

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRONÔMICAS
CÂMPUS DE BOTUCATU

**PRODUTIVIDADE, ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE EM
PROGÊNIES DE *Eucalyptus grandis***

ALINE CRISTINA MIRANDA

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agronômicas da UNESP – Campus de Botucatu, para obtenção do título de Mestre em Ciência Florestal.

BOTUCATU – SP
Julho - 2012

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRONÔMICAS
CÂMPUS DE BOTUCATU

**PRODUTIVIDADE, ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE EM
PROGÊNIES DE *Eucalyptus grandis***

ALINE CRISTINA MIRANDA

Orientador: Prof. Dr. Mario Luiz Teixeira de Moraes

Co-orientador: Prof. Dr. Edson Seizo Mori

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agronômicas da UNESP – Campus de Botucatu, para obtenção do título de Mestre em Ciência Florestal.

BOTUCATU – SP
Julho - 2012

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA SEÇÃO TÉCNICA DE AQUISIÇÃO E TRATAMENTO DA INFORMAÇÃO -
SERVIÇO TÉCNICO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - UNESP - FCA
- LAGEADO - BOTUCATU (SP)

Miranda, Aline Cristina, 1986-
M672p Produtividade, estabilidade e adaptabilidade em progênies de *Eucalyptus grandis* / Aline Cristina Miranda. - Botucatu : [s.n.], 2012
vi, 56 f. : il., gráfs., tabs.

Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrônomicas, Botucatu, 2012

Orientador: Mario Luiz Teixeira de Moraes

Co-orientador: Edson Seizo Mori

Inclui bibliografia

1. Árvores - Melhoramento genético. 2. Características quantitativas. 3. Ecologia. 4. Eucalipto. 5. Método MHPRVG. 6. Zoneamento. I. Moraes, Mario Luiz Teixeira de. II. Mori, Edson Seizo. III. Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" (Campus de Botucatu). Faculdade de Ciências Agrônomicas. IV. Título.

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA "JÚLIO DE MESQUITA FILHO"
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRONÔMICAS
CAMPUS DE BOTUCATU
CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO: "PRODUTIVIDADE, ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE EM
PROGÊNIES DE *Eucalyptus grandis*"

ALUNA: ALINE CRISTINA MIRANDA

ORIENTADOR: PROF. DR. MARIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES
CO-ORIENTADOR: PROF. DR. EDSON SEIZO MORI

Aprovado pela Comissão Examinadora



PROF. DR. MARIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES



PROF. DR. ALEXANDRE MAGNO SEBBENN



PROF. DR. LEO ZIMBACK

Data da Realização: 19 de julho de 2012.

DEDICATÓRIA

A minha mãe Magda de Catia Marinis pelo incentivo e amor incondicional, aos meus queridos e amados irmãos Naiara Miranda e Péricles Gomes de Miranda Junior, e aos meus queridos e eternos avós Luzia (in memoriam) e Osvaldo (in memoriam) que mesmo tão longe ainda me dão força e exemplo para que eu continue meu caminho,

OFEREÇO

Ao meu futuro esposo Jansen Barrozo Fernandes que acima de tudo e de todos está sempre ao meu lado, compartilhando momentos especiais das nossas vidas. Agradeço pela paciência, cuidado, carinho e amor que você tem por mim.
Você me ensinou o que é o amor,

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Ao meu orientador Mário Luiz Teixeira de Moraes, por ter acreditado em mim, pelos ensinamentos transmitidos, sua confiança, dedicação, paciência, oportunidade de crescimento e pela sua amizade.

Ao Programa de Pós Graduação Ciência Florestal da Universidade Estadual Paulista, Campus de Botucatu, pela oportunidade da realização do curso de Mestrado.

Ao pesquisador Alexandre Magno Sebbenn pelos ensinamentos transmitidos, pela capacidade de ensino e competência, pelos conselhos e estímulo na profissão e principalmente pela amizade.

Ao Instituto de Pesquisa e Estudos Florestais - IPEF pelo apoio para que este trabalho pudesse ser desenvolvido, em especial ao Paulo Henrique Muller da Silva pelas contribuições fornecidas neste trabalho.

As Empresas Florestais participantes do Projeto Cooperativo do IPEF – População Núcleo, que disponibilizaram as áreas e de diferentes formas colaboraram para a realização deste estudo.

À Fundação de Amparo e Pesquisa do Estado de São Paulo – FAPESP pelo suporte financeiro através da concessão da bolsa de estudo e reserva técnica, possibilitando a realização deste trabalho.

As minhas colegas de república Camila, Beatriz e Edjane (ex-moradoras), Rafaela, Paula e Michele (atuais) pelos momentos de descontração e pela amizade.

A todos os profissionais e amigos que contribuíram direta ou indiretamente para a realização deste trabalho.

MUITO OBRIGADA!

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS

RESUMO.....	1
SUMMARY.....	3
1 INTRODUÇÃO.....	5
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	7
2.1 <i>Eucalyptus</i> – Histórico e melhoramento florestal no Brasil.....	7
2.1.1 <i>Eucalyptus grandis</i>	8
2.2 Melhoramento Genético Florestal.....	9
2.2.1 Teste de progênies.....	10
2.2.2 Parâmetros Genéticos.....	11
2.2.3 Análise via REML/BLUP.....	12
2.3 Interação genótipo x ambiente.....	13
2.4 Adaptação e estabilidade da espécie.....	15
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	18
3.1 Localização e caracterização das áreas experimentais.....	18
3.1.1 População de estudo.....	18
3.2 Estimativa de parâmetros genéticos e estatísticos.....	19
3.3 Ganho na seleção pelo método de Índice Multi-efeitos.....	22
3.4 Produtividade, estabilidade e adaptabilidade.....	23
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	25
4.1 Análise Individual.....	25
4.2 Análise Conjunta.....	32
4.3 Correlação entre ambientes.....	35
4.4 Ganho na seleção pelo método do Índice Multi-efeitos.....	37
4.5 Produtividade, estabilidade e adaptabilidade.....	40
5 CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	43
6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	44
APÊNDICE.....	52

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Caracterização dos locais em estudo das progênies de <i>Eucalyptus grandis</i>	19
Tabela 2. Estimativa dos parâmetros genéticos em progênies de <i>Eucalyptus grandis</i> aos 12 e 24 meses de idade.....	29
Tabela 3. Estimativa dos parâmetros genéticos em progênies de <i>E. grandis</i> aos 12 e 24 meses de idade.....	31
Tabela 4. Análise de Teste da razão de verossimilhança (LTR) para os caracteres quantitativos de progênies de <i>Eucalyptus grandis</i> , para os quatros locais, aos 12 e 24 meses de idade.....	32
Tabela 5. Estimativa de parâmetros genéticos para os quatro testes de progênies de <i>E. grandis</i> avaliados aos 12 e 24 meses de idade.....	34
Tabela 6. Estimativa do coeficiente de correlação genotípica (\hat{r}_{gloc}) e o Teste da razão de verossimilhança (χ^2) da análise conjunta entre os pares de locais para as variáveis ALT, DAP e volume, nos testes de progênies de <i>E. grandis</i> aos 12 e 24 meses de idade.....	36
Tabela 7. Seleção das progênies de <i>E. grandis</i> aos 24 meses de idade utilizando o Índice de Multi-efeitos (IME) com base no caráter DAP em 4 locais.....	39
Tabela 8. Seleção das melhores progênies de <i>E. grandis</i> com base no DAP, para estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG) e simultaneamente por produtividade, estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG) aos 24 meses de idade.....	40

RESUMO

O *Eucalyptus grandis* é uma das espécies mais plantadas no Brasil devido às características silviculturais e a sua adaptação a diferentes condições edafoclimáticas, o que possibilita resultados significativos de rendimento volumétrico. Diversas procedências e progênies vêm sendo estudadas com o propósito de se conhecer a estrutura genética destas populações, o que facilitará a obtenção de material genético adequado ao desenvolvimento de programas de melhoramento florestal no país. O objetivo deste trabalho foi realizar o zoneamento ecológico por meio da análise de estabilidade, adaptabilidade e produtividade de progênies de *Eucalyptus grandis*, utilizando-se do método MHPRVG (média harmônica da performance relativa dos valores genéticos) preditos por BLUP e estimar a variabilidade genética a partir de caracteres quantitativos. Foram instalados quatro testes de progênies de polinização aberta nos municípios de Anhembi, Avaré, Itararé e Pratânia. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com quatro e seis repetições e seis plantas por parcela. Um total de 153 a 160 tratamentos (progênies) foram avaliados para diâmetro a altura do peito, altura das árvores e volume, nos quatro ensaios as medições foram realizadas aos 12 e 24 meses de idade. Os parâmetros genéticos, para o estudo de estabilidade, adaptabilidade e produtividade dos genótipos de *E. grandis*, foram estimados por meio da metodologia REML/BLUP. Os altos valores encontrados para o coeficiente de variação genética demonstram que existe alta variabilidade genética entre as progênies, corroboradas com altas herdabilidades médias, os efeitos da interação genótipos x

ambientes foram significativos. O método da MHPRVG permitiu a seleção de progênies com alto potencial produtivo predito, classificadas simultaneamente por produtividade, estabilidade e adaptabilidade. Os valores elevados da herdabilidade média de progênies acima de 67% permitem antever o sucesso com a seleção das progênies superiores. O nível de acurácia foi ótimo acima de 85%, o que indica alta relação existente entre o valor genético verdadeiro e o predito. Dessa forma, a população estudada tem excelente potencial para responder com ganhos consideráveis na seleção e no aproveitamento da variabilidade total.

Palavras-chave: melhoramento florestal, zoneamento ecológico, MHPRVG, características quantitativas

PRODUCTIVITY, STABILITY AND ADAPTABILITY IN PROGENIES OF *Eucalyptus grandis*. Botucatu, 2012. 56 p. Dissertação (Mestrado em Ciência Florestal) – Faculdade de Ciências Agronômicas, Universidade Estadual Paulista.

Author: Aline Cristina Miranda

Adviser: Mario Luiz Teixeira de Moraes

Co-adviser: Edson Seizo Mori

SUMMARY

The *Eucalyptus grandis* is a species grown in Brazil due to forest features and their adaptation to different climatic conditions, which enables significant results of volumetric efficiency. Several provenances and progenies have been studied in order to understand the genetic structure of these populations, which will facilitate the acquisition of genetic material suitable for development of forest breeding programs in the country. The objective of this study was realize the ecological zoning through the analysis of stability, adaptability and productivity of progenies of *Eucalyptus grandis*, using the method MHPRVG (harmonic mean of the relative performance of the predicted genetic values) predicted by BLUP and estimate the genetic variability from quantitative traits. Were installed four sites of Open-pollinated progenies in the municipalities of Anhembi, Avaré, Itararé and Pratânia. Were established in a randomized complete blocks design with the families at each site numbering from 153 to 160, the blocks at each site numbering from four to six and the trees per plot ranging from to six, were evaluated for trees diameter at breast height, height and volume, at four sites measurements were at 12 and 24 months. The genetics parameters for study of stability, adaptability and productivity of genotype of *E. grandis*, were estimate by genetic REML/BLUP. The high values found for coefficient of genetic variation showing high genetic variability among progenies, corroborated with high heritability means, the effects of genotype x environments were significant. The method of MHPRVG allowed the selection of progenies with high yield potential predicted, classified simultaneous by productivity, stability and adaptability. The high values of heritability means of progenies above 67% progeny allow anticipating the successful selection of superior progenies. The level of accuracy was high of 85%, confirming high correlation between the true and predicted genetic values. Thus, the population studying

indicating that progenies have genetic variations and there is a possibility for selection and utilization of total variability.

Keywords: tree breeding, ecological zoning, MHPRVG, quantitative traits

1 INTRODUÇÃO

O anuário estatístico da ABRAF (2011) reporta que em 2010 a área total de florestas plantadas de *Eucalyptus* e *Pinus* no Brasil totalizou 6,5 milhões de hectares, sendo 73% correspondente à área de plantios com *Eucalyptus* e 27% a plantios de *Pinus*, apresentando um crescimento de 3,2% em relação ao total de 2009, dessa forma, as florestas plantadas com o gênero *Eucalyptus* são destaque no setor florestal brasileiro. Nesse avanço destaca-se o melhoramento florestal, que propiciou ganhos de grande magnitude, principalmente na produtividade volumétrica (CAIXETA et al., 2003). O *Eucalyptus grandis* é a espécie que se destaca no setor florestal por suas características de crescimento e adaptação as mais diferentes condições de clima e solo, tornando-se a espécie mais plantada no setor florestal brasileiro (MORA e GARCIA, 2000).

Devido à importância econômica das plantações comerciais, intensificou-se o interesse pelo melhoramento genético do eucalipto. Isso proporcionou o desenvolvimento de programas próprios para atender às necessidades de cada região. Por méritos dos trabalhos realizados nas últimas décadas, o Brasil possui hoje um dos mais importantes bancos de germoplasma do gênero *Eucalyptus*, com alta produtividade e adaptabilidade às suas regiões produtoras (LAVORANTI, 2003).

A condução de experimentos em vários locais é necessária para possibilitar melhor quantificação da interação genótipo ambiente. A interação genótipo x ambiente foi definida por Shelbourne (1972), como sendo a variação entre genótipos em resposta a diferentes condições ambientais. Os estudos dos parâmetros de adaptabilidade e

estabilidade fenotípica dos genótipos têm sido de grande contribuição nesse aspecto, pois fornecem informações sobre o comportamento de cada genótipo em várias condições ambientais (CRUZ et al., 2004).

Diferentes metodologias para avaliar a adaptabilidade e a estabilidade têm sido desenvolvidas e ou, aprimoradas. Tais procedimentos se baseiam em análises de variância, regressão linear, regressão não linear, análise multivariada e estatística não paramétrica (BASTOS et al., 2007).

Este trabalho teve como objetivo realizar o estudo de zoneamento ecológico por meio da análise de estabilidade, adaptabilidade e produtividade de progênies de polinização aberta de *Eucalyptus grandis*, utilizando-se do método MHPRVG (média harmônica da performance relativa dos valores genéticos) preditos por BLUP e estimar a variabilidade genética a partir de caracteres quantitativos.

Se o Brasil possui populações de *Eucalyptus grandis* procedentes de vários locais da Austrália, introduzidas em diferentes ocasiões, então a formação de um conjunto representativo destas populações representa a base genética desta espécie presente no país, o que permite encontrar material genético com produtividade, estabilidade e adaptabilidade.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 *Eucalyptus* - Histórico no Brasil

O gênero *Eucalyptus*, contém quase oitocentas espécies. O gênero ocorre naturalmente na Austrália, Indonésia e Papua Nova Guiné, entre latitudes de 13° a 43°, altitudes que vão do nível do mar até 4.000 m, e em regiões sem déficit hídrico e até de 300 mm (FAO, 2000). Este gênero pertence à família Myrtaceae, subfamília Leptospermoideae, e o sub-gênero *Symphyomyrtus* é o grupo que apresenta a maior parte das espécies cultivadas no mundo, apresentando nove seções, das quais três contém praticamente todas as espécies mais cultivadas: Seção *Transversaria* (*E. grandis*; *E. saligna*, *E. urophylla*); Seção *Exsertaria* (*E. camaldulensis*, *E. exserta*, *E. tereticornis*) e Seção *Maidenaria* (*E. globulus*, *E. viminalis*) (PRYOR, 1976). Recentemente os subgêneros *Corymbiae* e *Blakella*, foram separados do gênero dos *Eucalyptus* em um novo gênero denominado *Corymbia* (“bloodwoods”), esse último recentemente re-descrito (HILL e JOHNSON, 1995).

As primeiras mudas de eucalipto que chegaram ao Brasil foram plantadas no Rio Grande do Sul em 1868, por Frederico de Albuquerque, com as espécies *E. globulus*, *E. amygdalina* e *E. polyanthemo*. No mesmo ano, também foram plantados alguns exemplares na Quinta da Boa Vista, no Rio de Janeiro (SANTOS, 1996).

Os diversos usos como produção de madeira para celulose, carvão, serraria e produção de óleos essenciais, explicam a sua grande dispersão antrópica (RAMALHO, 1995). Algumas espécies são de grande plasticidade genotípica e dispersão mundial, crescendo satisfatoriamente em grande amplitude edafoclimática, extrapolando as regiões de origem (ELDRIDGE, 1975). No entanto, as espécies apresentam diferenças fundamentais quanto às respostas aos estímulos de cada ambiente (QUIQUI et al., 2001). Portanto, a avaliação de espécies e procedências é fundamental para se iniciar um programa de melhoramento e é imprescindível a realização de ensaios para avaliação da sua capacidade de adaptação em cada local (FERREIRA, 1992).

2.1.1 *Eucalyptus grandis*

No Brasil o *E. grandis* é a espécie mais cultivada, devido às suas características silviculturais desejáveis, propriedades tecnológicas de sua madeira, importância econômica e a aplicabilidade da madeira para diversos fins, aliada à grande variabilidade genética. Essa espécie já vem sendo melhorada e tem se destacado dentro do gênero, como a melhor em desenvolvimento nos plantios comerciais para as regiões subtropicais (KAGEYAMA, 1980; MORAES, 1987).

O *E. grandis* é nativo da costa leste da Austrália desde Queensland até New South Wales (26° à 33° latitude sul) e Atherton Tablelands (13° latitude sul) (MARTINS, 2007) (Figura 1). A área de distribuição de origem apresenta clima subtropical úmido, com temperatura mínima média dos meses mais frios de 2 a 10 °C e temperatura máxima média dos meses mais quentes de 29 °C. (MARTINS, 2007).

Em toda a área de ocorrência natural não ultrapassa 100 km da costa litorânea e a altitude varia desde o nível do mar até 600 m. Ao norte varia de 400 m a 1.250 m de altitude e pode distanciar até a 450 km da costa litorânea (ELDRIDGE et al., 1994). Ocorrendo em solos aluviais ou de origem vulcânica nos vales e planícies ao longo da costa leste australiana, estendendo-se até o limite de Queensland (Nova Gales do Sul). Existem outras duas populações que se estendem ao planalto de Atherton que cresce em solos profundos e drenados (BOLAND et al., 1984).

MORA e GARCIA (2000) relatam que o *E. grandis* supera qualquer outra espécie de *Eucalyptus* pelo incremento volumétrico em condições ambientais adequadas, sendo a espécie do gênero mais plantada no Brasil e também pela sua plasticidade genética, muito utilizada na obtenção de híbridos e na clonagem de árvores selecionadas.

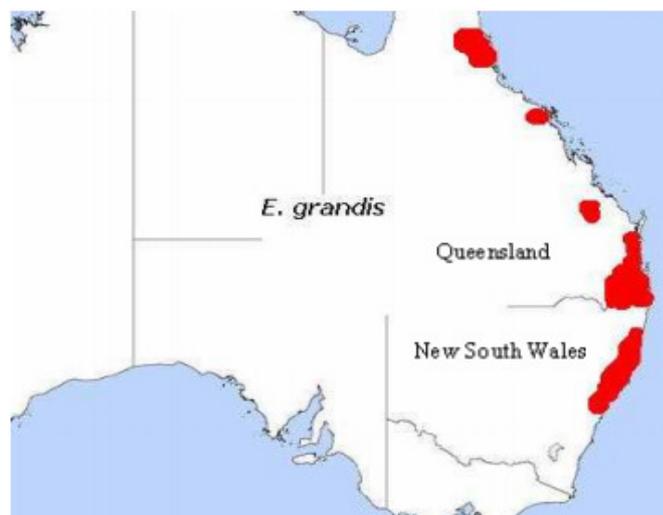


Figura 1. Área de ocorrência de *Eucalyptus grandis* na Austrália (Fonte: Wikipédia, 2011)

2.2 Melhoramento Genético Florestal

Os principais obstáculos na prática do melhoramento genético de espécies florestais são o tempo necessário para completar um ciclo de seleção e recombinação de indivíduos para características quantitativas e que se expressam somente em idades mais avançadas, e a dificuldade em selecionar de uma forma eficiente a ponto de indivíduo (QUOIRIN e VIEIRA, 1995). O estabelecimento de estratégias eficientes de melhoramento depende essencialmente do prévio conhecimento dos mecanismos genéticos responsáveis pela herança do caráter que se deseja melhorar (RESENDE, 2002).

2.2.1 Teste de progênies

A utilização dos ensaios de progênies tanto a partir de sementes de polinização livre quanto de cruzamentos controlados, representa um dos mais vantajosos mecanismos para o melhoramento florestal (KAGEYAMA, 1980). Os testes de progênies são utilizados comumente para se estimar valores genéticos de matrizes e a classificação de matrizes pelas performances das suas progênies (ROUTSALAINEN e LINDGREEN, 1998).

A melhor maneira de avaliar o valor genotípico dos pais selecionados é cultivar sua progênie de forma que seja possível uma avaliação de seus valores como reprodutores (teste de progênie). Além da determinação do valor dos pais, o teste de progênie tem em longo prazo um uso de igual ou até mesmo de maior importância, que é seu emprego como fonte de material genético. O método para seleção consiste em separar os melhores indivíduos das melhores progênies e incluí-los nos pomares de segunda geração (KAGEYAMA, 1980). Os testes que envolvem progênies de polinização livre são amplamente utilizados, dado o seu baixo custo e o grande número de informações recebidas, assim como a possibilidade de serem transformados em pomares de sementes por mudas (KITZMILLER, 1983).

Os testes de progênies são realizados quando se deseja testar a superioridade que visualmente certo indivíduo apresenta. Pelo teste de progênies, é possível saber se certo indivíduo superior aparentemente é devido à sua constituição genética superior, ou se é devido a uma condição ambiental favorável (ASSIS, 1996).

Algumas abordagens como estratégias de determinação do número de plantas por progênie, o número de progênies necessárias para conservação *ex situ* de população de espécies arbóreas, focando detalhes importantes sobre conceitos genéticos e informações sobre o sistema de reprodução, como no caso de espécies com sistema misto de reprodução são descritas por Sebbenn (2003 a,b). Em alguns casos pode-se ter a insegurança quanto à existência de parentesco entre os indivíduos, é possível encontrar em teste de polinização livre a ocorrência de sementes de autofecundação, além disso, podem-se ter descendentes que são irmãos completos, irmãos completos endogâmicos e meios irmãos endogâmicos (SEBBENN, 2003a). O valor da semente de polinização aberta para a estimativa da variância aditiva entre progênies é diminuído pelo provável erro devido à endogamia

natural. A taxa do ganho genético e seu conhecimento para a genética florestal dependem, em parte, da obtenção de precisas e não enviesadas variâncias genéticas (NAMKOONG, 1966).

2.2.2 Parâmetros Genéticos

A obtenção de populações melhoradas que satisfaçam as exigências da produtividade florestal depende da capacidade de identificar genótipos desejados na população sob seleção (KAGEYAMA, 1980). Estimativas de parâmetros genéticos e predição de ganhos a partir dos testes de progênies têm sido utilizadas como subsídio na definição de estratégias de melhoramento mais adequadas por gerarem informações sobre o potencial genético de indivíduos, progênies e clones, entre outros a serem selecionados e/ou recombinados para um novo ciclo de seleção (RESENDE, 1991; FERNANDES et al., 2004).

As estimativas dos componentes de variância e de parâmetros genéticos são necessárias para a predição de valores genéticos. Segundo Resende (1999) as estimativas dos componentes de variância podem ser realizadas pelo método de quadrados mínimos, para situações de dados balanceados ou pelo método da máxima verossimilhança restrita, para a situação de dados desbalanceados, dentre outros.

Os parâmetros genéticos que interessam ao melhorista, sendo frequentemente visados nos estudos envolvendo progênies, se referem às variâncias genéticas em suas componentes aditivas e não-aditivas, ao coeficiente de herdabilidade tanto no sentido amplo como restrito, às interações dos efeitos genéticos e ambientais e, finalmente, às correlações genéticas entre caracteres (ROBINSON e COCKERHAM, 1965).

O melhoramento pode se basear em estimativas de parâmetros genéticos populacionais que permitem inferir sobre o controle genético dos caracteres, a comparação entre métodos de seleção e a estimação do progresso genético esperado com a seleção. No caso de plantas perenes, a obtenção destas estimativas é ainda mais importante do que em plantas anuais, devido ao longo ciclo dessas espécies, a decisão dos melhoristas deve ser a mais exata possível. Por isso, é necessário que os experimentos de campo sejam bem delineados e bem conduzidos, a fim de se obter estimativas confiáveis (BISON, 2004).

Dentre os parâmetros, a herdabilidade é um dos mais importantes, pois mede a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo (FALCONER,

1989). Não é um parâmetro constante, pois as estimativas de herdabilidade variam em função do caráter, do método de estimação, da variabilidade genética na população, do nível de endogamia da população, do tamanho da amostra avaliada, do número e tipo de ambientes considerados, da unidade experimental considerada, da precisão na condução do experimento e da coleta de dados (BOREM, 1998). Devido a isso, o coeficiente de herdabilidade participa quase sempre, de todas as formulas relacionadas com a predição de ganho genético dos métodos de melhoramento e, também, de inúmeras decisões praticas.

Para a obtenção de ganhos genéticos ressalta-se a importância do monitoramento da base genética, a fim de evitar perdas excessivas de variabilidade, o que compromete os objetivos do programa de melhoramento (MORI, 1993).

Na seleção entre e dentro de progênies, frações da variação genética aditiva não são consideradas na seleção, pois são retidas nos efeitos de parcela e de blocos. Desse modo, Resende e Higa (1994) sugerem que com a utilização de todos os efeitos do modelo é possível conseguir a maximização na precisão da seleção, embora, em muitos casos as inclusões dos efeitos de parcela e blocos podem pouco alterar a seleção. Assim, por considerar todos estes efeitos, os autores propõem a utilização do Índice Multi-efeitos, que usa ocasionalmente o efeito de parcela e, para o caso balanceado, o Índice Multi-efeitos é a melhor predição linear não-viciada (BLUP), ao passo que as formas de seleção combinada (usando o valor individual como desvio da média da parcela ou como desvio da média do bloco) não são BLUP (RESENDE e FERNANDES, 1999).

2.2.3 Análise via REML/BLUP

No melhoramento de espécies arbóreas o uso de técnicas de avaliação genética, com base em modelos mistos do tipo REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada) é fundamental para a predição de valores genéticos aditivos e genotípicos de indivíduos com potencial para seleção, tanto em nível intrapopulacional como interpopulacional (RESENDE e DIAS, 2000). O procedimento REML/BLUP vem sendo aplicado com sucesso no melhoramento de espécies perenes no Brasil, como a *Malpighia emarginata* (PAIVA et al., 2002), a *Teubroma cacao* (RESENDE e

DIAS, 2000), a *Hevea brasiliensis* (COSTA et al., 2002) *Eucalyptus* (RESENDE et al., 1993) e *Pinus* (RESENDE et al., 1996).

O procedimento de predição foi denominado BLUP por Henderson (1973) e citado por Resende (2002), para designar “melhor predição linear não viciada” de variáveis aleatórias. Tal procedimento ajusta os dados para os efeitos ambientais inidentificáveis (tais como os efeitos de bloco, do ano de medição, do local de plantio, dentre outros) e simultaneamente prediz os valores genéticos dos indivíduos candidatos a seleção (RESENDE, 2002).

O Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) é atualmente o método padrão para a estimação dos componentes de variância, a partir de dados não balanceados em espécies arbóreas (PATTERSON e THOMPSON, 1971). O método REML permite produzir estimativas ou predições mais acuradas de efeitos de tratamentos quando existem dados perdidos nos experimentos. As predições dos efeitos aleatórios são forçadas em direção à média geral, penalizando estimativas baseadas em pequenas amostras. Permitem o ajuste de diferentes variâncias de cada grupo de tratamento, ou seja, permite considerar variâncias heterogêneas, resolvem o problema de estimação quando se tem dados perdidos, a modelagem da estrutura de correlação em experimentos com dependência espacial, medidas repetidas e em múltiplos experimentos (RESENDE, 2004).

2.3 Interação Genótipo x Ambiente

A resposta diferenciada dos genótipos nos vários ambientes conhecida como interação de genótipos com ambientes (EBERHART e RUSSEL, 1966) é um fenômeno natural que faz parte da evolução das espécies. Seus efeitos permitem o aparecimento de genótipos estáveis ou aptos a um ambiente específico, assim como, de comportamento geral aptos a vários ambientes (LAVORANTI, 2003). Segundo Vencovsky e Barriga (1992), a interação genótipo x ambiente (G x E) é de natureza genética, mas não no sentido usual e sim em decorrência de instabilidades das manifestações genotípicas entre ambientes.

O principal objetivo de um programa de melhoramento é selecionar genótipos consistentes e elevada produtividade, para os mais diversos ambientes (MATHESON e RAYMOND, 1986). O êxito do melhoramento genético está associado à

capacidade de acerto na escolha dos melhores indivíduos que serão os genitores das próximas gerações, sendo um dos grandes desafios à união desta escolha com adequada recomendação de genótipos que são influenciados diretamente pelos diversos fatores do ambiente. Para minimizar os efeitos da interação G x E na escolha de genótipos, existem pelo menos três opções possíveis: realizar o zoneamento ecológico, identificar genótipos específicos para cada ambiente, e identificar genótipos com maior estabilidade (RAMALHO et al., 1993).

A interação G x E pode ser simples quando a causa é a diferença entre genótipos e não provoca inversão na classificação dos mesmos; ou complexa quando a causa é a falta de correlação entre genótipos causando uma inversão no “ranqueamento”, a interação complexa dificulta a seleção de genótipos de adaptação ampla (MAIA et al., 2009).

Apesar da sua grande importância para o melhoramento, a simples análise da interação G x E não proporciona informações completas e exatas sobre o comportamento de cada genótipo frente às variações ambientais (CRUZ e REGAZZI, 1994). As causas da interação G x E podem ser atribuídas a fatores fisiológicos, adaptativos e relativos à escala de mensuração das variáveis, entre outros (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

Existem caracteres que não sofrem grandes alterações com as variações ambientais, porém, os caracteres de maior interesse econômico geralmente são quantitativos e, portanto, pequenas variações no ambiente são suficientes para provocar modificações fenotípicas significativas, como a produção volumétrica de madeira nas espécies florestais (PATIÑO VALERA et al., 1988).

Quando os testes de avaliação dos genótipos são conduzidos em um só ambiente a variância genética pode ficar superestimada, ou seja, pode conter componentes da interação G x E. Sua magnitude na expressão fenotípica do caráter pode reduzir a correlação entre fenótipo e genótipo, alterar a variância genética e por sua vez, parâmetros dependentes desta, como herdabilidade e ganho genético esperado com a seleção (ROCHA e VELLO, 1999). No entanto, ao avaliar o mesmo indivíduo em vários ambientes surge frequentemente um componente adicional que influencia o seu valor fenotípico, que é denominado interação entre os efeitos genotípicos e os ambientais. Essa interação quantifica o comportamento diferenciado dos genótipos diante das variações ambientais (RESENDE, 2002). A interação G x E refere-se à estabilidade e adaptabilidade dos materiais genéticos, pequena variação no comportamento dos ambientes e à capacidade de resposta dos materiais genéticos à melhoria

do ambiente (RESENDE, 2005). A escolha de genótipos com alta produtividade, adaptabilidade e estabilidade é uma das alternativas para minimizar os efeitos da interação G x E (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

Para tal objetivo, devem ser realizadas análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica, pelas quais se torna possível à identificação de genótipos com comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientais em condições específicas ou amplas (CRUZ e REGAZZI, 1994). Análises de adaptabilidade e estabilidade decompõem informações sobre o comportamento de cada genótipo frente às oscilações ambientais (MAIA et al., 2009).

2.4 Adaptabilidade e Estabilidade da Espécie

A avaliação de variedades ou de progênes que visa à identificação e recomendação de materiais genéticos superiores, é uma das principais etapas dos programas de melhoramento. Os testes são conduzidos em diferentes condições climáticas, edáficas e manejo, as progênes devem apresentar a maior produtividade, adaptabilidade e estabilidade possível diante da diversidade ambiental. Deve-se escolher uma metodologia apropriada para seleção, para tornar a recomendação a mais adequada possível (PINTO JUNIOR et al., 2006; SCAPIM et al., 2010).

Existem diversas definições e interpretações para adaptabilidade e estabilidade, suas diferenças provêm dos vários conceitos empregados e dos diferentes procedimentos utilizados.

Adaptação e estabilidade, embora sejam fenômenos relacionados não devem ser considerados como um único fenômeno (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992). A adaptabilidade do material genético é a capacidade de o indivíduo sobreviver, crescer e se reproduzir nas condições ambientais do local de introdução é ponto básico a ser considerado em estudos de melhoramento genético de plantas. A eficiência de adaptação das espécies depende de uma série de influências bióticas e de interações edafoclimáticas (LOPEZ e FORNÉS, 1997).

A estabilidade por outro lado, é a capacidade de um genótipo exibir um desempenho o mais constante possível, em função de variações na qualidade ambiental.

Assim, as respostas diferenciadas dos genótipos às diferentes condições do ambiente, reforçam a importância de estudos dessa natureza que aliados à necessidade de alta produtividade e à qualidade dos materiais genéticos nos vários ambientes, tornam-se umas das principais estratégias dos programas de melhoramento florestais (LAVORANTI, 2003).

Os métodos de Annicchiarico (1992) ou de Lin e Binns (1988) que incorporam medidas de estabilidade e a adaptabilidade em uma única estatística têm sido enfatizados e recomendados por Cruz e Carneiro (2003).

Dos modelos mistos, um método para ordenamento de genótipos simultaneamente por seus valores genéticos (produtividade) e estabilidade, refere-se o procedimento BLUP sob médias harmônicas (RESENDE, 2002). Neste caso, o vetor de dados (y) deve ser trabalhado como a recíproca dos dados observados, ou seja, $(1/y)$. Isto produz resultados que é função $(1/H)$ da média harmônica (H) dos dados. Quanto menor for o desvio padrão do comportamento genotípico através dos locais, maior será a média harmônica de seus valores genotípicos. Assim, a seleção pelos maiores valores da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) implica simultaneamente seleção para produtividade e estabilidade. Adicionalmente, o uso da transformação $1/y$ considera também a instabilidade dentro dos locais.

Resende (2004) salienta que um modelo univariado considerando-se todos os locais simultaneamente, é adequado para a seleção tendo como alvo a produtividade média ao longo de todos os ambientes. No entanto, um modelo mais completo pode permitir inferências adicionais, tais como: seleção de genótipos específicos para cada local; seleção de genótipos estáveis através dos locais; seleção de genótipos responsivos (com alta adaptabilidade) à melhoria do ambiente; e seleção pelos três atributos (produtividade, estabilidade e adaptabilidade), simultaneamente. Este tipo de seleção pode ser realizado pelo método da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG), apresentando as seguintes vantagens, quando comparado com outros métodos (STURION e RESENDE, 2005):

- (i) considera os efeitos genotípicos como aleatórios;
- (ii) permite lidar com heterogeneidade de variâncias;
- (iii) permite lidar com dados não balanceados;

- (iv) permite lidar com delineamentos não ortogonais;
- (v) considera os erros correlacionados dentro de locais;
- (vi) fornece valores genéticos já descontados da instabilidade; e
- (vii) gera resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado.

O método MHPRVG conduz a resultados semelhantes aos obtidos pelos métodos descritos por Lin e Binns (1988) e Annicchiarico (1992). Em estudos com espécies perenes (PINTO JUNIOR et al., 2006; MAIA et al., 2009; VERARDI et al., 2009) mostraram que a metodologia MHPRVG é vantajosa, por ponderar a informação por progênie e indivíduo, além de propiciar uma seleção otimizada de indivíduos, levando em conta a adaptabilidade, estabilidade e produtividade média das progênies.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Localização e caracterização das áreas experimentais

3.1.1 População de estudo

Para este estudo os testes de progênies de polinização aberta de *E. grandis* foram instalados em quatro localidades, cujas progênies representam boa parte da base genética para esta espécie no país. Esses materiais foram compostos pelo Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais – IPEF/ESALQ/USP. As progênies são provenientes de 10 procedências originárias de Coffs Harbour e Artherton. As áreas experimentais pertencem a empresas florestais e ao Departamento de Ciências Florestais da ESALQ/USP, estando localizadas em diferentes municípios do estado de São Paulo: Anhembi, Avaré, Itararé e Pratânia (Tabela 2), todos implantados no ano de 2009. O clima dos locais (Anhembi, Avaré e Pratânia), segundo a classificação de Köppen, é do tipo Cwa (temperado úmido com inverno seco e verão quente) e Cfa (Itararé) clima temperado úmido com verão quente. Os solos foram classificados como Latossolo Vermelho Distrófico (Avaré, Itararé e Pratânia) e Neossolo Quartzarênico (Anhembi) classificação da EMBRAPA (1999).

Tabela 1. Caracterização dos locais em estudo das progênies de *Eucalyptus grandis*

Local	Nº de progênies	Latitude (S)	Longitude (W)	Altitude (m)	TMA (°C)	Tm (°C)	TM (°C)	PP (mm)	Solo
1 Anhembi	153	22°28'	48°07'	472	22,0	18,5	25,2	1300	RQ
2 Avaré	160	23°05'	48°55'	766	24,1	16,4	24,0	1274	LVd
3 Itararé	160	24°06'	49°19'	740	17,0	15,0	23,0	1549	LVd
4 Pratânia	154	22°50'	48°49'	685	21,0	17,1	23,7	1361	LVd

TMA significa temperatura média anual; Tm = temperatura mínima; TM = temperatura máxima; PP = precipitação pluviométrica; RQ = Neossolo Quartzarênico; LVd = Latossolo Vermelho distrófico

O delineamento estatístico utilizado foi o de blocos completos casualizados com tratamentos (progênies) variando de 153 a 160, com quatro repetições (Anhembi, Itararé e Pratânia) e seis repetições (Avaré), seis plantas por parcela e espaçamento de 3 x 2 metros e bordadura externa dupla. Foi avaliado em todos os testes, o diâmetro à altura do peito (DAP), a altura total da árvore (ALT), sobrevivência (SOB) das plantas e o volume (VOL) foi calculado pela expressão:

$$v = \pi(DAP/200)^2 h/F_f$$

sendo, h altura e F_f o fator de forma (0,5) as variáveis foram estimadas aos 12 e 24 meses de idade.

3.2 Estimativa de Parâmetros Genéticos e Estatísticos

As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pelo método REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada), empregando-se o programa genético-estatístico SELEGEN-REML/BLUP, desenvolvido por Resende (2007b).

As variáveis quantitativas foram analisadas pela metodologia do modelo linear misto (aditivo univariado) - REML/BLUP, aplicado aos testes de progênies de polinização aberta (assumindo progênies de meios-irmãos), delineamento blocos ao acaso, várias plantas por parcela, em um local e uma única população, seguindo o procedimento proposto por Resende (2002 e 2007a):

$$y = Xr + Za + e$$

em que: y = vetores de dados; r = vetores dos efeitos de blocos (fixos); a = vetores dos efeitos genéticos aditivos (aleatórios); e = vetores dos efeitos de erros aleatórios; X, Z = matrizes de incidência para r e a , dos respectivos efeitos.

a) Variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$);

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

b) Variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_c^2$);

$$\hat{\sigma}_c^2 = [\hat{c}' \hat{c} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr} C^{33}] / s_1$$

c) Variância residual (ambiental + não aditiva) ($\hat{\sigma}_e^2$);

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

onde C^{22} e C^{33} vem da inversa de C .

C : matriz dos coeficientes das equações de modelo misto.

tr : operador traço matricial.

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

N, q, s : números de dados, de indivíduos e de parcelas, respectivamente.

d) Variância fenotípica individual ($\hat{\sigma}_f^2$):

$$\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2$$

e) Herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos (\hat{h}_a^2):

$$\hat{h}_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

f) Herdabilidade da média de progênes, assumindo sobrevivência completa (\hat{h}_m^2):

$$\hat{h}_m^2 = \frac{(1/4).\hat{\sigma}_a^2}{(1/4).\hat{\sigma}_a^2 + \frac{\hat{\sigma}_c^2}{r} + \frac{(0,75.\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2)}{n.r}}$$

g) Herdabilidade aditiva dentro de parcela (\hat{h}_{ad}^2):

$$\hat{h}_{ad}^2 = \frac{0,75.\hat{\sigma}_a^2}{0,75.\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2}$$

h) Coeficiente de variação genética aditiva individual (evolabilidade, HOULE, 1992) (CV_{gi}):

$$CV_{gi} (\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_a^2}}{\hat{m}} .100$$

i) Coeficiente de variação genotípica entre progênes (CV_{gp}):

$$CV_{gp} (\%) = \frac{\sqrt{0,25.\hat{\sigma}_a^2}}{\hat{m}} .100$$

j) Coeficiente de variação experimental (CV_e):

$$CV_e (\%) = \frac{\sqrt{[(0,75.\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2)/n] + \hat{\sigma}_c^2}}{\hat{m}} .100; \text{ em que: n: número de plantas por parcela.}$$

k) Coeficiente de variação relativa (CV_r):

$$CV_r = \frac{CV_{gp}}{CV_e}$$

l) Acurácia da seleção de progênes, assumindo sobrevivência completa ($r_{\hat{a}a}$):

$$r_{\hat{a}a} = \sqrt{\hat{h}_m^2}$$

m) Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (\hat{C}_{parc}^2):

$$\hat{C}_{parc}^2 = \frac{\hat{\sigma}_c^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

3.3 Ganho na Seleção pelo Método do Índice Multi-efeitos

O Índice Multi-efeitos foi empregado objetivando a estimativa de ganhos na seleção, com base no DAP (RESENDE, 2002).

Uma das vantagens da seleção pelo método multi-efeitos é a redução do peso dado à média geral das progênes, permitindo assim uma melhor distribuição dos indivíduos selecionados nas várias matrizes. O Índice Multi-efeitos possui a expressão (\hat{I}):

$$\hat{I} = \hat{b}_1 Y_{ijk} + (\hat{b}_2 - \hat{b}_3) \bar{Y}_{i..} + (\hat{b}_3 - \hat{b}_1) \bar{Y}_{ij.} - \hat{b}_3 \bar{Y}_{.j.} + (\hat{b}_3 - \hat{b}_2) \bar{Y}_{...}$$

em que: $\bar{Y}_{...}$: média geral do ensaio; Y_{ijk} : valor individual; $\bar{Y}_{i..}$: média da matriz no ensaio; $\bar{Y}_{ij.}$:

média da progênes em determinado bloco (média da parcela); $\bar{Y}_{.j.}$: média do bloco; $\hat{b}_1 = \hat{h}_d^2$:

herdabilidade no sentido restrito dentro de parcelas: $\hat{h}_d^2 = \frac{(3/4) \cdot \hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_d^2}$; $\hat{b}_2 = \hat{h}_m^2$: herdabilidade no

sentido restrito de progênes: $\hat{h}_m^2 = \frac{[(3 + n \cdot b)/(4 \cdot n \cdot b)] \cdot \hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_p^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{r} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{n \cdot r}}$; $\hat{b}_3 = \hat{h}_p^2$: herdabilidade no sentido

restrito de parcelas: $\hat{h}_p^2 = \frac{[3/(4 \cdot n)] \cdot \hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_e^2 + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{n}}$. O termo “herdabilidade” foi aqui utilizado para denotar

a fração do diferencial de seleção retido na descendência. Para o caso balanceado, o método do Índice Multi-efeitos equivale ao procedimento de melhor predição linear não viciada (BLUP) individual, conforme demonstrado por Resende e Fernandes (1999).

O tamanho efetivo populacional (N_e) será obtido com base em Resende (2002):

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

em que: \bar{k}_f = número médio de indivíduos selecionados por matriz; σ_{kf}^2 = variância do número de indivíduos selecionados por matriz; N_f = nº de matrizes selecionadas.

A diversidade genética (D), após a seleção, será quantificada conforme Wei e Lindgren (1996), citados por Resende (2002): $D = N_{ef} / N_{fo}$, em que $0 < D \leq 1$; N_{fo} = número original de matrizes, N_{ef} = número efetivo de matrizes selecionadas, sendo dado por:

$$N_{ef} = (\sum k_f)^2 / \sum k_f^2$$

3.4 Produtividade, Estabilidade e Adaptabilidade

Para a estimativa da estabilidade e adaptabilidade dos genótipos de *E. grandis*, foi utilizado o método MHPRVG (média harmônica da performance relativa dos valores genéticos) preditos por BLUP tendo por base os trabalhos de Resende (2004) e Oliveira et al., (2005). A estabilidade corresponde a Média Harmônica dos Valores Genotípicos através dos locais (MHVG); a adaptabilidade, então pode ser dita como a Performance Relativa dos Valores Genotípicos em relação a média de cada local (PRVG) e a estabilidade e adaptabilidade simultaneamente (Produtividade, representada pelo caráter DAP) corresponde a Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos (MHPRVG). Dessa forma, o modelo estatístico utilizado será:

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

em que: y, r, g, p, i, e = vetores de dados dos efeitos fixos (média de blocos), aleatórios (efeito genético das progênies, da interação genótipo x ambiente e do erro), respectivamente. X, Z e W = matrizes de incidência de r, g e c, respectivamente. Assim, aos parâmetros estimados nas análises individuais deve-se adicionar a:

a) Variância da interação genótipo x ambiente ($\hat{\sigma}_i^2$);

b) Variância fenotípica da análise conjunta ($\hat{\sigma}_F^2$): $\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_A^2 + \hat{\sigma}_C^2 + \hat{\sigma}_i^2 + \hat{\sigma}_E^2$;

Em que: $\hat{\sigma}_A^2$ (variância genética aditiva); $\hat{\sigma}_C^2$ (variância ambiental entre parcelas) e $\hat{\sigma}_E^2$ (variância residual (ambiental + não aditiva)) serão obtidas na análise conjunta.

c) Coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente (\hat{C}_i^2):

$$\hat{C}_i^2 = \frac{\hat{\sigma}_i^2}{\hat{\sigma}_F^2}$$

d) Correlação genotípica entre o desempenho das progênes nos vários ambientes (\hat{r}_{gloc}):

$$\hat{r}_{gloc} = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_A^2 + 4\hat{\sigma}_i^2}$$

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análise Individual

O efeito de progênies foi altamente significativo para todos os caracteres em todos os locais indicando a existência de diferenças genéticas. O caráter SOB foi significativo no sítio de Avaré (12 e 24 meses), Itararé (24 meses) e Pratânia (12 e 24 meses) mostrando que há diferença significativa entre as progênies nesses locais. Em geral observou-se baixo percentual de falhas nas parcelas nos dois anos em estudo, mostrando o potencial de adaptação do material genético nas condições estudadas. Nos locais 1, 2 e 4 as médias dos caracteres ALT, DAP e VOL tiveram poucas diferenças, quando comparadas ao local 3 (Tabela 2).

As progênies demonstraram um crescimento adequado ao longo de dois anos e em todos os locais. As variáveis ALT, DAP e VOL tiveram médias de 6,39 m, 5,51 cm e 0,010 m³/árvore aos 12 meses. As médias aos 24 meses para ALT, DAP e VOL foram de 12,93 m, 9,69 cm e 0,05 m³/árvore. As médias evidenciam o potencial das progênies às diferentes condições edafoclimáticas estudadas indicando potencial para seleção de indivíduos que sejam melhores adaptados, o que proporciona ganhos com a seleção (Figura 2).

Em Itararé ocorreu uma alta incidência de *Puccinia psidii*, afetando o crescimento das progênies, diferenciando a média geral dos outros experimentos. Isso evidencia a adaptação ao local dos testes de progênies e da resistência dos genótipos a doenças.

O coeficiente de variação experimental ($CV_e(\%)$) obtido das análises de variância individuais para ALT foram médios: 19,03% aos 12 meses e aos 24 meses 13,27% (Itararé), enquanto que para o DAP houve oscilação entre os anos (38,09% aos 12 meses (Itararé) e 14,43% aos 24 meses (Pratânia)) e para o VOL variou de 74,67% no primeiro ano a 35,70% (Itararé) aos 24 meses de idade, entre os locais houve pouca diferença para todos os caracteres, isso é comumente encontrado para essa variável, em experimentos florestais (KAGEYAMA e VENCOVSKY, 1983; GARCIA e NOGUEIRA, 2005; FREITAS et al., 2009).

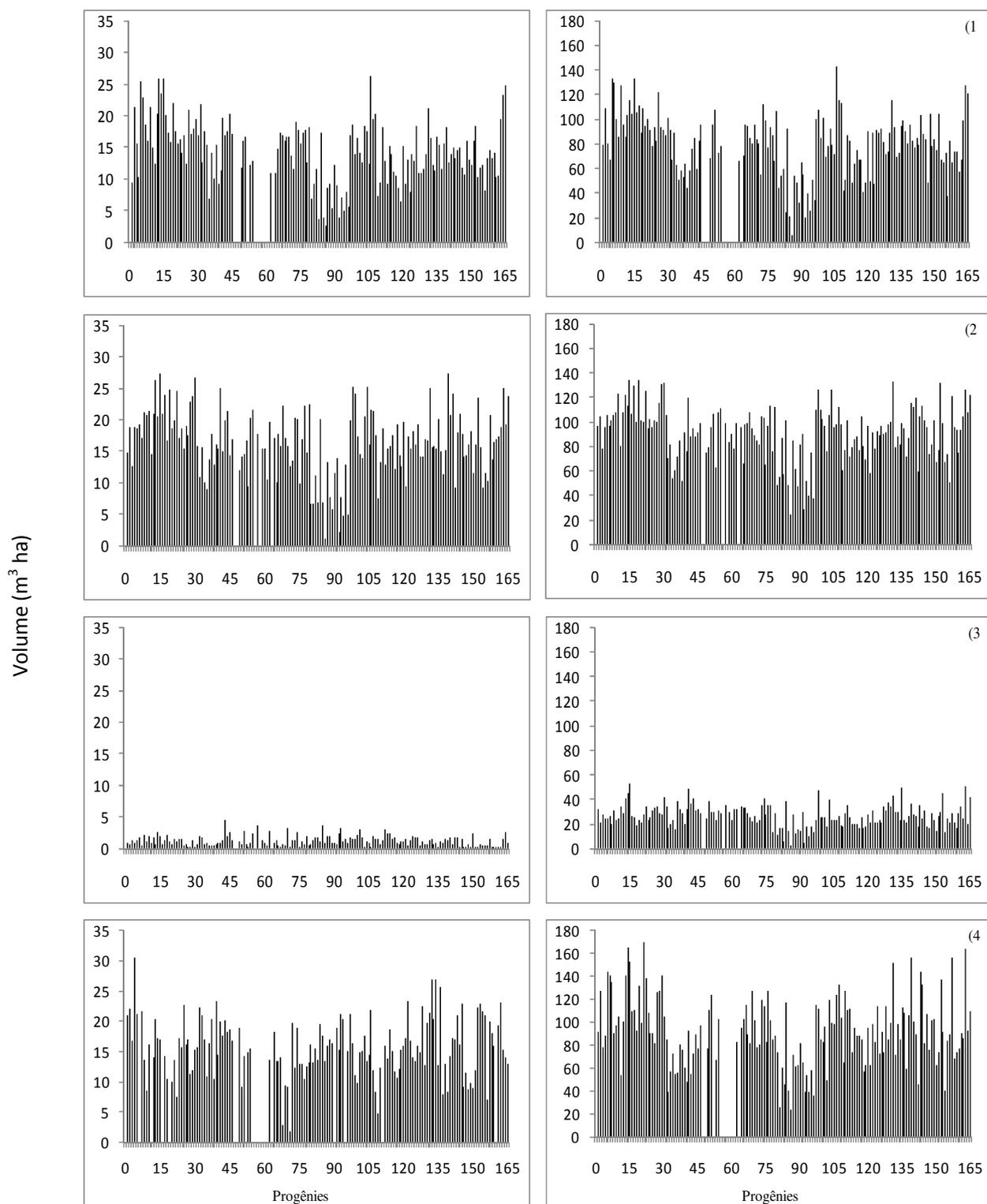


Figura 2. Média do crescimento das progênes de *Eucalyptus grandis* aos 12 e 24 meses de idade (1 = Anhembi; 2 = Avaré; 3 = Itararé e 4 = Pratânia)

Os coeficientes de variação genética aditiva individual (CV_{gi} (%)) mostraram a existência de variabilidade genética. Quanto maior esse valor, maior a facilidade de encontrar indivíduos superiores que irão proporcionar ganhos com a seleção. Para Sebbenn et al., (1998) um coeficiente de variação genética acima de 7 % é considerado alto. Os CV_{gi} (%) apresentou-se alto (>10%) para todos os caracteres avaliados. Aos 12 meses o caráter VOL em Itararé apresentou maior CV_{gi} , o que expressa uma maior variação genética entre os indivíduos e entre as progênies em relação aos demais caracteres analisados devido à alta amplitude dos dados, resultando o efeito escala em relação à média geral do experimento, o volume de madeira é um caráter quantitativo muito influenciado pelo ambiente e dependente das outras variáveis (ALT e DAP). Aos 24 meses o local 4 apresentou os maiores CV_{gi} para todos os caracteres em estudo, sendo o maior valor encontrado para VOL (57,0%). Esse resultado é um indicativo da existência de variação genética dos indivíduos de cada família e do potencial para o melhoramento genético, o que é uma condição essencial para possibilidades de obtenção de ganhos por seleção entre e dentro. Houve uma diminuição do CV_{gi} de um ano para outro em todos os locais. Para *E. pellita* aos 23 de idade Zanata et al., (2010) encontraram um CV_{gi} para volume de 18,8%.

Para todos os caracteres analisados o parâmetro C_{parc}^2 (coeficiente de determinação dos efeitos ambientais entre parcelas) apresentou valores baixos, ou seja, baixa variação ambiental entre parcelas em todos locais. Rocha et al., (2006) encontraram resultados semelhantes para ALT e DAP. O C_{parc}^2 quantifica a variabilidade das parcelas dentro dos blocos, sendo que uma estimativa até 10% não chega a interferir na estimativa dos parâmetros genéticos (RESENDE, 2002).

Tabela 2. Estimativa dos parâmetros genéticos em progênies de *Eucalyptus grandis* aos 12 e 24 meses de idade

Caracteres	Local	Parâmetros Genéticos									
		Média		LTR		$CV_{gi} \%$		$CV_e \%$		\hat{C}_{parc}^2	
		12	24	12	24	12	24	12	24	12*	24
Altura	Anhembi	6,39	12,93	175,89**	187,21**	26,9	22,3	13,3	10,4	0,100	0,030
	Avaré	6,09	11,85	447,25**	301,06**	27,1	17,5	11,8	9,1	0,030	0,006
	Itararé	2,25	6,38	145,03**	110,49**	34,2	21,8	19,0	13,3	0,070	0,020
	Pratânia	5,90	11,66	243,33**	229,71**	35,4	23,4	14,1	10,2	0,040	0,005
DAP	Anhembi	5,24	8,81	110,51**	162,02**	23,6	26,2	14,3	14,1	0,070	0,005
	Avaré	5,51	9,69	442,35**	251,24**	32,6	22,3	14,9	13,8	0,005	0,003
	Itararé	1,73	7,00	146,42**	171,07**	68,8	26,3	38,1	13,9	0,040	0,004
	Pratânia	5,29	9,63	214,58**	188,52**	37,8	27,8	16,1	14,4	0,009	0,003
VOL	Anhembi	0,009	0,05	109,42**	139,66**	56,5	50,6	34,6	28,4	0,090	0,006
	Avaré	0,010	0,05	378,08**	236,84**	57,9	41,4	29,3	26,2	0,008	0,003
	Itararé	0,0008	0,016	81,64**	103,83**	105,8	54,4	74,7	35,7	0,050	0,006
	Pratânia	0,009	0,05	199,84**	198,07**	74,9	57,0	32,8	27,8	0,020	0,004

\hat{C}_{parc}^2 : Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; $CV_e \%$: coeficiente de variação residual; $CV_{gi} \%$: coeficiente de variação genotípica entre progênies; LTR= Teste da razão de verossimilhança (**significativo a 1%, com 0,5 graus de liberdade; ns não significativo); Média; * 12 e 24 meses de idade.

A acurácia para ALT, DAP e VOL nos dois anos em estudo em todos os locais foi acima de 85%, atestando precisão e controle das causas de variação ambiental, quanto maior a r_{aa} , maior a precisão da seleção e conseqüentemente, maior o ganho genético (RESENDE, 1995). Houve pequena redução de um ano para outro, mas ainda é considerada alta, quanto menor forem os desvios absolutos entre os valores genéticos paramétricos e os valores genéticos estimados ou preditos, maior será à r_{aa} (RESENDE e DUARTE, 2007).

Para o caráter VOL, Zanata et al., (2010) encontraram 95% de acurácia aos 23 anos de idade em *E. pellita*. Em relação aos coeficientes de variação relativa (CV_r), os valores encontrados foram de alta magnitude, para os caracteres ALT, DAP e VOL em todos os locais e anos, respectivamente. De acordo com Vencovsky e Barriga (1992), quanto maior o valor CV_r , maior é o controle genético dos caracteres e menor é a influencia dos fatores ambientais no fenótipo (Tabela 3).

As estimativas de herdabilidade individual (\hat{h}_a^2) variaram de medianas e altas para ALT, DAP e VOL aos 12 e 24 meses. Os locais 1 e 2 apresentaram maiores valores de \hat{h}_a^2 para ALT e DAP, e para o caráter VOL foi o local 4. As herdabilidades foram classificadas conforme interpretação proposta por Resende (1995) que considera herdabilidades de 0,01 a 0,15 como baixas; de 0,15 a 0,50 são medianas; e acima de 0,50 altas. A herdabilidade média de progênies apresentaram os maiores valores, acima de 0,70% para todos os caracteres e em todos os locais, o que corrobora outros estudos *E. grandis* (MARTINS et al., 2001, 2007), *E. urophylla* (ROSADO et al., 2009), *E. pellita* (Zanata et al., 2010) e *E. camaldulensis* (PAULA et al., 2002), indicando que a seleção com base nas \hat{h}_m^2 das progênies deve ser mais eficiente do que dentro de progênies. As herdabilidades diminuíram de um ano para outro, esses valores condizem com os encontrados na literatura para o *E. grandis* (ROCHA et al., 2006).

As estimativas de herdabilidade são ferramentas de suma importância nos trabalhos de melhoramento, pois expressam a quantidade da variabilidade genética disponível numa população proporcionando o conhecimento da magnitude relativa das variações genéticas e ambientais (WRIGHT, 1976). As herdabilidades foram estimadas assumindo a existência de progênies de meios irmãos. Os valores podem estar superestimados, Berti (2010) encontrou super-estimativas variando de 40,4% a 64,3% em progênies de *E. cloeziana*. A variância genética aditiva deve ser corrigida com base na expressão do coeficiente de parentesco (\hat{f}_{xy}) (SEBBENN, 2006).

Martins et al., (2001) em seus estudos envolvendo progênies de meios irmãos de *E. grandis*, encontraram valores de herdabilidade média de progênies para ALT e DAP iguais a 0,68 e 0,69 respectivamente, sendo valores inferiores aos encontrados neste

estudo, que pode ser devido a idade de avaliação e também características do ambiente, para *E. pellita* Zanata et al., (2010) encontraram valores para \hat{h}_m^2 de 0,8% para ALT e 0,9% para DAP, valores esses superiores aos obtidos neste estudo. Dos caracteres avaliados, a altura apresentou maiores magnitudes de herdabilidades \hat{h}_a^2 , \hat{h}_m^2 e \hat{h}_{ad}^2 .

Tabela 3. Estimativa dos parâmetros genéticos em progênies de *E. grandis* aos 12 e 24 meses de idade

Caracteres	Local	Parâmetros Genéticos									
		$r_{\hat{a}a}$		CV_r		\hat{h}_a^2		\hat{h}_m^2		\hat{h}_{ad}^2	
		12	24	12	12	12	24	12	24	12*	24
Altura	Anhembi	0,90	0,90	1,01	0,80	0,73 ± 0,07	0,61 ± 0,07	0,80	0,82	0,74	0,54
	Avaré	0,94	0,92	1,15	0,89	0,67 ± 0,06	0,45 ± 0,05	0,89	0,85	0,61	0,37
	Itararé	0,87	0,85	0,90	0,76	0,52 ± 0,06	0,37 ± 0,05	0,76	0,73	0,47	0,30
	Pratânia	0,93	0,92	1,26	0,86	0,82 ± 0,08	0,61 ± 0,07	0,86	0,84	0,81	0,53
DAP	Anhembi	0,85	0,88	0,82	0,73	0,46 ± 0,06	0,42 ± 0,06	0,73	0,78	0,40	0,34
	Avaré	0,94	0,89	1,09	0,88	0,56 ± 0,05	0,33 ± 0,04	0,88	0,80	0,47	0,26
	Itararé	0,88	0,88	0,90	0,77	0,47 ± 0,06	0,44 ± 0,06	0,77	0,78	0,40	0,35
	Pratânia	0,92	0,89	1,17	0,85	0,65 ± 0,07	0,45 ± 0,06	0,85	0,79	0,57	0,36
VOL	Anhembi	0,85	0,87	0,82	0,73	0,48 ± 0,06	0,40 ± 0,05	0,73	0,76	0,43	0,32
	Avaré	0,92	0,89	0,99	0,85	0,48 ± 0,05	0,32 ± 0,04	0,85	0,79	0,40	0,25
	Itararé	0,85	0,85	0,71	0,67	0,32 ± 0,05	0,30 ± 0,05	0,67	0,70	0,27	0,23
	Pratânia	0,92	0,90	1,14	0,84	0,66 ± 0,07	0,50 ± 0,06	0,84	0,81	0,59	0,42

\hat{h}_a^2 : herdabilidade individual no sentido restrito; \hat{h}_m^2 : herdabilidade da média de progênies; \hat{h}_{ad}^2 : herdabilidade aditiva dentro de parcela; CV_r : coeficiente de variação relativa; $r_{\hat{a}a}$: Acurácia da seleção de progênies; * 12 e 24 meses de idade.

4.2 Análise Conjunta

A significância dos efeitos genéticos aditivos e dos efeitos da interação, envolvendo os quatro testes de progênies foram avaliadas pela análise de LTR (Tabela 4). A análise de LTR foi altamente significativa para as progênies para todos os caracteres. Indicando a existência de variabilidade genética entre progênies e a possibilidade de ganhos com a seleção. Os efeitos de parcela foram significativos para todos os caracteres, mostrando heterogeneidade entre os blocos. Os efeitos da interação genótipos x ambientes foram significativos indicando a existência de diferenças significativas entre os genótipos dentro de cada ambiente.

Tabela 4. Análise de Teste da razão de verossimilhança (LTR) para os caracteres quantitativos de progênies de *Eucalyptus grandis*, para os quatros locais, aos 12 e 24 meses de idade

Fonte de Variação	LTR					
	ALT		DAP		VOL	
	12*	24	12	24	12	24
Progênies	369,26**	330,33**	391,57**	399,83**	81,89**	244,84**
Parcela	115,66**	5,71*	9,78**	0,45 ^{ns}	42,36**	0,26 ^{ns}
Prog x Loc	99,08**	86,71**	54,34**	14,68**	21,94**	92,68**

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

O coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas (\hat{C}_{parc}^2) foi de baixa magnitude para todos os caracteres avaliados e em todos os locais diminuindo entre anos, isso indica que não houve heterogeneidade ambiental dentro dos blocos. Pode-se inferir que o delineamento foi eficiente e a capacidade de teste adequada (STURION e RESENDE, 2005). A acurácia para ALT, DAP e VOL foi acima de 0,90 em todos os locais, indicando maior precisão da seleção e maior ganho genético (Tabela 5).

O coeficiente de determinação da interação x genótipo ambiente \hat{C}_{int}^2 para os caracteres ALT, DAP e VOL não foi significativo, apresentando uma pequena amplitude de variação. O resultado do \hat{C}_{int}^2 conduziu valor de correlação genotípica (\hat{r}_{gloc}) acima de 0,80% para ALT e DAP e de 0,66 para VOL, apresentando alta magnitude, indicando que a interação não é de natureza complexa, ou seja, a posição relativa dos genótipos não é alterada (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992). A interação simples ocorre quando os genótipos apresentam diferentes comportamentos nos diferentes tipos de ambiente, mas a classificação da produtividade dos genótipos não altera entre os ambientes (MORAIS et al., 2010).

Os coeficientes de herdabilidade em nível de médias de progênies (\hat{h}_m^2) foram altos, acima de 0,90 para os caracteres ALT e DAP, indicando que grande parte da variação fenotípica total e média entre progênies é de origem genética e, portanto, o controle genético dos caracteres é alto ao nível de médias de progênies na análise conjunta.

Tabela 5. Estimativa de parâmetros genéticos para os quatro testes de progênes de *E. grandis* avaliados aos 12 e 24 meses de idade

Parâmetros Genéticos	ALT		DAP		VOL	
	12*	24	12	24	12	24
$\hat{\sigma}_g^2$	0,5282	1,0965	0,5482	1,1867	0,000004	0,0001
$\hat{\sigma}_{parc}^2$	0,1490	0,0979	0,0575	0,0363	0,000001	0,000005
$\hat{\sigma}_{int}^2$	0,1141	0,2617	0,0862	0,0966	0,000002	0,000003
$\hat{\sigma}_e^2$	2,1933	6,8089	3,1584	9,2263	0,000034	0,0010
$\hat{\sigma}_f^2$	2,9845	8,2650	3,8502	10,5459	0,000041	0,0012
\hat{h}_a^2	0,18	0,13	0,14	0,11	0,10	0,09
\hat{C}_{parc}^2	0,05	0,01	0,01	0,003	0,03	0,004
\hat{C}_i^2	0,0382	0,0317	0,0224	0,009	0,0541	0,0285
\hat{h}_m^2	0,90	0,89	0,91	0,91	0,82	0,85
$r_{\hat{a}a}$	0,95	0,94	0,95	0,95	0,90	0,92
\hat{r}_{gloc}	0,82	0,81	0,86	0,92	0,66	0,76
CV_{gi} (%)	13,81	9,67	16,22	12,26	27,58	22,45
CV_e (%)	13,63	10,23	16,74	14,12	34,83	29,00
Média	5,26	10,83	4,57	8,89	0,008	0,05

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genética entre progênes; $\hat{\sigma}_{parc}^2$: variância ambiental entre parcelas; $\hat{\sigma}_{int}^2$: variância da interação progênes x locais; $\hat{\sigma}_e^2$: variância residual entre parcelas; $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual; \hat{h}_a^2 : herdabilidade individual no sentido restrito; \hat{C}_{parc}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; \hat{C}_{int}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente; \hat{h}_m^2 : herdabilidade da média de progênes; $r_{\hat{a}a}$: acurácia da seleção de progênes; \hat{r}_{gloc} : correlação genotípica entre o desempenho das progênes nos vários ambientes; CV_{gi} : coeficiente de variação genotípica entre progênes; CV_e : coeficiente de variação residual; Média geral do experimento; * 12 e 24 meses de idade.

De acordo com esses resultados, pode-se afirmar que existem diferenças entre os ambientes, e que os genótipos não apresentam o mesmo padrão de comportamento em todos os ambientes avaliados. Este resultado justifica a realização do zoneamento ecológico por meio da análise de estabilidade e adaptabilidade, pois esses valores servirão de subsídios ao melhorista para a escolha dos genótipos que apresentam adaptação ampla ou restrita aos locais específicos (BRESSIANI et al., 2002). De modo geral, estes

resultados indicam que existem diferenças genéticas entre as progênes e, portanto, existe a possibilidade de melhoramento genético da população a partir da seleção entre progênes em cada um dos locais.

4.3 Correlações genéticas entre ambientes

A estimativa da \hat{r}_{gloc} foi realizada entre cada par de ambientes, considerando os componentes de variâncias genéticas e da interação. Na análise LTR entre os pares de locais, pode ser observado que todas as interações foram significativas aos 12 meses de idade, indicando que há diferença no crescimento das progênes entre os locais, aos 24 meses não foi significativo para algumas correlações (1 e 2 (DAP), 1 e 4 (ALT e DAP), 2 e 3 (DAP) e 2 e 4 (DAP)) entre pares de locais. Os resultados apresentam altas magnitudes de correlação genotípica, os altos valores para \hat{r}_{gloc} revelam um alto nível de interação simples indicando que, genótipo com boa performance em um ambiente tenderia a se manter assim em outros ambientes, uma vez que o genótipo responda favoravelmente às influências ambientais mantendo também constância de comportamento ou previsibilidade frente às variações ambientais. Os locais com alta \hat{r}_{gloc} podem ser incluídos numa mesma zona de melhoramento (Tabela 6). Os valores para as correlações genéticas entre os pares de ambiente foram maiores para ALT e DAP com valores de correlações acima de 0,60 aos 12 meses e 0,55 aos 24 meses, os menores valores foram para as interações que envolveram o local 3 e o caráter VOL. Esses resultados têm-se encontrado para correlações genéticas e fenotípicas em outros trabalhos realizados com *Eucalyptus* para essas variáveis (PAULA et al., 2002, PINTO JÚNIOR, 2004; BRIZOLLA, 2009).

Tabela 6. Estimativa do coeficiente de correlação genotípica (\hat{r}_{gloc}) e o Teste da razão de verossimilhança (LTR) da análise conjunta entre os pares de locais para as variáveis ALT, DAP e volume, nos testes de progênes de *E. grandis* aos 12 e 24 meses de idade

Locais	Variáveis	LTR		\hat{r}_{gloc}	
		12 meses	24 meses	12 meses	24 meses
1 e 2	Altura	8,87**	16,52**	0,92	0,88
	DAP	17,62**	0,88 ^{ns}	0,88	0,97
	Volume	8,84**	3,16 ^{ns}	0,90	0,94
1 e 3	Altura	49,40**	82,15**	0,69	0,55
	DAP	5,42*	15,39**	0,89	0,85
	Volume	94,86**	86,87**	0,28	0,44
1 e 4	Altura	5,89*	3,15 ^{ns}	0,92	0,95
	DAP	22,94**	2,23 ^{ns}	0,81	0,95
	Volume	23,72**	10,90**	0,80	0,88
2 e 3	Altura	79,73**	49,7**	0,70	0,71
	DAP	37,76**	3,67 ^{ns}	0,82	0,93
	Volume	185,99**	51,05**	0,27	0,59
2 e 4	Altura	27,44**	7,62**	0,88	0,93
	DAP	9,98**	2,39 ^{ns}	0,93	0,95
	Volume	26,75**	12,78**	0,85	0,88
3 e 4	Altura	108,54**	103,96**	0,60	0,55
	DAP	25,07**	29,28**	0,82	0,79
	Volume	236,05**	152,63**	0,20	0,37

Qui-quadrado tabelado: 3,84(*) e 6,63(**) para os níveis de significância de 5% e 1% (1 = Anhembi; 2 = Avaré; 3 = Itararé e 4 = Pratânia)

Souza et al., (1993) avaliaram a interação de progênes de *E. pilularis* em oito ambientes para determinar zonas de melhoramento. Estes mesmos autores analisaram as correlações genéticas para um caráter, avaliada em pares de locais. As correlações genéticas abaixo de 0,67 foram consideradas de interação complexa, resultando na classificação de

zonas de melhoramento para os locais em avaliação. Considerando os resultados obtidos para as correlações genéticas, pode-se admitir como estratégia uma única seleção, já que uma alta correlação genética revela que o melhor material em um ambiente tenderá a ser melhor também no outro ambiente. Segundo Resende (2002), uma população de melhoramento única, com seleção de materiais estáveis (seleção pela média de locais), deve ser adotada quando o valor da correlação genética entre locais estiver maior que 0,70.

4.4 Ganho na seleção pelo método do Índice Multi-efeitos

A utilização do Índice Multi-efeitos ($a=IME$) permite segundo Resende e Higa (1994), explorar frações da variância genética aditiva que não são consideradas na seleção entre e dentro de progênies, levando à maximização da precisão na seleção, muito embora, nos casos em que o experimento esteja bem conduzido e balanceado, a inclusão dos efeitos de parcela e blocos pode pouco alterar na seleção, o índice considera todos os efeitos aleatórios do modelo estatístico associado ao delineamento experimental de blocos ao acaso com várias plantas por parcela. Os resultados apresentados na tabela 7 são importantes quando se deseja conhecer o ganho na seleção e o que a seleção para a obtenção deste ganho pode provocar em termos de tamanho efetivo (N_e) e diversidade genética (\hat{D}).

Para estimar os ganhos genéticos na seleção em cada local foi proposta a seguinte estratégia, utilizando o Índice de Multi-efeitos (IME): seleção dos 330 melhores indivíduos para cada local com base na classificação do IME independente do número de indivíduos por família (K_f : variável). O caráter utilizado foi o DAP aos 24 meses já que este caractere gerou resultados mais precisos, pois existe uma boa precisão na tomada dos valores desse caráter no campo (Tabela 7).

Verifica-se que a amplitude de variação do IME, de um local para o outro foi de 2,5 cm (Pratânia) a 1,9 cm (Itararé). O local Itararé apresentou o maior Gs% na seleção com um N_f 101 consequentemente levando a uma maior diversidade genética (0,373), isso seria uma seleção ideal, obteve-se ganho na seleção e manteve uma taxa aceitável de diversidade na população. O número de progênies e o número médio de indivíduos selecionados por progênies para cada local foi diferente, afetando diretamente o tamanho

efetivo da população, é de suma importância atentar para o número médio de indivíduos selecionados por progênes tanto para elevar o tamanho efetivo, como manter uma alta diversidade genética da população de melhoramento. Segundo Moraes (2001) com a seleção dos melhores indivíduos pelo IME, delimitando um valor máximo de indivíduos selecionados por progênie (K_f), consegue-se um aumento no número de progênes selecionadas, um tamanho efetivo populacional adequado e uma boa diversidade genética, (VENCOVSKY, 1987).

Para o local Avaré verifica-se menor número de progênes selecionadas; ou seja, é possível verificar que o tamanho efetivo correspondeu a 92 e a diversidade genética a 0,1852, portanto, foi mantida nesta condição 18% da diversidade genética inicial existente no teste de progênes. O local Pratânia apresentou $G_s\%$ relativamente alto (31,6%), mas ocorreu uma drástica redução do tamanho efetivo (107), o que leva a uma diminuição na diversidade genética de 0,231.

A seleção individual com altas intensidades é uma estratégia arriscada em um programa de melhoramento genético. Uma seleção de indivíduos intensa para um caráter de alta herdabilidade deve ser vista com cautela, pois essa prática poderá levar a eliminação ou perda precoce de alelos responsáveis por outros caracteres (KAGEYAMA e VENCOVSKY, 1983), a perda de alelos favoráveis pode ocorrer devido à deriva genética associada aos processos seletivos (PEREIRA e VENCOVSKY, 1988). A redução no tamanho efetivo da população pode levar à endogamia e perda de vigor (ODA et al., 1989). Moraes (2001) encontrou para o caráter DAP em *Pinus* 12,8% de eficiência do IME, quando comparado com a seleção entre e dentro de progênes. Essa metodologia tem sido aplicada a diversas espécies perenes *Pinus* (MISSIO et al., 2004), *Eucalyptus* (GARCIA e NOGUEIRA, 2005; ROCHA et al., 2006, 2007; ROSADO et al., 2009), pupunha (FARIAS NETO e RESENDE, 2001). A seleção baseada no Índice Multi-efeitos os ganhos são mais elevados, por conta da exploração dos efeitos de progênes, de parcela e de indivíduos dentro da parcela (PAIVA et al., 2002). Seria recomendável que para cada local seja feita uma seleção diferente, pois além de proporcionar eficiência no ganho genético, mantém uma alta diversidade genética na população referencial, ou seja, condições ideais para o melhoramento genético.

Tabela 7. Seleção das progênes de *E. grandis* aos 24 meses de idade utilizando o Índice de Multi-efeitos (IME) com base no caráter DAP em quatro locais

IME - K_f : variável							
Anhembi		Avaré		Itararé		Pratânia	
PRO	K_f	PRO	K_f	PRO	K_f	PRO	K_f
2	2	5	4	1	1	2	4
5	15	7	1	3	1	5	10
6	14	8	2	5	1	6	9
7	4	9	2	6	2	7	8
8	1	10	7	8	3	13	9
9	10	12	2	10	1	14	15
10	2	13	7	11	4	15	13
11	2	14	2	12	3	16	1
12	7	15	18	13	10	17	2
13	6	16	3	14	9	18	2
14	7	17	17	15	10	19	3
15	10	18	1	16	1	21	20
16	2	19	18	17	2	22	9
17	6	21	1	18	1	23	1
18	2	22	9	19	1	27	4
19	8	24	1	20	1	28	8
20	2	26	4	21	3	29	8
N	330	330		330		330	
N_f	94	61		101		75	
\bar{K}_f	3,511	5,409		3,267		4,400	
$\hat{\sigma}_{K_f}^2$	13,220	31,513		7,479		21,703	
Ne	128	92		154		107	
IME (a)	2,13	1,956		1,856		2,541	
Gs%	28,8	23,5		34,9		31,6	
\hat{D}	0,298	0,185		0,373		0,231	

N: n° de indivíduos selecionados; N_f : n° de progênes selecionadas; K_f : n° de indivíduos selecionados por progêne; \bar{K}_f : n° médio de indivíduos selecionados por progêne; $\hat{\sigma}_{K_f}^2$: variância do n° de indivíduos

selecionados por progênie; Ne: tamanho efetivo; a : efeito genético aditivo = IME: Índice Multi-efeito; Gs%: Ganho na seleção; \hat{D} : Diversidade genética

4.5 Produtividade, estabilidade e adaptabilidade

Foram selecionadas 45 progênies conforme o “ranking” do Selegen, ou seja, 30% do total das progênies, que foram selecionadas pelo valor genético individual na análise conjunta de todos os ambientes e para as análises de estabilidade, adaptabilidade e simultaneamente por produtividade, estabilidade e adaptabilidade. Deste “ranking” 31 progênies estão presentes em todos os locais e nas análises conjuntas aos 12 meses. Aos 24 meses, houve um aumento do número de progênies desse “ranking” passando para 35 progênies presentes em todos os locais e análises (Tabela 8 e Apêndice 1).

Tabela 8. Seleção das melhores progênies de *E. grandis* com base no DAP, para estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG) e simultaneamente por produtividade, estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG) aos 24 meses de idade

Pro	MHVG	Pro	PRVG	PRVG*MG	Pro	MHPRVG	MHPRVG*MG
163	10,6346	163	1,2284	10,9154	163	1,2276	10,9077
15	10,6230	15	1,2273	10 9056	15	1 2268	10,9009
131	10,4914	131	1,2120	10,7695	131	1 2115	10,7646
14	10,3239	14	1,1928	10,5991	14	1,1921	10,5923
13	10,2623	152	1,1862	10,5399	152	1,1861	10,5393
152	10,2527	13	1,1853	10,5326	13	1,1847	10,5270
98	10,2075	98	1,1790	10,4763	98	1,1784	10,4706
29	10,1155	29	1,1706	10,4016	29	1,1705	10,4007
30	10,0973	139	1,1667	10,3671	139	1,1663	10,3635
139	10,0896	30	1,1664	10,3644	30	1,1657	10,3580

Pro= progênie

Para as análises de MHVG, PRVG e MHPRVG aos 12 meses, as 10 primeiras progênies (13, 163, 15, 14, 139, 29, 30, 131, 22 e 107) coincidem 100%, quando comparado com a análise conjunta (4 locais), somente uma progênie (21) que não coincide, mesmo assim, essas progênies revelam que são as mais produtivas e também as mais estáveis e de grande adaptabilidade. Aos 24 meses as 10 primeiras progênies foram 163, 15, 131, 14, 152, 13, 98, 29, 139 e 30 que também coincidem 100% em todas as análises.

Houve alteração das progênies classificadas de um ano para outro, sendo que das 10 primeiras somente as progênies 13, 14, 15, 29, 30, 131, 139 e 163 aparecem em ambas às avaliações. A progênie 163 destacou-se em todos os ambientes e na análise MHPRVG. Em geral houve pequena alteração das progênies de um ambiente para outro e entre anos, isto se deve à correlação positiva e a alta magnitude envolvendo o comportamento genotípico ao longo dos ambientes, indicando que os métodos MHVG, PRVG e MHPRVG apresentaram concordância no ordenamento dos materiais. Por esses resultados podem-se selecionar progênies que apresentam produtividade e adaptação ampla, como também, progênies que apresentam melhor desempenho em ambientes específicos.

As progênies que aparecem classificadas em todos os ambientes como as mais produtivas não sofrem influência significativa do ambiente e, conseqüentemente, apresentam pequena variação na interação genótipo x ambiente. A estabilidade de valores genéticos pode ser avaliada via Média Harmônica de Valores Genéticos (MHVG). Esta medida indica a previsibilidade, isto é, a manutenção da produtividade frente às diversidades dos ambientes (MAIA et al., 2009). Esse resultado é indicativo de que predições seguras sobre valores genéticos podem ser feitas com um único critério de seleção contemplando três atributos: produção, adaptabilidade e estabilidade. O zoneamento ecológico é realizado através da análise de estabilidade e adaptabilidade.

As progênies 163, 15, 131, 14, 152, 13, 98, 29, 139 e 30 podem ter sua recomendação extrapolada para plantios em vários ambientes, com diferentes padrões de interação G x E particularizada neste estudo. A necessidade de alta produtividade e à qualidade dos materiais genéticos em vários ambientes tornam-se a recomendação de genótipos adaptáveis e estáveis umas das principais estratégias dos programas de melhoramento florestais (LAVORANTI, 2003). Por isso, é preciso se dispor de metodologias estatísticas adequadas para estimar e explorar a interação permitindo assim, recomendações

regionalizadas. O estudo da interação pode ser pautado na estimação da adaptabilidade e da estabilidade fenotípica, quando se avaliam respectivamente, o nível de resposta ao estímulo ambiental e a previsibilidade isto é, a manutenção da produtividade frente a ambientes diversos.

A metodologia utilizada ranqueia as progênes com ampla adaptabilidade e estabilidade constante para diversos ambientes, permite inferências adicionais, tais como: seleção de genótipos específicos para cada local; seleção de genótipos estáveis através de locais e seleção de genótipos responsivos à melhoria do ambiente (RESENDE, 2004). O critério de seleção simultânea é eficaz para selecionar as melhores progênes pelo seu valor genotípico com penalização dos materiais genéticos instáveis e capitalizando a adaptabilidade dos materiais mais estáveis.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A presença de variabilidade genética foi detectada para todos os caracteres estudados, evidenciada pela significância do valor de χ^2 , obtido pela análise de LTR. Essa variação genética entre as progênes de *E. grandis* foi corroborada pelo fato das estimativas de CV_{gi} serem superiores a 17% e ficarem acima do CV_e para os caracteres: ALT, DAP e VOL.

Nos resultados obtidos pela análise de variância conjunta pode-se verificar que o efeito da interação genótipo x ambiente foi significativo, causando comportamento diferenciado dos genótipos em relação aos ambientes avaliados, justificando a aplicação do método MHPRVG para adaptabilidade e estabilidade.

Há pequena alteração no ordenamento da classificação das 10 melhores progênes para o DAP, ao longo dos ambientes. As estatísticas MHVG (estabilidade), PRVG (adaptabilidade) e MHPRVG (produtividade, estabilidade e adaptabilidade) são eficientes como de critérios seletivos de genótipos no programa de melhoramento desta população de *E. grandis*, permitindo seleção de progênes com alto potencial produtivo predito.

Os locais em estudo apresentaram altas magnitudes de correlação e sinais positivos para todas as variáveis, o que é uma resposta favorável à seleção.

6 REFERÊNCIAS

ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in northern Italy. **Journal of Genetics and Plant Breeding**, Rome, v. 46, p. 269-278, 1992.

ASSIS, T. F. Melhoramento genético do eucalipto. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 189, p. 32-51, 1996.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE PRODUTORES DE FLORESTAS PLANTADAS . **Anuário estatístico da ABRAF, 2011**. Disponível em: <<http://www.abraflor.org.br/estatisticas/ABRAF11/ABRAF11-BR.pdf>>. Acesso em: 15 fev. 2012.

BASTOS, I. T. et al. Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de açúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, p. 195-203, 2007.

BISON, O. **Melhoramento de *Eucalyptus* visando à obtenção de clones para a indústria de celulose**. 2004. 169 f. Tese (Doutorado em Agronomia)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2004.

BOLAND, D. J. et al. **Forest trees of Australia**. Melbourne: CSIRO, 1984. 687 p.

BOREM, A. **Melhoramento de plantas**. 2. ed. Viçosa, MG: Ed. UFV, 1998.

BRESSANI, A. J.; VENCOVSKY, R.; BURNQUIST, W. L. Interação entre famílias de cana-de-açúcar e locais: efeito na resposta esperada com a seleção. **Bragantia**, Campinas, v. 61, n. 1, p. 1-10, 2002.

BRIZOLLA, T. F. **Variabilidade genética de progênes de Polinização aberta de *Eucalyptus grandis* hill ex maiden, Correlações e juvenil-adulto e entre caracteres.** 2009. 58 p. Dissertação (Mestrado em Ciência Florestal) Universidade Estadual Paulista, 2009.

CAIXETA, R. P. et al. Variações genéticas em populações de *Eucalyptus* spp. detectadas por meio de marcadores moleculares. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 27, n. 3, p. 357-363, 2003.

COSTA, R. B. et al. Individual multivariate REML/BLUP in the presence of genotype x environment interaction in rubber tree (*Hevea*) breeding. **Crop breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 2, n. 1, p. 131-140, 2002.

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

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

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

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

ELDRIDGE, K. G. **An annotated bibliography of genetic variation in *Eucalyptus camaldulensis*.** Oxford: Commonwealth Forestry Institute, 1975. 9 p.

ELDRIDGE, K. et al. **Eucalypt domestication and breeding.** New York: Oxford University Press, 1994. 288 p.

EMBRAPA. **Manual de métodos de análise de solo.** 2. ed. Rio de Janeiro, 1999. 212 p.

FALCONER, D. S. Introduction to quantitative genetics. 3rd. ed. Longman: Harlow, 1989. 438 p.

FARIAS NETO, J. T.; RESENDE, M. D. V. Aplicação da metodologia de modelos mistos (reml/blup) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*bactrisgasipaes*). **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 23, n. 2, p. 320-324, 2001.

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

FERREIRA, M. Melhoramento e a silvicultura intensiva clonal. **IPEF**, Piracicaba, n.45, p.22-30, jan./dez.1992.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. **Global forest resources assessment 2000**. FAO Forestry Paper. 2000. 479 p. Disponível em: <<http://www.fao.org/forestry/fo/fra/main/index.jsp>>. Acesso em: 25 jan. 2012.

FREITAS, R. G. et al. Predição de ganhos genéticos em progênies 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, 2009.

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

HILL, K. D.; JOHNSON, L. A. S. Systematics studies in the *Eucalyptus*: a study of the bloodwoods, genus *Corymbia* (Myrtaceae). **Telopea**, Kingston, v. 6, p. 185-504, 1995.

HOULE, D. Comparing evolvability and variability of quantitative traits. **Genetics**, Raleigh, v. 130, p. 195-204, 1992.

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

KAGEYAMA, P. Y.; VENCOSKY, R. Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden. **IPEF**, Piracicaba, v. 24, p. 9-26, 1983.

KITZMILLER, J. H. Progeny testing: objectives and design. In: SERVICE WIDE GENETIC WORKSHOP, 1983, Charleston. **Proceedings...** Charleston: USDA, 1983. p. 231-247.

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

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

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

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

- MARTINS, F. B. **Desenvolvimento e estresse hídrico em mudas de *Eucalyptus grandis* (Hill exMaiden) e *Eucalyptus saligna*(Smith)**. 2007. 73 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Agrícola) -Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, 2007.
- MARTINS, I. S.; MARTINS, R. C. C.; CORREIA, H. S. Comparação entre seleção combinada e seleção direta em *Eucalyptus grandis*, sob diferentes intensidades de seleção. **Floresta e Ambiente**, Seropedica, v. 8, n. 1, p. 36-43, 2001.
- MATHERSON, A. C.; RAYMOND, C. A. A review of provenance x environment interaction: its practical importance and use with particular reference to the tropics. **The Commonwealth Forestry Review**, Shropshire, v. 65, n. 4, p. 283-302, 1986.
- MISSIO, R. F. et al. Seleção simultânea de caracteres em progênies de *Pinus caribea*Morelet var. *bahamensis*. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 66, p. 161-168, 2004.
- MORA, A. L.; GARCIA, C.H. **A cultura do eucalipto no Brasil**. São Paulo: Sociedade Brasileira de Silvicultura, 2000. 112 p.
- MORAIS, E. et al. Variação genética, interação genótipo solo e ganhos na seleção em teste de progênies de *Corymbia citriodora* Hook em Luiz Antonio, São Paulo. **ScientiaForestalis**, Piracicaba, v. 38, n. 85, p. 11-18, 2010.
- MORAES, M. L. T. **Variação genética da densidade básica da madeira em progênies de *Eucalyptus grandis* Hill ex. Maiden e suas relações com as características de crescimento**. 1987. 129 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais)-Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 1987.
- MORAES, M. L. T. **Variação genética e aplicação da análise multivariada em progênies de *Pinus caribae*avar. *Hondurensis* Barret e Golfari**. 2001. 124 f. Tese (Livre Docência)-Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2001.
- MORI, E. S. **Variabilidade genética isoenzimática em uma população de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden submetida a diferentes intensidades de seleção**. 1993. 119 f. Tese (Doutorado em Genética)-Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 1993.
- NAMKOONG, G. Inbreeding effects on estimation of genetic additive variance. **Forest Science**, Lawrence, v. 12, n. 1, p. 8-13, 1966.
- ODA, S.; MENCK, A. L. M.; VENCOVSKY, R. Problemas no melhoramento genético clássico do Eucalipto em função da alta intensidade de seleção. **IPEF**, Piracicaba, n. 41/42, p. 8-17, jan./dez. 1989.
- OLIVEIRA, R. et al. Genotypic evaluation and selection of sugarcane clones in three environments in the state of Paraná. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 5, n. 4, p. 426-434, 2005.

- PAIVA, J. R.; RESENDE, M. D. V.; CORDEIRO, E. R. Índice multiefeitos (BLUP) e estimativas de parâmetros genéticos aplicados ao melhoramento da acerola. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 37, n. 6, p. 799-807, 2002.
- PAULA, R. C. et al. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 37, n. 2, p. 159-165, 2002.
- PATIÑO VALERA, F.; KAGEYAMA, P. Y. Interação genótipo x espaçamento em progênes de *Eucalyptus saligna* SMITH. **IPEF**, Piracicaba, n. 39, p. 5-16, 1988.
- PATTERSON, H. D; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when blocks sizes are unequal. **Biometrika**, Oxford, v. 58, p. 545-554, 1971.
- PEREIRA, M. B.; VENCOVSKY, R. Limites da seleção recorrente: 1- fatores que afetam o acréscimo das frequências alélicas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 23, n. 7, p. 769-780, 1988.
- PINTO JÚNIOR, J. E. **REML/ BLUP para a análise de múltiplos experimentos, no melhoramento genético de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden**. 2004. 113 f. Tese (Doutorado em Agronomia)-Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2004.
- PINTO JÚNIOR, J. E. et al. Avaliação simultânea de produtividade, adaptabilidade e estabilidade genotípica de *Eucalyptus grandis* em distintos ambientes do Estado de São Paulo. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 53, p. 79-108, 2006.
- PRYOR, L. D. **The biology of eucalypts**. London: Edward, 1976. 82 p.
- QUIQUIN, E. M. D.; MARTINS, S.S.; SHIMIZU, J.Y. Avaliação de espécies e procedências de *Eucalyptus* para o Noroeste do Estado do Paraná Maringá, v. 23, n. 5, p. 1173-1177, 2001.
- QUOIRIN, M.; VIEIRA, R. C. Rhizogenesis and nodule formation from callus of *Eucalyptus grandis*, and *E. grandis x urophylla*. **Arquivos de Biologia e Tecnologia**, Curitiba, v. 38, n. 3, p. 793-798, 1995.
- RAMALHO, R. S. **Dendrologia tropical (terminologia)**. 2. ed. Viçosa, MG: Ed. UFV, 1995. 52 p.
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**. Goiânia: Ed. UFG, 1993. 272 p.
- RESENDE, M. D. V. Correções nas expressões do progresso genético com seleção em função da amostragem finita dentro de famílias de populações e implicações no melhoramento florestal. **Boletim Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 22/23, p. 61-77, 1991.
- RESENDE, M. D. V. Delineamento de experimentos de seleção para maximização da acurácia seletiva e do progresso genético. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 19, n. 4, p. 479-500, 1995.

- RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, DF: EMBRAPA Informação Tecnológica, 2002. 975 p.
- RESENDE, M. D. V. Melhoramento de essências florestais. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, MG: Ed. UFV, 1999. p. 589-648.
- RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 561p.
- RESENDE, M. D. V. Melhoramento de essências florestais. In: BORÉM, A.(Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2005. v. 2, p. 717-780.
- RESENDE, M. D. V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. v. 1. 57 p.
- RESENDE, M. D. V. **SELEGEN-REML/BLUP**: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b. 259 p.
- RESENDE, M. D. V.; DIAS, L. A. S. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos em espécies frutíferas. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 22, n. 1, p. 44-52, 2000.
- RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, set. 2007.
- RESENDE, M. D. V.; HIGA, A. R. Estimação de valores genéticos no melhoramento de *Eucalyptus*: seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e seus parentes. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 28/29, p. 11-36, 1994.
- RESENDE, M. D. V.; FERNANDES, J. S. C. Procedimento BLUP individual para delineamentos experimentais aplicados ao melhoramento florestal. **Revista de Matemática e Estatística**, Marília, v. 17, p. 87-109, 1999.
- RESENDE, M. D. V.; HIGA, A. R.; LAVORANTI, O. J. Predição de valores genéticos no melhoramento de *Eucalyptus*: melhor predição linear. In: CONGRESSO FLORESTAL BRASILEIRO, 7., 1993, Curitiba. **Anais...** Curitiba: SBF, 1993. p. 144-147.
- RESENDE, M. D. V. et al. Estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor predição linear não viciada (BLUP) em *Pinus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 32/33, p. 18-45, 1996.
- ROBINSON, H. F.; COCKERHAM, C. C. Estimación y significado de los parámetros genéticos. **Fitotecnia Latino Americana**, Caracas, v. 2, p. 23-38, 1965.

- ROCHA, M. M.; VELLO, N. A. Interação genótipos e locais para rendimento de grãos de linhagens de soja com diferentes ciclos de maturação. **Bragantia**, Campinas, v. 58, n. 1, p. 69-81, 1999.
- ROCHA, M. G. B. et al. Avaliação genética de progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus grandis* por meio dos procedimentos REML/BLUP e da ANOVA. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 71, p. 99-107, 2006.
- ROCHA, M. G. B. et al. Seleção de genitores de *Eucalyptus grandis* e de *Eucalyptus urophylla* para a produção de híbridos interespecíficos utilizando REML/BLUP e informação de divergência genética. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 31, n. 6, p. 977-987, 2007.
- ROSADO, A. M. et al. Seleção simultânea, de clones de *Eucalyptus*, para produção, estabilidade e adaptabilidade por meio de modelos mistos. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 6., 2011, Búzios. Panorama Búzios: SBMP, 2011. Não paginado.
- ROUTSALAINEN, S.; LINDGREEN, D. Predicting genetic gain of backward and forward selection in forest tree breeding. **Silvae Genetica**, Deutschland, v. 47, n. 1, p. 42-50, 1998.
- SCAPIM, C. A. et al. Correlations between the stability and adaptability statistics of popcorn cultivars. **Euphytica**, Wageningen, v. 174, p. 209-218, 2010.
- SANTOS, G. P.; ZANUNCIO, J. C.; ZANUNCIO, T. V. A cultura do eucalipto. I. Pragas do eucalipto. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte v. 18, n. 185, p. 66-71, 1996.
- SEBBENN, A. M. Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva: *Myroxylonperuiferum* L. F. Allemão. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 53, p. 31-38, 1998.
- SEBBENN, A. M. Número de populações para conservação genética *in situ* de espécies arbóreas. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 15, n. 1, p. 45-51, 2003a.
- SEBBENN, A. M. Tamanho amostral para conservação *ex situ* de espécies arbóreas com sistema misto de reprodução. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 15, p. 109-124, 2003b.
- SEBBENN, A. M. Sistemas de reprodução em espécies arbóreas tropicais e suas implicações para a seleção de árvores matrizes para reflorestamentos ambientais. In: HIGA, A. R.; SILVA, L. D. **Pomar de sementes de espécies florestais nativas**. Curitiba: FUPEF, 2006. p. 93-138.
- SHELBOURNE, C. Genotype environment interaction: its study and its implications in forest tree improvement. In: IUFRO GENETIC SABRAO JOINT SYMPOSIA, Tokyo, 1972. **Proceedings...** Tokyo, 1972. p. B-1(I) 1-27.

SOUZA, S. M.; SILVA, H. D. da S.; PINTO JÚNIOR, J. E. Variabilidade genética e interação genótipo x ambiente em *Eucalyptus pilularis*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 26/27, p. 3-16, 1993.

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

VENCOVSKY, R. Tamanho efetivo populacional na coleta e preservação de germoplasmas de espécies alógamas. **IPEF**, Piracicaba, n. 35, p.79-84, 1987.

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

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

WIKIPÉDIA. *Eucalyptus grandis*. Disponível em:
<http://en.wikipedia.org/wiki/Eucalyptus_grandis>. Acesso em: 10 set. 2011.

WRIGHT, J. W. **Introduction to forest genetics**. New York: Academic Press, 1976. 464 p.

ZANATA, M. et al. Parâmetros genéticos e ganhos na seleção em teste de progênes de Polinização aberta de *Eucalyptus pellita*, em Batatais - SP. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 22 n. 2 p. 233-242, dez. 2010.

APÊNDICE

Apêndice 1. Seleção das 45 melhores progênies de *Eucalyptus grandis* com base no DAP, em cada teste de progênies, em todos os testes e com base na estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG) e simultaneamente por produtividade, estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG)

Ordem	Anhembi		Avaré		Itararé		Pratânia		Conjunta		MHVG		PRVG		MHPRVG	
	12	24	12	24	12	24	12	24	12	24	12	24	12	24	12	24
1	13	15	13	163	13	163	13	163	163	163	13	163	13	163	13	163
2	163	163	15	15	163	15	14	15	139	15	163	15	163	15	163	15
3	15	131	106	131	15	131	163	14	14	131	14	131	14	131	15	131
4	14	14	14	152	139	14	15	131	29	14	15	14	15	14	14	14
5	139	106	163	29	30	13	30	152	15	152	139	13	139	152	139	152
6	29	152	29	98	29	98	22	139	13	13	29	152	29	13	29	13
7	30	13	131	30	22	30	29	13	21	98	30	98	30	98	30	98
8	131	98	139	13	104	152	139	29	107	29	22	29	22	29	131	29
9	22	29	165	14	152	139	131	21	131	139	131	30	131	139	22	139
10	107	30	44	139	131	29	107	106	22	30	107	139	107	30	107	30
11	106	139	5	19	98	106	103	98	152	106	106	106	55	106	55	106
12	44	5	107	22	44	165	41	157	44	22	103	22	106	22	106	22
13	152	6	152	165	165	22	104	5	5	107	104	165	103	165	44	165
14	165	107	30	107	106	135	135	107	157	165	21	107	104	107	104	107
15	21	19	19	106	14	107	21	144	30	19	98	144	21	144	21	144
16	104	144	98	144	107	66	106	22	74	144	44	5	44	19	165	19
17	103	165	103	17	41	76	98	30	103	5	165	19	165	5	103	5
18	98	22	22	28	19	103	74	6	106	21	41	21	98	21	152	21
19	5	73	43	157	28	74	43	19	66	28	74	28	74	157	98	28
20	74	28	104	104	103	144	165	143	143	157	135	157	152	28	74	157
21	43	21	164	5	17	73	44	28	165	6	43	73	41	6	5	6
22	41	79	74	73	77	41	143	76	76	73	5	66	135	73	43	73
23	28	17	9	79	43	21	17	165	135	17	152	6	43	66	57	66
24	135	76	66	66	55	157	55	66	28	66	17	17	5	17	41	17
25	66	164	73	10	16	5	84	73	27	76	28	76	57	76	135	76

26	55	66	21	97	10	17	66	17	104	74	66	74	17	74	28	74
27	17	97	12	103	79	143	28	103	17	103	84	135	28	103	66	103
28	19	74	6	41	21	28	5	27	50	143	143	103	66	135	17	135
29	157	9	16	77	74	79	10	74	144	135	10	143	84	143	19	143
30	84	12	41	21	144	19	57	135	43	79	157	79	19	79	84	79
31	77	111	77	6	99	50	152	111	84	97	77	97	157	57	157	57
32	16	50	79	76	157	84	12	50	10	111	76	41	77	97	77	97
33	76	135	28	74	66	57	76	97	98	77	12	111	10	111	16	111
34	10	26	108	111	84	77	8	84	97	41	8	77	143	77	10	77
35	73	77	135	84	68	111	157	51	9	27	97	27	76	41	76	41
36	97	157	17	52	135	6	77	69	73	104	73	84	16	27	143	27
37	9	103	84	143	97	27	153	77	2	57	27	50	12	84	12	104
38	12	143	2	57	141	97	97	104	77	84	9	104	111	104	97	84
39	27	27	31	54	5	12	111	7	69	50	140	10	97	50	111	50
40	57	41	97	16	8	104	27	2	140	10	50	12	8	52	73	52
41	143	7	26	55	140	26	73	79	108	164	79	164	73	55	8	55
42	144	104	76	135	73	55	19	10	54	52	31	51	9	10	9	10
43	8	51	111	27	12	54	140	16	41	51	54	54	27	164	27	164
44	111	16	27	164	9	52	16	54	51	55	153	16	6	12	6	12
45	79	2	8	68	2	10	160	164	7	12	108	9	140	51	140	51

12= 12 meses de idade; 24= 24 meses de idade; ordem= ranking;

Apêndice 2. Seleção das progênes de *E. grandis* aos 24 meses de idade utilizando o Índice de Multi-efeitos (IME) com base no caráter DAP em 4 locais

IME - K_f : variável													
Anhembi				Avaré		Itararé				Pratânia			
FAM	K_f	FAM	K_f	FAM	K_f	FAM	K_f	FAM	K_f	FAM	K_f	FAM	K_f
2	2	112	2	5	4	1	1	84	6	2	4	146	1
5	15	122	1	7	1	3	1	87	2	5	10	147	1
6	14	124	1	8	2	5	1	91	2	6	9	148	1
7	4	126	1	9	2	6	2	93	1	7	8	149	1
8	1	128	1	10	7	8	3	98	10	13	9	151	1
9	10	130	1	12	2	10	1	99	1	14	15	152	10
10	2	131	8	13	7	11	4	101	1	15	13	153	3
11	2	132	2	14	2	12	3	103	9	16	1	156	1
12	7	135	1	15	18	13	10	106	1	17	2	157	12
13	6	136	4	16	3	14	9	107	3	18	2	161	1
14	7	137	1	17	17	15	10	110	1	19	3	162	1
15	10	138	1	18	1	16	1	111	4	21	20	163	18
16	2	139	2	19	18	17	2	112	1	22	9	164	2
17	6	140	1	21	1	18	1	120	2	23	1	165	1
18	2	141	1	22	9	19	1	122	1	27	4		
19	8	142	2	24	1	20	1	123	1	28	8		
20	2	143	2	26	4	21	3	127	4	29	8		
21	1	144	6	28	4	22	5	128	1	31	1		
22	1	145	1	29	18	23	1	129	2	37	1		
23	1	146	2	30	20	24	1	130	2	45	1		
24	4	148	8	31	3	25	3	131	6	50	2		
25	2	149	1	41	6	26	3	132	3	51	2		
26	10	150	1	43	1	27	4	133	2	54	1		
27	2	151	1	52	3	28	2	134	1	66	2		
28	2	152	4	54	2	29	1	135	12	67	1		
29	2	155	1	55	4	30	9	138	1	69	6		
30	3	157	1	57	2	31	2	139	6	70	2		
31	4	159	1	62	1	34	2	140	2	73	7		
32	2	160	1	67	3	36	8	141	3	74	4		
33	1	161	1	68	1	37	3	143	5	76	7		
38	1	163	2	74	1	38	3	145	1	77	3		
42	1	164	13	76	1	40	2	148	1	78	1		
45	3	165	9	77	6	41	9	151	1	79	2		
50	1			79	5	42	6	152	2	80	1		
51	5			97	5	43	7	153	9	84	6		
53	1			98	16	44	2	157	4	97	3		
54	1			99	5	45	2	160	3	98	1		
65	3			101	1	46	1	161	3	101	1		
66	1			103	1	49	1	163	11	103	3		
67	3			104	14	50	2	165	6	104	1		
69	3			107	3	51	2			105	1		

70	2	108	1	52	3	106	3
73	9	125	1	54	3	107	7
74	5	131	16	55	2	108	1
75	1	135	1	57	3	110	6
76	1	139	5	59	4	111	3
77	2	140	4	61	2	112	1
79	9	141	9	62	3	114	1
81	1	143	4	64	2	115	1
84	3	144	3	66	2	122	1
90	1	145	1	67	2	124	6
97	3	149	2	68	1	128	1
98	8	152	17	70	2	131	15
99	1	153	1	71	1	135	3
102	1	157	10	72	1	136	1
103	3	158	1	73	2	138	2
105	1	161	1	74	8	139	15
106	19	162	3	75	2	141	1
107	4	163	14	76	5	143	13
108	9	164	2	77	5	144	8
111	4	165	9	79	5	145	1
N	330	330		330		330	
N _f	94	61		101		75	
\bar{K}_f	35,106	54,098		32,673		44,000	
$\hat{\sigma}_{Kf}^2$	13,220	31,512		7,477		21,702	
Ne	128,449	92,729		154,277		107,034	
IME							
(a)	2,13	19,556		18,562		25,406	
Gs%	28,78	23,55		34,89		31,6	
\hat{D}	0,2981	0,1852		0,3727		0,2312	

N: n° de indivíduos selecionados; N_f: n° de progênies selecionadas; K_f: n° de indivíduos selecionados por progênie;

\bar{K}_f : n° médio de indivíduos selecionados por progênie; $\hat{\sigma}_{Kf}^2$: variância do n° de indivíduos selecionados por

progênie; Ne: tamanho efetivo; a: efeito genético aditivo = IME: Índice Multi-efeitos; Gs%: Ganho na seleção;

\hat{D} : Diversidade genética