

Efeitos da Correção de Dados na Redução da Heterogeneidade das Variâncias Genética, Ambiental e Fenotípica em Testes de Progênie de *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden¹

José Elidney Pinto Júnior²

José Alfredo Sturion³

Marcos Deon Vilela de Resende⁴

Pedro Ronzelli Júnior⁵

RESUMO

O objetivo do trabalho foi comparar duas formas de correção ou padronização de dados de crescimento de plantas e avaliar a sua eficiência na redução da heterogeneidade das variâncias genética, ambiental e fenotípica presentes em testes de progênie de *Eucalyptus grandis* W. ex Maiden. Cinquenta e três progênie de três procedências australianas foram testadas nos municípios paulistas de Mogi Guaçu, Boa Esperança do Sul e Caçapava, sob delineamento de blocos de famílias compactadas, com número de repetições variáveis por local e parcelas lineares de seis plantas cada, no espaçamento de 3 m x 2 m. O programa computacional SELEGEN-REML/BLUP foi utilizado para as análises genéticas e identificação dos melhores indivíduos e progênie para compor uma população de melhoramento e seu respectivo uso em pomares de sementes por mudas ou clonais. A correção de dados efetuada pela razão (h_i/h_{im}) entre a raiz quadrada da herdabilidade no local i e a média das raízes quadradas das herdabilidades, considerando a análise conjunta de locais, apresentou maior

¹ Extraído parcialmente do trabalho de tese de doutorado do primeiro autor.

² Engenheiro Florestal, Doutor, Pesquisador da *Embrapa Florestas*. zeito@cnpf.embrapa.br

³ Engenheiro Florestal, Doutor, Pesquisador da *Embrapa Florestas*. sturion@cnpf.embrapa.br

⁴ Engenheiro-Agrônomo, Doutor, Pesquisador da *Embrapa Florestas*. deon@cnpf.embrapa.br

⁵ Engenheiro-Agrônomo, Doutor, Professor do Setor de Ciências Agrárias da UFPR.

agroprj@agrarias.ufpr.br ou prjmack@mackenzie.com.br

eficiência quando comparada à não correção ou correção de dados feita pelo desvio padrão fenotípico (\hat{s}_p), usualmente empregado. Adicionalmente, os resultados das análises conjuntas de locais confirmaram que ganhos de alta magnitude podem ser obtidos para o crescimento em diâmetro, com a seleção de indivíduos baseada nos seus valores genéticos, tanto pelo desbaste dos testes, transformando-os opcionalmente em pomares de sementes por mudas, como por meio da propagação vegetativa dos melhores indivíduos para um pomar clonal de sementes. Em função dos valores obtidos para a correlação genética entre os locais, uma única População Seleccionada e um único Pomar Clonal de Sementes podem ser estabelecidos ao atendimento de regiões representativas dos três locais experimentais testados, implicando em economia de tempo e recursos. A variabilidade genética presente foi representada pelos valores moderados obtidos de herdabilidade individual, no sentido restrito, para o crescimento em diâmetro à altura do peito (DAP), nos três locais estudados. A adoção de estratégias e critérios propostos à seleção permitirá compor uma População Seleccionada com duzentos indivíduos de maiores valores genéticos, com número efetivo de progênes adequado, propiciando ganhos para DAP entre 12,89% a 24,33%, em relação à média experimental, no estabelecimento de um Pomar de Sementes por Mudanças. A seleção dos vinte indivíduos com os maiores valores genéticos aditivos, para o estabelecimento de um Pomar Clonal de Sementes, poderá propiciar ganhos para DAP entre 17,18% e 50,95%, em relação à média experimental. Por sua vez, a seleção dos vinte melhores indivíduos, com os maiores valores genotípicos, para o estabelecimento de um Jardim Clonal, poderá propiciar ganhos para DAP entre 22,40% a 82,16%, em relação à média experimental, para as plantações clonais resultantes do material selecionado em questão.

Palavras-chave: genética quantitativa; heterogeneidade de variâncias; melhoramento de eucalipto; predição de valores genéticos; REML/BLUP.

Effects of Different Data Transformation Methods on the Reduction of the Genetic, Environmental and Phenotypic Variance in the Progeny Trial of *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden

ABSTRACT

This research work was developed in order to evaluate progeny trials of *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden using the software SELEGEN-REML/BLUP. The best trees were identified in order to be used in seedling and clonal orchards. Fifty three half-sib progenies of three Australian provenances were tested in the municipalities of Mogi Guaçu, Boa Esperança do Sul and Caçapava, all located in the State of São Paulo. A compacted families block experimental design was used with variable number of replicates, linear plots of six trees each, and a 3.00 x 2.00 m spacing. Two methods of data standardization or transformation were used in order to evaluate their efficiency in the reduction of the genetic, environmental and phenotypic variances. The transformation or correction of the data, performed with the ratio (h_i/h_{im}) between the square root of heritability in locality i and the mean of square roots of heritability in each locality, presented higher efficiency than the non-correction as well as the data correction obtained with the phenotypic standard deviation (\hat{S}_p) usually used. Additionally, results of joint analysis of data from different locations have confirmed that high magnitude gains can be obtained for diameter growth through the selection of individuals based on their genetic values. This can be achieved either by thinning of the trial, resulting in a Seedling Seed Orchard or by vegetative propagation of the best individuals for the establishment of a clonal seed orchard. From the results obtained for genetic correlation among locations, one single Selected Population and only one Clonal Seed Orchard can be established which represent all the three experimental locations, which in turn result investment savings. Genetic variability was achieved with the moderate values obtained from individual heritability, in the narrow sense, for growth in DBH in the three locations studied. The adoption of strategies and criteria proposed for the selection provides the composition of a selected

population with two hundred individuals of high genetic value and an adequate effective number of progenies, producing gains for DBH between 12.89% and 24.33% in relation to the overall experimental average, for the establishment of a Seedling Seed Orchard. The selection of twenty individuals with the highest breeding values, for the establishment of a clonal seed orchard may provide gains for DBH between 17.18% and 50.95% in relation to the experimental average. On the other hand, the selection of the best twenty individuals, with the highest genotypic values for the establishment of a Seedling Seed Orchard, may provide gains for DBH between 22.40% and 82.16% in relation to the experimental average, for clonal plantations established with the selected material.

Keywords: quantitative genetics, heterogeneity of variances, eucalypt improvement, prediction of genetic values, REML/BLUP.

1. INTRODUÇÃO

Uma das principais vantagens competitivas do setor florestal brasileiro tem sido a detenção de tecnologias oriundas de programas de melhoramento genético e o emprego da multiplicação clonal do eucalipto, no decorrer dos últimos trinta anos. A necessidade de se aumentar continuamente a oferta de madeira de florestas plantadas obriga a aplicação e aperfeiçoamento de técnicas eficientes ao aumento da produtividade e melhoria da qualidade das plantações, conferindo-lhes sustentabilidade dos sistemas de produção, sem prejuízos ao ambiente. O correto emprego de material genético para a seleção e o uso de técnicas apropriadas de melhoramento são, assim, formas eficazes para a obtenção de ganhos crescentes de produtividade, principalmente para espécies no início de domesticação, como é o caso do eucalipto. A utilização da variabilidade genética pela seleção dos melhores genótipos conduz ao aumento de alelos favoráveis, ao longo das gerações, resultando na melhoria das características almejadas.

A precisão das avaliações genéticas depende da acurácia das estimativas dos componentes de variância e da adequação das pressuposições dos modelos à

natureza das informações disponíveis. A presença de heterogeneidade de variância genotípica pode comprometer a exatidão daquelas estimativas, reduzindo o potencial de progresso genético dos programas de seleção (COSTA, 1998). De acordo com Annicchiarico (2002), uma grande heterogeneidade de variância genotípica entre ambientes pode constituir-se num sério problema para a avaliação da estabilidade de rendimento das culturas, nos programas de melhoramento genético, pelo fato dela superestimar os componentes de variância da interação genótipo x ambiente, pelos efeitos não relacionados à mudança na resposta relativa dos genótipos entre ambientes.

Uma consequência direta da presença de heterogeneidade das variâncias, em diferentes níveis de produção, é o risco de se selecionar maior proporção de indivíduos de maior variabilidade fenotípica e não de maior valor genético, podendo, com isso, ocorrer até uma redução no progresso genético esperado (RAMOS et al., 1996). A heterogeneidade dos componentes de variância afeta diretamente as estimativas dos coeficientes de herdabilidade, conforme ressaltam Marion et al. (2001). Se a heterogeneidade de variância for ignorada, corre-se o risco de ordenação incorreta dos indivíduos, por meio de seus valores genéticos e, conseqüentemente, o progresso genético pode ser afetado (TEIXEIRA et al., 2002).

Vários métodos de correção para a heterogeneidade da variância já foram sugeridos pela pesquisa com espécies animais, dentre eles, o método de transformação de escala dos dados, por meio do desvio padrão residual ou fenotípico (HILL, 1984; WEIGEL & GIANOLA, 1992); enfoque de características múltiplas (HENDERSON, 1984; GIANOLA, 1986) e pré-ajustamento para a variância fenotípica dentro de rebanhos (WIGGANS & RADEN, 1991; WERF et al., 1994).

Resende (2004) tem ressaltado a superioridade dos procedimentos de transformação ou correção prévia dos dados que consideram tanto a heterogeneidade de variância genética quanto a ambiental, como é o caso da razão h_i/h_{im} , que se refere à raiz quadrada da herdabilidade no ambiente i e a média das raízes quadradas das herdabilidades em cada ambiente, respectivamente, quando comparada com outras formas de transformações usuais relatadas na literatura, as quais são baseadas apenas no desvio padrão fenotípico.

A correção ou transformação de dados, em relação à heterogeneidade de variância genotípica entre ambientes, particularmente entre locais, somente interessa às análises, objetivando a definição de estratégias de adaptação e estabilidade de rendimento (ANNICCHIARICO, 2002). Com especial referência à análise padrão da interação genótipo x ambiente, considerando um conjunto de dados de rendimentos de uma cultura, Fox & Rosielle (1982) propuseram a padronização ou correção de valores fenotípicos dentro de ambientes, particularmente para contrabalançar a tendência de ambientes de alto rendimento, supostamente caracterizado pela maior variância dos valores genotípicos, terem maior peso na avaliação da semelhança ambiental, para os efeitos dessa interação. Yau (1991), por sua vez, demonstrou que uma correlação positiva do desvio padrão fenotípico dentro de locais dos rendimentos dos genótipos com o rendimento médio entre ambientes era comum ocorrer em um conjunto de dados caracterizados por uma grande variação nos rendimentos médios dos genótipos.

Considerados esses antecedentes, o presente estudo objetivou:

- a) comparar duas formas de correção ou padronização de dados para o caráter diâmetro, como forma de considerar a heterogeneidade de variâncias manifestadas nos locais experimentais; e
- b) estimar os parâmetros genéticos e prever os ganhos esperados com a seleção, englobando 53 progênies de três procedências de sementes de *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden, estabelecidas em três locais do Estado de São Paulo, com base no crescimento em diâmetro, para comporem uma População de Melhoramento e os pomares de sementes por mudas e clonais.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 CARACTERIZAÇÃO GEOGRÁFICA, EDÁFICA E CLIMÁTICA DOS LOCAIS EXPERIMENTAIS

Os testes combinados de procedências e progênies de *Eucalyptus grandis* foram

estabelecidos nas áreas pertencentes a International Paper do Brasil Ltda (Champion Papel e Celulose S.A.); Ripasa S.A. Celulose e Papel e Votorantim Celulose e Papel - VCP Florestal, respectivamente nos municípios de Mogi Guaçu, Boa Esperança do Sul e Caçapava, no Estado de São Paulo. Os dados de localização geográfica dos testes e respectivas altitudes estão apresentados na Tabela 1.

Tabela 1. Localização geográfica dos testes de procedências e progênies de *E. grandis*, no Estado de São Paulo.

LOCAIS	LATITUDE (°S)	LONGITUDE (°O)	ALTITUDE (m)
Mogi Guaçu - SP	22°22'	46°56'	589
Boa Esperança do Sul- SP	21°57'	48°32'	540
Caçapava - SP	23°03'	45°46'	650

Os solos das áreas experimentais pertencem à classe LATOSSOLO VERMELHO ESCURO distrófico, para o local de Mogi Guaçu; LATOSSOLO AMARELO distrófico psamítico para Boa Esperança do Sul, e ARGISSOLO VERMELHO AMARELO distrófico típico para Caçapava (EMBRAPA, 1999). A textura é arenosa para os solos de Caçapava, média para os solos de Mogi Guaçu, e bastante arenosa para os solos de Boa Esperança do Sul. O tipo de relevo é suavemente ondulado para Mogi Guaçu e Boa Esperança do Sul e ondulado para Caçapava.

O clima tropical da região dos três locais estudados, segundo a Classificação de Köppen, é do tipo Cwa - mesotérmico, com verão quente e úmido, sendo o inverno seco e as geadas raras. Os dados de precipitação pluviométrica e de temperatura locais, bem como os valores de deficiência hídrica, para cada local de teste, são mostrados na Tabela 2.

Tabela 2. Valores de precipitação pluviométrica média anual, deficiência hídrica anual e de temperaturas dos locais experimentais, obtidos no período de 1989 a 1991.

LOCAIS	TEMPERATURAS (°C)					PRECIP. PLUVIOM. MÉDIA ANUAL (mm)	DEFICIÊNCIA HÍDRICA ANUAL (mm)
	Mínima Absoluta	Máxima Absoluta	Média Anual	Média mês + frio	Média mês + quente		
Mogi Guaçu	-3,0 (jul.)	36,6 (out.)	20,6	15,0 (jul.)	23,0 (jan.)	1.375 nov.-mar.	36
Boa Esperança Sul	-1,0 (jul.)	34,0 (jan.)	21,0	15,0 (jun.)	23,0 (nov.)	1.300 out.-mar.	120
Caçapava	-4,0 (jul.)	30,0 (jan.)	20,0	10,0 (jul.)	24,0 (jan.)	1.260 out.-mar.	220

2.2 CARACTERIZAÇÃO E PREPARO DO MATERIAL PARA PLANTIO

Em função do grande número de progênes a serem testadas e para permitir o maior aproveitamento possível do material genético disponível, a produção de mudas foi centralizada em um único viveiro (Ripasa S.A. Celulose e Papel), padronizada segundo procedimentos orientados pela *Embrapa Florestas*. Os testes foram estabelecidos no campo em março de 1986, para Mogi Guaçu e Boa Esperança do Sul, e em janeiro de 1988 para Caçapava, em locais representativos das áreas destinadas ao plantio de eucalipto daquelas empresas.

Face à previsão de produzir sementes melhoradas, após desbaste das árvores inferiores, todos os testes foram isolados por plantações florestais contendo espécies não afins com *E. grandis*, ou com faixas livres de vegetação.

O tipo de vegetação original nos três locais era o Cerrado e a vegetação imediatamente anterior ao estabelecimento dos testes eram plantações de eucalipto para os locais de Mogi Guaçu e Boa Esperança do Sul e pastagem para Caçapava.

O preparo de solo foi feito com arado reformador (camalhão sobre a linha de tocos) em Mogi Guaçu e Boa Esperança do Sul, e por meio de gradagem pesada e leve em Caçapava.

Os plantios de todos os locais não foram irrigados e, para garantir que as mudas mantivessem um bom estado nutricional no primeiro ano de crescimento, aplicou-se uma adubação mínima. Nos testes de Mogi Guaçu e de Boa Esperança do Sul, empregou-se a quantidade de 120 g/planta de NPK - 10:20:10, sob coroamento de 15-20 cm ao redor da muda, com a sua incorporação ao solo. Para esses mesmos locais anteriores, seis meses após o plantio, foi feita outra adubação, na quantidade de 50 g de NPK - 12:6:12, mais 10 g de FTE BR9, em forma de meia lua, distante 30 cm das plantas. No teste de Caçapava, por ocasião do plantio, foram aplicados 175 g de NPK - 10:20:10, mais 3% enxofre; 0,3% boro e 0,3% zinco.

2.3 GERMOPLASMA

O germoplasma utilizado é parte integrante do material coletado na Austrália, em expedição realizada pela *Embrapa Florestas*, em 1984, envolvendo dez espécies, 56 procedências de sementes de eucaliptos e 1.066 árvores. Para *E. grandis*, foram amostradas duzentas árvores de dez procedências de sementes, em Queensland (QLD) e Nova Gales do Sul (NSW). As procedências de sementes testadas neste trabalho foram amostradas em árvores de polinização aberta, supostamente de famílias de meios-irmãos, crescendo em populações naturais de *E. grandis*. Os dados de localização geográfica das procedências australianas e o número total de progênies avaliadas são mostrados na Tabela 3.

Tabela 3. Localização geográfica das procedências australianas de sementes testadas e número total (53) de progênies avaliadas em cada local.

PROCEDÊNCIAS	NÚMERO DE PROGÊNIES	LAT. (°S)	LONG. (°E)	ALT. (m)
Ravenshoe - Mt. Pandanus - QLD	20	17°42´	145°28´	860-940
Mareeba - QLD	11	17°06´	145°38´	900-1140
Mt. George - NSW	22	31°50´	152°01´	230

LAT: Latitude; LONG: Longitude; e ALT: Altitude.

2.4 DELINEAMENTO EXPERIMENTAL E COLETA DE DADOS

O delineamento utilizado foi o de blocos de famílias compactadas, com seis plantas constituindo as progênies, no espaçamento de 3 m x 2 m, com repetições ou blocos variando de cinco a dez, para os locais (Tabela 4). Em todos os três testes, foram mensurados o diâmetro à altura do peito (DAP), a altura total da árvore (altura) e feita a contagem de sobrevivência das plantas. A partir desses dados, foi estimado o volume cilíndrico total da árvore com casca (volume).

Entretanto, em razão dos altos valores previamente obtidos para as correlações genética e fenotípica entre as três variáveis (altura, DAP e volume) para cada local experimental (PINTO JÚNIOR, 2004) e da grande quantidade de dados que necessitariam ser processados, somente foi considerado o DAP neste trabalho, servindo os dados de altura e volume de madeira apenas para se dar uma idéia da magnitude de crescimento médio dos materiais testados. Deve-se ressaltar que a mensuração do DAP apresenta maior facilidade de acesso e exatidão no momento de sua avaliação, comparativamente à medição indireta da altura das árvores (STURION et al., 1994), além do fato de o DAP estar altamente correlacionado com a altura e volume das árvores, em termos genéticos (PINTO JÚNIOR, 2004).

O número de progênies por procedência, número de repetições ou blocos, número total de árvores em cada teste, bem como a idade de avaliação, são mostrados na Tabela 4, destacando-se que todas as três procedências e 53 progênies são comuns aos três locais de testes.

Tabela 4. Número de repetições, número de progênies por procedência, total de árvores por experimento e idade de avaliação.

LOCAIS	NÚMERO DE REPETIÇÕES			NÚMERO DE PROGÊNIES			TOTAL DE ÁRVORES	IDADE (MESES)
	RAV	MAR	MTG	RAV	MAR	MTG		
Mogi Guaçu	9	10	10	20	11	22	3.060	72
Boa Esperança	9	7	10	20	11	22	2.862	61
Caçapava	5	5	5	20	11	22	1.590	60

RAV: Ravenshoe – Mt. Pandanus-QLD; MAR: Mareeba-QLD; MTG: Mt. George-NSW.

2.5 CORREÇÃO DE DADOS E HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIAS

Na análise de grupos de experimentos, principalmente com diferentes idades, a padronização de dados é recomendável, com vistas a excluir o efeito de escala dos caracteres estudados e reduzir a heterogeneidade de variâncias entre os locais.

É importante ressaltar que, devido à avaliação dos testes ter sido feita em diferentes idades e face à distinta qualidade do ambiente de cada teste, procedeu-se a uma padronização ou correção dos dados, empregando-se valores do desvio padrão fenotípico e de estimativas de herdabilidades. A correção dos dados pelo desvio padrão fenotípico foi feita, dividindo-se cada observação (y) do caráter avaliado pelo valor da raiz quadrada da variância fenotípica de cada local, conforme metodologia relatada por Resende (2002a). Os dados corrigidos pela herdabilidade foram obtidos, multiplicando-os pelo valor da razão h_i/h_{im} , respectivamente a raiz quadrada da herdabilidade do caráter analisado no ambiente i , e as médias das raízes quadradas das herdabilidades em cada ambiente, conforme metodologia sugerida por Resende (2004). Tal procedimento permite inferir sobre as eficiências de cada tipo de correção empregada, após seu processamento pelo programa computacional SELEGEN-REML/BLUP.

Os valores calculados do desvio padrão fenotípico e de herdabilidade individual, no sentido restrito, usados nas respectivas correções de dados de DAP, para a análise de cada teste e análise conjunta de locais, são mostrados na Tabela 5.

Todas as análises conjuntas de locais também tiveram seus dados de DAP previamente corrigidos pelo desvio padrão fenotípico médio (análise conjunta) e pela razão h_i/h_{im} média entre os locais (raiz quadrada da herdabilidade h_i sobre a média das raízes quadradas das herdabilidades em cada ambiente ou local h_{im}).

Tabela 5. Valores de desvio padrão fenotípico e de herdabilidade usados para a correção de dap.

PARÂMETROS	LOCAIS			
	MOGI GUAÇU	BOA ESPERANÇA SUL	CAÇAPAVA	EM CONJUNTO
\hat{s}_f	4,3710	3,2926	2,7504	3,6565 ⁽¹⁾
h^2	0,2485	0,2069	0,2150	0,2235 ⁽²⁾

(\hat{s}_f): desvio-padrão fenotípico e h^2 : herdabilidade individual, no sentido restrito, para o caráter DAP: diâmetro à altura do peito; (1): desvio padrão fenotípico da análise conjunta dos três locais; (2): herdabilidade média de locais.

Os dados corrigidos foram, então, comparados com os dados não corrigidos, para averiguar a eficiência da correção ou padronização efetuada, na redução da heterogeneidade das variâncias genéticas. A eficiência foi avaliada em termos da coincidência do número de indivíduos e de progênies (famílias) comuns aos respectivos ordenamentos gerados pelo SELEGEN-REML/BLUP, na comparação dos dados resultantes de cada tipo de correção com os dados não corrigidos, expressa em porcentagem. Quanto aos indivíduos, a comparação foi feita, considerando-se apenas os primeiros cinquenta indivíduos de cada ordenamento resultante dessas análises.

2.6 ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS GENÉTICOS

Para a avaliação dos 7.512 indivíduos reunidos na análise conjunta de locais, foram utilizados os modelos estatísticos 1, 5 e 14 do programa computacional SELEGEN-REML/BLUP, desenvolvidos por Resende (2002b) e descritos adiante:

2.6.1 Modelo estatístico 1 - blocos ao acaso, progênies de meios irmãos, várias plantas por parcela

O modelo 1 aplica-se aos testes de progênies de meios-irmãos, com delineamento de blocos ao acaso, várias plantas por parcela, um só local e uma única população. As variáveis foram analisadas pela metodologia do modelo linear misto (univariado aditivo)-REML/BLUP, seguindo-se o procedimento apresentado por Resende & Fernandes (1999), indicado a seguir:

$$y = Xb + Za + Wc + e$$

onde: y , b , a , c , e e são vetores de dados, dos efeitos de blocos (fixos), de efeitos genéticos aditivos (aleatório), de efeitos de parcela (aleatório) e de erros aleatórios, respectivamente.

X , Z e W : matrizes de incidência para b , a e c , respectivamente.

2.6.2 Modelo estatístico 5 - blocos ao acaso, progênies de meios-irmãos, várias plantas por parcela, várias populações

O modelo 5 aplica-se aos testes de progênies de meios-irmãos, com delineamento de blocos ao acaso, com várias plantas por parcela, um local e com mais de uma procedência. Este modelo, além de classificar os melhores indivíduos pelos seus respectivos valores genéticos preditos, analisa também as procedências pelos seus valores genotípicos. Ao modelo 1, foi acrescentado o efeito de procedências.

A seqüência de dados para a análise, empregando o modelo 5, no programa computacional SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2002b) é a seguinte:

Indivíduo, progênie, bloco, parcela, procedência, árvore, variáveis

2.6.3 Modelo estatístico 14 - blocos ao acaso, progênies de meios-irmãos, várias plantas por parcela, várias populações e vários locais

O modelo 14 aplica-se aos testes de progênies de meios-irmãos, com delineamento de blocos ao acaso, com várias plantas por parcela, várias populações e vários locais. Este modelo também classifica os melhores indivíduos pelos seus respectivos valores genéticos preditos, analisando as procedências pelos seus valores genotípicos, considerando vários locais e populações.

A estimação dos componentes de variância e parâmetros genéticos foi feita pelo Método de Verossimilhança Restrita (REML), sob modelo individual, para atender às condições de dados não balanceados dos testes estudados, conforme enfatiza Resende (2002a). A preferência por esse método mais atual decorre de suas propriedades estatísticas, que são superiores às propriedades

dos estimadores pelo método dos Mínimos Quadrados, conforme recomendam Searle et al. (1992).

Após a identificação dos melhores indivíduos, com base nos valores genéticos individuais para o crescimento em DAP, oriundos da seleção simulada, os testes poderão ser, opcionalmente, transformados em pomares de sementes por mudas e os melhores vinte ou cinquenta indivíduos poderão ser propagados para um pomar clonal de sementes.

A seqüência de dados para a análise, empregando o modelo 14, no programa computacional SELEGEN - REML / BLUP (RESENDE, 2002b) é a seguinte:

Indivíduo, progênie, bloco, parcela, procedência, interação, árvore, variáveis

2.6.4 Desvios padrões das estimativas de herdabilidades individuais

Os desvios padrões das estimativas das herdabilidades individuais $\hat{S}(\hat{h}_a^2)$,

$$\hat{s}(\hat{h}_a^2) = \sqrt{32h^2 / nbp}$$
 foram estimados conforme indicado por Falconer (1987):

onde: nbp = número total de árvores avaliadas por caráter, no experimento.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 CRESCIMENTO E SOBREVIVÊNCIA POR LOCAL

Os valores genotípicos de incrementos médios anuais individuais para altura, DAP e volume, bem como os valores de sobrevivência média de plantas, para procedência individualmente e para cada teste, são mostrados na Tabela 6.

Para valores de médias de testes, os resultados obtidos revelam um incremento médio anual para DAP variando de 1,9287 cm (Caçapava) a 2,5222 cm (Mogi

Guaçu). A sobrevivência média, também em nível de médias de testes, variou de 68,9% (Boa Esperança do Sul) a 95,9% (Caçapava), mostrando o potencial de crescimento do material genético nas condições estudadas (Tabela 6). Para efeito de comparação com os resultados experimentais da Tabela 6, dados obtidos de plantações comerciais da espécie, crescendo em áreas representativas daquelas onde estão situados os referidos testes, revelaram um incremento médio anual para DAP, da ordem de 2,40 cm; 2,57 cm e 2,82 cm, respectivamente, para os locais de Mogi Guaçu, Boa Esperança do Sul e Caçapava.

Tabela 6. Valores genotípicos de incrementos médios anuais individuais (ima) para os caracteres altura (h), diâmetro (dap) e volume (vol) e sobrevivência, para as três procedências.

LOCAIS	PROCEDÊNCIAS	IMA H INDIVIDUAL (m/ano)	IMA DAP INDIVIDUAL (cm/ano)	IMA VOL INDIVIDUAL (m ³ /ano)	SOBRE- VIVÊNCIA MÉDIA (%)
Mogi Guaçu	Ravenshoe-QLD	3,98	2,60	0,09	77,80
	Mareeba-QLD	3,84	2,55	0,08	82,30
	Mt. George-NSW	3,89	2,42	0,07	86,70
	Média do teste	3,90	2,52	0,08	82,30
Boa Esperança do Sul	Ravenshoe-QLD	3,34	2,46	0,05	70,90
	Mareeba-QLD	3,41	2,58	0,05	61,04
	Mt. George-NSW	3,39	2,42	0,05	74,80
	Média do teste	3,38	2,49	0,05	68,90
Caçapava	Ravenshoe-QLD	2,71	1,88	0,02	94,50
	Mareeba-QLD	2,79	1,95	0,02	96,40
	Mt. George-NSW	2,83	1,96	0,02	96,80
	Média do teste	2,78	1,93	0,02	95,90

Os valores genotípicos dos incrementos médios anuais individuais para a altura, DAP e volume de madeira não diferem entre as procedências testadas em um mesmo local (Tabelas 6 e 7). Entretanto, esses mesmos valores são diferentes entre os locais (Tabela 6) e são provavelmente decorrentes das distintas condições edafoclimáticas presentes em cada local, principalmente.

Tais diferenças também foram encontradas por Gonçalves et al. (1990), ao determinar a contribuição da variação do solo e da variação devida à interação do genótipo com o solo, frente à variação fenotípica total existente entre sítios de *E. grandis*, em solos de textura arenosa e média do Estado de São Paulo, na

análise conjunta de locais. Esses autores verificaram que a contribuição da variação ambiental, predominantemente a do solo, e a da variação devida à interação genótipo-ambiente entre os sítios testados foram altas. Também observaram um considerável aumento da contribuição da variação genética e redução da variação ambiental e da interação genótipo-ambiente, quando a análise de variância conjunta englobou apenas os solos de características físicas e químicas mais próximas.

Uma vez que não foram observadas diferenças entre as procedências, para os valores de incrementos médios anuais individuais da altura e DAP, em um mesmo local, optou-se por trabalhá-las como uma única População de Seleção.

3.2 VALORES DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA PARA OS LOCAIS DE TESTES

Para o modelo 5 utilizado, com idades ajustadas para cinco anos, os seguintes valores para os componentes de variância foram obtidos (Tabela 7).

As estimativas de herdabilidade individual, no sentido restrito, para volume de madeira, obtidas para a idade considerada, apresentaram pequena magnitude de variação entre os locais, com valores aproximados de $0,20 \pm 0,05$; $0,24 \pm 0,05$ e $0,27 \pm 0,07$; respectivamente, para Boa Esperança do Sul, Mogi Guaçu e Caçapava, (Tabela 7). Esses valores estão muito próximos daqueles encontrados para a herdabilidade individual, no sentido restrito, para volume de madeira de *E. grandis* testado na África do Sul, Estados Unidos da América do Norte, Uruguai e Brasil, na mesma idade (SNEDDEN et al., 2000; REDDY & ROCKWOOD, 1989; KIKUTI, 1988; HIGA et al., 1993; RESENDE et al., 1994b).

Tabela 7. Valores de componentes de variância (reml individual) para volume de madeira, em nível de indivíduo, para os locais estudados, na idade ajustada de cinco anos.

PARÂMETROS	MOGI GUAÇU	BOA ESPERANÇA DO SUL	CAÇAPAVA
\hat{h}_a^2	0,2361	0,2046	0,2717
$\hat{s}(\hat{h}_a^2)$	0,0497	0,0478	0,0739
Va	0,0242	0,0043	0,0015
Vparc	0,0015	0,0025	0,0007
Vproc	0,0023	0,0002	0,0000
Ve	0,0746	0,0142	0,0034
Vf	0,1026	0,0212	0,0057
c2parc	0,0144	0,1169	0,1267
c2proc	0,0228	0,0108	0,0007
Média geral	0,4976	0,2448	0,1210
\hat{h}_a^2			$\hat{s}(\hat{h}_a^2)$

: coeficiente de herdabilidade individual, no sentido restrito no bloco, ou seja, dos efeitos aditivos; : desvio padrão das estimativas de herdabilidade; Va: variância genética aditiva; Vparc: variância ambiental entre parcelas; Vproc: variância genética entre procedências ou populações; Ve : variância residual dentro de parcelas (ambiental + genética não aditiva); Vf: variância fenotípica individual; c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; c2proc: coeficiente de determinação dos efeitos de procedência.

As estimativas de herdabilidade para os três locais estudados também estão situadas no intervalo de valores de estimativas fornecidas por Resende (2002a), compreendidas entre 0,14 e 0,62 (média 0,28), para volume de madeira de *E. grandis* testado em Aracruz, ES. Adaptando valores obtidos na literatura, esse mesmo autor fornece valores de médias e medianas para estimativas de herdabilidade individual, no sentido restrito, para várias espécies florestais. Baseada em 528 estimativas, a média da herdabilidade para volume de madeira foi 0,21, sendo que o valor da mediana foi 0,18.

Os valores de herdabilidade encontrados para volume de madeira, aos cinco anos de idade, individualmente nos locais estudados, indicam boas possibilidades de ganho genético aos programas de melhoramento de *E. grandis*, pois o progresso esperado pela seleção depende diretamente da herdabilidade e da intensidade da seleção (Tabela 7). Os baixos valores encontrados para os desvios padrões das herdabilidades, para volume (0,05 a 0,07), indicam que as herdabilidades foram estimadas adequadamente.

Os valores dos coeficientes de determinação dos efeitos de parcela (c2parc) são baixos, respectivamente 1,44%; 11,69% e 12,67%, para os locais Mogi Guaçu, Boa Esperança do Sul e Caçapava, para o caráter volume de madeira, provavelmente decorrentes da variação de solos entre os locais, indicando uma baixa variabilidade ambiental entre parcelas dentro de bloco e que o delineamento experimental utilizado foi eficiente aos objetivos propostos das análises (Tabela 7).

3.3 SELEÇÃO SIMULADA, VALORES GENÉTICOS E GANHOS PREDITOS

Os resultados da simulação de seleção dos indivíduos com os maiores valores genéticos individuais foram obtidos pelo emprego do modelo 14 do programa computacional SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2002b), com os dados não corrigidos e corrigidos, para o estabelecimento da População Seleccionada.

3.3.1 Resultados da correção de dados para as análises conjuntas de locais

Os resultados gerados pela correção ou transformação de dados, em termos do número de progênies comuns e número de indivíduos comuns nos ordenamentos resultantes das análises conjuntas de locais, para o caráter DAP, em relação aos dados não corrigidos, são apresentados na Tabela 8.

Tabela 8. Números de progênies comuns (nf) e número de indivíduos comuns (ni), na comparação de ordenamentos obtidos de dados corrigidos e não corrigidos gerados pelas análises conjuntas de locais.

NÚMERO DE PROGÊNIES COMUNS – NF (%)		
TIPO DE DADO	CORRIGIDO \hat{s}_f	CORRIGIDO h_i/h_{im}
NÃO CORRIGIDO	95	100
CORRIGIDO \hat{s}_f	-	95
NÚMERO DE INDIVÍDUOS COMUNS – NI (%)		
NÃO CORRIGIDO	84	94
CORRIGIDO \hat{s}_f	-	78

\hat{s}_f : desvio padrão fenotípico; h_i/h_{im} : respectivamente, a raiz quadrada da herdabilidade do caráter analisado no ambiente i , e médias das raízes quadradas das herdabilidades em cada ambiente.

A correção prévia de dados pela razão h_i/h_{im} (Tabela 8) apresentou as mesmas progênies e o mesmo ordenamento (Tabela 10) de progênies, dentre as primeiras vinte listadas nas análises conjuntas de locais, quando comparadas com os dados não corrigidos. Embora recomendada na literatura sobre o assunto, a sua aplicação, no caso deste trabalho, não teria sido necessária, em função dos resultados gerados em nível de progênies. Isto ocorre devido aos baixos valores de heterogeneidades de variâncias (V_f) observadas nos testes analisados (Tabela 9).

A correção de dados pelo desvio padrão fenotípico (\hat{S}_f), por sua vez, foi ineficiente (95%), em termos do número de progênies comuns nos ordenamentos resultantes das análises conjuntas de locais (Tabela 8), em relação aos resultados obtidos pelo procedimento ótimo (h_i/h_{im}).

Considerando o número de indivíduos comuns, dentre os primeiros cinquenta indivíduos listados nas análises conjuntas de locais, a não correção de dados produziu 94% de coincidências de indivíduos, comparativamente ao ordenamento resultante da correção feita pela razão h_i/h_{im} (Tabela 8). Assim, o procedimento pela razão h_i/h_{im} foi mais eficiente que os demais. A correção de dados pelo desvio padrão fenotípico (\hat{S}_f) proporcionou apenas 78% de coincidências no número de indivíduos comuns nos ordenamentos, produzindo resultados piores que a não correção de dados. Em resumo, o procedimento h_i/h_{im} foi 6% mais eficiente que a não correção de dados e 28% mais eficiente que a correção de dados pelo desvio padrão fenotípico (\hat{S}_f).

Simulações efetuadas por Resende (2004) mostraram que a correção ou transformação de dados, multiplicando-os pela razão h_i/h_{im} , reproduziu os mesmos resultados, via G+GA, do modelo BLUP multivariado, conduzindo um viés de apenas 2%. No caso, h_i e h_{im} referem-se à raiz quadrada da herdabilidade no ambiente i e a média das raízes quadradas das herdabilidades em cada ambiente, respectivamente. Esta transformação mostrou-se, em termos de viés, muito superior àquelas baseadas apenas na heterogeneidade da variância fenotípica.

3.3.2 Estimativas de parâmetros genéticos para as análises conjuntas de locais, com dados não corrigidos e corrigidos

As estimativas dos parâmetros genéticos para as análises conjuntas de locais,

considerando todas as procedências de sementes, com os dados de DAP não corrigidos e corrigidos são apresentadas na Tabela 9.

Os valores dos coeficientes de herdabilidade individual estimados (\hat{h}_a^2), no sentido restrito, obtidos para o caráter DAP, tanto para os dados não corrigidos como corrigidos (Tabela 9), situam-se entre os valores médios comumente encontrados para *E. grandis*, na literatura sobre o assunto (KAGEYAMA, 1980; MORAES, 1987; ODA et al., 1989; RESENDE & HIGA, 1994; RESENDE & BERTOLUCCI, 1995). Esses valores também situam-se no intervalo de valores de herdabilidade relatados por Resende (2002a), cujas estimativas estão compreendidas entre 0,10 e 0,43 para DAP de *E. grandis* testado em vários locais do Brasil. Adaptando valores obtidos na literatura, esse último autor fornece ainda valores de médias e medianas para estimativas de herdabilidade individual, no sentido restrito, para várias espécies florestais.

Segundo Resende (2002a), baseando-se nas mesmas 528 estimativas referidas anteriormente, a média da herdabilidade para DAP foi 0,23, sendo que o valor da mediana foi 0,19.

Os valores obtidos para os desvios padrões das estimativas das herdabilidades [$\hat{s}(\hat{h}_a^2)$] para o caráter DAP, variando de 0,0207 a 0,0276, foram baixos e próximos entre eles, quer para os dados não corrigidos (0,0264) como para os corrigidos, indicando que as herdabilidades foram estimadas com grande exatidão, e confirmando também que o delineamento experimental utilizado foi adequado aos objetivos deste estudo (Tabela 9).

Da mesma forma, os valores dos coeficientes de determinação dos efeitos de parcela (c2parc) para o caráter DAP, foram baixos e próximos entre eles, quer para os dados não corrigidos (0,0313) como para os dados corrigidos, indicando uma baixa variabilidade ambiental entre parcelas dentro do bloco e que o delineamento experimental empregado foi eficiente (Tabela 9).

Tabela 9. Valores dos componentes de variância para o caráter dap, na análise conjunta de locais, considerando os dados não corrigidos e corrigidos.

PARÂMETROS	DAP – DIÂMETRO À ALTURA DO PEITO		
	NÃO CORRIGIDO	CORRIGIDO \hat{S}_f	CORRIGIDO h_i/h_{im}
\hat{h}_a^2	0,1637	0,1793	0,1580
$\hat{s}(\hat{h}_a^2)$	0,0264	0,0276	0,0259
Va	0,1694	0,1786	0,1689
Vparc	0,4182	0,0427	0,4015
Vproc	0,0128	0,0005	0,0156
Vint	0,2879	0,0181	0,3192
Ve	0,8099	0,7561	0,8435
Vf	1,0350	0,9960	1,0690
c2parc	0,0313	0,0429	0,0288
c2proc	0,0010	0,0005	0,0011
c2int	0,0215	0,0182	0,0229
rgloc	0,6552	0,7116	0,6330
Média	12,9192	13,1131	13,0355

\hat{h}_a^2 : coeficiente de herdabilidade individual estimado, no sentido restrito, no bloco; $\hat{s}(\hat{h}_a^2)$: desvio padrão das estimativas de herdabilidade; Va: variância genética aditiva, livre da interação GA; Vparc: variância ambiental entre parcelas; Vproc: variância entre procedências; Vint: variância da interação progênie x local; Ve: variância residual dentro de parcelas (ambiental + genética não aditiva); Vf: variância fenotípica individual; c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; c2proc: coeficiente de determinação dos efeitos de procedências; c2int: coeficiente de determinação dos efeitos da interação progênie x local; rgloc: correlação genotípica entre os locais e média; Média: média geral do experimento com os locais agrupados; \hat{S}_f : desvio padrão fenotípico; h_i/h_{im} : respectivamente, a raiz quadrada da herdabilidade do caráter analisado no ambiente i , e médias das raízes quadradas das herdabilidades em cada ambiente.

Os valores dos coeficientes de determinação dos efeitos de procedências (c2proc), para o caráter DAP, na análise conjunta de locais, foram baixos e também próximos entre eles, tanto para os dados não corrigidos (0,0010) como para os dados corrigidos, indicando a presença de uma pequena magnitude em

relação à variação total e que a contribuição ou efeito das procedências foi pequeno. Esse fato pode ser também confirmado pelos baixos valores (0 a 0,0128) encontrados para a variação entre procedências (V_{proc}), tanto para os dados não corrigidos (0,0128) como para os corrigidos, comparativamente à magnitude dos valores obtidos para a variação genética aditiva (0,0002 a 0,1786), livre da interação (V_a), respectivamente, para os dados não corrigidos (0,1694) e corrigidos (Tabela 9).

A magnitude dos valores obtidos para as estimativas de herdabilidade individual, no sentido restrito, mostra que um controle genético moderado pode ser obtido, o que garante que a seleção, em nível de indivíduos, propiciaria ganhos significativos para o caráter DAP (Tabela 9).

As correlações genóticas entre os locais (rg_{loc}) apresentam valores muito próximos tanto para os dados não corrigidos (0,6552) como para os dados corrigidos pela razão h_i/h_{im} (0,6330) ou pelo desvio padrão fenotípico (0,7116). A magnitude e amplitude de variação dos valores das correlações genóticas obtidas das análises, empregando os critérios de seleção pelas estatísticas da MHVG, PRVG e MHPRVG (0,6780 a 0,7646), situaram-se proximamente daquela observada para os dados não corrigidos e corrigidos (0,6330 a 0,7116). Deve-se ressaltar que a magnitude desses valores (0,6330 a 0,7646), resultantes das análises conjuntas de locais, indica que a interação genótipo x ambiente é baixa (Tabela 9).

Os valores dos coeficientes de determinação dos efeitos da interação progênie por local (c_{2int}), para a análise conjunta de locais, foram muito baixos tanto para os dados não corrigidos (0,0215) como para os corrigidos, apresentando também uma pequena amplitude de variação, com valores entre 0,0099 e 0,0229 (Tabela 9).

O ordenamento para as vinte progênies com os maiores valores de ganho genético, em função dos dados corrigidos e não corrigidos, são fornecidos na Tabela 10, com o objetivo de permitir a comparação das distintas composições das progênies e mostrar o respectivo número de coincidências de progênies (famílias).

Tabela 10. Ordenamentos de progênies em função da correção e não correção de dados, obtidos das análises conjuntas de locais.

ORDEM	PROGÊNIES		
	DADOS		
	NÃO CORRIGIDOS	CORRIGIDOS \hat{S}_f	CORRIGIDOS h_i/h_m
1	29	29	29
2	14	1	14
3	1	14	1
4	2	2	2
5	41	41	41
6	8	8	8
7	28	28	28
8	25	25	25
9	42	42	42
10	10	24	10
11	24	16	24
12	16	10	16
13	17	32	17
14	9	45	9
15	32	17	32
16	45	9	45
17	31	38	31
18	44	44	44
19	38	52	38
20	52	11	52

Os ganhos genéticos e as novas médias para o caráter DAP, no estabelecimento de um Pomar de Sementes por Mudas, pela estratégia que seleciona os duzentos indivíduos com os maiores valores genéticos, considerando a análise conjunta de locais e os critérios de seleção propostos, são apresentados na Tabela 11.

A utilização dos duzentos indivíduos com os maiores valores genéticos, com um número efetivo de progênies equivalente a 31, no estabelecimento de um Pomar de Sementes por Mudas ou da População Selecionada ao programa de melhoramento da espécie, poderá propiciar ganhos entre 12,89% e 24,33%, para o caráter DAP, em relação à média experimental, dentre os critérios e estratégias de seleção propostos neste estudo (Tabela 11 e Anexo 1).

Tabela 11. Ganhos genéticos preditos para dap, no estabelecimento de um pomar de sementes por mudas de *E. grandis*, com os duzentos indivíduos de maior valor genético, considerando as análises conjuntas de locais e os critérios de seleção.

TIPOS DE DADOS E CRITÉRIOS	MÉDIA GERAL DAP (cm)	GANHO (%)	NOVA MÉDIA PARA DAP (cm)
NÃO CORRIGIDOS	12,9192	13,00	14,5987
CORRIGIDOS PELO \hat{S}_f	13,1131	13,41	14,8716
CORRIGIDOS PELA h_i/h_{im}	13,0355	12,89	14,7158

\hat{S}_f : desvio padrão fenotípico; h_i/h_{im} : respectivamente, a raiz quadrada da herdabilidade do caráter analisado no ambiente i e médias das raízes quadradas das herdabilidades em cada ambiente.

Os resultados preditos para os efeitos genéticos aditivos e genotípicos, valor e ganho genéticos, nova média, tamanho efetivo populacional, para a População Seleccionada e Pomares de Sementes de *E. grandis*, considerando a análise conjunta de locais, dados de DAP corrigidos pela razão h_i/h_{im} e a estratégia selecionando os duzentos indivíduos com os maiores valores genéticos podem ser observados no Anexo 1.

Os ganhos genéticos preditos para DAP, no estabelecimento de um Pomar Clonal de Sementes, pela seleção simulada dos vinte indivíduos com os maiores valores genéticos, considerando a análise conjunta de locais, correção de dados e os critérios de seleção propostos, são apresentados na Tabela 12.

A seleção dos vinte indivíduos com os maiores valores genéticos, para comporem um Pomar Clonal de Sementes, com base na análise conjunta de locais, com um número efetivo de famílias (progênies) equivalente a 31, poderá propiciar ganhos entre 17,18% e 50,95%, para o caráter DAP, em relação à média experimental, dentre os critérios e estratégias de seleção propostos neste trabalho (Tabela 12 e Anexo 1).

Os ganhos genotípicos preditos para DAP, no estabelecimento de um Jardim Clonal, pela seleção simulada dos vinte indivíduos com os maiores valores genotípicos, considerando a análise conjunta de locais e os diferentes critérios de seleção propostos, são apresentados na Tabela 13.

Tabela 12. Ganhos genéticos preditos para dap, no estabelecimento de um pomar clonal de sementes de *E. grandis*, pela seleção dos vinte indivíduos de maior valor genético, considerando as análises conjuntas de locais e os critérios de seleção.

TIPOS DE DADOS E CRITÉRIOS	MÉDIA GERAL DAP (cm)	GANHO (%)	NOVA MÉDIA PARA DAP (cm)
NÃO CORRIGIDOS	12,9192	17,18	15,1387
CORRIGIDOS PELO \hat{s}_f	13,1131	16,99	15,3410
CORRIGIDOS PELA h_i/h_{im}	13,0355	17,18	15,2750

\hat{s}_f : desvio padrão fenotípico; h_i/h_{im} : respectivamente, a raiz quadrada da herdabilidade do caráter analisado no ambiente i , e médias das raízes quadradas das herdabilidades em cada ambiente.

Tabela 13. Ganhos genotípicos preditos para dap, no estabelecimento de um jardim clonal de *E. grandis*, pela seleção dos vinte indivíduos de maior valor genético, considerando as análises conjuntas de locais e os critérios de seleção.

TIPOS DE DADOS E CRITÉRIOS	MÉDIA GERAL DAP (cm)	GANHO (%)	NOVA MÉDIA PARA DAP (cm)
NÃO CORRIGIDOS	12,9192	22,60	15,8389
CORRIGIDOS PELO \hat{s}_f	13,1131	21,87	15,9809
CORRIGIDOS PELA h_i/h_{im}	13,0355	22,64	15,9867

\hat{s}_f : desvio padrão fenotípico; h_i/h_{im} : respectivamente, a raiz quadrada da herdabilidade do caráter analisado no ambiente i , e médias das raízes quadradas das herdabilidades em cada ambiente.

A instalação de um Jardim Clonal, como fonte de material para o estabelecimento de plantações clonais comerciais, considerando os vinte indivíduos com os maiores valores genotípicos, poderá propiciar ganhos entre 22,64% a 82,16%, para o caráter DAP, em relação à média experimental dos testes de progênies, dentre os critérios de seleção propostos neste trabalho. A partir das informações geradas pelo respectivo Teste Clonal, que indicaria os melhores genótipos dentre os vinte indivíduos com os maiores valores genotípicos, ganhos adicionais e superiores aos mencionados anteriormente podem ser obtidos, na propagação clonal deste material (Tabela 13 e Anexo 1).

5. CONCLUSÕES

- a) a correção de dados pela razão (h_i/h_{im}) entre a raiz quadrada da herdabilidade no ambiente i e a média das raízes quadradas das herdabilidades em cada ambiente, a qual considera tanto a heterogeneidade de variância genética quanto a ambiental, foi 6% mais eficiente que a não correção de dados e 28% mais eficiente que a correção de dados proporcionada pelo desvio padrão fenotípico (\hat{S}_f), a qual considera apenas a heterogeneidade da variância fenotípica;
- b) a presença de significativa variabilidade genética observada no material estudado, expressada pela magnitude dos respectivos coeficientes de herdabilidade, para o caráter DAP, permitirá a composição de uma População Seleccionada com um Número Efetivo de Famílias (progênies) adequado à seleção dos duzentos indivíduos com os maiores valores genéticos;
- c) a seleção dos vinte ou cinquenta indivíduos com os maiores valores genéticos, considerando os dados das análises conjuntas de locais, para o estabelecimento de Pomares Clonais de Sementes ou Jardim Clonal, poderá propiciar ganhos significativos para o caráter DAP, em relação à média experimental, levando-se em conta as estratégias e critérios propostos neste trabalho.

6. AGRADECIMENTOS

À International Paper do Brasil Ltda; Ripasa S.A. Celulose e Papel; e Votorantim Celulose e Papel - VCP Florestal, pelo fornecimento dos dados experimentais e demais informações.

Ao Dr. Admir Lopes Mora pelas sugestões apresentadas.

7. REFERÊNCIAS

ANNICCHIARICO, P. **Genotype x environment interactions**: challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations. Rome: FAO, 2002. 115 p. (FAO. Plant Production and Protection Paper, 174).

COSTA, C. N. Implicação da heterogeneidade de variância da produção de leite em rebanhos de bovinos da raça holandesa no Brasil. In: SIMPÓSIO NACIONAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 2., 1998, Uberaba. **Anais...** Uberaba: Ed. da Universidade Federal de Viçosa, 1998. p. 397-400.

EMBRAPA. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília, DF: Embrapa Produção de Informação; Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 1999. 421 p.

FALCONER, D. S. Introdução a genética quantitativa. **Viçosa: Imprensa Universitária, 1987. 279 p.**

FOX, P. N.; ROSIELLE, A. A. Reducing the influence of environmental main-effects on pattern analysis of plant breeding environments. **Euphytica**, v. 31, n. 3, p. 645-656, 1982.

GIANOLA, D. On selection criteria and estimation of parameters when the variance is heterogeneous. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 72, p. 671-677, 1986.

GONÇALVES, J. L. M.; COUTO, H. T. Z.; KAGEYAMA, P. Y.; DEMATTE, J. L. I. Interações genótipo-solo em sítios florestais de *Eucalyptus grandis* e *E. saligna*, em alguns solos de baixo potencial produtivo do estado de São Paulo. **IPEF**, Piracicaba, n. 43/44, p. 40-49, 1990.

HENDERSON, C. R. **Applications of linear models in animal breeding**. Guelph: University Guelph, 1984. 439 p.

HIGA, A. R.; RESENDE, M. D. V. de; LAVORANTI, O. J. **Projeto melhoramento genético e conservação de *Eucalyptus***. Colombo: EMBRAPA-CNPQ, 1993. 700 p. Relatório não publicado.

HILL, W. G. On selection among groups with heterogeneous variance. **Animal Production**, v. 39, n. 3, p. 473-477, 1984.

KAGEYAMA, P. Y. **Varição genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden**. 1980. 125 f. Dissertação (Mestrado em Genética) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

KAGEYAMA, P. Y. **Seleção precoce a diferentes idades de progênies de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden**. 1983. 147 f. Tese (Livre Docência em Genética) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

KIKUTI, P. **Parâmetros genéticos em progênies de meios irmãos e clonais numa população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden na região de Telêmaco Borba - PR**. 1988. 199 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

MARION, A. E.; RORATO, P. R. N.; FERREIRA, G. B.; EVERLING, D. M. F.; FERNANDES, H. D. Estudo da heterogeneidade das variâncias para as características produtivas de rebanhos da raça holandesa no Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, n. 6, p. 1995-2001, nov./dez. 2001. Disponível em: < <http://www.scielo.br/cgi-bin/wxis.exe/iah/> > . Acesso em: 20 set. 2005.

MORAES, M. L. T. **Varição 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.

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

PINTO JÚNIOR, J. E. **REML/BLUP para a análise de múltiplos experimentos, no melhoramento genético de *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden**. 2004. 113 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

RAMOS, A. A.; VALENCIA, E. F. T.; WECHSLER, F. S. et al. Heterogeneidade da variância das características produtivas de bovinos da raça holandesa nos trópicos: estratificação por nível de produção de rebanho. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33., 1996, Fortaleza. **Anais...** Fortaleza: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1996: p. 71-73.

REDDY, K. V.; ROCKWOOD, D. L. Breeding strategies for coppice production in a *Eucalyptus grandis* base population with four generation of selection. **Silvae Genetica**, v. 38, n. 3-4, p. 148-151, 1989.

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

RESENDE, M. D. V. de. **Software SELEGEN-REML/BLUP**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002b. 67 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 77).

RESENDE, M. D. V. de. **Novas abordagens estatísticas na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 60 p. (Embrapa Florestas Documentos 100).

RESENDE, M. D. V. de; BERTOLUCCI, F. L. G. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: IUFRO CONFERENCE EUCALYPT PLANTATIONS, 1995, Hobart. **Improving fiber and quality**: proceedings. Hobart: IUFRO-CRCTHF, 1995. p. 167-170.

RESENDE, M. D. V. de; FERNANDES, J. C. S. Procedimento BLUP (melhor predição linear não viciada) individual para delineamentos experimentais aplicados ao melhoramento florestal. **Revista de Matemática e Estatística**, v. 17, p. 89-107, 1999.

RESENDE, M. D. V. de; HIGA, A. R. Estimção de parâmetros genéticos no melhoramento de *Eucalyptus*: seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e de seus parentes. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 28/29, p. 11-36, 1994.

RESENDE, M. D. V. de; HIGA, A. R.; LAVORANTI, O. J. Regressão genotípica multivariada e maximização do progresso genético em programas de melhoramento de *Eucalyptus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 28/29, p. 57-71, 1994b.

ROBERTSON, A. Inbreeding in artificial selection programmes. **Genetical Research**, Cambridge, v. 2, p. 189-194, 1961.

SEARLE, S. R.; CASELLA, G.; MCCULLOCH, C. E. **Variance components**. New York: J. Wiley, 1992. 528 p.

SNEDDEN, C. L.; VERRY, S.; ROUX, C. Z. Broad and narrow sense heritabilities in a cloned open pollination *Eucalyptus grandis* breeding population. In: FOREST GENETICS FOR THE NEXT MILLENIUM, Durban, 2000. **Proceedings...** Scottsville: Institute for Commercial Forestry Research, 2000. p. 214-220.

STURION, J. A. **Varição genética de características de crescimento e de qualidade da madeira em progênies de *Eucalyptus viminalis* LABILL.** 1993. 112 f. Tese (Doutorado em Ciências Florestais) – Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

TEIXEIRA, N. M.; FREITAS, A. F. de; FERREIRA, W. J.; DURÃES, M. C.; BARRA, R. B. Ajustamento para heterogeneidade de variância da produção de leite de vacas da raça holandesa no Estado de Minas Gerais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 31, n. 1, p. 369-375, jan./fev. 2002. Suplemento.

WEIGEL, K. A.; GIANOLA, D. Estimation of heterogeneous within-herd variance components using empirical Bayes methods: a simulation study. **Journal of Dairy Science**, v. 75, n. 10, p. 2824-2833, 1992.

WERF, J. H. J. van der; MEUWISSEN, T. H. E.; JONG, G. Effects of correction for heterogeneity of variance on bias and accuracy of breeding value estimation for Dutch dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 77, n. 10, p. 3174-3184, 1994.

WIGGANS, G. H.; RADEN, P. M. van. Method and effect of adjustment for heterogeneous variance. **Journal of Dairy Science**, v. 74, n. 2, p. 4350-4357, 1991.

YAU, S. K. Need of scale transformation in cluster analysis of genotypes based on multi-location yield data. **Journal of Genetic and Breeding**, n. 45, p. 71-76, 1991.

ANEXO

Anexo 1. Efeitos genéticos aditivos preditos (a), valor genético predito ($\mu + a$), ganho genético predito, nova média, tamanho efetivo populacional (ne), para a população selecionada e pomar clonal de sementes de E. grandis, para o caráter dap, considerando a análise conjunta de locais.