Adaptabilidade, estabilidade e produtividade de
progênes de *Eucalyptus grandis* Hill ex MaidenAdaptability, stability and productivity
of *Eucalyptus grandis* progeniesCarlos Eduardo Caixeta de Castro¹, Paulo Henrique Muller da Silva²,
Marcio José de Araújo³, Aline Cristina Miranda⁴,
Mario Luis Teixeira de Moraes⁵ e Rinaldo Cesar de Paula⁶

Resumo

Os programas de melhoramento florestal no Brasil visam proporcionar um incremento na produtividade para atender a demanda crescente por madeira. O objetivo deste estudo foi estimar parâmetros genéticos, adaptabilidade e estabilidade de famílias de polinização aberta de *Eucalyptus grandis* em diferentes locais no Brasil e propor estratégias de seleção para os ambientes. Foram avaliadas 165 progênes de polinização aberta em oito ambientes nos municípios de Monte Dourado-PA; Itamarandiba-MG; Anhembi, Capão Bonito, Lençóis Paulista e Pratânia-SP, em idades variando de 36 a 51 meses. O delineamento experimental foi em blocos ao acaso, no espaçamento de 3,0 x 2,0 m, com parcelas lineares de 5 ou 6 plantas, e repetições variando de 4 a 8. Foram tomados os dados de altura total e diâmetro a altura do peito, e a partir destes foi estimado o volume de madeira. Os resultados evidenciam a ocorrência de interação genótipo por ambiente, com alteração no ordenamento dos genótipos nos ambientes, conforme detectado pelo método da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) comparado com as ordenações dos genótipos por local. Assim, a seleção simultânea para todos os ambientes não é a melhor estratégia de melhoramento, sugerindo-se o zoneamento ou estratificação ambiental e escolhendo-se um ambiente representativo para cada subconjunto de locais estudados. Desta forma, os locais Pratânia e Monte Dourado B podem ser utilizados para obtenção de genótipos representativos e superiores para a maior parte das regiões estudadas.

Palavras-chave: Melhoramento florestal, MHPRVG, interação, correlação.

Abstract

The forest breeding programs in Brazil aim at increasing productivity to meet the growing expected demand of wood. The objective of this study was to estimate genetic parameters and the stability of open-pollinated families of *Eucalyptus grandis* in different environments in Brazil, and also to propose selection strategies for the environments. 165 open-pollinated progenies were evaluated in eight environments in Monte Dourado-PA; Itamarandiba-MG; Anhembi, Capão Bonito, Lençóis Paulista and Pratânia-SP at age ranging between 36 and 51 months. The experimental design was randomized complete block design, planted in the spacing of 3.0 x 2.0 meters, with linear plots of 5 or 6 plants, and repetitions ranging from 4 to 8. Traits measured were: height, diameter at breast height and from these two traits volume was estimated. Results showed genotype-by-environment interaction, showing change in the ordering of Harmonic Mean of the Relative Performance of the Genetic Values (HMRPGV) method compared to the ordering by environments. Thus, simultaneous selection for all sites is not the best strategy. The sites of Pratânia and Monte Dourado B may be used for representative genotypes for most of the regions studied.

Keywords: Tree breeding, HMRPGV, interaction, correlation.

¹Doutor em Agronomia (Genética e Melhoramento). Unesp – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal. Via de Acesso Prof. Paulo Donato Castellane, s/n – 148884-900 – Jaboticabal, SP, Brasil. E-mail: carloscaixetaagro@yahoo.com.br.

²Pesquisador Doutor. IPEF – Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais. Via Comendador Pedro Morganti, 3500 – Monte Alegre – 13415-000 – Piracicaba, SP, Brasil. E-mail: paulohenrique@ipef.br.

³Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas. Unesp – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal. Via de Acesso Prof. Paulo Donato Castellane, s/n – 148884-900 – Jaboticabal, SP, Brasil. E-mail: marcio_ok66@hotmail.com.

⁴Pesquisadora Doutora em Melhoramento em Genética e Melhoramento Florestal. Suzano Papel e Celulose - Unidade Mucuri. Rod. BR 101, Km 945,5, s/n - Zona Industrial, Mucuri - BA, 45930-000.

⁵Professor Titular do Departamento de Fitotecnia e Tecnologia de Alimentos. UNESP - Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho. Campus Ilha Solteira. Avenida Brasil, 56, Centro - 15385-000 - Ilha Solteira, SP, Brasil. E-mail: teixeira@agr.feis.unesp.br

⁶Professor Titular no Departamento de Produção Vegetal. Unesp – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal. Via de Acesso Prof. Paulo Donato Castellane, s/n – 148884-900 – Jaboticabal, SP, Brasil. E-mail: rcpaula@fcav.unesp.br.

INTRODUÇÃO

As florestas plantadas no Brasil fornecem 91% de toda a madeira consumida, apesar de ocuparem apenas 0,9% do território nacional. Nos próximos 35 anos, devido ao aumento previsto da população e o incremento da renda *per capita*, considerando a atual produtividade do eucalipto no Brasil, estima-se que o acréscimo da área plantada deva ser da ordem de 40% (IBÁ, 2016).

Desde o início, os programas de melhoramento florestal buscam a melhoria na qualidade da madeira aliada a um aumento de produtividade (ODA et al., 1989). No período de 1970 a 2008, estima-se que o melhoramento genético do eucalipto proporcionou um ganho de produtividade de 5,7% ao ano. Porém, nos últimos anos, esses ganhos têm sido cada vez menores, atingido 0,3% ao ano, no período de 2008 a 2014 (IBÁ, 2016).

Os ganhos esperados com o melhoramento não têm sido observados nas florestas comerciais, fato que pode ser atribuído, dentre outros aspectos, à interação genótipo por ambiente (ODA et al., 1989), que se refere à mudança observada no fenótipo em decorrência da interação dos genótipos com os diferentes ambientes (BERNARDO, 2010; RESENDE; SILVA, 2014) e ao déficit hídrico, que vem ocorrendo nestas regiões onde o cultivo de eucalipto já é realizado há muitos anos e em regiões em que as empresas vêm buscando áreas para realizar novos plantios como o norte de Minas Gerais (MOLION, 2008; NASCIMENTO, 2016).

Nos programas de melhoramento, são testados vários genótipos (famílias de polinização aberta ou controlada, híbridos e clones, dentre outros) em diferentes locais ao longo do tempo, possibilitando assim a manifestação e a quantificação da interação genótipo por ambiente. A magnitude da interferência desta interação no ganho realizado com a seleção de genótipos superiores deverá ser estimada, para possibilitar a aferição da sua influência sobre o ganho com a seleção, comprovando a confiabilidade dos genótipos selecionados (ROSADO et al., 2012).

No melhoramento de espécies perenes, uma das limitações enfrentadas relaciona-se aos longos ciclos das espécies. Assim, o tempo gasto para avaliar os genótipos em testes genéticos, recombinar os genótipos superiores e avançar as gerações é longo e o processo torna-se oneroso. Desta forma, a avaliação deve ser realizada criteriosamente para a obtenção de dados confiáveis e os métodos de análise dos dados devem proporcionar elevada acurácia (RAMALHO et al., 2005).

Neste sentido, o método dos modelos mistos tem sido muito usado em espécies perenes como eucalipto, pois o BLUP ("Best Linear Unbiased Prediction") dos valores genéticos maximiza a acurácia seletiva (GARCIA; NOGUEIRA, 2005). O uso do procedimento REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Residual ou Restrita/Melhor Predição Linear Não - Viciada) permite analisar dados desbalanceados com a melhor acurácia seletiva, possibilitando avaliar indivíduos através dos anos e locais (VIANA; RESENDE, 2014).

O método da MHPRVG (Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos) realiza a seleção simultaneamente para as características produtividade, estabilidade e adaptabilidade, apresentando vantagens, tais como analisar os efeitos genotípicos como aleatórios e assim fornecer a adaptabilidade e a estabilidade genotípica, aceita delineamentos não ortogonais e dados desbalanceados, permite lidar com a heterogeneidade de variâncias, possibilita a consideração dos erros correlacionados dentro de locais, e não apresenta limitação quanto ao número de ambientes (CARBONELL et al., 2007).

O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e avaliar a adaptabilidade e estabilidade de famílias de polinização aberta de *Eucalyptus grandis* em diferentes locais no Brasil e propor estratégia de seleção para os locais.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados testes de progênies de polinização aberta de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden em oito locais (Tabela 1), com idade variando de 36 a 51 meses. Estes testes fazem parte da rede experimental, coordenada pelo Programa Cooperativo de Melhoramento Florestal (PCMF), do Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais (IPEF).

Tabela 1. Características dos locais de condução dos experimentos de famílias de polinização aberta de *Eucalyptus grandis* implantados em 2008/2009.

Table 1. Characteristics of the environments where the open-pollinated progenies of *Eucalyptus grandis* were implemented in 2008/2009.

Local (Estado/Idade/Local)	Repetição x Plantas	Clima ¹	Lat	Long	Solo	Textura	T.M.A (°C)	P.M.A (mm)
Itamarandiba (MG/48/L1)	4 x 6	Cwa ²	17° 45'	48° 04'	LVA ⁶	Argilosa	22,5	1100
Monte Dourado A (PA/36/L2)	4 x 6	Am ³	08° 89'	52° 60'	LA ⁷	Argilosa	26,8	2300
Monte Dourado B (PA/36/L3)	4 x 6	Am	08° 89'	52° 60'	LA	Argilosa	27,2	2100
Monte Dourado E (PA/46/L4)	4 x 6	Am	08° 89'	52° 60'	LU ⁸	Argilosa	26,4	2000
Pratânia (SP/48/L5)	4 x 6	Cwa	22° 28'	48° 24'	PVd ⁹	Média	21,0	1361
Anhembi (SP/36/L6)	4 x 6	Aw ⁴	22° 28'	48° 40'	RQ ¹⁰	Arenosa	21,8	1300
Capão Bonito (SP/36/L7)	4 x 6	Cfa ⁵	24° 00'	48° 12'	LVd ¹¹	Argilosa	20,1	1220
Lençóis Paulista (SP/51/L8)	8 x 5	Aw/Cfa	22° 21'	48° 28'	LVd	Média	21,0	1260

¹ - Classificação do clima, segundo Koeppen-Geiger. T.M.A. - temperatura média anual (°C); P.M.A. - precipitação pluviométrica média anual (mm).

² - Clima Subtropical Úmido. ³ - Clima Tropical de Monção. ⁴ - Clima tropical com inverno seco. ⁵ - subtropical úmido. ⁶ - Latossolo Vermelho-amarelo. ⁷ - Latossolo Amarelo. ⁸ - Latossolo Variação Una. ⁹ - Podzólico Vermelho Amarelo Distrófico. ¹⁰ - Neossolo Quartzarênico. ¹¹ - Latossolo Vermelho Distrófico. Classificação de Koppen de acordo com Cepagri para os municípios paulistas.

O delineamento experimental usado foi de blocos casualizados, com 165 progênies de polinização aberta de *E. grandis*, no espaçamento de 3,0 x 2,0 m, com quatro repetições e parcelas lineares de seis plantas, exceto na localidade de Lençóis Paulista (L8), em que foram usadas oito repetições de cinco plantas. As progênies foram cedidas por 10 instituições e fazem parte dos programas de melhoramento conduzidos individualmente pelas mesmas, portanto, representam bem a base genética da espécie no país. A instalação dos testes nos diferentes locais foi realizada nos anos de 2008/2009 (Tabela 1) e seguiram procedimentos próprios de cada empresa no que se refere ao preparo do solo, adubação de plantio, tratos culturais, dentre outros. Nas avaliações foram mensurados a altura total (ALT, m) e o diâmetro à altura do peito (DAP, m). A partir destes foi calculado o volume individual com casca (VOL, m³) em que foi usando o fator de forma 0,42.

Foi observada a existência de heterogeneidade dos resíduos entre os ambientes devido às diferentes épocas de avaliação (idade). Para solucionar isto foi calculado o incremento médio anual (IMA) para as três características estudadas, sendo o valor individual (ALT, DAP, VOL) dividido pela idade no momento da avaliação.

Foram realizadas as análises individuais por ambiente e conjunta, considerando-se os oito locais de experimentação. Para a análise por ambiente foi usado o seguinte modelo estatístico (RESENDE, 2007):

$$Y = Xb + Za + Wc + e \quad (1)$$

Y: é o vetor dos dados fenotípicos (Altura, DAP e IMA - Volume);

b: é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

a: é o vetor dos efeitos genéticos aditivos (assumidos como aleatórios);

c: é o vetor dos efeitos de parcela;

e: é o vetor de resíduos (aleatórios).

Os dados foram analisados com base no procedimento REML/BLUP. Para o estudo da interação genótipo x ambiente, utilizou-se o método da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) adotando-se o modelo abaixo (RESENDE, 2007; RESENDE; DUARTE, 2007).

$$Y = Xr + Zg + Wp + Ti + e \quad (2)$$

Y: é o vetor de dados fenotípicos (Altura, DAP, IMA - Volume);

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

g: é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios);

p: é o vetor dos efeitos de parcela (aleatórios);

i: é o vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios);

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

As letras maiúsculas dos modelos 1 e 2 representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos (RESENDE, 2007). Para obtenção das Deviances foi utilizado o modelo completo com a eliminação de cada causa de variação, e depois subtraindo os valores obtidos para testar o efeito de

cada fator da fonte de variação. Os efeitos foram testados pelo teste de χ^2 (VIANA; RESENDE, 2014).

De forma complementar, obtiveram-se os ganhos em cada local (seleção direta por local) e com base na seleção praticada por meio da MHPRVG, com respostas em cada local (seleção indireta). Para isto foi adotada a seleção de 25 progênies, o que corresponde aproximadamente a uma intensidade de seleção de 15%. Todas as análises estatísticas foram processadas no programa genético estatístico Selegen (RESENDE; DUARTE, 2007).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A variação nas idades de avaliação (Tabela 1), compreendida entre 36 e 51 meses, juntamente com as variâncias de diferentes magnitudes observadas entre os locais, justifica a padronização dos dados, o que proporciona uma redução da heterogeneidade das variâncias entre os locais (PINTO JÚNIOR et al., 2011).

Pela análise de Deviance (Tabela 2), observou-se que os efeitos de genótipos, parcela e a interação genótipo por ambiente (GxA) foram significativos a 1% para os três caracteres (IMA-VOL, DAP e ALT). Diante disto, pode-se inferir que as estimativas dos componentes referentes aos efeitos de genótipos, parcela e da interação genótipo por ambiente, são diferentes de zero (AZEVEDO et al., 2015; VIANA; RESENDE, 2014).

Tabela 2. Análise de deviance, segundo o método Modelo 51 do software Selegen, para as características incremento médio volumétrico anual em volume (IMA-VOL; $m^3 \text{ árvore}^{-1} \text{ ano}^{-1}$), diâmetro a altura do peito (IMA-DAP; $cm \text{ árvore}^{-1} \text{ ano}^{-1}$) e altura comercial (IMA-ALT, $m \text{ árvore}^{-1} \text{ ano}^{-1}$) em famílias de progênies de polinização aberta de *Eucalyptus grandis* em diferentes locais.

Table 2. Deviance analysis according to model 51 described at Selegen software for the traits volume, diameter at breast height and height for the open-pollinated progenies of *Eucalyptus grandis* in the evaluated environments.

Efeito	Deviance		
	IMA-VOL	IMA-DAP	IMA-ALT
Genótipos	295717,03**	227410,10**	228034,89**
Parcela	295358,72**	227289,92**	227861,29**
Interação GxA	295472,81**	227498,91**	228091,06**
Modelo completo	295363,34	227277,75	227840,84

χ^2 tabelado: 6,63 para os níveis de significância de 1%. **: significativo ($p < 0,01$).

As estimativas das variâncias genotípicas ($\hat{\sigma}_g^2$), para os três caracteres avaliados (Tabela 3), são de magnitude semelhante, considerando as respectivas escalas, podendo-se inferir que o controle genético dos mesmos é similar. Este fato é confirmado pelos valores semelhantes de herdabilidade de média de progênies ($\hat{h}_{mg}^2$), variando de 0,86 para IMA-VOL a 0,87 para IMA-ALT (Tabela 3). No entanto, as herdabilidades restritas em nível de plantas individuais ($\hat{h}_a^2$) variaram de 0,05 (IMA-DAP) a 0,06 (IMA-ALT), evidenciando maior eficiência com a seleção com base no valor genético de famílias em detrimento do valor individual, como relatado em outros estudos com espécies de *Eucalyptus* (PUPIN et al., 2015; ROSADO et al., 2009; SOUZA et al., 2011).

Tendo em vista as altas magnitudes das herdabilidades médias de progênies ($\hat{h}_{mg}^2$) fica evidenciada a existência de variabilidade entre as famílias de *E. grandis* o que proporciona boa probabilidade de sucesso na seleção de genótipos e famílias superiores (Tabela 3). O coeficiente de variação experimental foi mais elevado para volume em comparação com DAP e altura, porém, ainda estão adequados para condições de campo (MORAES et al., 2015; ROCHA et al., 2007). Além disso, os coeficientes de determinação dos efeitos de parcelas (R_{parc}^2) não foram significativos para IMA-VOL e IMA-DAP, e para IMA-ALT ficaram dentro dos limites aceitáveis para bons experimentos, evidenciando baixa influência ambiental dentro de parcelas e elevada precisão experimental (STURION; RESENDE, 2011).

Tomando-se por base a herdabilidade da média de genótipos ($\hat{h}_{mg}^2$) e acurácia de seleção de genótipos ($\hat{r}_a^2$) para inferir sobre a precisão do modelo, pode-se considerar que este é adequado para as características avaliadas (ALMEIDA FILHO et al., 2014). As acurácias (Tabela 3) observadas são superiores a 92%, indicando alta precisão experimental, o que possibilita a seleção dos genótipos superiores com segurança (RESENDE; DUARTE, 2007).

Tabela 3. Estimativa de parâmetros genéticos de 165 famílias de polinização aberta de *Eucalyptus grandis* em diferentes locais, segundo o modelo 51 do software Selegen, para o incremento médio anual em volume (IMA-VOL, m³ árvore⁻¹ ano⁻¹), diâmetro a altura do peito (IMA-DAP, cm árvore⁻¹ ano⁻¹), altura comercial (IMA-ALT, m árvore⁻¹ ano⁻¹).

Table 3. Estimates of genetic parameters of 165 open-pollinated progenies of *Eucalyptus grandis* in the evaluated environments, according to model 51 described at Selegen software for the traits volume, diameter at breast height and height.

Estimadores	IMA-VOL	IMA-DAP	IMA-ALT
$\hat{\sigma}_g^2$	0,0001	0,0641	0,0843
$\hat{\sigma}_{par}^2$	0,0004	0,0203	0,0348
$\hat{\sigma}_{gxa}^2$	0,0002	0,0573	0,0755
$\hat{\sigma}_e^2$	0,0027	1,1841	1,1937
$\hat{\sigma}_f^2$	0,0032	1,3258	1,3882
$\hat{h}_a^2$	0,0599	0,0484	0,0607
R_{par}^2	0,0135	0,0153	0,0251
R_{gxa}^2	0,0699	0,0432	0,0544
$\hat{h}_{mg}^2$	0,8600	0,8595	0,8723
$\hat{r}_a^2$	0,9273	0,9271	0,9339
r_{gxloc}	0,4615	0,5281	0,5274
CV_g	17,10	6,81	6,60
CV_e	27,62	12,55	11,00
Média	0,0804	3,72	4,40

$\hat{\sigma}_g^2$ - variância genotípica; $\hat{\sigma}_{par}^2$ - variância ambiental entre parcelas; $\hat{\sigma}_{gxa}^2$ - variância da interação genótipo x ambiente; $\hat{\sigma}_e^2$ - variância residual; $\hat{\sigma}_f^2$ - variância fenotípica individual; $\hat{h}_a^2$ - herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos valores genotípicos totais; R_{par}^2 - coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; R_{gxa}^2 - coeficiente determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente; $\hat{h}_{mg}^2$ - herdabilidade da média de progênies; $\hat{r}_a^2$ - acurácia de seleção de progênies; r_{gxloc} - correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes; CV_g - coeficiente de variação genotípica; CV_e - coeficiente de variação residual; Média geral.

A correlação genotípica do desempenho das progênies nos vários ambientes (r_{gxloc}) foi relativamente baixa (Tabela 3), denotando a existência de interação genótipos por ambientes, conforme observado em progênies de *E. saligna* em três locais na região sudeste do Brasil (OLIVEIRA et al., 2018). Além disso, a correlação genotípica considerando a relação dois a dois entre os locais (Tabela 4) variou de 0,05 (L3 e L8) a 0,96 (L2 e L3) para IMA-VOL, de 0,03 (L3 e L6; L4 e L5) a 0,96 (L2 e L3) para IMA-DAP e de 0,05 (L3 e L7) a 0,93 (L5 e L6) para IMA-ALT. Existem locais com alta correlação genotípica, alguns com magnitude moderada e outros com baixa correlação. Com base nestes resultados, essa interação é do tipo complexa, ou seja, a seleção simultânea das progênies para os vários locais, não é a melhor estratégia para se obter ganhos satisfatórios em todos os ambientes estudados, posto que há alterações expressivas na classificação dos genótipos superiores frente às variações ambientais.

A partir da comparação entre a seleção pelo método da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) e a seleção direta por local (Tabela 5) pode-se observar que esta proporciona maiores estimativas de ganhos que a primeira. Isto se deve à ocorrência de interação significativa entre as progênies e os diferentes locais estudados, pelas baixas estimativas de r_{gxloc} , considerando a análise conjunta e diferenças nas magnitudes de correlações genotípicas entre locais. Nestes casos, a MHPRVG proporciona uma redução na produtividade relativa dos genótipos, os quais nem sempre são os mais produtivos em todos os locais.

Desta forma, a eficiência da seleção pela MHPRVG, comparativamente à seleção por local, variou de 19% (L3) a 80% (L8) para IMA-VOL; de 26% (L4, L4) a 87% (L7) para IMA-DAP e de 36% (L4) a 84% (L7) para IMA-ALT. O número de progênies em comum, considerando-se a seleção por local e pela MHPRVG, variou de 6 (L3, L4) a 16 (L8) para o volume, de 6 (L3, L4) a 15 (L7) para DAP e de 8 (L3) a 16 (L6, L7) para altura (Tabela 5).

Assim, o local L3 (Monte Dourado B) foi o que mais contribuiu para a interação do tipo complexa do genótipo por ambiente, seguidos dos locais L2 e L4 (Monte Dourado, A e E), penalizando a eficiência da seleção pela MHPRVG com menor número de progênies selecionadas em comum com a seleção por local. Estes resultados possibilitam verificar a existência de instabilidade dos genótipos através dos locais, sendo que a seleção a partir da MHPRVG penaliza esta instabilidade e capitaliza a capacidade de resposta à melhoria do ambiente (CARBONELL et al., 2007). Por outro lado, os locais L5 (Pratânia), L6 (Anhembi), L7 (Capão Bonito B) e L8 (Lençóis Paulista) capitalizaram a in-

teração genótipos por ambiente, proporcionando maiores expectativas de eficiência da seleção pela MHPRVG e as maiores coincidências entre as progênies selecionadas por local com a seleção pela análise conjunta pelo método MHPRVG, conforme observado por Pupin et al. (2015).

Tabela 4. Herdabilidade ao nível de média de famílias de polinização aberta para cada local (diagonal principal), relacionando-se dois a dois (acima da diagonal principal) e correlações genotípicas entre famílias e locais, dois a dois (entre parênteses), em testes de famílias de polinização aberta em *Eucalyptus grandis* para o incremento médio anual de volume (IMA-VOL, m³ árvore⁻¹ ano⁻¹), diâmetro a altura do peito (IMA-DAP, cm árvore⁻¹ ano⁻¹) e altura total (IMA-ALT, m árvore⁻¹ ano⁻¹).

Table 4. Mean heritability of progenies for each environments (main diagonal), for combination of 2 by 2 environments (above the main diagonal), and genetic correlation of environments for the combination of 2 by 2 (in parentheses) of open-pollinated progenies of *Eucalyptus grandis* for the traits: volume, diameter at breast height and height.

Locais		L1	L2	L3	L4	L5	L6	L7	L8
L1	IMA-VOL	0,480	0,310 (0,373)	0,421 (0,556)	0,261 (0,311)	0,373 (0,324)	0,455 (0,437)	0,392 (0,329)	0,252 (0,196)
	IMA-DAP	0,484	0,313 (0,381)	0,333 (0,402)	0,264 (0,302)	0,395 (0,363)	0,433 (0,406)	0,293 (0,221)	0,371 (0,310)
	IMA-ALT	0,553	0,349 (0,374)	0,454 (0,538)	0,483 (0,614)	0,453 (0,384)	0,414 (0,367)	0,316 (0,231)	0,469 (0,422)
L2	IMA-VOL		0,511 (0,961)	0,674 (0,663)	0,519 (0,663)	0,195 (0,164)	0,303 (0,284)	0,271 (0,221)	0,122 (0,089)
	IMA-DAP		0,447 (0,959)	0,641 (0,959)	0,539 (0,752)	0,158 (0,137)	0,285 (0,261)	0,202 (0,156)	0,122 (0,089)
	IMA-ALT		0,589 (0,717)	0,593 (0,717)	0,521 (0,626)	0,353 (0,295)	0,401 (0,364)	0,328 (0,253)	0,248 (0,192)
L3	IMA-VOL			0,444 (0,936)	0,656 (0,936)	0,153 (0,131)	0,070 (0,061)	0,158 (0,128)	0,071 (0,053)
	IMA-DAP			0,419 (0,866)	0,593 (0,866)	0,149 (0,134)	0,030 (0,026)	0,044 (0,033)	0,095 (0,071)
	IMA-ALT			0,583 (0,717)	0,562 (0,717)	0,291 (0,247)	0,068 (0,055)	0,071 (0,051)	0,243 (0,198)
L4	IMA-VOL				0,562 (0,038)	0,049 (0,038)	0,105 (0,089)	0,101 (0,075)	0,098 (0,070)
	IMA-DAP				0,564 (0,026)	0,032 (0,026)	0,059 (0,047)	0,041 (0,029)	0,063 (0,044)
	IMA-ALT				0,500 (0,139)	0,181 (0,139)	0,229 (0,190)	0,104 (0,070)	0,471 (0,423)
L5	IMA-VOL					0,718 (0,863)	0,758 (0,863)	0,780 (0,867)	0,805 (0,841)
	IMA-DAP					0,693 (0,943)	0,797 (0,943)	0,789 (0,857)	0,834 (0,896)
	IMA-ALT					0,774 (0,930)	0,831 (0,930)	0,822 (0,851)	0,753 (0,739)
L6	IMA-VOL						0,684 (0,844)	0,760 (0,844)	0,729 (0,728)
	IMA-DAP						0,700 (0,873)	0,799 (0,873)	0,789 (0,814)
	IMA-ALT						0,736 (0,940)	0,856 (0,940)	0,690 (0,650)
L7	IMA-VOL							0,548 (0,765)	0,759 (0,765)
	IMA-DAP							0,576 (0,810)	0,814 (0,810)
	IMA-ALT							0,777 (0,648)	0,716 (0,648)
L8	IMA-VOL								0,773
	IMA-DAP								0,797
	IMA-ALT								0,840

L1 - Itamarandiba (48); L2 - Monte Dourado A (36); L3 - Monte Dourado B (36); L4 - Monte Dourado E (46); L5 - Pratânia (48); L6 - Anhembi (36); L7 - Capão Bonito B (36); L8 - Lençóis Paulista (51). Os números entre parênteses referem-se às idades de avaliação dos testes em cada um dos locais.

Tabela 5. Estimativas de ganhos genéticos, com base na seleção por local e pela Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) na análise conjunta dos 8 locais, pela seleção das 25 famílias de polinização aberta de *Eucalyptus grandis* para o incremento médio anual de volume (IMA-VOL, m³ árvore⁻¹ ano⁻¹), diâmetro a altura do peito (IMA-DAP, cm árvore⁻¹ ano⁻¹) e altura (IMA-ALT, m árvore⁻¹ ano⁻¹).

Table 5. Estimates of genetic gain based on single environments and based on harmonic mean of the relative performance of breeding values (MHPRGV) using the analysis of 8 environments for selection of the best 25 progenies of *Eucalyptus grandis* for the traits: volume, diameter at breast height and height.

Caracteres	Parâmetros	L1	L2	L3	L4	L5	L6	L7	L8
IMA-VOL	Seleção por Local	0,0117	0,0105	0,0075	0,0092	0,0582	0,0437	0,0437	0,0690
	Seleção MHPRVG	0,0057	0,0028	0,0014	0,0022	0,0414	0,0297	0,0310	0,0551
	Eficiência da Seleção MHPRVG	48,33	26,83	19,00	23,52	71,21	67,85	70,96	79,90
	Nº de progênie em comum	11	7	6	6	14	11	13	16
IMA-DAP	Seleção por Local	0,2736	0,2653	0,2376	0,2726	0,9969	0,9684	1,2670	0,8466
	Seleção MHPRVG	0,1165	0,0767	0,0662	0,0718	0,7974	0,6802	1,1089	0,6754
	Eficiência da Seleção	42,60	28,90	27,87	26,35	79,99	70,24	87,52	79,78
	Nº de progênie em comum	10	7	6	6	14	10	15	12
IMA-ALT	Seleção por Local	0,3258	0,4648	0,4332	0,2737	1,2209	1,2773	1,4925	0,7468
	Seleção MHPRVG	0,1701	0,2112	0,2036	0,0975	0,9750	1,0766	1,2605	0,5321
	Eficiência da Seleção	52,22	45,43	46,99	35,62	79,86	84,29	84,45	71,25
	Nº de progênie em comum	10	10	8	10	11	16	16	15

L1 - Itamarandiba (48); L2 - Monte Dourado A (36); L3 - Monte Dourado B (36); L4 - Monte Dourado E (46); L5 - Pratânia (48); L6 - Anhembi (36); L7 - Capão Bonito B (36); L8 - Lençóis Paulista (51).

A partir da seleção baseada na MHPRVG, foram identificadas as 25 melhores famílias para cada um dos três caracteres separadamente (Tabela 6). Pequenas alterações ocorreram entre as 25 famílias superiores para cada um dos caracteres, sendo 18 o número de famílias coincidentes para as três características dentre as 25 selecionadas. As famílias 6, 73, 98, estão entre as 25 melhores apenas para o volume e DAP.

Dentre as progênie selecionadas com base na MHPRVG, algumas se destacaram por também terem sido superiores em pelo menos 7 dos 8 ambientes de experimentação, a exemplo da família 2, para volume e para DAP, e a 15 e 131 para ALT (Tabela 6). Estas famílias demonstram, portanto, boa plasticidade e merecem atenção especial pela estabilidade de comportamento em diferentes ambientes.

Apesar da MHPRVG proporcionar eficiência seletiva baixa para alguns dos 8 ambientes (Tabela 5), deve-se considerar que a grande vantagem da mesma é que as progênie superiores apresentam boa adaptabilidade, estabilidade genotípica e, portanto, capazes de manterem bom desempenho em diferentes ambientes. Contudo para alguns locais (L5, L6, L7 e L8), a eficiência da MHPRVG é alta, provavelmente devido à interação predominante simples desses quatro locais.

A expectativa de ganhos com a seleção das 25 melhores famílias com base na MHPRVG é de 14,2% em volume, de 6,0% para DAP e de 7,5% para ALT, considerando-se o desempenho médio das 165 famílias nos oito locais, o que demonstra o potencial das mesmas para plantios em diferentes regiões edafoclimáticas do Brasil.

Se o interesse for transformar os testes de progênie em Pomar de Sementes por Mudas (PSM), a melhor estratégia é selecionar com base nos valores genéticos dos indivíduos em cada local. Neste caso deve ser utilizada a adaptabilidade e estabilidade específica para cada um dos locais estudados, similar ao observado com progênie de *E. saligna* na região sudeste do Brasil (OLIVEIRA et al., 2018). Contudo, se o interesse for obter uma fonte de sementes de *E. grandis*, com boa adaptação, estabilidade e produtividade num conjunto de ambientes, a melhor estratégia é selecionar com base na MHPRVG. Nesta situação, pode-se adotar uma das duas estratégias: i) clonar as progênie selecionadas e constituir um Pomar de Sementes Clonal (PSC), por exemplo, num único ambiente e este ser a fonte fornecedora de sementes ou ii) desbastar um dos testes de progênie, localizado num ambiente com alta correlação genótipo por local ($r_{g \times loc}$), portanto representativo dos demais locais ou de um conjunto de locais específicos, transformando-o num PSM.

Tabela 6. Adaptabilidade e estabilidade dos valores genotípicos (MHPRVG) para o incremento médio anual de volume (IMA-VOL, m³ árvore⁻¹ ano⁻¹), diâmetro a altura do peito (IMA-DAP, cm árvore⁻¹ ano⁻¹) e altura (IMA-ALT, m árvore⁻¹ ano⁻¹) nas 25 famílias superiores para cada caráter, avaliados em 165 famílias de polinização aberta de *Eucalyptus grandis*, em 8 locais, com idades entre 36 e 51 meses.

Table 6. Adaptability and stability of genotypic values (MHPRVG) for the traits mean annual increment in volume, diameter at breast height and height evaluated in 165 open-pollinated progenies of *Eucalyptus grandis* in 8 environments, at ages 36 and 51 months.

Classificação	IMA-VOL			IMA-DAP			IMA-ALT		
	Família	MHPRVG	Nova Média	Família	MHPRVG	Nova Média	Família	MHPRVG	Nova Média
1	13 (4) ¹	1,281	0,1029	14 (5)	1,112	4,13	15 (7)	1,130	4,97
2	5 (5)	1,275	0,1025	2 (7)	1,104	4,11	152 (4)	1,128	4,96
3	21 (4)	1,273	0,1023	21 (4)	1,104	4,10	13 (5)	1,125	4,94
4	152 (5)	1,265	0,1017	5 (5)	1,103	4,10	2 (6)	1,123	4,94
5	2 (7)	1,264	0,1016	152 (5)	1,102	4,10	5 (5)	1,121	4,93
6	30 (2)	1,255	0,1009	13 (2)	1,095	4,07	30 (3)	1,119	4,92
7	14 (4)	1,228	0,0987	163 (4)	1,089	4,05	14 (4)	1,113	4,89
8	131 (4)	1,224	0,0984	15 (5)	1,088	4,05	131 (7)	1,111	4,88
9	139 (4)	1,205	0,0969	106 (2)	1,088	4,04	21 (2)	1,110	4,88
10	143 (4)	1,193	0,0959	139 (4)	1,086	4,04	19 (6)	1,097	4,82
11	106 (2)	1,190	0,0957	131 (6)	1,086	4,04	104 (5)	1,095	4,81
12	19 (4)	1,183	0,0951	143 (3)	1,083	4,03	51 (3)	1,095	4,81
13	104 (2)	1,178	0,0947	6 (4)	1,077	4,01	143 (4)	1,094	4,81
14	17 (4)	1,176	0,0946	73 (2)	1,075	4,00	139 (4)	1,090	4,79
15	163 (4)	1,167	0,0939	104 (2)	1,074	3,99	106 (2)	1,088	4,78
16	98 (1)	1,165	0,0937	30 (2)	1,071	3,98	17 (5)	1,088	4,78
17	12 (2)	1,162	0,0934	17 (3)	1,071	3,98	9 (4)	1,086	4,78
18	9 (4)	1,159	0,0931	98 (3)	1,069	3,97	28 (2)	1,086	4,78
19	15 (6)	1,158	0,0931	19 (2)	1,068	3,97	163 (4)	1,085	4,77
20	6 (4)	1,152	0,0926	29 (3)	1,065	3,96	107 (2)	1,084	4,77
21	7 (2)	1,150	0,0925	79 (3)	1,064	3,96	50 (2)	1,084	4,76
22	29 (2)	1,149	0,0924	51 (2)	1,064	3,96	10 (3)	1,082	4,76
23	73 (2)	1,147	0,0922	10 (3)	1,062	3,95	29 (3)	1,077	4,74
24	10 (3)	1,144	0,092	130 (2)	1,061	3,95	165 (5)	1,076	4,73
25	148 (2)	1,142	0,0918	69 (2)	1,060	3,94	130 (3)	1,075	4,73

I – valor entre parênteses refere-se ao número de ambientes em que a progênie aparece entre as 25 superiores.

Contudo, dadas as baixas estimativas de correlação entre pares de locais, sugere-se a adoção de zoneamento ou estratificação de ambientes (locais) de forma a se obter locais representativos de um subconjunto destes, em que as estimativas de correlação entre pares de locais possam ser otimizadas. Diante do exposto, o local 5 (L5 - Pratânia) apresentou correlação genotípica de 0,86, 0,94 e 0,93 respectivamente para volume, DAP e altura das árvores com o local 6 e alta correlação genotípica com os locais 7 e 8 (Tabela 4). Pratânia, conforme citado anteriormente, também está entre os locais que apresentam alta eficiência da seleção pela MHPRVG e elevadas coincidências entre as famílias selecionadas por local com a seleção pelo método da MHPRVG. Assim, Pratânia poderia ser o local escolhido como fornecedor de sementes representativas em termos de adaptação, estabilidade e produtividade para os locais 6 (L6 - Anhembi), 7 (L7 - Capão Bonito B) e 8 (L8 - Lençóis Paulista). Por outro lado, o local 5 apresenta baixas correlações genotípicas com os demais locais sugerindo que as sementes oriundas de Pratânia, certamente não seriam as de maiores valores genotípicos em Itamarandiba (L1), Monte Dourado A, B e E (L2, L3 e L4 respectivamente).

O local 3 (L3 - Monte Dourado B) é o que apresentou maiores correlações genotípicas com os locais 1 (L1 - Itamarandiba), 2 (L2 - Monte Dourado A) e 4 (L4 - Monte Dourado E) para as três características avaliadas (Tabela 4). A estratégia com redução de esforços necessários para avaliações e seleção de genótipos superiores, seria a escolha das progênies por meio da MHPRVG com posterior clonagem e escolha de Monte Dourado B (L3) como local fornecedor de sementes para Itamarandiba (L1), Monte Dourado A e E (L2, e L4 respectivamente).

Tendo em vista os resultados obtidos no presente estudo, a interação genótipo x ambiente entre os locais avaliados dificulta a escolha de um único local representativo na constituição de um Pomar de Sementes Clonal (PSC) e fornecedor de sementes para novos locais. No entanto, pode-se utilizar dois locais a fim de obter genótipos superiores e representativos para várias regiões.

CONCLUSÕES

A interação genótipo por ambiente é expressiva e do tipo complexa, prejudicando a eficiência da seleção simultânea para todos os locais.

Como estratégia de melhoramento deve-se adotar a estratificação ambiental, e adotar Pratânia e Monte Dourado B como ambientes representativos dos locais estudados para seleção de genótipos superiores de *E. grandis*.

AGRADECIMENTOS

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão de bolsa de Produtividade em Pesquisa ao quarto autor.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALMEIDA FILHO, J. E. D.; TARDIN, F. D.; RESENDE, M. D. V.; GRANATO, I. S. C.; MENEZES, C. B. D. Genetic evaluation of grain sorghum hybrids in Brazilian environments using the REML/BLUP procedure. *Scientia Agricola*, Piracicaba, v. 71, n. 2, p. 146-150, 2014.

AZEVEDO, L. P. A.; COSTA, R. B.; MARTINEZ, D. T.; TSUKAMOTO FILHO, A. A.; BRONDANI, G. E.; BARETTA, M. C.; AJALA, W. V. Seleção genética em progênies de *Eucalyptus camaldulensis* em área de cerrado matogrossense. *Ciencia Rural*, Santa Maria, v. 45, n. 11, p. 2001-2006, 2015.

BERNARDO, R. *Breeding for Quantitative Traits in Plants*. 2ed. Woodbury: Stemma Pres, 2010. 400 p.

CARBONELL, S. A. M.; CHIORATO, A. F.; RESENDE, M. D. V.; DIAS, L. D. S.; BERALDO, A. L. A.; PERINA, E. F. Estabilidade de cultivares e linhagens de feijoeiro em diferentes ambientes no estado de São Paulo. *Bragantia*, Campinas, v. 66, n. 2, p. 193-201, 2007.

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

IBÁ - INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES. *Relatorio IBÁ 2016*. Brasília: Industria Brasileira de Árvores, 2016. 100 p.

MOLION, L. C. B. Perspectivas climáticas para os próximos 20 anos. *Revista Brasileira de Climatologia*, Curitiba, v. 3, p. 117-128, 2008.

MORAES, C. B.; BRIZOLLA, T. F.; TEIXEIRA, L. G.; ZIMBACK, L.; TAMBARUSSI, E. V.; CHAVES, R.; MORAES, M. L. T.; MORI, E. S. Estimativas dos parâmetros genéticos para seleção de árvores de *Eucalyptus*. *Scientia Forestalis*, Piracicaba, v. 42, n. 104, p. 623-629, 2015.

NASCIMENTO, F. R. D. Os semiáridos e a desertificação no Brasil. *REDE-Revista Eletrônica do PRODEMA*, Fortaleza, v. 9, n. 2, p. 7-25, 2016.

OLIVEIRA, T. W. G.; PAULA, R. C.; MORAES, M. L. T.; ALVARES, C. A.; MIRANDA, A. C.; SILVA, P. H. M. Stability and adaptability for wood volume in the selection of *Eucalyptus saligna* in three environments, *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 2018. (no prelo)

ODA, S.; MENCK, A.; VENCOSKY, R. Problemas no melhoramento genético clássico do eucalipto em função da alta intensidade de seleção. **IPEF**, Piracicaba, n. 41-42, p. 8-17, 1989.

PINTO JÚNIOR, J. E. P.; STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V.; RONZELLI JÚNIOR, P. R. Avaliação simultânea de produtividade, adaptabilidade e estabilidade genotípica de *Eucalyptus grandis* em distintos ambientes do estado de São Paulo. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, n. 53, p. 79, 2011.

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

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 2005. 322 p.

RESENDE, M. D. V. **Selegen-Reml/Blup**: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, Colombo, 2007. 359 p.

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, 2007.

RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. F. Análise estatística da interação genótipos x ambientes e normas de reação. In: RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. F.; AZEVEDO, C. F. **Estatística Matemática, Biométrica e Computacional: Modelos Mistos, Multivariados, Categóricos e Generalizados (REML/BLUP), Inferência Bayesiana, Regressão Aleatória, Seleção Genômica, QTL-GWAS, Estatística Espacial e Temporal, Competição, Sobrevivência**. Viçosa: Suprema, 2014. p.369-394.

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

ROSADO, A. M.; ROSADO, T. B.; ALVES, A. A.; LAVIOLA, B. G.; BHERING, L. L. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47, n. 7, p. 964-971, 2012.

ROSADO, A. M.; ROSADO, T. B.; RESENDE JÚNIOR, M.; BHERING, L. L.; CRUZ, C. D. Ganhos genéticos preditos por diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus urophylla*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 12, p. 1653-1659, 2009.

SOUZA, C. S.; FREITAS, M. L. M.; DE MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Estimativas de parâmetros genéticos para caracteres quantitativos em progênies de polinização aberta de *Eucalyptus urophylla*. **Floresta**, Curitiba, v. 41, n.4, p. 847-856, 2011.

STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V. Eficiência do delineamento experimental e capacidade de teste no melhoramento genético da erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.) **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 1, n. 50, p. 1-8, 2011.

VIANA, A. P.; RESENDE, M. D. V. **Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras**. Rio de Janeiro: Interciência, 2014. 282 p..

Recebido em 21/02/2017

Aceito em 23/10/2017