não viciada), a partir de dados desbalanceados, empregando-se o software genético-estatístico SELEGEN-REML/BLUP, desenvolvido por Resende (2007a).

O modelo linear misto utilizado nas análises estatísticas foi o recomendado para testes de progênies de meios-irmãos no delineamento em látice, com várias plantas por parcela, uma medição por indivíduo, um só caráter e uma só população (modelo aditivo univariado em látice). O modelo é referenciado no programa como modelo 6.

Onde :  $Y = X_b + Z_a + W_c + H_\partial + e$ , em que  $y$ ,  $b$ ,  $a$ ,  $c$ ,  $\partial$ , e  $e$ : vetores de dados, dos efeitos de repetições (fixos), de efeito genéticos aditivos (aleatórios), dos efeitos de parcelas (aleatórios), dos efeitos aleatórios de blocos dentro de repetições e de erros aleatórios, respectivamente.  $X$ ,  $Z$ ,  $W$  e  $H$ : matrizes de incidência para  $b$ ,  $a$ ,  $c$  e  $\partial$ , respectivamente.

As distribuições e estruturas de médias e variâncias são:

$$y|b, V \sim N(X_b, V)$$

$$a|A, \sigma_a^2 \sim N(0, A\sigma_a^2)$$

$$c|\sigma_c^2 \sim N(0, A\sigma_c^2)$$

$$\partial|\sigma_\partial^2 \sim N(0, A\sigma_\partial^2)$$

$$e|\sigma_e^2 \sim N(0, A\sigma_e^2)$$

As covariâncias entre todos os efeitos aleatórios do modelo são assumidas como nulas.

Assim:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ \partial \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_b \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad e \quad \text{Var} \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ \partial \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZG & WC & HB & R \\ GZ' & 0 & 0 & 0 & 0 \\ CW' & 0 & 0 & 0 & 0 \\ BH' & 0 & 0 & 0 & 0 \\ R & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

$$G = A \sigma_A^2$$

$$C = I \sigma_c^2$$

$$B = I \sigma_\partial^2$$

$$R = I \sigma_e^2$$

$$V = ZA\sigma_A^2Z' + WI\sigma_c^2W' + H'I\sigma_\partial^2H + I\sigma_e^2 = ZGZ' + WCW' + HBH' + R$$

Sendo as equações de modelo misto as seguintes:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'H \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\Lambda_1 & Z'W & Z'H \\ W'X & W'Z & W'W + I\Lambda_2 & W'H \\ H'X & H'Z & H'W & H'H + I\Lambda_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{c} \\ \hat{\partial} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ H'y \end{bmatrix}$$

$$\Lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_A^2} = \frac{1-h^2-c^2-\partial^2}{h^2}$$

$$\Lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_c^2} = \frac{1-h^2-c^2-\partial^2}{c^2}$$

$$\Lambda_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_\partial^2} = \frac{1-h^2-c^2-\partial^2}{\partial^2}$$

$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2 + \sigma_\partial^2}$  : herdabilidade individual no sentido restrito, na repetição;

$c^2 = \sigma_c^2 / (\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2 + \sigma_\partial^2)$  : correlação devida ao ambiente comum da parcela;

$\partial^2 = \sigma_\partial^2 / (\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2 + \sigma_\partial^2)$ : correlação devida ao ambiente comum do bloco dentro de repetição;

$\sigma_a^2$  : variância genética aditiva;

$\sigma_c^2$  : variância entre parcelas;

$\sigma_\partial^2$  : variância entre blocos dentro de repetições;

$\sigma_e^2$  : variância residual (ambiental dentro de parcelas + não aditiva);

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

E os estimadores iterativos dos componentes de variância por REML via algoritmo EM:

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{b}'X'y - \hat{a}'Z'y - \hat{c}'W'y - \hat{d}'H'y]/[N - r(x)];$$

$$\hat{\sigma}_a^2 = [\hat{a}'A^{-1}\hat{a} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(A^{-1}C^{22})]/q;$$

$$\hat{\sigma}_c^2 = [\hat{c}'c + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}C^{33}]/s;$$

$$\hat{\sigma}_d^2 = [\hat{d}'\hat{d} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}C^{44}]/\eta$$

Em que:  $C^{22}$ ,  $C^{33}$  e  $C^{44}$  advém da inversa da matriz dos coeficientes das equações de modelo misto.

$tr$  : operador traço matricial;

$r(x)$  : posto da matriz  $X$ ;

$N, q, s, h$  : número total de dados, número de indivíduos, número de parcelas e número de blocos, respectivamente (RESENDE, 2007a).

Para utilização desse modelo, é preciso assumir que as progênies de polinização livre de *C. citriodora* são meios-irmãos. O teste de significância foi realizado utilizando-se o teste da razão de verossimilhança (LRT), obtido a partir da diferença entre as *deviances* para modelos sem e com efeito a ser testado e utilizando-se o teste de qui-quadrado. Em seguida foram estimados os componentes de variância e os parâmetros genéticos, bem como o valor genético (aditivo) e genotípico (aditivo e não aditivo) individual e de progênies a partir do BLUP.

Os Valores de acurácia do experimento foram inferidos com base em Resende e Duarte (2007) fixando-se um número de repetições e a magnitude dos valores do coeficiente de variação relativa ( $CV_r$ ). O  $CV_r$  é um parâmetro calculado pela seguinte fórmula:  $CV_r = CV_g/CV_e$  Onde  $CV_g$  é o coeficiente de variação genético e  $CV_e$  o coeficiente de variação ambiental.

### 3.3.2. Produtividade, estabilidade e adaptabilidade.

Para a avaliação da estabilidade foi utilizado o método da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) e para a adaptabilidade do método da performance relativa dos valores genotípicos (PRVG). Estas avaliações foram combinadas para estimar a estabilidade, adaptabilidade e produtividade utilizando o método do desempenho das médias harmônicas dos valores sintégenotípicos (HMPRVG). Estes procedimentos foram executados no software SELEGEN-REML / BLUP, utilizando o modelo:

Para isto será utilizado o modelo:

$$Y = Xm + Zg + Qp + Ti + Wb + e$$

em que  $Y$  é o vetor de dados,  $m$  é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição-local (assumidos como fixos) somados à média geral,  $g$  é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios),  $p$  é o vetor dos efeitos de ambiente permanente (parcelas no caso) (aleatórios),  $i$  é o vetor dos efeitos da interação genótipos x locais (aleatórios),  $b$  é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios),  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos (RESENDE, 2007b). Além da herdabilidade individual no sentido restrito ( $h_a^2$ ), herdabilidade média de progênes ( $h_m^2$ ), acurácia ( $\hat{r}_{\hat{g}g}$ ), coeficiente de variação genética aditiva individual ( $CV_{gi}$ ) e coeficiente de variação residual ( $CV_e$ ) também foram estimados o coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo-ambiente ( $C_{int}^2$ ) e a correlação genotípica entre progênes nos vários ambientes ( $r_{gloc}$ ).

### 3.3.3. Diversidade e ganhos esperados com a seleção

A fim de selecionar genótipos superiores visando plantios comerciais e a formação de pomares de sementes, foram simulados diferentes modelos de seleção a partir da classificação de valores genéticos aditivos individuais de cada teste de progênes e a classificação genética das progênes. Foram utilizados especificamente os valores genéticos para o caráter DAP. Após a obtenção dos valores aditivos dos indivíduos selecionados de acordo com a classificação individual obtido pelo procedimento BLUP.

Foram adotadas quatro estratégias de seleção (individual, entre progênes, dentro de progênes e combinada), com diferentes intensidades de seleção (5%, 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50%). No total, 40 modelos de seleção foram analisados. Os modelos foram testados particularmente para cada um dos três locais de estudo bem como para os três locais em conjunto. Após simular as diferentes estratégias e intensidades de seleção, estimou-se o ganho na seleção (GS%) e diversidade genética (D) para cada modelo avaliado. Para isso foi utilizada a expressão para espécies monoicas tendo como base os indivíduos sobreviventes.

$$N_e = \frac{4 \cdot N_f \cdot \bar{k}_f}{\left[ \bar{k}_f + 3 + \left( \frac{\sigma_{kf}^2}{\bar{k}_f} \right) \right]}$$

Em que:  $N_e$  é o tamanho efetivo populacional;  $N_f$  o número de progênes selecionadas;  $\bar{k}_f$  é o número médio de indivíduos selecionados por progênes e  $\sigma_{kf}^2$  é a variância do número de indivíduos selecionados por progênes.

$$GS = \mu a \times 100 / \mu f$$

Em que:  $GS$  é o ganho da seleção;  $\mu a$  é a média genotípica dos indivíduos selecionados; e  $\mu f$  é a média fenotípica dos indivíduos da população experimental.

A diversidade genética ( $D$ ), após a seleção, foi quantificada conforme Wei e Lindgren (1996), citados por Resende (2002).

$$D = N_e / N_{f0}$$

Onde:  $0 < D < 1$ , sendo  $N_e$  o número efetivo populacional; e o  $N_{f0}$ , o número original de progênies.

Para estimar a intensidade de seleção que maximiza tanto o Ganho de seleção ( $GS$ ) quanto a diversidade genética ( $D$ ), um em relação ao outro, plotamos os valores de  $GS$  e  $D$  usando uma escala relativa de 0– 1. Equações para estimar as linhas de regressão a partir dos pontos de dados foram utilizadas por intermédio do software R (IHAKA e GENTLEMAN, 1996). A intersecção entre as curvas foi então considerada o ponto de otimização entre o  $GS$  e  $D$ . Desta forma foi possível determinar o número ideal de indivíduos da população a ser selecionado, bem como a melhor metodologia para essa seleção.

## 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.

### 4.1. Desenvolvimento do teste.

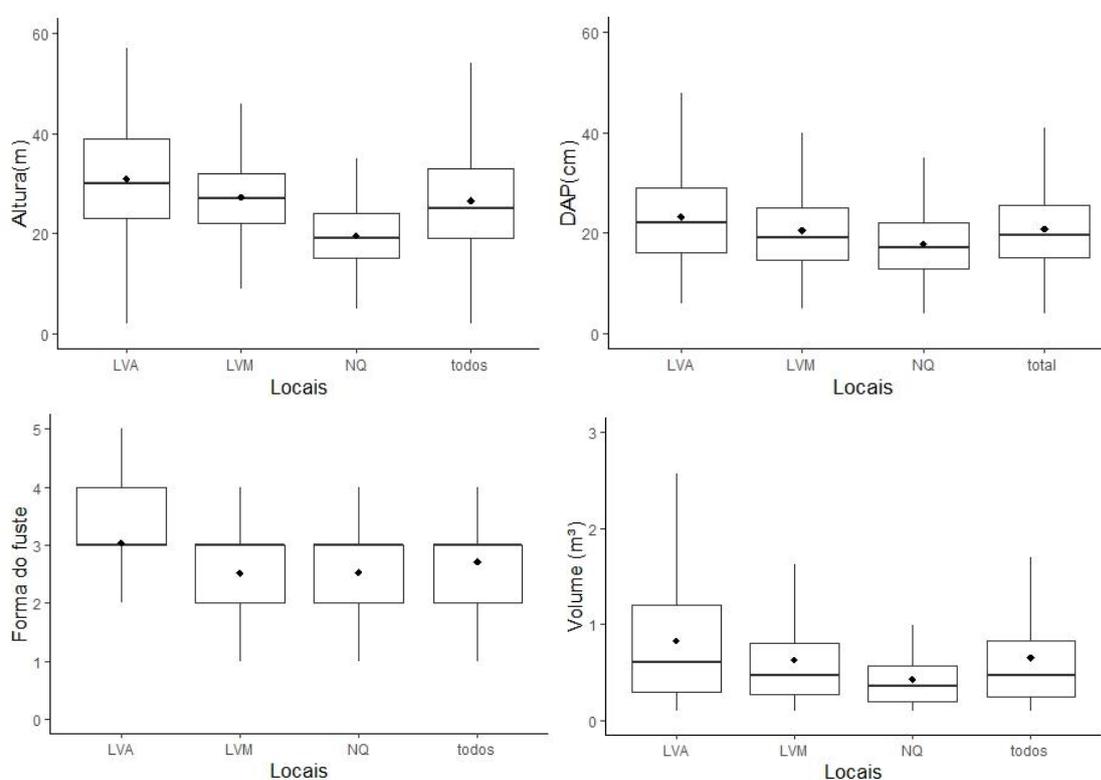
Das 5.040 árvores plantadas nos três locais, 2.397 árvores sobreviveram ao longo dos anos (48% sobrevivência). Esse número pode parecer muito baixo, porém, ao considerarmos as taxas de mortalidade natural da espécie e a idade do teste podemos notar que esse valor não está diferente do esperado. As mortes foram em virtude de eventos naturais aleatórios, como competição e efeito de dominância ou a ocorrência de fenômenos climáticos (vento, variações na temperatura e descargas elétricas). Experimentos com essa longevidade são raramente avaliados. Nos estudos levantados com plantios de idade mais avançada de outras espécies de eucalipto foram verificadas taxas de sobrevivência em geral baixas. Zanata et al. (2010) e Souza et al. (2011) observaram 69% e 55% de sobrevivência em ensaios de 23 e 17 anos de idade, respectivamente.

Em estudos com *C. citriodora* de até os oito anos, experimentos apontaram taxas de sobrevivência que variam de 60% a 100% (COUTINHO et al., 2001; DEL QUIQUI et al. 2001; DRUMOND et al., 2003; NOVAES et al., 2005; QUEIROZ et al., 2009). Estes resultados evidenciaram a necessidade de aprimoramento no uso da espécie em relação à

ferramentas silviculturais, como manejo e melhoramento. Os trabalhos anteriormente relatados constataram uma alta variação na taxa de mortalidade da espécie devida, principalmente, aos diferentes tipos de acessos da espécie introduzidos no país, o que justifica a necessidade de seleção de genótipos mais estáveis e produtivos em diferentes condições ambientais para se alcançar resultados satisfatórios em plantios comerciais.

Ao considerar o volume de madeira aproveitável conclui-se que 87,27% do total pode ser destinado à serraria (Figura 7). Segundo Oliveira (2011) o teste apresenta árvores com dimensões que podem ser utilizadas para: vigas, caibros, tábuas, ripas, pranchões, entre outros.

Figura 7- Boxplots comparando o desenvolvimento dos testes de *Corymbia citriodora* em função dos locais/tipos de solo para caracteres de crescimento em Luiz Antônio, SP.



Boxplot construído utilizando o desvio-padrão. LVA: Latossolo de textura argilosa, LVM: Latossolo de textura intermediária, NQ: Neossolo de textura arenosa, ◆: média

Os IMAs em DAP e altura foram: 0,65cm e 0,81m, respectivamente (Figuras 7 e 8). Os valores de incremento médios anuais em volume (IMA), considerando os três locais de plantio, estão abaixo da média se comparados com outras espécies do gênero *Eucalyptus* e *Corymbia* (SATO et al., 2007; BERTI et al., 2011; MACEDO et al., 2013) Porém, é preciso

observar que para computo desse caráter é indispensável considerar a idade do plantio, principalmente porque a taxa de crescimento é sempre muito maior nos primeiros anos de desenvolvimento. Como a taxa média considera todos os anos após o plantio, em ensaios adultos esse caráter tende a ser subestimado. É importante salientar também que a população desse estudo não advém de um programa de melhoramento conhecido, comparando os resultados obtidos com populações de outras espécies florestais, estima-se que a seleção com base em valores genéticos e genotípicos poderá incrementar positivamente o potencial de crescimento dessa espécie.

O volume médio de madeira foi diferente em cada local de plantio (Figura 7 e 9). Isso se deve, principalmente, aos tipos de solo dos ensaios. O desempenho foi superior nos solos de textura mais argilosa, como por exemplo o solo LVA. O solo do local LVA possui uma textura capaz de reter e dispor de uma quantidade maior de água e nutrientes para o desenvolvimento das plantas, propiciando assim um maior crescimento das plantas. O solo de textura arenoso do local NQ, por sua vez, funciona de forma inversa. Esses resultados indicam que o efeito ambiental no desenvolvimento dos indivíduos deve ser considerado em ensaios experimentais visando o melhoramento genético.

Figura 8- Curva de incremento em volume de madeira de 1984 a 2017 para o teste de progênies de *Corymbia citriodora*, considerando os três locais de estudo em Luiz Antônio SP.

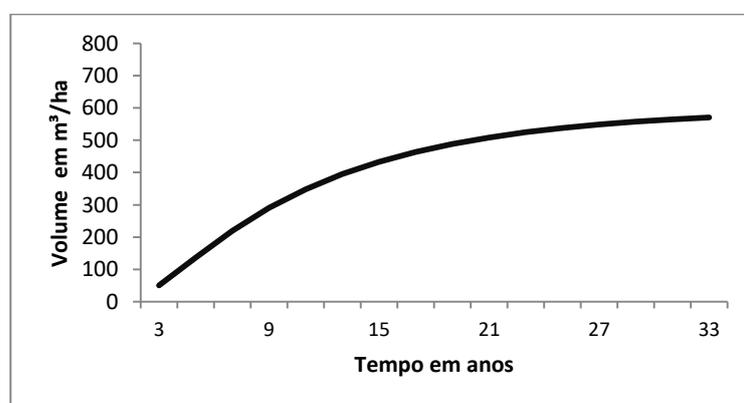
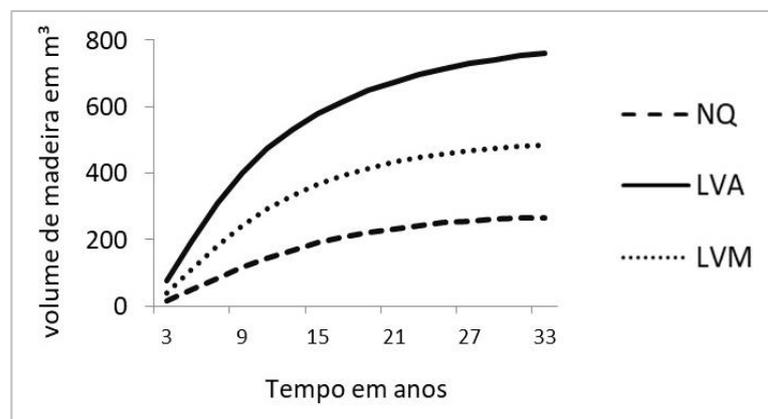


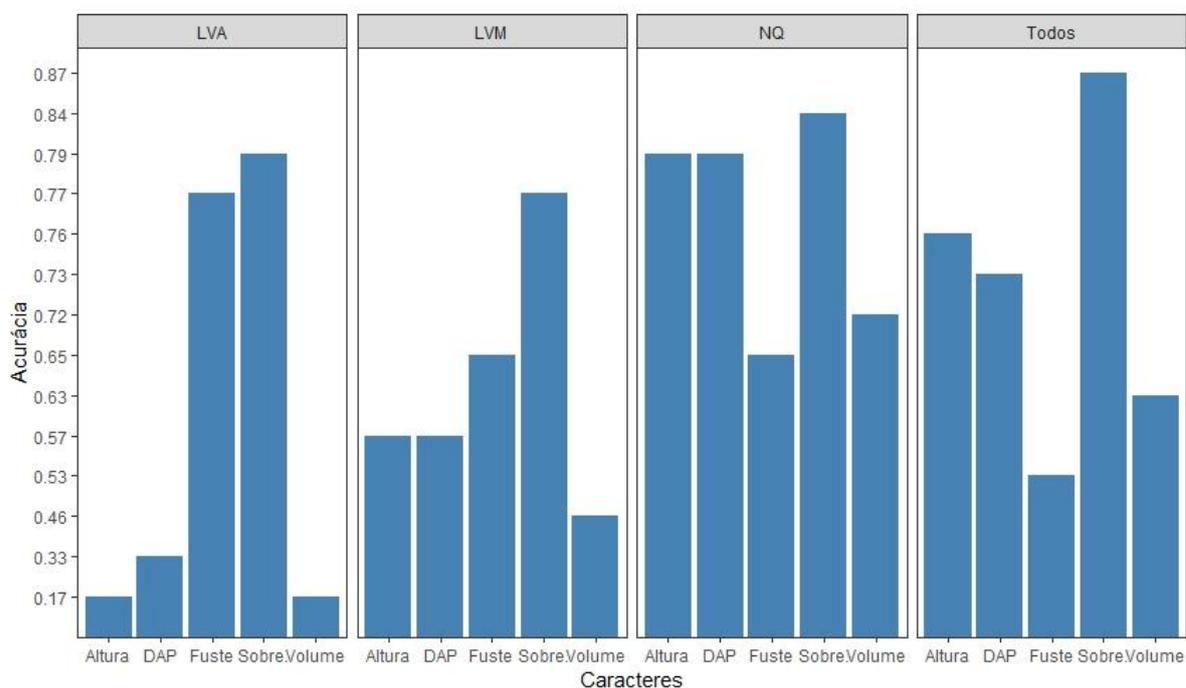
Figura 9- Curva de incremento em volume de madeira de 1984 a 2017 para os testes de *Corymbia citriodora*, para cada local de estudo em Luiz Antônio SP.



#### 4.2. Qualidade da avaliação individual

Os valores dos coeficientes das variâncias entre blocos e parcelas foram muito baixos (0,30 a 7,88), o que indica que o modelo experimental usado foi adequado. A qualidade de avaliação genotípica também é preferencialmente inferida com base na acurácia ( $\hat{r}_{gg}$ ). Essa estatística contempla o coeficiente de variação ambiental ( $CV_e$ ), o coeficiente de variação genotípica ( $CV_g$ ) e o número de repetições. Os três parâmetros são necessários, pois a acurácia depende destes três parâmetros simultaneamente. Na análise conjunta foram identificados valores em geral moderados de acurácia, sendo esta alta somente para o caráter sobrevivência. Na análise individual por locais observamos que os maiores valores de acurácia foram encontrados no local NQ e os menores no local LVA (Figura 10). Essa situação ocorre em função das diferentes taxas de herdabilidade que denotam as diferenças entre o grau de influência do efeito ambiental entre os locais que são discutidos ao longo do texto.

Figura 10- Valores de acurácia para cada caráter quantitativo considerando três testes de *Corymbia citriodora* em Luiz Antônio, SP.



### 4.3. Análise de deviance individual e estimativa de parâmetros genéticos

#### 4.3.1. Análise de deviance

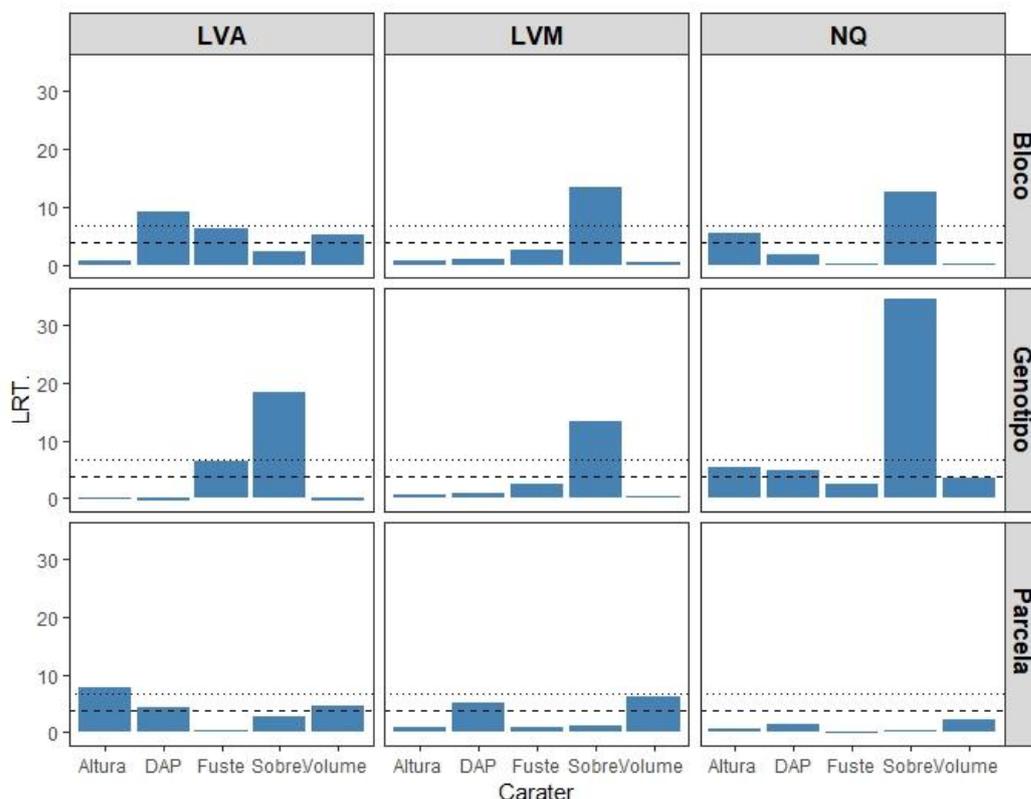
Nos locais LVM e LVA não foram observadas diferenças significativas entre as progênies para caracteres de crescimento, apenas para sobrevivência em todos os testes (Figura 11). Esse caráter apresentou também significativo controle genético. Assim, as progênies com maior porcentagem de sobrevivência podem ser selecionadas especificamente para cada um dos tipos de solo estudado. No local NQ são observadas diferenças significativas entre as progênies para os caracteres de crescimento: DAP e altura. Esse sítio apresenta condições ambientais mais restritas para o desenvolvimento das plantas, como por exemplo, a baixa disponibilidade de água do solo para as plantas. A escassez de recurso torna a competição mais acirrada e a pressão de seleção mais intensa. Assim, nesse ambiente, as diferenças genéticas passam a ter uma interferência maior no desenvolvimento das plantas, sendo refletidas de forma mais expressiva no fenótipo.

Os resultados da análise de deviance inferem sobre a importância de serem realizados os testes de progênies em diferentes tipos de ambiente. O estudo mostra que apesar das diferenças genotípicas não terem sido significativas em ambientes com recursos mais abundantes, como os dos locais LVM e LVA, em ambientes onde os recursos são mais

limitados as variações entre genótipos tendem a ser mais expressivas. Segundo Baker (1990), as diferenças entre os genótipos, em geral, só podem ser averiguadas sob a condição de estresse. O aumento na taxa de resposta a um componente ambiental ocorre quando este está fora do nível ideal. No caso do plantio no local LVA, por exemplo, provavelmente o nível de estresse não foi suficiente para ativar os mecanismos de resposta de forma mais expressiva.

O estresse provoca resposta específica no DNA em diversos organismos. Frente às mudanças ambientais drásticas, o genoma pode responder de forma rápida e específica regulando seletivamente (aumentando ou diminuindo) a expressão de genes. As plantas incorporaram uma variedade de sinais ambientais no seu desenvolvimento, o que tem proporcionado a sua elevada capacidade adaptativa ao longo dos tempos (SCANDALIOS, 1990). Alguns fatores afetam diretamente os genomas e induzem mudanças hereditárias. Cullis (1990) analisou rearranjos de DNA em resposta ao meio ambiente estressante, e averiguou que as plantas podem mostrar alterações morfológicas em resposta a fatores ambientais. Diferentes fatores ambientais (como estresses abióticos) tem mostrado capacidade de alterar, em diferentes níveis, processos gênicos. Estes fatores podem ter influência no início da transcrição do DNA ou sobre a estabilidade e tradução do RNAm. E esses mecanismos de regulação podem variar de uma espécie para outra (HERRERA-ESTRELLA E SIMPSON, 1990). A partir da restrição hídrica (caso do local NQ) é possível identificar genótipos que sejam mais eficientes ou ineficientes na utilização dos recursos hídricos.

Figura 11 – Significância dos efeitos de bloco, genético e de parcela para caracteres de crescimento, forma e sobrevivência em teste de progênies de *Corymbia citriona* em Luiz Antônio, SP. LRT acima da linha tracejada =  $p < 0.05$  (Qui-quadrado acima de 3,84) valor acima; abaixo da linha pontilhada =  $p < 0.01$  (Qui-quadrado acima de 6,63) e abaixo da linha tracejada = sem significância com base no teste de qui-quadrado. Sobre = Sobrevivência.



#### 4.3.2. Parâmetros genéticos.

A porcentagem de variância genética em relação à variância total é muito baixa, principalmente para o local LVA (Figura 12). O tipo de solo contribuiu efetivamente para essa diferença entre locais. Em condições ambientais mais estressantes para planta, como no local NQ, a variabilidade genotípica tende a ser mais elevada (KOHANE e PARSONS, 1988). Quando há condições diferentes do local de adaptação da espécie, onde os recursos ambientais são mais escassos, as diferenças entre as respostas das plantas tende a aumentar para garantir a sobrevivência das plantas. E conseqüentemente a variabilidade da população se torna mais expressiva.

Os valores dos coeficientes de variação e de determinação variaram muito entre os três locais, assim como os valores da herdabilidade. As estimativas dos coeficientes de variação genética foram superiores no local NQ (Figuras 12 e 13). Nessas condições, a probabilidade de se obter ganhos esperados com seleção aumenta significativamente. Na Tabela 1 pode-se

observar que esses resultados são comuns em outros estudos com eucaliptos. Os ambientes mais estressantes (mais secos no caso) tendem a gerar estimativas de herdabilidade mais elevadas. Verifica-se que quanto mais escassos são os recursos ambientais, maior a probabilidade de expressão dos efeitos genéticos. A presença de variabilidade genética pode ser detectada e quantificada pelos coeficientes de variação genética, que expressam a magnitude da variação genética em relação à média do caráter. Os coeficientes de variação genética acima de 7% são considerados altos por Sebbenn *et al.* (1998). Constatando-se a existência de variabilidade genética, é possível então propor estratégias de seleção mais adequadas para a obtenção de ganho genético.

Figura 12- Proporção entre os coeficientes de variação de cada efeito considerando os locais individualmente para os caracteres altura e DAP em progênies de *Corymbia citriodora* testadas em Luiz Antônio, SP.

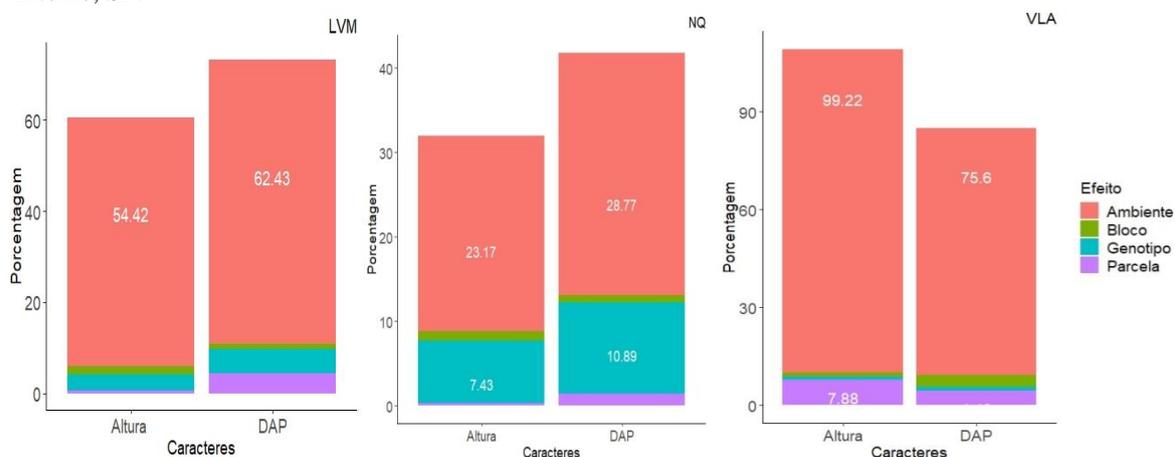


Figura 13- Estimativa do coeficiente de herdabilidade individual no sentido restrito para os caracteres quantitativos de *Corymbia citriodora*, nos três locais de estudo em Luiz Antônio, SP.

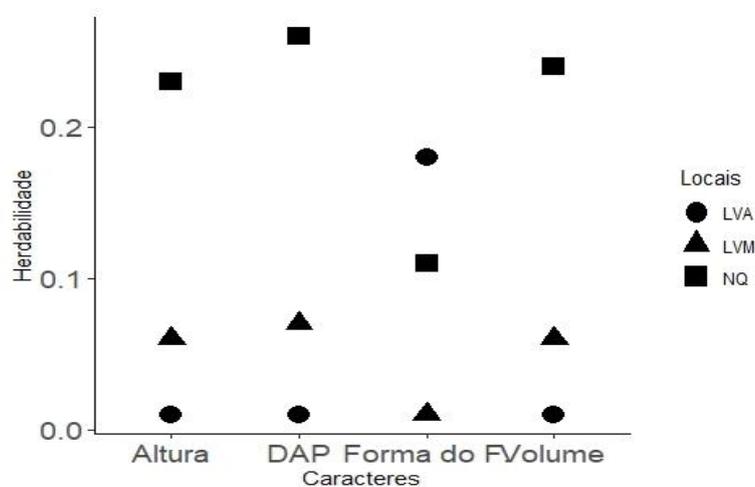


Tabela 1- Coeficientes de herdabilidade para o caráter DAP em populações de Eucalipto em diferentes sítios de testes com diferentes disponibilidades de água no solo (local 1 e 2).

Espécies	Idades	Locais	Herdabilidade individual ( $h_a^2$ )	Herdabilidade média da progênie ( $h_m^2$ )	Referência
<i>E. grandis</i>	24 anos	Local 1	0,56	0,88	Miranda (2015)
		Local 2	0,47	0,77	
<i>E. macarthurii</i>	8 anos	Local 1	0,32 a 0,78	0,82	Engel et al. (2016)
		Local 2	0,09 a 0,43	0,74	
<i>C. henryi</i>	76 meses	Local 1	0,52	-	Swain e Louw (2010)
		Local 2	0,38	-	
<i>E. pellita</i>	10 anos	Local 1	0,33	-	Hung et al. (2015)
		Local 2	0,14	-	

Local 1: Menor disponibilidade de água. Local 2: Maior disponibilidade de água.

#### 4.4. Análise conjunta e estimativa de parâmetros genéticos

##### 4.4.1. Análise de deviance

Diferenças significativas foram observadas entre progênies para os seguintes caracteres: DAP, sobrevivência e volume (Figura 14). Indivíduos das progênies com potenciais produtivos mais expressivos poderão ser consideradas para as próximas gerações de melhoramento, bem como para polinizações controladas. Variações significativas entre e dentro (parcelas) de blocos foram observadas para a maioria dos caracteres. Tais resultados confirmam que os locais de plantio apresentam heterogeneidade ambiental e que a adoção do modelo experimental de blocos incompletos foi adequada. Assim, parâmetros genéticos mais acurados poderão ser estimados com o modelo genético-estatístico aplicado.

Não foi observada interação GE significativa para os caracteres de crescimento e forma, apenas para sobrevivência. Portanto, sugere-se que os mesmos genótipos selecionados em qualquer dos três locais poderão ser usados na região dos ensaios quando o volume de madeira for o foco do melhoramento e/ou em plantios comerciais. Baixa magnitude da GE já foi observada para espécies florestais da mesma espécie por Brawner et al. (2012) e Van Den Berg (2016). Por outro lado, a existência do efeito da GE para o caráter sobrevivência nos diferentes sítios de plantio (tipo de solo) indica a necessidade de seleção das progênies específicas para cada tipo de solo, isso evitará perdas consideráveis de plantas no campo. O efeito interação GE em caracteres de interesse econômico para espécies florestais, crescimento e a qualidade da madeira, foram estudados por diversos autores (Tabela 2). A maioria desses autores observou interação significativa para esses caracteres.

Figura 14- Significância dos efeitos de bloco, genético, de parcela e da interação genótipo-ambiente para caracteres de crescimento, forma e sobrevivência considerando de forma conjunta os testes de progênies de *Corymbia citriora* em Luiz Antônio, SP. LRT acima da linha tracejada =  $p < 0.05$  (3,84); abaixo da linha pontilhada =  $p < 0.01$  (6,63) e abaixo da linha tracejada = sem significância com base nos testes de qui-quadrado com um grau de liberdade. Sobre= sobrevivência

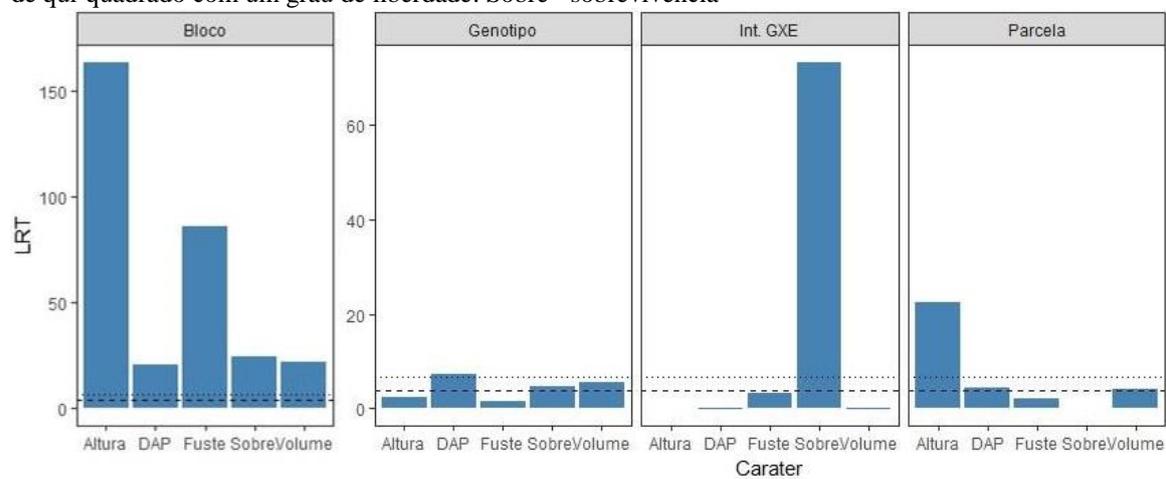


Tabela 2- Comparação entre experimentos realizados por diferentes autores que investigaram a magnitude da interação genótipo ambiente em espécies florestais.

Espécie	Experimento	Magnitude das interações genótipo- ambiente por caráter	Referência
<i>Pinus. radiata</i>	26 testes em 9 sítios	$r_{loc}$ : -0,61 A 1 (DAP)	Raymond (2011)
	Testes de procedências/progênes em três locais	$r_{loc}$ 0,57-0,69 (DAP), 0,84-0,89 (DEN),	Gapare et al. (2012a)
	Testes de procedências/progênes em três locais	rg: 0,19-0,97 (DAP)	Gapare et al. (2012b)
	9 a 942 progênes em 77 locais	FA: 0,54 (-0,5 a 1,00, DAP)	Cullis et al. (2014)
	Testes de progênes em 20 locais	FA: -0,52 a 0,98 (DAP)	Ivković et al. (2015)
<i>Pinus taeda</i>	Teste de 6 progênes em sois locais	GE altamente significativa para volume	Roth et al. (2007)
	Teste de progênes em 36 locais	$r_{loc}$ 0,39 e 0,84 (VOL)	Dieters e Huber(2007)
	Teste de 25 progênes em 16 locais	FA: 0,86 (0,65-0,99, DAP)	Zapata-Valenzuela (2012)
	Teste de 520 progênie em 4 locais	$r_{loc}$ : 0,5-0,9 (numero de canais resiníferos) 0,7-0,95 (densidade de canal resineiros)	Westbrook et al. (2014)
<i>Eucalyptus globulus</i>	Teste de 179 a 578 progênes em 15 locais	FA: 0,85 (DAP) entre todos os locais 0,73 (DAP), entre locais de estados diferentes.	Costa e Silva et al. (2006)
<i>Eucalyptus grandis</i>	Teste de 65 clones plantados em 7 locais	$r_{loc}$ : 0,20-0,56 (HT), 0,34-0,65 (VOL), -0,49, 0,63-0,88 (DEN)	Osorio et al. (2001)
<i>Eucalyptus pellita</i>	Teste de 34 a 48 progênes em 3 locais .	GE/G: 0,88 (HT), 0,80 (DAP); rg: 0,38-0,85 (HT), 0,32-0,68 (DAP)	Leksono (2009)
<i>Eucalyptus fastigata</i>	Teste 440 progênes plantadas em 4 locais	$r_{loc}$ : maior que 0,80 (DAP, HT, forma do fuste)	Kennedy et al.(2011)
<i>Eucalyptus camaldulensis</i>	Teste de 82 progênes plantadas em 2 locais.	$r_{loc}$ : 0,88 (DAP), 0,64 (HT)	Bush et al. (2013)
<i>Eucalyptus híbridos</i>	Teste 841 genótipos de híbridos em 21 locais	$r_{loc}$ : 0,55 (0,05-0,88, DAP)	Hardner et al. (2010)

HT: Altura. DEN: densidade média da madeira.  $r_{loc}$  Correlação genotípica entre o desempenho das progênes nos vários ambientes. FA: Correlação genética estimada utilizando o modelo de fator analítico. ANOVA: análise de variância. GE/G: Proporção entre a variância da interação em relação a variação genética.

Os critérios para medir a magnitude da GE estão baseados na correlação existente entre o desempenho dos indivíduos nos diferentes ambientes. Robertson (1959) orienta que uma correlação genética de 0,8 ou superior pode ser interpretada como uma GE de baixa importância biológica. Resende (2007) ressalta que valores de correlação acima de 0,70

indicam uma GE pouco expressiva. Shelbourne (1972) considera que as interações têm um efeito importante na seleção para obtenção de ganhos genéticos quando a variância da interação é 50% ou mais da variância genética. Li et al. (2017) observaram que as estimativas das correlações genéticas entre os locais tendem a aumentar com o tempo. Esse fenômeno retrata o comportamento variável da interação com o desenvolvimento das plantas. No presente trabalho, pressupõe que o efeito GE pode ter sido significativo para os caracteres de crescimento e forma em idades mais juvenis. Portanto, a estimativa da interação GE em idade mais juvenil é indicada para esses caracteres. Por outro lado, para o caráter sobrevivência esse efeito pode ser difícil de estimar em idades precoces.

A identificação das características ambientais que contribuem para GE é importante para a estruturação e entendimento dos resultados relacionados a essa temática. Esse conhecimento direciona a escolha dos locais mais adequados para estabelecimentos de ensaios e plantios comerciais. A interação, em geral, reflete as diferentes respostas dos genótipos quando exposto a um fator ambiental, e se está abaixo, ou expressivamente abaixo do ideal (KANG 2002).

Interações GE significativas foram relatadas para espécies florestais devido a diversos fatores ambientais, como: intensidade luminosa, disponibilidade de água, textura do solo, nutrientes do solo, uso prévio da terra, altitude, temperatura máxima extrema, temperatura mínima extrema (JOHNSON E BURDON, 1990; WU E MATHESON, 2005; MCDONALD e APIOLAZA, 2009; RAYMOND, 201; GAPARE et al., 2015; Li et al., 2015). Berlin et al. (2014) examinaram 15 variáveis climáticas para investigar correlações entre a GE e a altura de árvores. No entanto, nenhuma das variáveis climáticas explicou mais do que 5% de variação de interação GE. Nesse caso, o fator que mais influenciou a interação foi a ocorrência de geadas. Além das características de clima e solo, o tamanho e a característica da população de melhoramento, que está relacionada ao número de progênies (não aparentadas), podem contribuir efetivamente para a interação GE. Johnson e Burdon (1990) observaram GE significativa para DAP em ensaios com diferentes texturas de solo e com maior número de progênies (170) de *P. radiata*. De forma contrária, Johnson (1992) relatou que a interação GE não foi significativa para DAP, considerando apenas 73 progênies do mesmo ensaio.

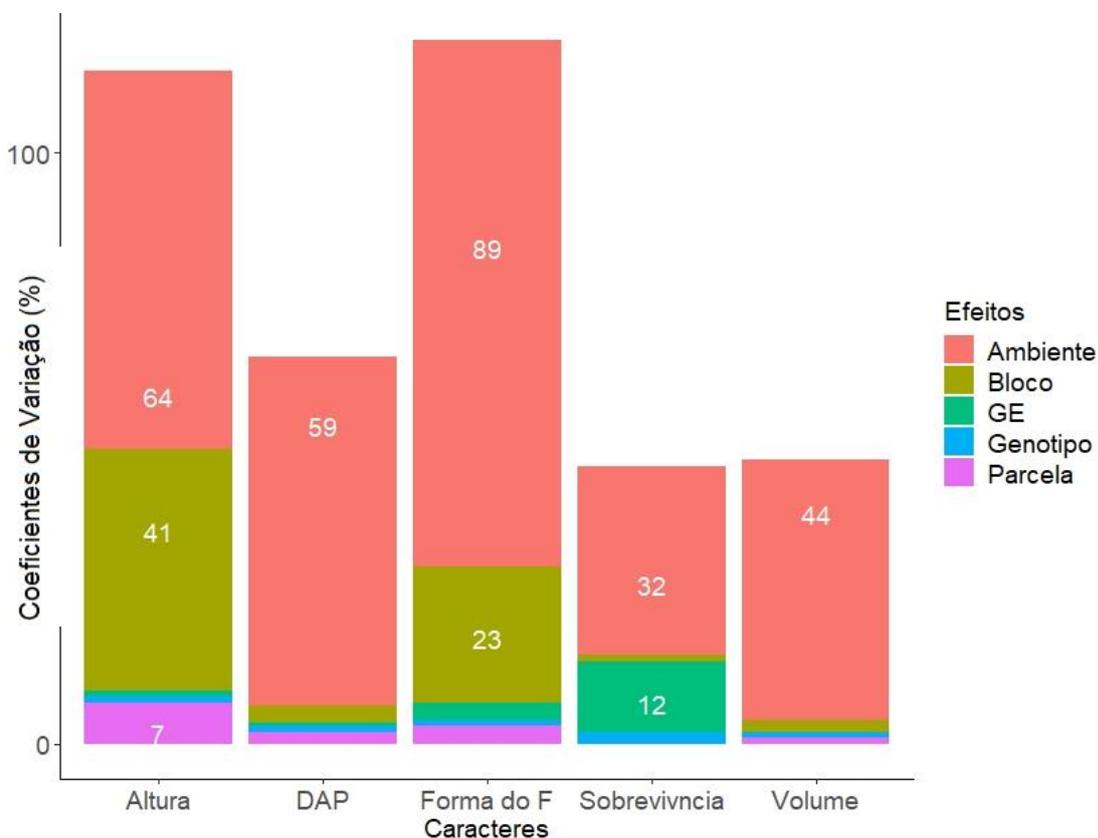
Estudos com espécies agrícolas também encontram GE associado a variáveis climáticas. Nesses experimentos, geralmente, o principal efeito nessa interação é causado pela

quantidade de chuva. Porém, vale ressaltar a existência de uma interação complexa entre esses fatores (GUALBERTO et al., 2002; MOHAMMADI et al., 2015; TEMESGEN et al., 2015; PARENT et al., 2017). No presente trabalho, a baixa precipitação durante o inverno combinada com a variação da textura do solo possivelmente levou a uma baixa disponibilidade de água no solo para as plantas, durante os meses de seca. Esse estresse contribuiu para as diferenças na taxa de mortalidade das plantas nos anos iniciais do plantio e, conseqüentemente, para o efeito da GE na sobrevivência. A alta taxa de mortalidade pode ter mascarado esse resultado na idade que foi avaliado no presente estudo. *C. citriodora* é reconhecida por sua capacidade de suportar ambientes mais secos. Provavelmente para os caracteres de crescimento, a intensidade do estresse hídrico promovida pelos diferentes tipos de solo não alterou tão drasticamente a resposta ambiental dos genótipos a ponto de produzir efeito significativo da GE. Desta forma, observa-se que ambientes com longos períodos de seca devem ser analisados para os programas de melhoramento das espécies. Particularmente em regiões onde há diversidade de tipos de solo e condições climáticas como no Brasil.

#### 4.4.2. Parâmetros Genéticos.

Os coeficientes de variação genética, assim como os de variação da interação GE, foram baixos (Figura 15). O que evidencia que a variância fenotípica é principalmente influenciada pela componente ambiental. A maioria dos caracteres analisados possui pouca influência da interação GE, portanto esse efeito terá pouco impacto na seleção.

Figura 15- Coeficientes de variação estimados a partir da análise conjunta dos testes de progênies de *Corymbia citriora* em Luiz Antônio, SP.



A baixa variabilidade genética observada na população estudada se deve a alguns eventos ocorridos durante a amostragem dos genótipos para estabelecimento dos ensaios, bem como durante a condução deles. A população remanescente usada nesse estudo é composta por menos da metade dos indivíduos do início do experimento. Fatores abióticos relacionados às condições edafoclimáticas, principalmente solo e água, contribuíram para mortalidade dos indivíduos, e consequentemente na redução da variabilidade genética da população. Houve uma seleção natural nos ensaios, permanecendo na população somente os indivíduos mais resistentes a esses eventos. Além disso, as sementes utilizadas para estabelecer os testes de progênies foram coletadas em um plantio comercial que, provavelmente, era composto por uma base genética restrita. Acredita-se que a diversidade intrínseca à espécie não tenha sido bem representada nesses testes. Nesse caso, sugere-se que o parentesco entre os indivíduos dessa população deve ser alto, e seria um parâmetro importante a ser estimado em um próximo projeto de pesquisa. Seria necessário também averiguar a variabilidade dos ambientes de onde foram coletados os materiais que deram origem a esse plantio comercial. Segundo Barros e Novais (1990), *C. citriodora*, dentre as

espécies de interesse comercial, é uma das espécies que apresentam maior variabilidade nas condições de sítio de ocorrência natural, e esta variabilidade é observada, sobretudo, em termos de solo. A espécie tem ocorrência desde solos com alta disponibilidade de água e nutrientes até solos mais pobres e em diferentes estruturas físicas. Observa-se então, em seu local de origem, uma grande quantidade de ecótipos. Barros e Novais (1990) descrevem a existência de ecótipos de *C. citriodora*, em Queensland na Austrália, com diferentes sistemas radiculares, adaptados às diferentes condições de estresse hídrico. Diante desse contexto, pode-se sugerir que a porcentagem de variabilidade genética da população natural representada pela população de estudo é muito baixa.

Os coeficientes de herdabilidade foram, em geral, baixos, especialmente os referentes a caracteres de crescimento (Figura 16). Esses valores indicam que os ganhos em processos de seleção seriam modestos, com exceção para o caráter sobrevivência. Apesar de ser tratada como uma variável contínua no estudo (em forma de porcentagem), a sobrevivência apresenta distribuição discreta (0 e 1), não sendo assim possível a predição de ganhos com base nesses valores. Portanto, a seleção para esse caráter deverá ser realizada com base na performance das progênies.

Em geral, os caracteres de crescimento em espécies florestais apresentam baixa herdabilidade. Cornélios (1994), ao revisar 67 trabalhos de espécies florestais, observou herdabilidade média de 0,16 e 0,21, para DAP e altura, respectivamente. Esse padrão também foi observado em populações estabelecidas em condições semelhantes ao do presente estudo (Tabela 3). Os resultados observados na Tabela 3 são semelhantes aos obtidos nos testes de Luiz Antônio. Apenas Berti et al. (2011) e Zanata et al. (2010) observaram resultados superiores aos deste estudo. Já em plantios muito mais jovens são observados valores de herdabilidade mais elevados. Stackpole et al. (2010) argumentam que a mortalidade das árvores leva a uma perda da variância genética aditiva, consequentemente a baixos índices de herdabilidade em idades avançadas. Nos processos de melhoramento de espécies como o eucalipto, a seleção dos indivíduos é realizada em idades mais juvenis. Assim é esperado que ao se realizar a seleção em populações mais jovens da espécie aqui estudada, os valores de herdabilidade estimados sejam mais elevados.

Outro padrão observado em trabalhos com espécies semelhantes é a superioridade da herdabilidade em nível médio de progênies ( $h_m^2$ ) em relação a individual ( $h_a^2$ ). Essa realidade é também contemplada neste estudo, sugerindo assim que a seleção entre

progênies proporcionaria maiores ganhos do que a seleção dentro de progênies. Essa tendência ocorre uma vez que para o computo da  $h_m^2$  as variâncias ambientais e residuais são diminuídas em função do número de repetições e plantas por parcelas. Outro ponto importante a se evidenciar é que no nosso estudo foram considerados três locais com características diferentes, enquanto que nos outros estudos citados a estimativa foi realizada com base em apenas um local. Neste caso, a herdabilidade nestes estudos pode estar sendo superestimada (DIETERS et al., 1995). Quando comparados os valores estimados em outros estudos com *C. citriodora* percebe-se que, com exceção do experimento de Vieira (2004), os valores foram maiores do que o aqui apresentado. Os demais estudos da espécie foram realizados em populações naturais da espécie na Austrália, o que provavelmente assegurou que as populações amostradas possuíssem muito mais diversidade genética.

Figura 16- Coeficientes de herdabilidade em nível de média de progênies e individual na análise conjunta para os diferentes caracteres estudados em progênies de *Corymbia citriodora* em Luiz Antônio, SP.

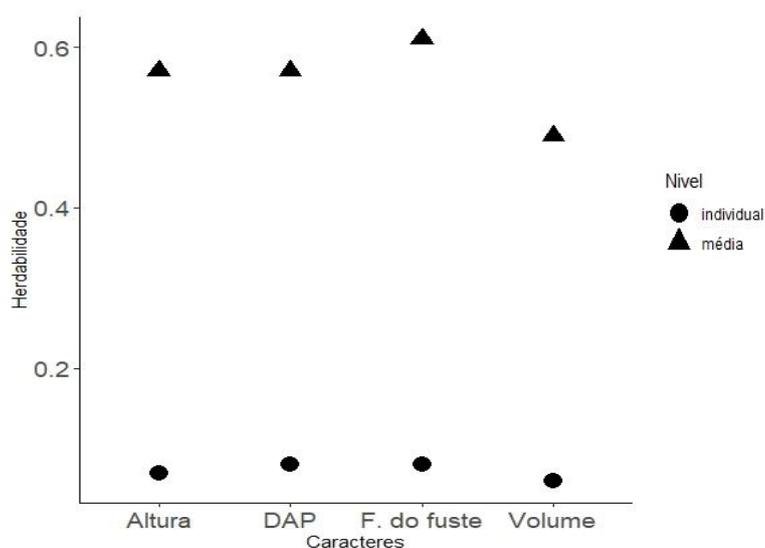


Tabela 3- Herdabilidade estimada para o caráter DAP em espécies de *Eucalyptus* e *Corymbia*.

<b>Espécie</b>	<b>Idade</b>	<b>local</b>	$h_a^2$	<b>Referência</b>
<i>C. citriodora</i>	11 meses	Brasil	0,004	Vieira (2004)
<i>C.c. variegata</i> (Ccv)	41 meses	Austrália	0,09	Johnson (2008)
Ccv	89 a 95 meses	Austrália	0,28	Brawner et al (2012)
Ccv e híbridos	6 anos	Austrália	0,31 a 0,69	Lee et al. (2009)
Ccv e híbridos	3 e 7 anos	Austrália	0,34	Hung et al. (2016)
<i>E. globulus</i>		Argentina	0,12	Lopez et al. (2002)
<i>E. globulus</i>	2 a 5 anos	Austrália	0,17	Li et al. (2007)
<i>E. camadulensis</i>	4 anos	Mato grosso	0,17	Azevedo et al. (2015)
<i>E. globulus</i>	4 a 7 anos	Portugal	0,19	Silva et al (2009)
<i>E. urophylla</i>	1 a 9 anos	Vietnam	0,31	Kien et al. (2009)
<i>E. cloenziana</i>	9,5 anos	China	0,23	Li et al. (2017)
<i>E. urophylla</i>	17 anos	Selvíria, MS	0,01	Souza et al. (2011)
<i>E. resinifera</i>	21 anos	Luiz Antônio, SP	0,04	Sato et al. (2007)
<i>E. pellita</i>	23 anos	Batatais, SP	0,33	Zanata et al. (2010)
<i>E. cloeziana</i>	24 anos	Luiz Antônio, SP	0,37	Berti (2011)
<i>E. tereticornis</i>	25 anos	Batatais, SP	0,05	Macedo et al. (2013)

$h_a^2$  : Herdabilidade individual no sentido restrito

#### 4.5. Estabilidade, adaptabilidade e produtividade.

Os valores de MHVG, PRVG e MHAPRVG foram listados em forma de ranking com base no caráter DAP. Embora o ordenamento de todas as progênes não coincida na mesma ordem exata, as 10 ou 15 superiores permanecem sendo as mesmas para todos os efeitos (produtividade, adaptabilidade e estabilidade). Esse cenário indica que as progênes com melhor desempenho, como as progênes 5, 9, 15, 45, 4 e 11, podem ser indicadas a uma ampla gama de ambientes considerando o caráter em questão.

Os valores de PRVG e MHPRVG denotam a superioridade média do genótipo em relação à média do ambiente em que é cultivada (Tabela 4). Os indivíduos mais adaptados são os mais estáveis e de maior produtividade. Dessa maneira, o melhor desempenho é sempre alcançado com as mesmas progênes independente do ambiente que forem estabelecidas. De acordo com Baker (1988), as diferenças entre as taxas de resposta dos genótipos em níveis sub-ótimos refletem diferenças na eficiência de aproveitamento de um recurso. Enquanto que as respostas frente a níveis superótimos refletem a tolerância. Neste estudo, a variação entre os ambientes ocorre em função dos diferentes níveis de drenagem

do solo. Pode-se afirmar então que os genótipos selecionados pelo método MHPRVG são os genótipos que apresentaram melhor eficiência no uso da água, que tiveram melhores respostas ao período de seca na região.

Tabela 4 - Seleção das melhores progênies de *C. citriodora* com base no DAP, para estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG) e simultaneamente para produtividade, estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG)

Ordem	Genótipo	MHVG	Genótipo	PRVG	PRVG*MG	Genótipo	MHPRVG	MHPRVG*MG
1	5	22,8734	5	1,0907	23,1943	5	1,0906	23,1927
2	4	22,8272	9	1,0615	22,5735	9	1,0613	22,5696
3	9	22,7384	15	1,061	22,5618	15	1,0607	22,5565
4	11	22,7314	45	1,0602	22,5457	45	1,06	22,5412
5	45	22,7018	4	1,0529	22,3901	4	1,0528	22,3877
6	46	22,6626	11	1,049	22,3083	11	1,049	22,3079
7	27	22,5097	46	1,0455	22,2324	46	1,0454	22,2309
8	36	22,3836	38	1,0435	22,1914	38	1,0435	22,1911
9	38	22,3344	27	1,0389	22,0933	27	1,0389	22,0929
10	15	22,2725	53	1,0362	22,0365	53	1,0362	22,0347
11	52	22,2403	17	1,0351	22,0117	17	1,0351	22,0114
12	53	22,1879	25	1,0333	21,9744	25	1,0333	21,9732
13	17	22,1461	36	1,0331	21,9689	36	1,0331	21,9687
14	25	22,1222	24	1,0321	21,9487	24	1,0321	21,9484
15	47	22,0876	14	1,0266	21,8323	14	1,0266	21,8321
16	24	22,0831	52	1,0263	21,824	52	1,0262	21,8234
17	42	22,0295	47	1,0192	21,6746	47	1,0192	21,6742
18	14	21,9634	42	1,0174	21,6349	42	1,0173	21,6344
19	1	21,9047	41	1,0146	21,5757	41	1,0146	21,5756
20	56	21,838	49	1,0142	21,5684	49	1,0142	21,5673

MHVG=Média harmônica dos valores genéticos. PRVG= Desempenho relativo dos valores genéticos. MHPRVG= Média harmônica do desempenho relativo associado aos valores genéticos. MG= Média dos valores Genéticos

Quando plantios são realizados em ambientes divergentes com padrões complexos de GE, os valores genéticos (média dos genótipos) devem ser penalizados pela instabilidade capitalizados pela adaptabilidade (MHPRVG) (RESENDE, 2005). Em geral, duas estratégias podem ser adotadas quando se observa GE. A primeira seria selecionar os indivíduos ou progênies com o desempenho mais estável nos vários ambientes. A outra seria selecionar os indivíduos ou progênies mais adaptados a locais específicos (KANG, 2002). A primeira estratégia parece ser o mais aplicável no presente trabalho, considerando o volume de madeira como objetivo final. A interferência causada pela GE, verificada como não significativa, pode ter seu efeito classificado apenas como um “ruído” na seleção das

progênies. Esta estratégia visa selecionar genótipos com ampla adaptação, tendo estes os desempenhos previsíveis em uma ampla gama de ambientes. A seleção visando à estabilidade é uma abordagem que vem sendo recomendada em estudos com espécies florestais (CODESIDO e FERNÁNDEZ-LÓPEZ, 2009; ROSADO et al., 2012; PAGLIARINI et al., 2016; SANTOS et al., 2016; OLIVEIRA, 2018).

Quando não ocorrem efeitos significativos da GE sobre o caráter de interesse, testes com a espécie devem ser estabelecidos em apenas um dos ambientes analisados (Li et al., 2017). Nesse contexto, um único teste para caracteres de crescimento com a espécie seria suficiente para representar a região considerada no estudo, principalmente, considerando o efeito de solo. Gapare et al. (2010) ressalta que os valores estimados para a GE são médias populacionais. Assim, mesmo que o valor geral obtido para o efeito da interação seja baixo, algumas progênies específicas podem apresentar um comportamento menos previsível.

Para o caráter DAP não houve efeito significativo de GE, diferentemente ao que ocorreu para o caráter sobrevivência (Tabela 5). Pode-se observar que os melhores genótipos coincidem mais entres os locais NQ e LVM ( $r = 0,29$  para DAP e  $0,31$  para sobrevivência) do que com os do local LVA para os dois caracteres ( $r = 0,00$  para DAP e  $0,19$  para sobrevivência entre LVM e LVA;  $r = 0,03$  para DAP e  $0,04$  para sobrevivência entre NQ e LVA). Este fato indica que nesses dois locais o nível de estresse, ao qual os genótipos foram submetidos foi superior ao local LVA. Para o caráter sobrevivência houve o efeito significativo da GE. Neste caso, as progênies que obtiveram melhor desempenho individual em cada solo não figuram entre as melhores selecionadas pelo método MHPRVG (Tabela 5). Considerando somente a sobrevivência, pode-se propor duas estratégias de seleção: (1) Selecionar as mais adaptadas a locais com maior estresse hídrico com base nos resultados obtidos no local NQ, como as progênies 21, 45, 1, 42, 13; (2) Selecionar as progênies com melhor desempenho geral com base nos valores de MHPRVG para plantios em ambientes mais heterogêneos ou com poucas informações, neste caso as progênies indicadas seriam: 24, 14, 45, 2 e 53. Para locais específicos, podemos indicar as progênies que obtiveram bons desempenhos para DAP e sobrevivência: 9, 45, 4 e 53.

Tabela 5 - Ranking dos 20 melhores genitores em ganho genético para cada local considerando dois caracteres, em comparação com ranqueamento de estabilidade, adaptabilidade e produtividade.

<b>DAP</b>				<b>SOBREVIVÊNCIA</b>			
<b>LVM</b>	<b>NQ</b>	<b>LVA</b>	<b>MHPRVG</b>	<b>LVM</b>	<b>NQ</b>	<b>LVA</b>	<b>MHPRVG</b>
<b>45</b>	9	5	5	<b>10</b>	21	2	24
<b>27</b>	15	27	9	<b>45</b>	45	44	14
<b>49</b>	45	46	15	<b>1</b>	1	53	45
<b>11</b>	12	4	45	<b>36</b>	42	10	2
<b>38</b>	46	9	4	<b>47</b>	13	11	53
<b>15</b>	53	10	11	<b>46</b>	36	14	9
<b>47</b>	56	39	46	<b>56</b>	31	24	56
<b>5</b>	21	42	38	<b>21</b>	35	52	44
<b>39</b>	2	25	27	<b>24</b>	5	46	13
<b>4</b>	5	36	53	<b>30</b>	50	56	4
<b>53</b>	20	44	17	<b>40</b>	46	34	21
<b>29</b>	38	38	25	<b>9</b>	23	45	31
<b>42</b>	25	23	36	<b>2</b>	16	31	52
<b>34</b>	23	11	24	<b>41</b>	2	9	46
<b>36</b>	54	17	14	<b>53</b>	56	19	50
<b>24</b>	44	22	52	<b>39</b>	18	42	1
<b>17</b>	47	18	47	<b>14</b>	24	4	19
<b>14</b>	11	37	42	<b>17</b>	53	29	11
<b>1</b>	4	24	41	<b>35</b>	44	3	27
<b>3</b>	27	41	49	<b>7</b>	40	17	5

MHVG=Média harmônica dos valores genéticos. PRVG= Desempenho relativo dos valores genéticos. MHPRVG= Média harmônica do desempenho relativo associado aos valores genéticos. MG= Média dos valores Genéticos.

#### 4.6. Ganhos com seleção e diversidade genética

Com base nos valores genéticos do caráter DAP foram realizadas simulações de seleção envolvendo diferentes intensidades e estratégias nos três locais de estudo (Figuras 16 e 17). Verificou-se que a estratégia que apresenta maiores porcentagens de GS é a seleção individual (Si). Enquanto que o menor percentual de ganho, em todas as intensidades, foi obtido com a seleção dentro de progênies (Sd). No entanto, a estratégia dentro de progênies mantém os valores de diversidade mais elevados, devido a todas as progênies terem um ou mais indivíduos representados na população. Essa seria uma proposta adequada de seleção para estabelecimento de um pomar de sementes por mudas, principalmente para essa população que tem pouca variação genética para alguns caracteres. Além disso, esse resultado já era previsto em função da baixa variabilidade dentro das progênies em

comparação a variabilidade entre progênies, questão essa já discutida neste trabalho ( $h^2_m > h^2_{ad}$ ).

De maneira geral o GS depende da herdabilidade e do diferencial de seleção. Quanto maior for a pressão de seleção maior será esse diferencial, e conseqüentemente será obtido maior ganho. Por outro lado, quanto maior a intensidade de seleção menor o índice de diversidade (D) da população selecionada. Logo esses resultados dependem muito da variabilidade genética da população. A população do presente estudo não apresenta muita variação genética para os caracteres estudados, conseqüentemente o ganho será baixo para os vários caracteres. Nota-se com os gráficos uma grande variação na porcentagem de GS entre os locais (Figura 17). O ganho com a seleção chega a valores muito mais elevados no local NQ (cerca de 20%). Essa era a expectativa, uma vez que já havia sido identificada uma maior variabilidade genética dentro dos indivíduos estabelecidos nesse local. O local NQ foi o único que apresentou diferença significativa entre as progênies na análise de deviance para o caráter DAP e também valores mais elevados de herdabilidade. Podemos extrapolar que em ambientes como o do local NQ, a seleção proporcionaria um avanço mais rápido na produção de materiais mais adaptados. Na figura 19 é possível comparar as simulações considerando os ambientes de forma conjunta.

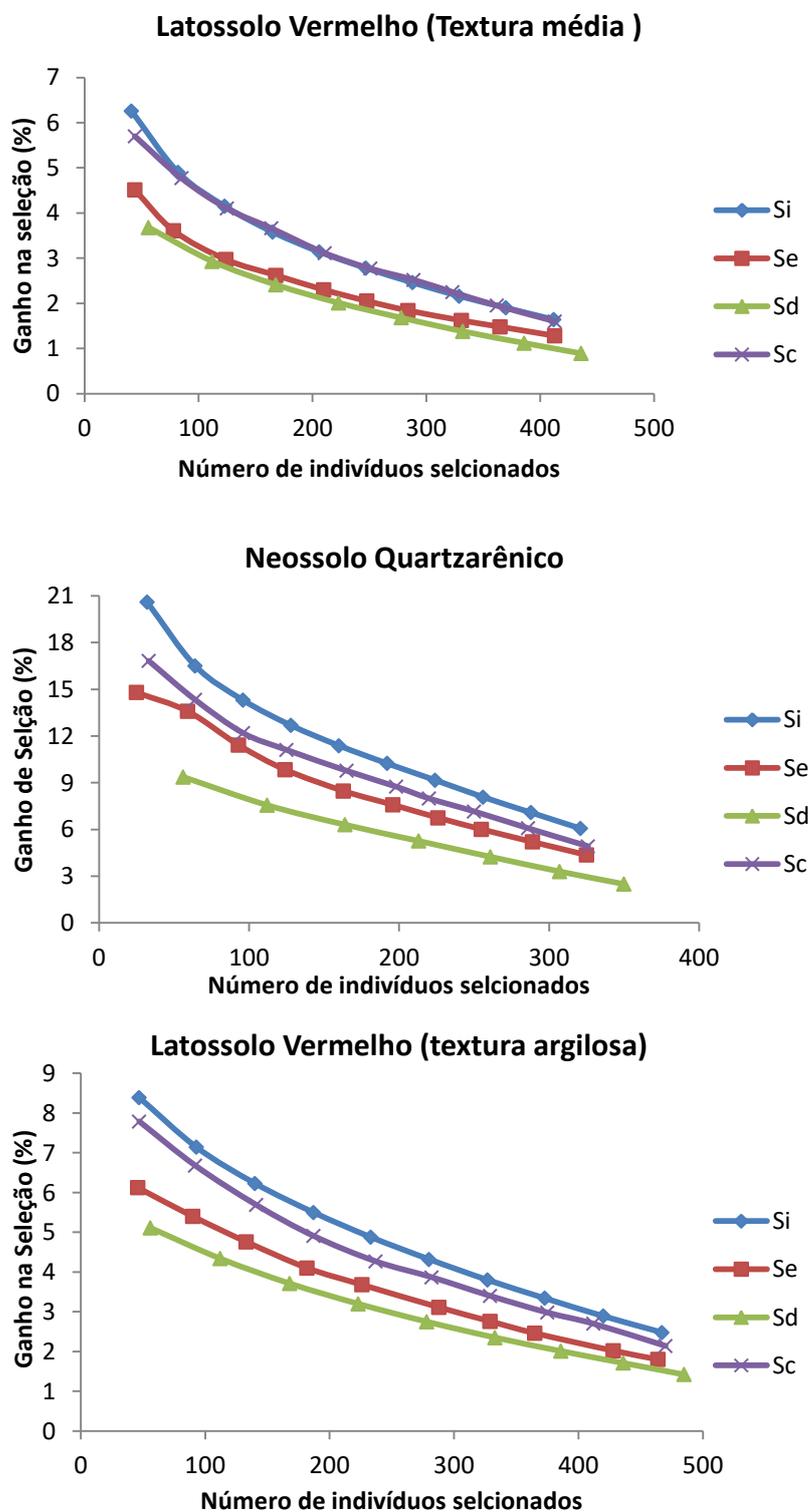
Assim como nas análises individuais, os progressos esperados na seleção considerando as progênies dos três locais foram baixos em função da baixa variabilidade genética (herdabilidades) entre e dentro de progênies para os caracteres avaliados. As maiores intensidades de seleção, com menos indivíduos selecionados, proporcionará maiores progressos esperados na seleção (10%). Para essa condição, o método que proporcionará maiores ganhos é o Si, tendo o desempenho próximo ao da seleção combinada (Sc) em seleções de alta intensidade. Por outro lado, esse método apresenta os piores índices de diversidade. Freitas (2009), ao comparar os métodos de seleção para *E. urograndis* observou que a seleção individual (Si) apresentou maiores valores de GS. Contudo, o autor concluiu os progressos genéticos obtidos com os diferentes métodos aplicados foram parecidos.

Verifica-se que na análise conjunta uma quantidade reduzida de progênies, com média bem superior às demais, foi selecionada, e conseqüentemente contribuiu para progressos esperados na seleção mais significativos do que na seleção individual. Como houve pouca interferência da GE no desempenho dos genótipos, recomenda-se a seleção considerando

todos os locais em conjunto a fim de escolher os genótipos mais adaptados a uma ampla gama de ambientes.

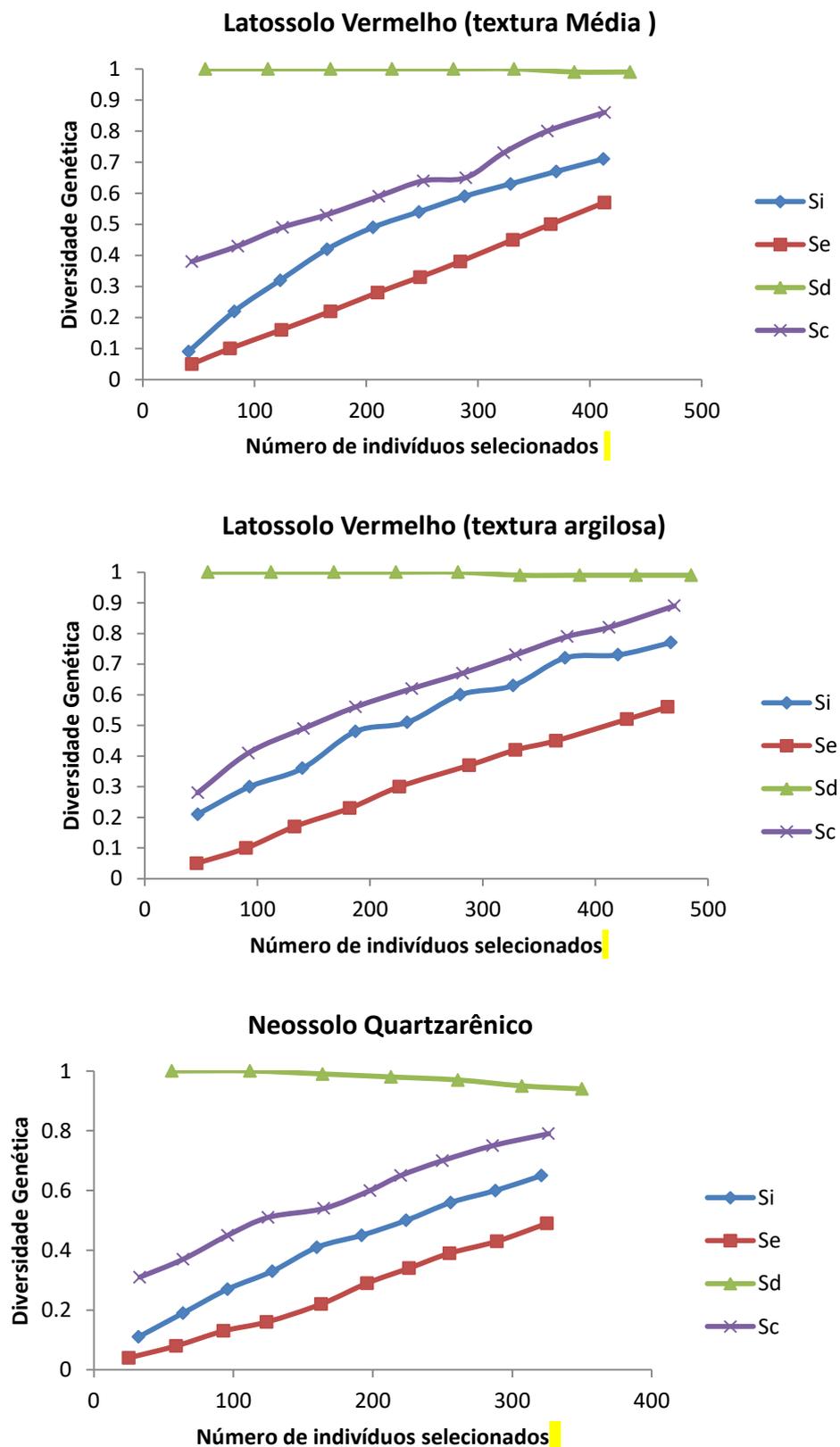
Ganhos de seleção consideráveis nas primeiras gerações de melhoramento foram obtidos por vários autores em estudos com espécies florestais. Kang (2007) analisando um pomar de *Quercus serrata* obteve um valor de herdabilidade elevado (0,62). O autor estimou GS de 9,1% para volume mesmo em baixa intensidade de seleção (50%), e indicou também como o método de seleção mais efetiva a seleção individual (SI). Já Rosado (2009), ao estudar 100 famílias de *Eucalyptus urophylla* com valor de herdabilidade de 0,19, chegou a valores de GS próximos a 10 %, aplicando uma intensidade de seleção alta (6,25%). Engel (2016) aplicou uma intensidade de seleção de 11% entre progênies em uma população de *Eucalyptus macarthurii* e obteve ganhos de seleção na ordem 7,8 a 9,0 % para DAP, com herdabilidade de 0,16. Missio (2004) ao simular diferentes intensidades de seleção, entre 5 a 250 indivíduos, em progênies de *Pinus caribaea* var. *bahamensis* para o caráter DAP com herdabilidade de 0,20, estimou ganhos de 14,50% a 26,65%. Ganho de seleção de 54,2% foi obtido para *Corymbia citriodora* sub. *variegata* para o caráter volume com herdabilidade de 0,22 e intensidade de seleção de 10% (Browner, 2012). A partir desses resultados conclui-se que GS mais elevadas foram estimadas para populações de melhoramento com maior variabilidade genética. Para as gerações subsequentes da população de *C. citriodora* recomenda-se a introgressão de genótipos procedentes de outras populações de melhoramento ou natural.

Figura 17- Progresso esperado na seleção (ou ganho de seleção) para quatro métodos e diferentes intensidades de seleção (5% a 50%) para os três testes (conjuntamente) de progênies de *Corymbia citriodora* em Luíz Antônio, SP.



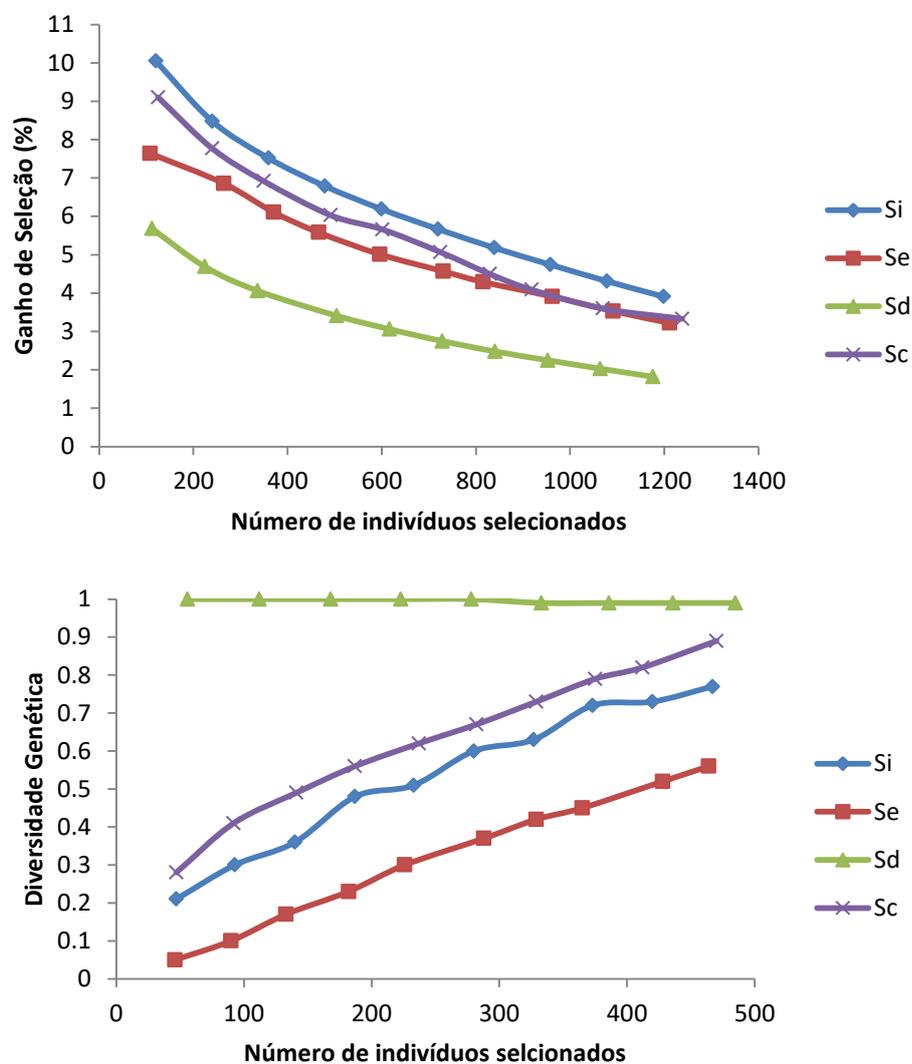
Si= seleção individual. Se= seleção entre progênies. Sd= Seleção dentro de progênies. Sc= Seleção combinada.

Figura 18- Percentagens de diversidade (D) considerando quatro métodos e diferentes intensidades de seleção (5% a 50%) para três testes de progênie de *Corymbia citriodora* em Luíz Antônio, SP.



Si= seleção individual. Se= seleção entre progênes. Sd= Seleção dentro de progênes. Sc= Seleção combinada.

Figura 19- Progresso esperado na seleção (ou ganho de seleção) e Diversidade Genética (D) para quatro métodos e diferentes intensidades de seleção (5% a 50%) para os três locais (conjuntamente) de progênies de *Corymbia citriodora* em Luiz Antônio, SP.



Si= seleção individual. Se= seleção entre progênies. Sd= Seleção dentro de progênies. Sc= Seleção combinada.

Os valores de GS e D dos pontos de otimização apresentaram pouca diferença entre os diferentes métodos adotados, principalmente para o ganho com a seleção (Tabela 6). Esses pontos variaram de 3,36% a 5,68% para GS e de 0,44 a 1 para D. Enquanto que o número de indivíduos ideal a ser selecionado variou bastante: de 112 a 1213. O método mais dispare nesse caso foi a seleção dentro de progênies. Se a principal prioridade for a obtenção de maiores ganhos, o melhor método seria a Seleção entre progênies (Se). Para conservação da diversidade deve-se optar pela Sd. A baixa variabilidade genética da população, variação

entre e dentro de progênies, favoreceu efetivamente pequena diferença entre os pontos de otimização para os quatro métodos de seleção. David (2003) testou diferentes níveis de intensidade de seleção (7 a 30 %) em um pomar de sementes de *Pinus resinosa* com herdabilidade de 0,19 para o caráter volume, apesar da baixa diferenciação entre as progênies, foram preditos ganhos de 4,6 a 11,8%. E ao contrário deste estudo, o autor verificou que a Sc apresentou maiores ganhos combinados com maiores índices de diversidade. Wei (1991) também observou os altos níveis de diversidade com o emprego do método de Sc. O autor ressalva que essas estimativas são hipotéticas, que para populações pequenas deve-se atentar mais para os efeitos de deriva genética. Martins (2005) também apontou que Sc assegurava uma maior diversidade para a próxima geração, testando métodos de seleção para *Eucalyptus grandis*.

Ao tentar manter níveis de diversidade mais elevados, o ganho genético é reduzido (Figura 20). Como variância genética é a chave para o progresso por meio da seleção, para essa população, com os níveis de diversidade atuais, os ganhos estimados não serão muito elevados. Assim, quando consideradas essas perspectivas tanto para melhoramento quanto para a conservação da espécie, observa-se que a população, por si só, não mantém variabilidade genética suficiente para as próximas gerações de melhoramento, bem como para conservação genética da espécie. Para atingir esses objetivos o ideal seria a inclusão de novos materiais genéticos nesta população, a fim de aumentar a diversidade e assegurar a possibilidade de se obter ganhos genéticos em gerações seguintes. Para aumentar a diversidade e manter a produção em gerações futuras, sugere-se cruzar os indivíduos selecionados nos três locais entre si (locais diferentes), e também com indivíduos de outras populações já previamente selecionadas de *C. citriodora* e/ou os indivíduos do teste de procedências da espécie instalado na mesma estação experimental. Com vistas à conservação, o mais adequado seria a incorporação de novos materiais advindos de populações naturais australianas. Esta seria a maneira mais eficiente de aumentar a variabilidade genética. Porém, existe dificuldade na viabilidade deste processo, visto que a coleta de sementes desse gênero e de *Eucalyptus* em populações naturais não é mais autorizada na Austrália.

Para fins comerciais, visando o uso mais rápido dos materiais, a alternativa é utilizar os indivíduos selecionados dessa população para a formação de um pomar clonal para produção de sementes e para o desenvolvimento de híbridos interespecíficos com o *C. torelliana*. Esse

cruzamento tem despertado grande interesse no mercado por combinar a alta densidade da madeira, característica do *C. citriodora*, com a boa capacidade reprodutiva do *C. torelliana*. De maneira geral, os híbridos interespecíficos apresentaram uma reconhecida capacidade adaptativa, o que proporcionaria bom desenvolvimento em ambientes diversos (REIS et al., 2013).

Figura 20- Pontos de otimização entre ganhos na seleção e diversidade para os diferentes métodos de seleção.

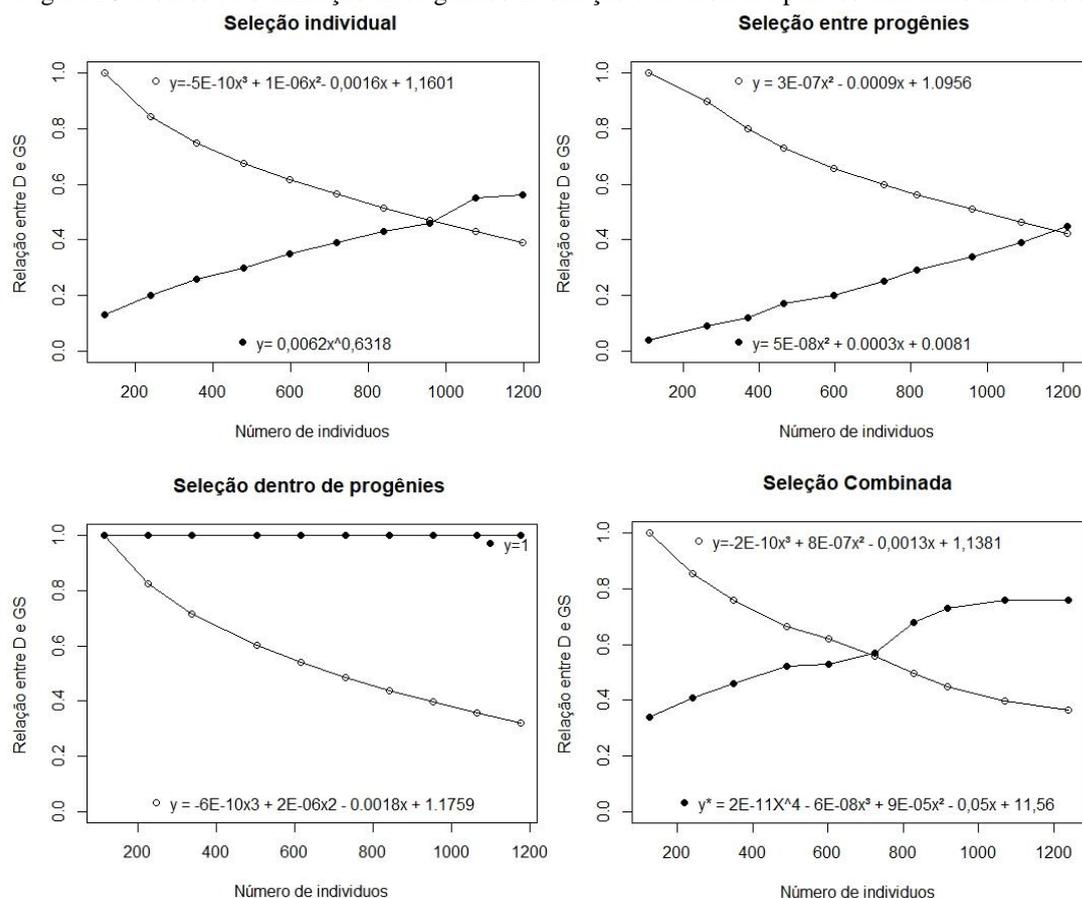


Tabela 6- Número de indivíduos selecionados, ganho na seleção (GS) e diversidade (D) para os pontos de otimização em diferentes métodos de seleção.

Método de Seleção	Intensidade de Seleção	N. de indivíduos selecionados	GS(%)	D
<b>Individual (Si)</b>	40,40%	968	4,07	0,47
<b>Entre Progênies (Se)</b>	50,63%	1213	3,36	0,44
<b>Dentro de Progênies (Sd)</b>	4,67%	112	5,68	1
<b>Combinada (Sc)</b>	30,05%	709	5,14	0,57

## 5. CONCLUSÕES

Os testes apresentam um bom desempenho em volume de madeira nos diferentes tipos de solo em Luiz Antônio. Existem diferenças significativas entre o desempenho das progênies para os caracteres de crescimento no local NQ, ambiente com característica mais restritiva ao desenvolvimento da espécie, bem como na análise conjunta, considerando os três locais.

A interação genótipo-ambiente, em relação ao tipo de solo, é significativa apenas para sobrevivência. As progênies mais adaptadas foram também as mais estáveis, podendo ser estas indicadas a uma ampla gama de ambientes. Futuros testes de progênies com materiais dessa população podem ser estabelecidos em apenas um tipo de solo nessa região.

De maneira geral a população apresentou baixa herdabilidade e diversidade genética. Por causa disso as diferenças entre os quatro métodos e as diferentes intensidades de seleção aplicados na população foram menos expressivas em relação ao ganho genético, do que em relação à diversidade.

Para plantios comerciais ou novas populações de melhoramento remenda-se utilizar os propágulos dos melhores indivíduos selecionados através da seleção combinada com intensidade de 30% nos três testes, podendo ser esses plantios estabelecidos em vários tipos de solos na região.

Para fins de conservação, a diversidade genética da população deve ser incrementada com maior diversidade genética advinda de outros testes de procedências e progênies, e se possível, de populações naturais. Com finalidade de melhoramento, o acréscimo de diversidade deve ser feito, preferencialmente, com genótipos advindos de pomares de sementes por mudas e clonais de diferentes gerações de melhoramento e de plantios comerciais.

## 6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE PRODUTORES DE FLORESTAS PLANTADAS, Anuário estatístico da ABRAF ano base 2009, Brasília, 2010.

AZEVEDO, L. P. A. et al. Seleção genética em progênies de *Eucalyptus camaldulensis* em área de cerrado matogrossense. *Ciência Rural*, v. 45, n. 11, p. 2001-2006, 2015.

BAKER, R. J. Tests for crossover genotype-environmental interactions. *Canadian journal of plant science*, v. 68, n. 2, p. 405-410, 1988.

BAKER, R. J. Crossover genotype-environmental interaction in spring wheat. *In* "Genotype-by-environment interaction and plant breeding" (M. S. Kang, ed.), pp. 42-51. Louisiana State Univ. Agric. Center, Baton Rouge, LA, 1990.

BARROS, N.F.; NOVAIS, R.F. Relação solo-eucalipto. Viçosa, Folha de Viçosa, 1990.

BERLIN M. et al. Genotype by environment interaction in the southern Swedish breeding population of *Picea abies* using new climatic indices. *Scand. J For Res* 30:112–121.2014

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

BOLAND, D. et al.. *Forest trees of Australia*. Melbourne: CSIRO, 2006.

BOTELHO, C. E. et al. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de cultivares de café arábica em Minas Gerais. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 45, n. 12, p. 1404-1411, 2011

BRAWNER, J. T. et al. Relationships between early growth and Quambalaria Shoot Blight tolerance in *Corymbia citriodora* progeny trials established in Queensland, Australia, 2011

BRAWNER, J. T. et al. Selection of *Corymbia citriodora* for pulp productivity. *Southern Forests: a Journal of Forest Science*, v. 74, n. 2, p. 121-131, 2012.

BURDON, R.D, Genetic correlation as a concept for studying genotype-environment interaction in forest tree breeding, *Silvae Genetica*, Janeiro de 1977.

BUSH, D. Assessing genetic variation within *Eucalyptus camaldulensis* for survival and growth on two spatially variable saline sites in southern Australia. *For Ecol Manag* 306:68–78, 2013.

CAMARINHA FILHO, Jomar Antonio. Modelos lineares mistos: estruturas de matrizes de variâncias e covariâncias e seleção de modelos. Tese de Doutorado. Universidade de São Paulo. 2002.

CODESIDO, V.; FERNÁNDEZ-LÓPEZ, J. Implication of genotype× site interaction on *Pinus radiata* breeding in Galicia. *New forests*, v. 37, n. 1, p. 17-34, 2009.

COMSTOCK, R.E. et al. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. *Agronomy Journal*, v.41, p.360-367, 1949.

COUTINHO, J. L. B. et al. Avaliação do comportamento de espécies de *Eucalyptus spp.* na Zona da Mata Pernambucana. I: resultados do primeiro ano - 2001. *Revista Árvore* 2004;

CORNELIUS, Jonathan. Heritabilities and additive genetic coefficients of variation in forest trees. *Canadian journal of forest research*, v. 24, n. 2, p. 372-379, 1994.

COSTA E SILVA J. et al. Genotype by environment interaction for growth of *Eucalyptus globulus* in Australia. *Tree Genet Genomes* 2:61–75, 2006.

CULLIS, C. A. DNA rearrangements in response to environmental stress. *In* “Advances in genetics” (J. G. Scandalios and T. R. F. Wright, eds.), pp. 73-97. Academic Press, New York. 1990.

CULLIS B. R. et al. Factor analytic and reduced animal models for the investigation of additive genotype-by-environment interaction in outcrossing plant species with application to a *Pinus radiata* breeding programme. *Theor Appl Genet* 217:2193–2210, 2014.

CURI, N.; KER, J. C.; VIDAL-TORRADO, P. (Ed.). *Pedologia: solos dos biomas brasileiros*. Viçosa, MG: Sociedade Brasileira de Ciência do Solo, 2017.

DAVID, A. et al. Comparison of selection methods for optimizing genetic gain and gene diversity in a red pine (*Pinus resinosa* Ait.) seedling seed orchard. *Theoretical and Applied Genetics*, v. 107, n. 5, p. 843-849, 2003.

DEL QUIQUI, E.M. et al. *Eucalyptus* para o Noroeste do Estado do Paraná. *Acta Scientiarum*, Maringá, v. 23, n. 5, p. 1173-1177, 2001.

DIETERS, M.J.J. et al. Genetic parameter estimates for volume from full-sib tests of slash pine (*Pinus elliottii*). *Canadian Journal of Forest Research*, Ottawa, v. 25, p. 1397-1408, 1995.

DIETERS M. J; HUBER D. A. Genotype  $\times$  environment interaction in Florida sources of loblolly pine across the lower coastal plain of the southeastern USA. In: Byram TD, Rust ML (eds) *Tree improvement in North America: past, present, and future*, WFGA/SFTIC Joint Meeting, Galveston, TX. June 19–22, 2007.

DRUMOND, M.A. et al. Comportamento de algumas espécies/procedências de *Eucalyptus* no município de Lagoa Grande-PE. *Brasil Florestal*. São Paulo, n. 78, p. 75-80, 2003.

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

ELDRIDGE, K. et al. *Eucalypt domestication and breeding*. New York: Oxford University, 1993.

EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Florestas. *Pesquisas florestais em andamento no Brasil (terceiro levantamento)*. Curitiba, 1987

ENGEL, M. L. et al. genetic gain from different selection methods in *Eucalyptus macarthurii* progenies in different environments. *Cerne*, v. 22, n. 3, p. 299-308, 2016.

FALCONER, D,S,; MACKAY, T,F,C, *Introduction to quantitative genetics*, Harlow: Longman, 1997.

FERREIRA, M. O histórico da introdução de espécies florestais de interesse econômico e o estado de sua conservação no Brasil. In: *Workshop sobre conservação e uso de recursos genéticos florestais*, 2000, Paranaguá. *Memórias*. Colombo: Embrapa Florestas, 2001.

FLORES, T. B. et al. *Eucalyptus* no Brasil - Zoneamento Climático e Guia para Identificação. 1. ed. , 2016.

FREITAS, R, G, et al., Predição de ganhos genéticos em progênes de polinização aberta de *Eucalyptus urograndis* cultivadas em diferentes ambientes e submetidas a diferentes procedimentos de seleção, *Revista Árvore*, Viçosa, MG, v, 33, n, 2, p, 255-263, mar./abr, 2009.

GAPARE, Washington J. et al. Genetic stability of wood density and diameter in *Pinus radiata* D. Don plantation estate across Australia. *Tree Genetics & Genomes*, v. 6, n. 1, p. 113-125, 2010.

GAPARE W. J. et al. Genetic parameters and provenance variation of *Pinus radiata*. D. Don. 'Eldridge collection' in Australia 2: wood properties. *Tree Genet Genomes* 8:895–910, 2012a.

GAPARE W. J. et al. Genetic parameters and provenance variation of *Pinus radiata* D. Don. 'Eldridge collection' in Australia 1: growth and form traits. *Tree Genet Genomes* 8:391–407, 2012b.

GAPARE, Washington J. et al. Drivers of genotype by environment interaction in radiata pine as indicated by multivariate regression trees. *Forest Ecology and Management*, v. 353, p. 21-29, 2015.

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

GUALBERTO, R. et al. Produtividade, adaptabilidade e estabilidade fenotípica de cultivares de tomateiro sob diferentes condições de ambiente. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 37, n. 1, p. 81-88, 2002.

HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. *Quantitative genetics in maize breeding*, Iowa State University Press, Ames Iowa, USA, 1998.

HARDNER, C. M. et al. Patterns of genotype-by-environment interaction in diameter at breast height at age 3 for eucalypt hybrid clones grown for reforestation of lands affected by salinity. *Tree Genet Genomes* 6:833–851, 2010.

HARDNER, C. M. et al. Identifying deployment zones for *Eucalyptus camaldulensis* x *E. globulus* and x *E. grandis* hybrids using factor analytic modelling of genotype by environment interaction, *Australian Forestry*, Melbourne, v, 74, n, 1, p, 3035, 2011,

HENDERSON, C. R. Estimation of changes in herd environment, *Journal of Dairy Science*, Savoy, v,32, p,709, 1949.

HERRERA-ESTRELLA, L.; SIMPSON, J. Influence of environmental factors on photosynthetic genes. In “Advances in genetics” (J. G. Scandalios and T. R. F. Wright, eds.), pp. 133-163. Academic Press, New York. 1990.

HODGE, G. R.; DVORAK, W. S. Provenance variation and within-provenance genetic parameters in *Eucalyptus urophylla* across 125 test sites in Brazil, Colombia, Mexico, South Africa and Venezuela *Tree Genetics & Genomes* Springer-Verlag Berlin Heidelberg. 2015.

HUNG, J, T, et al.,Estimates of genetic parameters for growth and wood properties in *Eucalyptus pellita* F, Muell, to support tree breeding in Vietnam, *Annals of Forest Science*, Springer Verlag/EDP Sciences, 2015.

HUNG, T. D. et al.. Genetic variation in growth and wood-quality traits of *Corymbia citriodora* subsp. *variegata* across three sites in south-east Southern Forests. Queensland. Australia. 2016.

IHAKA, R.; GENTLEMAN, R. R: a language for data analysis and graphics. *Journal of computational and graphical statistics*, v. 5, n. 3, p. 299-314, 1996.

INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ARVORES. Relatório ibá 2018. Ano base 2017. Brasília. 2018.

IVKOVIĆ M. et al. Pattern of genotype by environment interaction for radiata pine in southern Australia. *Ann For Sci* 72:391–401, 2015.

JOHNSON, G. R. Family-site interaction in Radiata pine families in New South Wales. *Silvae Genetica*, v. 41, p. 55-62, 1992.

JOHNSON, G. R.; BRUDON, R. D. Family-site interaction in *Pinus radiata*: implications for progeny testing strategy and regionalised breeding in New Zealand. *Silvae Genetica*. 39 (2): 55-62, 1990.

JOHNSON, I. G. et al. Growth, form and Quambalaria shoot blight tolerance of spotted gum provenances and families in north-eastern New South Wales, Australia. *Silvae Genet* 58:180–191. 2008.

KANG, M. S. Genotype-environment interaction: progress and prospects. Em: Kang MS Quantitative genetics, genomics and plant Breeding. 2002.

KANG, K. S. et al. Genetic gain and diversity under different selection methods in a breeding seed orchard of *Quercus serrata*. *Silvae Genetica*, v. 56, n. 1-6, p. 277-281, 2007.

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

KENNEDY, S. K. et al. *Eucalyptus fastigata*: its current status in New Zealand and breeding objectives for the future. *Silvae Genetica*, v. 60, n. 1-6, p. 259-266, 2011.

KIEN, N. D. et al.. Genetic control of growth and form in *Eucalyptus urophylla* in northern Vietnam. *Journal of Tropical Forest Science*, p. 50-65, 2009.

KOHANE, M. J.; PARSONS, P. A. Domestication. In: *Evolutionary biology*. Springer, Boston, MA, 1988. p. 31-48.

KOLMODIN, R.; et al. Genotype by environment interaction in Nordic dairy cattle studied using reaction norms. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A - Animal Science*, v.52, p.11-24, 2002.

LAN, J. Genetic parameter estimates for growth and wood properties in *Corymbia citriodora* subsp. *variegata* in Australia and *Eucalyptus urophylla* in China. Southern Cross University. Lismore. NSW. 2011.

LEE, D. J. Achievements in forest tree improvement in Australia and New Zealand 2: Development of *Corymbia* species and hybrids for plantations in eastern Australia. *Australian Forestry* 70: 11–16. 2007.

LEE, D. J. et al. Comparative performance of *Corymbia* hybrids and parental species in subtropical Queensland and implications for breeding and deployment. *Silvae Genetica*, v. 58, n. 1-6, p. 205-212, 2009.

LEE, D.J. et a. Productivity of plantation hardwood tree species in north-eastern 683 Australia: A report from the Forest Adaptation and Sequestration Alliance. Australian Department of Agriculture, Fisheries and Forestry. 2011.

LEE, Y. et al. The genetic architecture of a *Eucalyptus globulus* full-sib breeding population in Australia.. *For Genet* 12:167–179. 2007

LEKSONO, B. Breeding zones based on genotype-environment interaction in seedling seed orchards of *Eucalyptus pellita* in Indonesia. *Indones J For Res* 6:74–84b. 2009.

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

LI, Y. et al. Genetic parameters and clone by environment interactions for growth and foliar nutrient concentrations in radiata pine on 14 widely diverse New Zealand sites. *Tree Genet Genomes* 11:1–16. 2015.

LI, Y. et al. Genotype by environment interactions in forest tree breeding: review of methodology and perspectives on research and application. *Tree Genetics & Genomes*, v. 13, n. 3, p. 60, 2017.

LIN, C. S. e BINNS, M. R. A method of analysing cultivars x location x year experiments: a new stability parameter. *Theoretical Applied Genetics*, Berlim, v.76, p.425-430, 1988.

LOPEZ G. A. et al.. Genetic variation and inter-trait correlations in *Eucalyptus globulus* base population trials in Argentina. *For Genet* 9:217–231.2002

Macedo, H. R. et al. Variação, herdabilidade e ganhos genéticos em progênies de *Eucalyptus tereticornis* aos 25 anos de idade em Batatais-SP. *Scientia Forestalis (IPEF)*, v. 41, p. 533-540, 2013.

MARC. M.; WHITE. Z. L. genetic parameter estimates and genetic gains for *Eucalyptus grandis* and *E. dunnis* in Argentina. *Forestic genetics*. 2002.

MARTINS I. S. et al. Eficiência da seleção univariada direta e indireta e de índices de seleção em *Eucalyptus grandis*. R. Árvore, Viçosa-MG, v.27, n.3, p.327-333, 2003.

MARTINS. I. S. et al.. Comparação entre os processos de seleção entre e dentro e o de seleção combinada. em progênieis de *Eucalyptus grandis*. Cerne. Lavras. v. 11. n. 1. p. 16-24. jan./mar. 2005.

MARTINS, A. P. M. et al. Eficiência de métodos para estimativa do volume total de *Corymbia citriodora*. Scientia Agraria Paranaensis, v. 15, n. 2, p. 178-184.2016.

MCDONALD, T. M.; APIOLAZA, L. A. Genotype by environment interaction of *Pinus radiata* in New Zealand. In: the Second Australasian Forest Genetics Conference, Perth, Australia, 20–22 Abril. 2009.

MEYER, K. Factor-analytic models for genotype  $\times$  environment type problems and structured covariance matrices. Genetics Selection Evolution, Les Ulis, v. 41, n. 21, p. 1-11, 2009.

MIRANDA, A. C. et al. Ganhos genéticos na seleção pelo método do índice multi-efeitos em progênieis polinização livre de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. Scientia Forestalis (IPEF), v. 43, p. 00-000, 2015.

MISSIO, R. F. et al. Seleção simultânea de caracteres em progênieis de *Pinus caribaea* Morelet var. bahamensis. Scientia Forestalis, p. 161-168, 2004.

MOHAMMADI, R. et al. Interpreting genotype  $\times$  environment interactions for grain yield of rainfed durum wheat in Iran. The Crop Journal, v. 3, n. 6, p. 526-535, 2015.

MORA. A. L.; GARCIA. C. H. A cultura do Eucalipto no Brasil. São Paulo: Sociedade Brasileira de Silvicultura. 2000.

MORI, E. S. et al. Efeitos da interação genótipos X Ambientes em progênieis de *Eucalyptus saligna* Smith. IPEF, Piracicaba, v. 33, p. 19 - 26, 1986.

OLIVEIRA, E. B. Softwares para manejo e análise econômica de plantações florestais [recurso eletrônico] / Edilson Batista de Oliveira. - Dados eletrônicos. - Colombo: Embrapa Florestas, 2011.

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

NAMKOONG, G. Introduction to quantitative genetics in forestry. USDA. Forest Service. Technical Bulletin, Washington, n.1588, p.1-342, 1979.

NICHOLS, J. D. et al. Subtropical eucalypt plantations in eastern Australia. *Australian Forestry*, v. 73, n. 1, p. 53-62, 2010.

NIMER. E. Climatologia do Brasil. Rio de Janeiro: IBGE/SUPREN. 1979.

NOVAES, A. B. et al. Caracterização e demanda florestal da Região Sudoeste da Bahia. *Memórias do II Simpósio sobre Reflorestamento na Região Sudoeste da Bahia*, v. 4, p. 25, 2005.

NUNES. J. A. R et al.. Inclusion of genetic relationship information in the pedigree selection method using mixed models. *Genetic and Molecular Biology*. Ribeirão Preto. v. 31. n. 1. p. 73-78. Mar. 2008.

OLIVEIRA. A.C. et al.. Resistência interespecífica de *Eucalyptus* spp. (Myrtaceae) à lagarta desfolhadora *Thyrineina arnobia* Stoll. 1782 (Lepidoptera: Geometridae). *Revista Árvore*. v.8. n.2. p.93-103. 1984

OLIVEIRA, E. B. SisEucalipto-Simulador de crescimento, produção e manejo de *Eucalyptus grandis/urograndis*. 2001.Patente: Programa de Computador. Número do registro: 01122001, data de registro: 01/12/2001.

OLIVEIRA, J. T. S. et al. Caracterização da madeira de sete espécies de eucaliptos para a construção civil: 1-avaliações dendrométricas das árvores. *Scientia forestalis* n. 56, p. 113-124, dez. 1999.

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, p. 30-37, 2001.

PAGLIARINI, M.K. et al. Adaptability, stability, productivity and genetic parameters in slash pine second-generation families in early age. *Silvae Genetica*, v.65, p.71-82, 2016.

PARENT, Boris et al. Quantifying wheat sensitivities to environmental constraints to dissect G x E in the field. *Plant Physiology*, p. pp. 00372, 2017.

PIRES, I. E. Ensaio de progênie de *Eucalyptus citriodora* Hook em Petrolina, PE. Embrapa Semiárido-Comunicado Técnico (INFOTECA-E), 1985.

QUEIROZ, M. M. et al . Comportamento de materiais genéticos de eucalipto em Paty do Alferes, RJ. *Floresta e Ambiente*, v. 16, p. 01-16, 2009.

RAMALHO. M. A. P. et al.. Experimentação em genética e melhoramento de plantas. 2. ed. Lavras: UFLA. 2008. 326 p

RAYMOND C. A. Genotype by environment interactions for *Pinus radiata* in New South Wales, Australia. *Tree Genet Genomes* 7:819–833, 2011.

REIS, C. A. F. et al.. *Corymbia citriodora*: estado da arte de pesquisas no Brasil. Embrapa Florestas-Documents (INFOTECA-E), 2013.

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

RESENDE, M. D. V. et al.. Métodos e estratégias de melhoramento de espécies perenes: estado da arte e perspectivas. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 12., 2005

RESENDE. M. D. V. SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas. 2007a. 361p.

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

RESENDE, M. D. V. et al. Seleção genética computadorizada: SELEGEN "best prediction": manual do usuário. Colombo: Embrapa- CNPF. 1994.

RESENDE, M. D. V.; HIGA, A. R. Estimação de valores genéticos no melhoramento de *Eucalyptus*: seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e de seus parentes. Boletim de Pesquisas Florestais, Curitiba, n. 28/29, p. 11-35, jan./dez. 1994.

RESENDE, M.D.V.; VENCOVSKY, R. Condução e utilização de bancos de conservação genética de espécies de eucalipto. Silvicultura, n.42, v.3, p. 434- 439, 1990.

ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. Biometrics 15(3):469. 1959.

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

ROSADO, A. M. et al. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 47, n. 7, p. 966-973, 2012.

ROTH, B.E. Genotype  $\times$  environment interactions in selected loblolly and slash pine plantations in the southeastern United States. For Ecol Manag 238:175–188, 2007.

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

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

SCANDALIOS, J. G.; WRIGHT, T. R. F. Genomic responses to environmental stress. *Adv.Genet.* 28, xi. 1990.

SEBBENN. A. M. Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva: *Myroxytonperuiferum* L. F. Allemão. Scientia Forestalis. Piracicaba. v. 53. p. 31-38. 1998.

SHELBOURNE, C. J. A. Genotype-environment interaction: its study and its implications in forest tree improvement. In: the IUFRO Genetics and sabrao Joint Symposium, Tokyo, Japan, pp 1–28. 1972

SILVA, J. C. et al.. Genetic parameters for growth, wood density and pulp yield in *Eucalyptus globulus*. *Tree Genetics & Genomes*, v. 5, n. 2, p. 291-305, 2009.

SMITH, H. J. et al. Forests NSW's spotted gum (*Corymbia spp.*) tree improvement and deployment strategy. In: AUSTRALASIAN FOREST GENETICS CONFERENCE: breeding for wood quality, 2007.

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

STACKPOLE, D. J. et al.. Age trends in genetic parameters for growth and wood density in *Eucalyptus globulus*. *Tree Genetics & Genomes*, v. 6, n. 2, p. 179-193, 2010

SWAIN, T. L.; LOUW, K. A. Genetic parameter estimates and parental selection in *Eucalyptus longirostrata* and *Corymbia henryi* populations tested in South Africa. *Silvae Genetica*, v. 60, n. 1-6, p. 105-113, 2011.

TEMESGEN, T. et al. Yield stability and relationships among stability parameters in faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes. *The Crop Journal*, v. 3, n. 3, p. 258-268, 2015.

VAN DEN BERG, I. et al. Comparing power and precision of within-breed and multibreed genome-wide association studies of production traits using whole-genome sequence data for 5 French and Danish dairy cattle breeds. *Journal of dairy science*, v. 99, n. 11, p. 8932-8945, 2016.

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

VIEIRA, I. G. Estudo de caracteres silviculturais e de produção e óleo essencial de progênies de *Corymbia citriodora* (Hook) K.D.Hill e L.A.S. Johnson procedente de Anhembi SP - Brasil, Ex. Atherton QLD - Austrália. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba. 2004.

VITTI, A. M. S.; BRITO, J. Avaliação do rendimento e do teor de citronelal do óleo essencial de procedências e raças locais de *Eucalyptus citriodora*. Scientia Forestalis, Piracicaba, n. 56, p. 145-154, 1999.

WATT, M. S. et al..Modelling the influence of environment and stand characteristics on basic density and modulus of elasticity for young *Pinus radiata* and *Cupressus lusitânica*. Forest ecology and management. vol. 255, n°3-4. 2008.

WEI, R. P. Loss of genetic diversity following selection from populations with a family structure. Silvae genetica, v. 45, p. 153-158, 1991.

WEI, R. P.; LINDGREN, D. Effective family number following selection with restrictions. Biometrics, p. 525-535, 1996.

WESTBROOK, J. W. et al. Discovering candidate genes that regulate resin canal number in *Pinus taeda* stems by integrating genetic analysis across environments, ages, and populations. New Phytol 205:627–641, 2014.

WU, H. X.; MATHESON, A. C. Genotype by environment interactions in an Australia-wide radiata pine diallel mating experiment: implications for regionalized breeding. Forest Science, v. 51, n. 1, p. 29-40, 2005.

XAVIER, A. et al.. Melhoramento de *Eucalyptus* para produção de óleo essencial. In: SIMPÓSIO IPEF, 6., 1996, São Pedro. Anais... Piracicaba: IPEF, 1993. v. 3.

YAN, W. Singular-value partition for biplot analysis of multi-environment trial data. Agronomy Journal, v.94, n.5, p.990-996, 2002.

ZANATA, M. et al.. Parâmetros genéticos e ganhos na seleção em teste de progênies de polinização aberta de *Eucalyptus pellita*, Batatais–SP. Genetic parameters and gains with the selection in open pollinated progeny test of *Eucalyptus pellita*, in Batatais–SP. Revista do Instituto Florestal, 2010.

ZAPATA-VALENZUELA J. Use of analytical factor structure to increase heritability of clonal progeny tests of *Pinus taeda* L. Chil J Agric Res 72:309–315, 2012.

ZOBEL, R.W. et al. Statistical analysis of a yield trial. *Agronomy Journal*, v.80, p.388-393, 1988.