**Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**

**Seleção simultânea para crescimento, grau de infecção à ferrugem
e qualidade da madeira no melhoramento de *Eucalyptus grandis*
Hill ex Maiden**

Thiago Wendling Gonçalves de Oliveira

Dissertação apresentada para obtenção do título de
Mestre em Ciências, Programa: Recursos Florestais.
Opção em: Silvicultura e Manejo Florestal

**Piracicaba
2017**

Thiago Wendling Gonçalves de Oliveira
Engenheiro Florestal

Seleção simultânea para crescimento, grau de infecção à ferrugem e qualidade da madeira no melhoramento de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden

versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011

Orientadora:
Profa. Dra. **LUCIANA DUQUE SILVA**
Coorientador:
Prof. Dr. **ANTONIO RIOYEI HIGA**

Dissertação apresentada para obtenção do título de
Mestre em Ciências, Programa: Recursos Florestais.
Opção em: Silvicultura e Manejo Florestal

Piracicaba
2017

Dados internacionais de Catalogação e Publicação

DIVISÃO DA BIBLIOTECA – DIBD/ESALQ/USP

Oliveira, Thiago Wendling Gonçalves de

Seleção simultânea para crescimento, grau de infecção à ferrugem e qualidade da madeira no melhoramento de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden/ Thiago Wendling Gonçalves de Oliveira. - - versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011. - - Piracicaba, 2017.

180 p.

Dissertação (Mestrado) -- USP/ Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"

1. Estratégias de melhoramento 2. Índices combinados de seleção 3. Níveis independentes I. Título

Dedicatória

Dedico esse trabalho,

*À todos aqueles que buscam novos desafios, pelo aprimoramento do conhecimento e do investimento no futuro
do país,*

À minha família pelo exemplo e confiança que me tornaram a pessoa que sou hoje.

AGRADECIMENTOS

Agradeço,

À Deus pela força, companheirismo, ajuda em todos os momentos, lições de vida e acima de tudo pela proteção incondicional.

À pós-graduação da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” e a Universidade de São Paulo.

Ao programa de pós-graduação em Recursos Florestais da ESALQ.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPQ) pelo apoio financeiro.

A minha orientadora Professora Luciana Duque Silva pela confiança depositada em mim para a realização desse trabalho, por todos os ensinamentos durante o mestrado e pela amizade.

Ao meu coorientador Professor Antonio Rioyei Higa pela amizade, confiança e pelo ensinamento da “arte” do melhoramento florestal e sua importância desde a minha graduação, me tornando capaz de hoje escrever esse trabalho.

À banca examinadora Professora Maria Carolina Quecine Verdi, Professor Gleison Augusto dos Santos e Doutor Alexandre de Vicente Ferraz pela disponibilidade de participarem da defesa, e por todas as críticas e sugestões para que meu trabalho ficasse cada vez melhor.

Aos funcionários, equipe e estagiários das Estações Experimentais de Ciências Florestais de Itatinga-SP e Anhembi-SP pelo auxílio e disponibilidade de infraestrutura durante as coletas de dados do experimento.

Aos meus pais Ricardo Gonçalves de Oliveira e Soraya Valéria Gonçalves Wendling de Oliveira por todo amor, dedicação, cuidado, companheirismo, que ajudaram a me tornar a pessoa que sou hoje. Eu amo muito vocês.

À minha irmã Paola Wendling Gonçalves de Oliveira, minha afiliada Thaís de Oliveira Corcini e a minha vó Alice Gonçalves Wendling, pela grande alegria e otimismo que representam em minha vida.

À Jaçanan Eloísa de Freitas Milani, que além de ser uma mulher incrível, foi uma verdadeira amiga durante os últimos anos, acreditando sempre em mim, por isso eu serei eternamente grato.

Aos amigos do Laboratório de Ecofisiologia Florestal e Silvicultura, Carlos Mezzalira, Gleice Gomes Rodrigues, Gustavo Martins Soares, Luana Trevine Momentel, Murilo Fonseca Ribeiro e Tatima Kerbauy pelo companheirismo, amizade, pelo auxílio na coleta de dados, e pelas boas conversas que tivemos nesses dois anos. Agradeço também a minha boa amiga de pós-graduação Eimi Arikawa e a Isaneli Santos pela disponibilidade de ajuda em campo.

A todos os amigos da pós-graduação em Engenharia Florestal da Universidade Federal do Paraná (UFPR), em especial à Manoela Mendes Duarte, pela disponibilidade de viajar quilômetros de casa e me ajudar nas coletas de campo.

Aos meus bons amigos Bruno Patias Lena, Eder Duarte Fanaya Jr., Elcio Santos, Luiz Ricardo Sobenko, Otávio Neto de Almeida Santos, Ricardo Feliciano e Everton Alves por todo o companheirismo, ajuda em campo, boas conversas, risadas e por tornar esses dois anos longe de casa muito bons.

A todos que de alguma forma contribuíram direta ou indiretamente para que esse trabalho fosse concluído.

MUITO OBRIGADO!

SUMÁRIO

RESUMO	9
ABSTRACT.....	10
1. INTRODUÇÃO GERAL.....	11
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	13
2.1 FLORESTAS DE EUCALIPTO E O <i>EUCALYPTUS GRANDIS</i> NO BRASIL.....	13
2.2 EUCALIPTO PARA MADEIRA SERRADA	15
2.3 FERRUGEM DO EUCALIPTO	16
2.4 MELHORAMENTO FLORESTAL	19
2.5 PARÂMETROS GENÉTICOS	21
2.6 TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL	23
2.7 SELEÇÃO.....	24
2.8 GANHO GENÉTICO	26
2.9 USO DA METODOLOGIA REML/BLUP PARA ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS	28
REFERÊNCIAS	29
3 CAPÍTULO 1 - ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM TESTE DE PROGÊNIES DE POLINIZAÇÃO ABERTA DE <i>Eucalyptus grandis</i> HILL EX MAIDEN	37
RESUMO	37
ABSTRACT.....	37
3.1 INTRODUÇÃO	38
3.2 HIPÓTESES.....	39
3.3 OBJETIVO.....	40
3.4 MATERIAL E MÉTODOS	40
3.4.1 Época e local de instalação do teste de progênies	40
3.4.2 Material genético.....	45
3.4.3 Delineamento experimental do teste de progênies	45
3.4.4 Coleta e análise de dados.....	45
3.4.5 Determinação dos parâmetros genéticos	47
3.5 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	53
3.5.1 Estimativas de parâmetros genéticos para sobrevivência, altura e DAP	53

3.5.2	<i>Estimativas de parâmetros genéticos para grau de infecção da ferrugem do eucalipto.....</i>	61
3.5.3	<i>Estimativas de parâmetros genéticos para variáveis relacionadas indiretamente à qualidade de madeira para serraria.....</i>	66
3.5.4	<i>Correlação genética entre as variáveis de crescimento, grau de infecção e qualidade da madeira.....</i>	71
3.5.5	<i>Estudo da interação genótipo x ambiente para variáveis de crescimento, grau de infecção e qualidade da madeira</i>	73
3.6	CONCLUSÕES.....	74
	REFERÊNCIAS	75
4	CAPÍTULO 2 - OTIMIZAÇÃO DO GANHO GENÉTICO EM DIFERENTES VARIÁVEIS PARA PROGÊNIES DE <i>Eucalyptus grandis</i> HILL EX MAIDEN	81
	RESUMO.....	81
	ABSTRACT	81
4.1	INTRODUÇÃO.....	82
4.2	HIPÓTESES	83
4.3	OBJETIVO	84
4.4	MATERIAL E MÉTODOS	84
4.4.1	<i>Material genético</i>	84
4.4.2	<i>Covariâncias genéticas e fenotípicas entre crescimento, grau de infecção à ferrugem e qualidade da madeira</i>	85
4.4.3	<i>Seleção simultânea</i>	85
4.4.3.1	Índices combinados de seleção	85
4.4.3.2	Níveis independentes.....	89
4.4.4	<i>Estratégias de seleção via sexuada</i>	89
4.4.4.1	Pomar de Sementes por Mudas.....	90
4.4.4.2	Pomar Clonal de Sementes.....	92
4.4.5	<i>Ganhos genéticos.....</i>	92
4.4.6	<i>Eficiência da seleção entre famílias</i>	94
4.5	RESULTADOS E DISCUSSÃO	95
4.5.1	<i>Pesos econômicos (w) e ganhos desejados (Δgd)</i>	95
4.5.2	<i>Estimativas de ganhos genéticos para Pomar de Sementes por Mudas.....</i>	96
4.5.3	<i>Estimativas de ganhos genéticos para Pomar Clonal de Sementes</i>	107
4.5.4	<i>Eficiência da seleção indireta entre famílias.....</i>	110

4.6	CONCLUSÕES	113
	REFERÊNCIAS	113
	ANEXOS.....	116

RESUMO

Seleção simultânea para crescimento, grau de infecção à ferrugem e qualidade da madeira no melhoramento de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden

Eucalyptus grandis é uma das espécies mais plantadas no Brasil apresentando excelente crescimento e forma do fuste, contudo é susceptível ao fungo *Puccinia psidii* Winter causador da “ferrugem do eucalipto” e apresenta defeitos nas toras, como a presença de nós, que dificulta a utilização da espécie para a produção de madeira serrada. O estudo teve como objetivo definir uma estratégia de melhoramento para disponibilizar material genético que apresente simultaneamente alto potencial de crescimento inicial, menor grau de infecção à ferrugem e melhor qualidade da madeira nessa primeira etapa do programa de melhoramento. Foram instalados dois experimentos nas Estações Experimentais de Ciências Florestais da ESALQ/USP nos municípios de Itatinga-SP e Anhembi-SP, com 176 progênies de polinização aberta de *E. grandis*. Os testes foram em blocos ao acaso, com 29 repetições em Anhembi-SP e 30 repetições em Itatinga-SP, com uma planta por parcela e uma linha de bordadura externa. Além das progênies de *E. grandis*, foi utilizado três materiais genéticos comerciais como testemunhas para o *ranking* das melhores famílias. Foram realizados três inventários. A avaliação do crescimento foi feita em todos os inventários através da sobrevivência e mensuração do DAP e altura. As avaliações para grau de infecção à ferrugem foram feitas no primeiro e terceiro inventário através de escala de notas. As avaliações indiretas de qualidade da madeira foram feitas no segundo inventário com a contagem do número de galhos e mensuração do diâmetro dos galhos no teste de progênies instalado em Anhembi-SP, e no terceiro inventário com a avaliação da bifurcação e tortuosidade para os dois locais. Os parâmetros genéticos foram estimados utilizando o software SELEGEN. Com base nos resultados foi definida uma estratégia de melhoramento visando otimizar os ganhos genéticos para crescimento inicial, menor grau de infecção a ferrugem e indiretamente para qualidade da madeira utilizando métodos de seleção simultâneos como seleção indireta, níveis independentes e índices combinados com pesos iguais e diferentes para cada variável. Na estratégia foi definida que as duas localidades representam uma zona de melhoramento, sendo escolhido o teste de progênies instalado em Anhembi-SP para o cálculo dos ganhos genéticos. O melhoramento genético foi baseado na formação de um Pomar de Sementes por Muda (PSM) e de um Pomar Clonal de Sementes (PCS). Ambos os pomares atenderão a duas regiões para a produção de sementes melhoradas. Como as correlações genéticas entre o DAP, variável do crescimento, grau de infecção à ferrugem, e número de galhos, variável indireta para qualidade da madeira, foram fracas, foi necessário considerar as três variáveis para a construção dos índices combinados de seleção e níveis independentes. Para as duas estratégias de seleção, os níveis independentes de seleção são o que melhor otimizam a seleção simultânea para crescimento, resistência à ferrugem e qualidade da madeira.

Palavras-chave: Estratégias de melhoramento; Índices combinados de seleção; Níveis independentes

ABSTRACT

Simultaneous selection for growth, degree infection to rust and wood quality in the *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden breeding

Eucalyptus grandis is one of the most planted species in Brazil presenting excellent growth and straight, however it is susceptible to the fungus *Puccinia psidii* Winter that causes "eucalyptus rust", and presents defects in the logs, such as the presence of knots, which difficult the use of the species for the production of sawn wood. The aim of the study was to define a breeding strategy to provide genetic material that exhibits high initial growth, less degree infection to rust and better wood quality simultaneously, in the first stage of the program. Two experimental tests were planted at Experimental Stations of Forest Sciences of ESALQ/USP in Itatinga-SP and Anhembi-SP, with 176 open pollinated progenies of *E. grandis*. A randomized blocks design, with 29 blocks in Anhembi-SP and 30 blocks in Itatinga-SP, with one plant per plot and one external border line. In addition to the progenies of *E. grandis*, three genetic material was used as witnesses to the ranking of the best families. Three inventories were carried out. Growth assessment was done on all inventories through the survival and measurement of DBH and height. The evaluations for degree of infection to the rust were made in the first and third evaluations through scale of notes. The indirect wood quality evaluations were done in the second inventory with the counting of the number of branches and measurement of the diameter of the branches in the progenies test installed in Anhembi-SP, and in the third inventory with the evaluation of the bifurcation and straightness for the two sites. The genetic parameters were estimated using the SELEGEN software. Based on the results, a breeding strategy was defined aiming at optimizing the genetic gain for growth, lower degree infection to rust and indirectly to wood quality using simultaneous selection methods such as indirect selection, independent levels and selection index with equal and different weights for each variable. It was chosen the progenies test installed in Anhembi-SP to calculate the genetic gains, because the two sites represent only one breeding zone. The improvement was based on the formation of a Seed Orchard by Seedlings and a Clonal Orchard of Seeds. The orchards will serve for production of improved seed for both sites. As genetic correlations between DBH, variable for growth, degree of infection to rust, and number of branches, indirect variable for wood quality, were weak, it was necessary to consider the three variables for the selection with selection indexes and independent levels. For both selection strategies, independent levels are the method that best optimize the simultaneous selection for growth, rust resistance and wood quality.

Keywords: Breeding strategies; Selection indices; Independent levels

1. INTRODUÇÃO GERAL

O Brasil se apresenta em posição de destaque no cenário mundial em relação à produtividade das florestas plantadas. Dentre os gêneros plantados podemos destacar o *Eucalyptus* e principalmente a espécie *E. grandis*, que teve uma excelente adaptação, sendo resultado das condições edafoclimáticas adequadas e do melhoramento genético experimentado ao longo dos anos. Os plantios com *E. grandis*, visam suprir a demanda de madeira para celulose, papel e, mais recentemente, para madeira serrada.

Todavia os programas de melhoramento com espécies florestais apresentam longas durações por causa dos ciclos de rotação, onde para madeira serrada de eucalipto, por exemplo, o ciclo pode durar mais de 12 anos. Esse fato requer a busca por diferentes estratégias de seleção de materiais genéticos de melhor qualidade para a finalidade do plantio em um menor intervalo de tempo, capazes de identificar materiais superiores nas fases iniciais em melhoramento visando madeira serrada.

A primeira etapa do melhoramento da espécie para a produção de madeira serrada que é onde está inserido esse trabalho, requer a avaliação de características adequadas e manutenção de ampla variabilidade genética para dar subsídio as próximas etapas do melhoramento.

Dentre as características podemos citar aquelas relacionadas a adaptação aos diferentes ambientes de produção e ao rápido crescimento inicial de alguns materiais genéticos. A avaliação da resistência ao ataque das pragas e doenças que ocorrem nas fases iniciais, como a doença ferrugem do eucalipto causada pelo fungo *Puccinia psidii* Winter. A busca por materiais genéticos que apresentam madeira com menor número de defeitos, como nós, tortuosidade no fuste e bifurcação, que apesar de serem características silviculturais, afetam a qualidade da madeira, sendo que nesse trabalho chamamos essas avaliações de características relacionadas à qualidade da madeira.

Uma das fases mais importantes no melhoramento das espécies de eucalipto é a escolha da estratégia de seleção adequada. A estratégia de seleção visa elevar a frequência de alelos favoráveis na população por meio de ciclos de seleção e recombinação, mantendo uma base genética ampla para que os ganhos genéticos

possam ser obtidos por longo tempo, onde em cada etapa do programa de melhoramento podem ser usadas diferentes estratégias e intensidades de seleção.

A estimativa precisa dos parâmetros genéticos, como herdabilidades e correlações genéticas entre as variáveis darão subsídios a tomada de decisão de qual estratégia de seleção deverá ser usada para o sucesso do programa de melhoramento e otimização do ganho genético no final do período de avaliação.

A busca por materiais genéticos superiores requer a utilização de estratégias de seleção que otimizem o ganho genético para diferentes variáveis ao mesmo tempo, como a utilização de índices combinados de seleção resultantes da ponderação das características através de coeficientes de herdabilidade, pesos econômicos, variâncias e covariâncias genéticas e fenotípicas.

Diferentes estratégias poderiam trazer resultados promissores de ganhos genéticos nas primeiras etapas dos programas de melhoramento do eucalipto para madeira serrada, conforme apresentado nesse trabalho, com a produção de sementes melhoradas a partir de Pomares Clonais de Sementes e Pomares de Sementes por Mudas, que serviriam para a coleta de sementes para as próximas etapas do programa de melhoramento com a espécie.

Diante do exposto, o objetivo geral do trabalho foi utilizar de métodos de seleção simultânea para obtenção de ganhos genéticos em diferentes variáveis, sendo o trabalho dividido em duas seções:

Seção 1:

Revisão Bibliográfica: apresentar revisão bibliográfica sobre os principais temas relacionados ao estudo.

Seção 2:

Capítulo 1. Estimar parâmetros genéticos em um teste de progênes de polinização aberta de *E. grandis*, visando avaliar o potencial de ganho com a seleção direta e indireta de variáveis individuais em dois locais.

Capítulo 2. Otimizar o ganho genético em estratégias com diferentes intensidades de seleção para crescimento inicial, menor grau de infecção à ferrugem e qualidade da madeira em progênes polinização aberta de *E. grandis*.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Florestas de eucalipto e o *Eucalyptus grandis* no Brasil

Eucalyptus é um gênero que domina as florestas naturais da Austrália e Indonésia, sendo listadas mais de 900 espécies que apresentam preferências específicas de solo e clima na área de ocorrência natural (Boland et al., 1953). A introdução do eucalipto no Brasil ocorreu no início do século XX e é creditada à Edmundo Navarro de Andrade, considerado o “Pai da Silvicultura no Brasil”.

O Brasil configura-se entre os 10 maiores países com área de florestas plantadas, possuindo cerca de 7,74 milhões de hectares de plantações, principalmente com espécies do gênero *Eucalyptus* que representam 72% da área total de plantio, com produtividade média de aproximadamente 39 m³/ha.ano, que é considerada a maior do mundo (IBA, 2015).

A eucaliptocultura no país é intensiva e está baseada em florestas clonais com materiais genéticos adaptados (Alfenas et al., 2004). A madeira, oriunda dos plantios de eucalipto, apresentam múltiplos usos, sendo produto para indústrias de papel, celulose, carvão vegetal, e para serraria, onde esse segmento em 2014 atingiu uma produção de 9,23 milhões de metros cúbicos (IBA, 2015). O crescimento do setor de base florestal e da demanda por madeira de qualidade no Brasil se apresentam como desafio para empresas privadas, agentes públicos e sociedade, que buscam por novos sistemas de produção e manejo das plantações florestais (Gomes, 2014).

Eucalyptus grandis é uma das espécies mais importantes do gênero e ocorre naturalmente na Austrália, no nordeste de New South Wales e nas áreas costeiras de Queensland, em latitudes de 0 a 300 metros, com temperaturas variando entre 5°C a 32°C, precipitação entre 1000 a 1750 mm e em solos bem drenados e profundos (Jacobs, 1979).

Essa espécie é conhecida como eucalipto-rosa, pertencendo à família Myrtaceae. É uma árvore perenifólia, com tronco retilíneo e casca pulverulenta que desprende em longas tiras. Possui os ramos longos e robustos, formando uma copa grande e alongada. As folhas de árvores adultas são alternas, lanceoladas, verde-escuras, com ápice agudo e margens levemente onduladas. As inflorescências possuem de 6 a 12 flores brancas com pedúnculo achatado. Os frutos constituem-se de cápsulas piriformes, verdes-azulados, deiscentes, com valvas encurvadas de 7 mm

de diâmetro e com sementes pequenas, podendo ser multiplicada sexualmente ou assexuadamente (Jacobs, 1979).

A adaptação dos materiais genéticos de *E. grandis* no mundo tiveram uma grande influência do efeito de procedência, conforme relatado por Eldridge et al. (1993), onde procedências de Coff's Harbour do estado de New South Wales foram as que apresentaram as melhores taxas de crescimento e baixa tolerância a geada quando comparada as procedências de altas altitudes da região sul do estado de Queensland. Em relação às doenças, procedências oriundas de Atherton na região norte do estado de Queensland se apresentaram mais susceptíveis a doenças fúngicas, como cancro e ferrugem, do que outras procedências.

E. grandis está entre uma das principais espécies plantadas no Brasil, principalmente pelas suas características de elevado crescimento e boa qualidade da madeira, que pode ser usada para diversos fins (Tomaselli, 2000 ; Garcia et al., 2014). Além disso, graças a essas características, foram desenvolvidos cruzamentos do *E. grandis* com outras espécies, como com o *E. urophylla*, resultando em híbridos, como o “eucalipto urograndis”, que é um material que vem se destacando no cenário silvicultural do país pela sua maior adaptação e produtividade, pela combinação de boas características das duas espécies (Paludzyszyn Filho e Santos, 2011).

A espécie pode ser cultivada em quase toda a região sudeste do Brasil, que apresenta potencial para a expansão da cultura nessa região. A produtividade em diâmetro à altura do peito (DAP) é altamente afetada pelas características físicas do solo, teores de argila e matéria orgânica (Gonçalves et al., 2012) e pelo adequado manejo do solo, como adubações e subsolagem, que é responsável pela maior sobrevivência e crescimento inicial das mudas (Prevedello et al., 2013).

Avançados programas de melhoramento genético foram desenvolvidos com *E. grandis* em diversos países, como Brasil, África do Sul, Estados Unidos, Zimbábue, entre outros, onde buscou a seleção por materiais genéticos visando maior volume de madeira, melhor forma do fuste, melhor qualidade da madeira, resistência a pragas, doenças e fatores abióticos, como geadas. Esses fatores aliados à propagação vegetativa de materiais genéticos para a formação de florestas clonais torna possível obter bons ganhos genéticos mais rapidamente (Eldridge et al., 1993).

2.2 Eucalipto para madeira serrada

Segundo o Plano Nacional de Mudanças Climáticas, uma das metas para eliminar o desmatamento ilegal nos próximos anos é incentivar atividades de reflorestamento com espécies de rápido crescimento, o que demandará qualidade de madeira serrada originada das florestas plantadas, principalmente com o gênero *Eucalyptus* (Brasil, 2007).

Kikuti et al. (1996) comentam que a escolha da espécie mais adequada de acordo com a finalidade do produto é essencial, pois dentre as várias espécies plantadas nos reflorestamentos existem grandes variações de qualidade da madeira entre elas. Segundo Pires et al. (2011), por exemplo, a madeira de *E. grandis* é indicada para a produção de celulose, papel e para serraria, a madeira de *E. urophylla* para celulose, papel e carvão, e o *E. dunnii* para a produção de celulose e papel.

O uso do eucalipto para a produção de madeira serrada no Brasil foi bastante incipiente, diferente de outros países como Austrália, África do Sul e Chile. As vantagens da eucaliptocultura brasileira foram aproveitadas apenas para a indústria de papel, celulose e energia, pois o eucalipto apresenta algumas características que dificultam o seu aproveitamento para madeira serrada, pela baixa qualidade quando comparada as espécies florestais nativas, e pelos defeitos, como rachaduras, empenamentos, nós, colapsos entre outros (Ponce, 1995; Rocha, 2000).

Para a utilização de plantios de eucalipto para a produção de madeira serrada ainda é necessário o desenvolvimento de pesquisas que se concentram em três áreas essenciais: o melhoramento genético, visando a utilização de diferentes espécies e materiais genéticos como clones e sementes; o manejo florestal, como desrama e desbaste; e as técnicas de desdobro e secagem da madeira, como escolha e adaptação dos melhores equipamentos de serraria e secagem (Couto, 1995).

No que tange a madeira serrada no manejo dos plantios de eucalipto, a desrama artificial, que consiste na remoção de parte da copa viva da árvore, e o desbaste, são essenciais para a produção de madeira de maior qualidade. Essas técnicas promovem menor quantidade de nós, favorecendo a ocorrência de uma menor quantidade de defeitos nas toras, e aumentando a obtenção de produtos sólidos de maior valor econômico (Ponce, 1995).

Segundo Tsoumis (1968) e Muñiz (2002), a presença de nós compromete a aparência, qualidade, a resistência mecânica, beneficiamento, secagem e colagem,

podendo favorecer o colapso da madeira de eucalipto, onde os mesmos são causados pela presença de galhos. Hillis e Brown (1984) comentam que os galhos de *E. grandis* morrem precocemente quando a luminosidade não é suficiente, contudo os mesmos ainda persistem no fuste das árvores, o que leva a prejudicar a qualidade da tora, pois a medida que o tronco da árvore cresce ocorre a inclusão de galhos mortos resultando em nós soltos, podendo também ser uma abertura para a infecção de fungos e bactérias.

Polli et al. (2006) observaram que a qualidade da madeira serrada de *E. grandis* foi afetada pela desrama artificial, pois produziu um ganho em madeira limpa de 93,7%, equivalendo a 2,7 m³/ha a mais de madeira serrada, do que quando comparada a testemunha sem desrama. Nesse mesmo trabalho, os autores ainda comentam que a melhor quantidade de madeira limpa, aconteceu na desrama artificial de galhos de menores diâmetros, indicando que os galhos devem ser removidos o mais cedo possível e ainda vivos, enfatizando a seleção de materiais genéticos de *E. grandis* que apresentem menor número de galhos e que os mesmos sejam mais finos.

E. grandis foi considerado mais apto do que espécies como *E. resinifera*, *E. cloeziana* e *E. pilularis* para a utilização em madeira serrada, pois apresentou menor encurvamento, indicando uma menor tendência das tensões de crescimento, também apresentou menor área ocupada por nós vivos e mortos, e que as árvores de maiores diâmetros apresentam uma menor intensidade de defeitos no comportamento das toras (Hornburg et al., 2012).

Essa aptidão também foi constatada no trabalho de Rocha (2000), onde foi avaliado o potencial da utilização da madeira de *E. grandis* e *E. dunnii* para a produção de madeira serrada, sendo o *E. grandis* mais adequado que o *E. dunnii* para essa finalidade, contudo nenhuma das espécies mostrou-se viável para substituição de madeiras nativas tradicionais. Sendo necessário a adoção de novas técnicas de silvicultura e manejo das plantações de eucalipto, como a realização de estudos de melhoramento genético para buscar de materiais genéticos de melhor qualidade para madeira serrada (Assis e Resende, 2011).

2.3 Ferrugem do eucalipto

O conceito amplo de doença, nas plantas, pode ser definido como desvios nas funções fisiológicas normais, podendo ser de origem genética, ou iniciado por agentes bióticos e por fatores adversos do ambiente (Alfenas et al., 2004). Os mesmos autores

comentam que, esses desvios das funções fisiológicas normais das plantas, são prejudiciais e levam a um desequilíbrio nos processos geradores e consumidores de energia.

Segundo Bedendo e Amorim (2011), o aparecimento e desenvolvimento de uma doença são resultantes da interação de uma planta susceptível, um agente patogênico e ambiente favorável. Dentre os agentes causadores de doenças, os fungos fitopatogênicos estão entre os mais importantes, pois constituem um grupo numeroso de organismos bastante diversificado morfológica e filogeneticamente, e possuem estruturas diferenciadas para infecção como haustório, apressório e rizoide (Massola Júnior e Krugner, 2011).

As espécies de eucalipto, como grandes e importantes culturas no setor florestal, são atacadas por vários patógenos desde a época de viveiro até em plantios adultos. Uma das mais importantes doenças da cultura é conhecida como “ferrugem do eucalipto” causada pelo fungo *Puccinia psidii* Winter. Essa doença é um dos fatores limitantes para o estabelecimento de novos plantios e a condução de brotações de algumas espécies de *Eucalyptus* no Brasil (Ferreira, 1989 ; Coutinho et al., 1998).

As ferrugens são um grupo de doenças que são assim denominadas em razão das lesões amareladas de aspecto ferruginoso que aparecem nos hospedeiros atacados. Essas lesões são também chamadas de pústulas, e são constituídas na maior parte por estruturas reprodutivas do fungo, que emergem através do rompimento da epiderme do hospedeiro (Bedendo, 2011).

A “ferrugem do eucalipto” é classificada como doença biótica em condições de campo, a sua principal característica para a diagnose é a esporulação urediniospórica, pulverulenta e de coloração amarela sobre os órgãos afetados, ocorrendo nas mudas no viveiro e em plantações de até aproximadamente dois anos de idade. As espécies de eucaliptos mais susceptíveis a infecção são *E. grandis*, *E. cloeziana*, *E. phaeotricha*, *E. globulus* e *E. nitens* (Alfenas et al., 2004).

Atualmente as áreas de maiores atividades florestais com eucalipto ainda apresentam alto a mediano risco à ocorrência da “ferrugem do eucalipto” (Moraes et al., 2014), sendo que as condições são de temperaturas entre 18 a 25°C, índices elevados de umidade relativa do ar, períodos prolongados de molhamento foliar e a existência de órgãos juvenis susceptíveis a infecção (Alfenas et al., 2004 ; Zauza et al., 2015).

Para o estado de São Paulo, Silva et al. (2013) avaliaram a incidência da ferrugem do eucalipto no campo em progênies de *E. grandis* através de escala de notas de severidade da doença classificadas entre 0 a 3 em sete locais e aplicaram modelos para a determinação de zonas de severidade da doença. O estado foi dividido em baixa, média e alta susceptibilidade à ferrugem do eucalipto, e fatores como umidade do ar e temperatura foram significativos para ocorrência da doença, esse fato também foi relatado para o estado do Paraná com várias espécies de Myrtaceae (Bora et al., 2016).

A infecção causa um atraso no crescimento das árvores, pelo acometimento principalmente dos tecidos jovens de folhas e caules (Santos e Auer, 2011), causando uma perda de produtividade em crescimento de aproximadamente 30% (Furtado et al., 2009), a perda de dominância apical, podendo levar a emissão de novas brotações, bifurcação da planta, e morte dos tecidos afetados, quando o ataque é intenso (Santos et al., 2001).

Os órgãos maduros, temperaturas acima de 30°C, e abaixo de 10°C, períodos de seca prolongada e povoamentos com maiores idades desfavorecem a infecção (Ferreira, 1989). O mesmo autor comenta que plantas com altura maiores que 4 metros, os sintomas da doença começam a ser menos frequentes, pois a maior quantidade dos órgãos susceptíveis está situada a uma altura de copa em que o ambiente é mais ventilado e menos acessível à disposição do inóculo.

A resistência de plantas é um dos métodos mais utilizados para suprimir o desenvolvimento das doenças (Alfenas et al., 2004). Coutinho et al. (1998) e Alfenas et al. (2012) comentam que a utilização de variedades e materiais genéticos resistentes é uma das formas mais eficientes para controle das ferrugens. Xavier (2002) relata que a resistência da interação planta-patógeno para ferrugem do eucalipto é do tipo vertical, que é controlada por um ou poucos genes de resistência (genes *R*), sendo de curta duração e efetiva apenas contra algumas raças do patógeno agindo no sentido de atrasar o início da epidemia.

Xavier et al. (2007) e Silva et al. (2015) também relataram diferenças entre espécies para susceptibilidade à ferrugem do eucalipto com a inoculação de urediniosporos de *Puccinia psidii* em condições controladas e relataram alta variabilidade genética entre espécies de eucalipto mostrando a possibilidade de trabalhar com materiais genéticos mais resistentes, contudo não foram feitas correlações com as avaliações feitas em campo.

Em campo, avaliações realizadas através de uma escala de notas para severidade de infecção relataram diferenças no comportamento da infecção dentro de espécies como no trabalho de Teixeira et al. (2009) com progênies de híbridos *E. grandis* x *E. urophylla*, Miranda et al. (2013) com progênies de *E. grandis* e Balmelli et al. (2014) com progênies de *E. globulus* tornando possível o controle da doença em campo por meio da seleção e do plantio de materiais genéticos mais resistentes a infecção do fungo *Puccinia psidii*.

Outra forma de controle é a utilização de produtos químicos sendo muito eficiente em viveiro, contudo no campo, os gastos com a aplicação de fungicida não compensam as perdas causadas pela doença, isso por que após certo período de infecção, média 4 dias, os fungicidas podem não apresentam poder curativo em relação a doença, não a controlando totalmente, o que diminui a viabilidade econômica desse controle (Masson et al., 2011).

2.4 Melhoramento Florestal

Os desafios que o melhoramento vegetal enfrentou e irá enfrentar estão relacionados principalmente a adaptação dos materiais genéticos aos diferentes ambientes de produção, necessitando cada vez mais, do desenvolvimento de diferentes tecnologias. Assim os novos caminhos para os programas de melhoramento, tanto de espécies agrícolas como florestais, dependem da adaptação e produtividade das culturas, principalmente em relação às variações climáticas e fatores bióticos (Finlay e Wilkinson, 1963; Gepts e Hancock, 2006; Lusser et al., 2012).

Uma das maiores contribuições que o melhoramento vegetal trouxe foi de aumentar a qualidade e produtividade das culturas para as próximas gerações, elevando o valor econômico dos produtos vegetais, desenvolvendo melhores variedades para as áreas cultivadas e tornando os sistemas de produção cada vez mais eficientes (Allard, 1971; Borém e Miranda, 2005).

Atualmente, no Brasil, os plantios de eucalipto podem ser utilizados como exemplo do que o melhoramento genético proporcionou ao país (Ramalho et al., 2010). O melhoramento genético com as espécies de eucalipto foi responsável pelo patamar alcançado com a produção florestal que o país exibe atualmente, com a maior produtividade florestal do mundo (IBA, 2015).

O melhoramento genético é a fase mais avançada no trato das essências florestais (Ferreira, 1983; Rodriguez, 2002). Segundo Eldridge et al. (1993) o início dos programas de melhoramento florestal veio com a escolha de espécies e procedências a serem plantadas nos diferentes ambientes de produção, com avaliações dessas populações baseada principalmente no crescimento e adaptação (Resende, 2002a).

A utilização do material genético adequado, no estabelecimento das plantações de eucalipto, é uma importante estratégia de sucesso para o aumento e manutenção da produtividade (Fonseca et al., 2010), assim como a escolha das estratégias de seleção que serão utilizadas para se chegar nos melhores materiais genéticos (Pavan, 2009), transformando a população base em população de produção e/ou população de melhoramento (Resende, 2002a).

As populações de produção são estabelecidas por altas intensidades de seleção, visando explorar o máximo da variância genética livre e obtenção de ganhos genéticos imediatos. As populações de produção podem ser constituídas de pomares de sementes e jardins clonais, utilizando procedimentos que consideram simultaneamente valores genéticos aditivos, ganhos genéticos, tamanho efetivo e endogamia (Resende, 2005).

Nas populações de melhoramento, o objetivo é o melhoramento genético ao longo do tempo, com aumento contínuo dos alelos favoráveis por ciclos de seleção e recombinação. O ganho genético depende da manutenção da variabilidade genética a cada ciclo de seleção, onde o estabelecimento de estratégias de seleção os ganhos devem ser maximizados para uma condição de restrição do tamanho efetivo (Resende, 2005).

Para o estabelecimento de populações de produção e de melhoramento podem ser utilizados testes de progênies. Dentro dos programas de melhoramento, os testes de progênies são experimentos que tem objetivos como: a conservação genética de populações; a determinação da estrutura genética das populações; a produção de sementes melhoradas; a determinação do valor genético das matrizes selecionadas; a determinação de parâmetros genéticos, que são de extrema importância para definição de estratégias de melhoramento; e a geração de indivíduos para a seleção recorrente (Shimizu et al., 1982).

Segundo Wright (1976), diferentemente da seleção massal onde as matrizes são selecionadas pelo seu fenótipo, nos testes de progênies a seleção de melhores

matrizes é baseada na avaliação de suas progênes, o que garante um melhor julgamento da qualidade genética do material com mais certezas e chances de êxito.

Com espécies do gênero *Eucalyptus*, os testes de progênes para a predição de parâmetros genéticos e estratégias de seleção foram utilizados em diversos trabalhos como Kageyama e Vencovsky (1983) com progênes de meios-irmãos *E. grandis*, Santos et al. (1990) e Barros Rocha et al. (2006) trabalhando com progênes de meios-irmãos de *E. urophylla*, Paula et al. (2002) com progênes de meios-irmãos de *E. camaldulensis* e Pavan et al. (2012) avaliando os efeitos da competição intergenotípica em progênes de meios-irmãos de *E. grandis*, e de híbridos *E. grandis* x *E. urophylla*.

2.5 Parâmetros Genéticos

Parâmetros genéticos são importantes para a avaliação da potencialidade da população para fins de melhoramento e são estimados com base nas médias e variâncias da população, sendo estudados por um ramo da genética, conhecida por “genética quantitativa”, que estuda características controladas por vários genes com elevada influência ambiental (Resende, 2002a).

No melhoramento, a variabilidade deve ser vista como um fator indispensável para a conservação e obtenção de ganhos genéticos oriundos da seleção, sendo um ponto chave para o sucesso dos programas (Cruz e Regazzi, 1994). A variância fenotípica, que é estimada a partir de dados diretamente mensurados nos indivíduos em campo, é resultado da soma das variâncias ambiental, genotípica e da interação entre esses dois fatores. A variância genotípica pode ser desdobrada em variância genética aditiva e de dominância (Borém e Miranda, 2005).

A variância genética aditiva é também chamada de variância dos valores genéticos, sendo a principal determinante das respostas da população a seleção, pois é a variância dos efeitos médios dos genes transmitidos de pai para filho e utilizada no melhoramento por via sexuada. A variância de dominância é a variância da interação dos genes no mesmo loco. A soma da variância genética aditiva e de dominância resulta na variância genotípica, que é utilizada no melhoramento via propagação assexuada (Falconer, 1976).

As herdabilidades são parâmetros genéticos fundamentais, sendo calculadas a partir das variâncias genéticas e fenotípicas. A herdabilidade é uma das mais

importantes propriedades das variáveis métricas e o seu papel é de expressar o quanto da variância fenotípica é devido à variância genética, ou seja, possível de ser herdável para as próximas gerações (Falconer, 1976).

Segundo esse mesmo autor existem dois tipos de herdabilidade, no sentido restrito, que mede a proporção da variância fenotípica que é atribuída a variância aditiva, ou seja, parte que é transmitida aos descendentes, e herdabilidade no sentido amplo, que mede a proporção da variância fenotípica que é atribuída a variância genética total ou genotípica, geralmente associada a avaliação de materiais de propagação vegetativa.

Por sua importância, a herdabilidade aparece em quase todas as fórmulas relacionadas aos ganhos de seleção em programas de melhoramento genético. Como depende da magnitude dos componentes de variância, a herdabilidade é uma propriedade da população e do ambiente onde os indivíduos estão sendo avaliados (Falconer, 1976).

Outro parâmetro de suma importância no melhoramento é estimado a partir de variâncias e covariâncias é a correlação genética, onde é definida como sendo o estudo da magnitude das relações existentes entre as características de um indivíduo, sendo indispensável para o melhoramento de características simultâneas e na seleção indireta (Vencovsky e Barriga, 1992).

Nos estudos genéticos é necessário distinguir as duas causas de correlação entre as características: a genética e a ambiental. As causas das correlações genéticas são devidas principalmente ao pleiotropismo, que é a propriedade pela qual um gene afeta duas ou mais características. As correlações genéticas podem ser positivas, quando aumentam ambas as características, ou negativas, quando aumentam uma e reduzem outra característica (Falconer, 1976). Esse parâmetro é altamente importante pois os programas de melhoramento, que na maioria das vezes nunca visam a melhoria de apenas uma característica, mas de várias ao mesmo tempo (Vencovsky e Barriga, 1992).

O ambiente também causa efeito em todos os parâmetros descritos anteriormente, onde é a causa da alteração do desempenho relativo dos genótipos por fatores de origem não genética. A alteração do desempenho relativo dos genótipos, em virtude de diferenças de ambiente, denomina-se interação genótipo x ambiente (GxA) (Borém e Miranda, 2005). Segundo Vencovsky e Barriga (1992) o comportamento dos genótipos em relação ao ambiente constitui-se um importante

parâmetro, por afetar os processos relacionados a seleção, tornando-se necessário o conhecimento dessas interações nas análises.

Esse parâmetro é importante para os melhoristas quando trabalham com teste de progênies ou clonais comparativos e na recomendação de variedades, onde quanto maior a diversidade genética entre os genótipos e entre os ambientes, mais importante será a interação GxA e diferentes estratégias de seleção serão adotadas (Borém e Miranda, 2005).

No melhoramento florestal, a avaliação de materiais genéticos em diferentes ambientes antes da seleção final tem um papel importante na manifestação fenotípica, influenciando e subsidiando informações para a melhor escolha da estratégia de seleção, assim podendo selecionar materiais quanto ao seu grau de adaptação e estabilidade nos diferentes ambientes de estudo. Quanto mais avançado é o programa de melhoramento de uma espécie mais tendemos a capitalizar as interações GxA (Vencovsky e Barriga, 1992).

2.6 Tamanho Efetivo Populacional

A conservação dos recursos genéticos sempre é conseguida com variabilidade dentro e entre os indivíduos e populações, permitindo assim, evitar endogamia e garantir a sobrevivência, a adaptação e a resistência a fatores bióticos e abióticos (Rajora e Mosseler, 2001). O sucesso da conservação genética e sua possível integração com o melhoramento e domesticação das espécies, requer um planejamento adequado, principalmente durante o programa de melhoramento (Yanchuk, 2001).

Como exemplo, Yanchuk (2001) relata que alelos dominantes com frequência inferior à 60% e alelos recessivos com frequência inferior a 20% são classificados como raros, podendo estarem presentes na população, mas não em quantidade suficiente para se manterem nas próximas gerações. O autor comenta que a manutenção da variabilidade e de seguras frequências de alelos raros pode ser conseguida mantendo um tamanho efetivo populacional entre limites aceitáveis.

O tamanho efetivo populacional (N_e) teve seu conceito desenvolvido por Wright (1931), que o descreve como o tamanho de uma população ideal que geraria a mesma taxa de mudança genética observada na população em estudo. Segundo Caballero (1994), esse parâmetro é importante no processo de seleção, pois fornece

uma medida da taxa de variação genética ao longo das gerações e do parentesco entre os indivíduos da população.

Falconer (1976) comenta que o N_e representa o número efetivo de indivíduos que se acasalam e algumas situações podem reduzir o seu valor como: número diferentes de machos e fêmeas por geração, no caso de animais e espécies vegetais dioicas; número desigual de indivíduos nas gerações sucessivas; e distribuição não ao acaso do tamanho da família.

Para obtenção de ganhos genéticos ao longo do tempo, o tamanho efetivo populacional deve sempre ser mantido dentro de limites aceitáveis, evitando assim perdas de alelos favoráveis (Resende, 1999). Os limites aceitáveis do N_e são propostos por diversos autores como Rawlings (1970), que recomenda um tamanho efetivo em torno de 30, como sendo um valor adequado para a maioria dos sistemas genéticos e para a fixação simultânea de alelos favoráveis.

Frankham (1995) comenta que para a conservação genética o N_e deve ser maior que 50 para a prevenção da ocorrência de endogamia e perda de variabilidade genética, contudo para a manutenção do potencial evolutivo da população um N_e na ordem de 500 seria suficiente. Segundo Vencovsky (1987) um tamanho efetivo maior que 150 seria necessário para a retenção de alelos com frequência menor que 1% na população.

Contudo, Pereira e Vencovsky (1988) sugerem que não é possível recomendar com precisão um valor de N_e , pois é preciso levar em conta a magnitude da herdabilidade da variável em estudo, o grau de intensidade de seleção e o acréscimo que se espera com a seleção. Altos valores de N_e se justificam para manutenção do programa de melhoramento por longos períodos, quando os demais fatores estiverem desfavorecendo o limite seletivo, entretanto não se justifica adotar altos valores de N_e à custa de uma seleção pouco intensa, comprometendo o progresso imediato.

2.7 Seleção

A seleção é uma das etapas mais importantes dos programas de melhoramento, sendo constituída de ações provocadas pelo melhorista que objetiva a mudança das frequências alélicas, com aumento de alelos favoráveis por meio de ciclos seletivos que variam de acordo com o ciclo de rotação de cada espécie. As

estratégias utilizadas na seleção dependem da estimativa precisa de parâmetros genéticos, como variabilidade, herdabilidade e correlação, e a mudança ocasionada pela seleção representa o ganho genético sob as características que serão selecionadas (Falconer, 1976).

O ciclo longo das espécies florestais requereram estratégias de seleção para a obtenção de genótipos superiores em menor intervalo de tempo, e isso foi alcançado com a seleção precoce. Esta estratégia visa a seleção de indivíduos com características desejáveis, como maior altura e diâmetro à altura do peito (DAP), nas fases iniciais de desenvolvimento, podendo ser usada como preditor das idades finais de rotação e trazer benefícios significativos para a produção florestal, como a possibilidade de seleção nas fases iniciais (Rezende et al., 1994; Wu et al., 2007).

O sucesso da seleção precoce depende dos métodos e critérios de seleção que serão utilizados e que as características avaliadas apresentem variabilidade genética, boa herdabilidade, e alta correlação genética com a mesma característica avaliada no último ano de rotação (Moraes et al., 2014).

A correta definição do objetivo da seleção e, conseqüentemente, do método de seleção, são requisitos fundamentais nos programas de melhoramento florestal. O objetivo da seleção se baseia no caráter final sobre o qual se deseja o ganho genético e o método de seleção visa ordenar os indivíduos e famílias para atender os objetivos do melhoramento (Resende, 2005).

Os métodos de seleção aplicados às espécies florestais, segundo Resende (2005), podem ser classificados quanto a unidade de seleção, quando a mesma é feita dentro do bloco ou estrato, para a constituição de pomares de sementes por mudas ou clonais, ou quando a seleção é feita no experimento como um todo, para a constituição de jardins clonais com a clonagem dos melhores indivíduos.

O objetivo do programa de melhoramento, segundo Rezende et al. (1994), pode ser baseado na seleção em uma única característica quando o critério de seleção é a própria característica, conhecida como seleção direta, podendo esse critério de seleção ser inadequado por conduzir a um produto final superior em apenas uma característica (Azevedo et al., 2015).

A seleção indireta é método de seleção utilizado quando o objetivo é a seleção em uma característica e o critério de seleção é baseado em outra característica, sendo altamente dependente da correlação genética. Quando o objeto de seleção é um agregado de características e o critério de seleção é baseado na combinação desse

agregado de características, pode utilizar índices combinados e níveis independentes de seleção (Hazel, 1943; Cruz e Regazzi, 1994).

Na seleção para várias características, três sistemas podem ser adotados: a) *tandem*, onde é feita a seleção para determinado caráter e na próxima geração seleciona para outros caracteres de interesse; b) níveis independentes, onde são estabelecidos níveis para as características e todos os indivíduos abaixo desse nível, em pelo menos uma delas, são eliminados; e c) índices de seleção que consideram simultaneamente todos os caracteres e resultam da ponderação das características através de coeficientes de herdabilidade, valores econômicos relativos, correlações genéticas e correlações fenotípicas (Resende, 2005).

A seleção em *tandem* para espécies florestais não é recomendada por causa dos longos ciclos de seleção e pelo possível esgotamento da variabilidade genética para a seleção das características nas próximas gerações. Os níveis independentes têm-se a desvantagem de selecionar brandamente para um caráter, para se chegar a uma razoável pressão de seleção final, contudo os mesmos podem ser vantajosos para características que apresentem correlações fracas e nulas (Resende, 2005).

Os índices de seleção se apresentam como o melhor método de seleção simultânea de características, mostrando-se altamente eficientes na seleção de genótipos superiores, isso porque o uso de pesos de ponderação para cada característica, baseado em coeficientes de herdabilidade, irá garantir o progresso simultâneo em todas as características que se objetiva a seleção (Magnussen, 1990).

Segundo Hazel (1943), os índices de seleção podem ser utilizados de acordo com três requisitos básicos: a correlação entre o agregado genotípico e o próprio índice, o diferencial de seleção e a variabilidade genética existente na população. Contudo algumas limitações são apontadas, como quando não tem boa estimativa de parâmetros genéticos, a dificuldade do estabelecimento de pesos econômicos e níveis de importância para as características avaliadas (Lin, 1978).

2.8 Ganho Genético

O programa de melhoramento genético não deve ser considerado uma atividade isolada dentro do sistema de produção, e sim, ligada a outras áreas de pesquisa. Primeiramente antes de iniciar um programa de melhoramento é necessário identificar e analisar o problema, para minimizar os riscos de decisões equivocadas e

resultados inesperados, sendo essa análise baseada no objetivo e estratégias adotadas para alcançar os ganhos desejados (Moreno-González e Cubero, 1993).

A predição de ganhos genéticos é essencial, pois orienta os melhoristas a como trabalhar com os genótipos em estudo (Paula et al., 2002). A concepção de ganho genético foi definida por Falconer (1976), onde representa o produto da herdabilidade com a diferença entre a média da população selecionada e a média da população original, ou seja, antes da seleção. O autor ainda comenta que a estimativa do ganho genético é útil para comparação de diferentes métodos de seleção e predição do melhoramento genético da população estudada.

O papel dos melhoristas é de propor estratégias que atinjam os maiores ganhos genéticos possíveis, e isso é dependente do tipo de seleção e recombinação que serão utilizados no programa de melhoramento, assim como a magnitude dos parâmetros genéticos da população em estudo (West, 2014).

Contudo, a estimativa do ganho genético deve sempre estar vinculada ao tamanho efetivo populacional (N_e), pois é necessária a manutenção da variabilidade da população que está sendo melhorada, para que possa ter ganhos genéticos durante várias gerações. A adequada estruturação da população permite a conservação dos recursos genéticos, associados a população original dentro do próprio programa, visando maior flexibilidade ao melhoramento nas populações avançadas (Resende, 2005).

A estratégia de todo programa de melhoramento de espécies florestais é vinculada a três etapas: a seleção de árvores na população para atingir a melhor qualidade do produto dentro do programa; recombinação dos indivíduos selecionados; e coleta das sementes melhoradas para plantios experimentais, utilizando teste de progênies (West, 2014).

O objetivo do programa de melhoramento deve estar vinculado a estratégia utilizada para a obtenção dos melhores materiais ao longo do tempo, podendo esse objetivo mudar de tempos em tempos, seja por requisitos do mercado para o produto final, inclusão de novas tecnologias, aparecimento de pragas e doenças, novos locais de plantios e variações climáticas (West, 2014).

Entretanto, o planejamento de todo programa de melhoramento deve ser baseado em percepções como: qual será o impacto do programa de melhoramento para o desenvolvimento econômico, social e ambiental da região em estudo; os objetivos do programa devem ser realistas e possíveis de serem alcançados; a

condução do programa deve ser feita por pessoas capacitadas e os recursos disponíveis devem ser ajustados de acordo com a magnitude do programa de melhoramento genético (Moreno-González e Cubero, 1993).

2.9 Uso da metodologia REML/BLUP para estimativa de parâmetros genéticos

A análise de variância (ANOVA) foi por muito tempo utilizada na predição dos componentes de variância e nas estimativas das herdabilidades na análise de dados de teste de progênes. Esse procedimento tem algumas limitações como exigir delineamentos balanceados e ser menos robusto aos desvios de normalidade (Resende et al., 1996), portanto não sendo adequados a seleção genética para dados desbalanceados, pois fornecem estimativas não exatas e tendenciosas (Searle et al., 1992).

O procedimento REML conhecido como “Máxima Verossimilhança Restrita” é também um método de estimativa de componentes de variância, podendo ser usado, por exemplo, em delineamentos desbalanceados e para dados não normais, o que acontece com muitos experimentos agrícolas em campo, devido a mortalidade das plantas. Sua importância está na predição de estimativas não tendenciosas dos parâmetros genéticos (Resende, 2004).

O REML foi criado pelos pesquisadores ingleses Desmond Patterson e Robin Thompson em 1971 e tem substituído com vantagens o método da ANOVA. Produz estimativas ou predições mais acuradas aos efeitos dos tratamentos quando existem dados perdidos no experimento, permitindo considerar variância heterogêneas, dissolvendo o problema da estimação quando se tem dados perdidos. A modelagem da estrutura de correlação em experimentos com dependência espacial, medidas repetidas e em múltiplos experimentos conduz a estimativas mais precisas dos parâmetros genéticos, pois o modelo de efeito fixo assume que todas as observações não são correlacionadas (Resende, 2004).

O grande entrave do melhoramento está na predição dos valores genéticos dos vários genótipos candidatos a seleção, necessitando de componentes de variância estimados com ótima precisão, via REML, e procedimentos de otimização da predição dos valores genéticos, como o BLUP (Resende, 2004).

O BLUP é conhecido como “Predição Linear não Viesada”, e se constitui uma importante ferramenta na definição de estratégias de seleção e estimação dos ganhos genéticos, dependendo exclusivamente do conhecimento ou da precisa estimação dos componentes de variância (Resende, 2004).

O BLUP estima efeitos fixos pelo método dos mínimos quadrados generalizados, considerando as variâncias, sendo essa a razão de maior acurácia na predição dos valores genéticos, e ao mesmo tempo o procedimento prediz os valores dos efeitos genéticos aleatórios e dos efeitos aleatórios não-correlacionados incluídos no modelo (Resende, 2002a).

As principais vantagens práticas do REML/BLUP é que permite comparar indivíduos ou variedades através do tempo e espaço (ambientes), correção dos efeitos ambientais, estimação dos componentes de variância e predição dos valores genéticos, também permite trabalhar com estruturas complexas, como medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos experimentais, como o desbalanceamento e delineamentos não ortogonais (Resende, 2004).

Referências

- ALFENAS, A. et al. **Clonagem e doenças do eucalipto**. Viçosa: Editora UFV, 2004. 442.
- ALFENAS, A. C.; GUIMARÃES, L. M. D. S.; RESENDE, M. D. V. Genetic Basis of Resistance in *Eucalyptus* spp. Pathosystems Genetic Basis of Resistance in *Eucalyptus* spp. Pathosystems. 4th International Workshop on Genetics of Host-Parasite Interactions in Forestry: Disease and insect resistance in forest trees. 2012, Albany, CA. p.11-15.
- ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Editora Edgard Blucher, 1971. 381.
- ASSIS, T. F.; RESENDE, M. D. V. Genetic improvement of forest tree species. **Crop Breeding and Applied Biotechnonology**, v. 11, p. 44-49, 2011.
- AZEVEDO, L. P. D. A. et al. Genetic selection in *Eucalyptus camaldulensis* progenies in savanna area of Mato Grosso State, Brazil. **Ciencia Rural**, v. 45, n. 11, p. 2001-2006, Nov 2015. ISSN 0103-8478.
- BALMELLI, G. et al. Genetic variation for resistance to *Mycosphaerella* leaf disease and *Eucalyptus* rust on *Eucalyptus globulus* in Uruguay. **Australasian Plant**

- Pathology**, v. 43, n. 1, p. 97-107, 2014. ISSN 0815-3191. Disponível em: < <Go to ISI>://WOS:000329937800013 >.
- BARROS ROCHA, M. D. G. et al. Avaliação genética de progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus urophylla* utilizando os procedimentos REML/BLUP e E (QM). **Ciência Florestal**, v. 16, n. 4, p. 369-379, 2006.
- BEDENDO, I. P. Ferrugens. In: AMORIM, L.; REZENDE, J. A. M., et al (Ed.). **Manual de Fitopatologia: princípios e conceitos**. 4º. São Paulo, v.1, 2011. cap. 479-485,
- BEDENDO, I. P.; AMORIM, L. Ambiente e doença. In: AMORIM, L.; REZENDE, J. A. M., et al (Ed.). **Manual de Fitopatologia: princípios e conceitos**. 4º. São Paulo, v.1, 2011. cap. 133-147,
- BOLAND, D. J. et al. **Forest Trees of Austrália**. 5. Austrália: CSIRO, 1953.
- BORA, K. C. et al. Favorabilidade climática para a ferrugem do eucalipto no estado do Paraná. **Summa Phytopathologica**, v. 42, n. 1, p. 24-42, 2016.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: Editora UFV, 2005. 525.
- BRASIL. **Decreto n. 6.263 de 21 de novembro de 2007**. Brasília-DF: Diário Oficial da União 2007.
- CABALLERO, A. Developments in the prediction of effective population-size. **Heredity**, v. 73, p. 657-679, Dec 1994. ISSN 0018-067X. Disponível em: < <Go to ISI>://WOS:A1994PU21200011 >.
- COUTINHO, T. A. et al. Eucalyptus rust: A disease with the potential for serious international implications. **Plant Disease**, v. 82, n. 7, p. 819-825, Jul 1998. ISSN 0191-2917.
- COUTO, H. T. Z. Manejo de Florestas e sua utilização em serraria. SEMINÁRIO INTERNACIONAL DE UTILIZAÇÃO DA MADEIRA DE EUCALIPTO PARA SERRARIA, 1995, Piracicaba. IPEF. p.21-30.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 1994.
- ELDRIDGE, K. G. et al. **Eucalypt Domestication and Breeding**. Oxford: Ed. Oxford University, 1993. 288.
- FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. New York: Ed. Roland Press, 1976. 365.
- FERREIRA, A. F. **Patologia Florestal: principais doenças florestais do Brasil**. Viçosa: Sociedade de Investigações Florestais, 1989. 570.

- FERREIRA, M. Melhoramento florestal e silvicultura intensiva com eucalipto. **Silvicultura**, v. 8, n. 29, p. 5-11, 1983.
- FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. v. 14, n. 6, p. 742-754, 1963.
- FONSECA, S. et al. **Manual prático de melhoramento genético do Eucalipto**. Viçosa: Editora UFV, 2010. 200.
- FRANKHAM, R. Conservation genetics. **Annual Review of Genetics**, v. 29, p. 305-327, 1995.
- FURTADO, E. L. et al. **Doenças do eucalipto no Brasil**. Botucatu: 2009.
- GARCIA, L. G. et al. Modelagem da aptidão climática do *Eucalyptus grandis* frente aos cenários de mudanças climáticas no Brasil. **Scientia Forestalis**, v. 42, n. 104, p. 503-511, 2014.
- GEPTS, P.; HANCOCK, J. The future of plant breeding. **Crop Science**, v. 46, n. 4, p. 1630-1634, Jul-Aug 2006. ISSN 0011-183X. Disponível em: < <Go to ISI>://WOS:000239054100025 >.
- GOMES, F. P. **Crescimento da economia e demanda de recursos florestais no Brasil**. 2014. 135 (Mestrado). Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis.
- GONÇALVES, J. L. M. et al. Mapeamento de solos e da produtividade de plantações de *Eucalyptus grandis*, com uso de sistema de informação geográfica. **Scientia Forestalis**, v. 40, n. 94, p. 187-201, 2012.
- HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v. 28, n. 6, p. 476-490, Nov 1943. ISSN 0016-6731. Disponível em: < <Go to ISI>://WOS:000201545300002 >.
- HILLIS, W. E.; BROWN, A. G. **Eucalyptus for wood production**. Sydney (Australia): 1984. 434.
- HORNBURG, K. F. et al. Qualidade das toras e da madeira serrada de seis espécies de eucalipto cultivadas no litoral de Santa Catarina. **Scientia Forestalis**, v. 40, n. 96, p. 463-471, 2012.
- IBA. **Relatório IBA 2015: ano base 2014**. Brasília: 80 p. 2015.
- JACOBS, M. R. **Eucalyptus for planting**. Italy: FAO - Forestry Series, 1979.
- KAGEYAMA, P. Y.; VENCOSKY, R. Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden. **IPEF - Instituto de Pesquisa e Estudos Florestais**, Piracicaba, n. 24, p. 9-26, 1983.

- KIKUTI, P.; FIER, I. S. N.; CALORI, V. Produção de madeiras de eucalipto de alta qualidade. SEMINÁRIO SOBRE PROCESSAMENTO E UTILIZAÇÃO DE MADEIRAS DE REFLORESTAMENTO, 1996, Curitiba. p.53-58.
- LIN, C. Y. Index selection for genetic improvement of quantitative characters. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 52, n. 2, p. 49-56, 1978. ISSN 0040-5752. Disponível em: < <Go to ISI>://WOS:A1978EY47400001 >.
- LUSSER, M. et al. Deployment of new biotechnologies in plant breeding. **Nature Biotechnology**, v. 30, n. 3, p. 231, 2012. ISSN 1087-0156.
- MAGNUSSEN, S. Selection index: economic weights for maximum simultaneous genetic gain. **Theoretical and applied genetics**, v. 79, n. 3, p. 289-293, 1990.
- MANION, P. D. **Tree Disease Concepts**. 2º. New Jersey: 1991. 402.
- MASSOLA JÚNIOR, N. S.; KRUGNER, T. L. Fungos fitopatogênicos. In: AMORIM, L.; REZENDE, J. A. M., et al (Ed.). **Manual de Fitopatologia: princípios e conceitos**. 4º. São Paulo, v.1, 2011. cap. 149-206,
- MASSON, M. V. et al. Eficiência e viabilidade econômica do controle químico da ferrugem do eucalipto em condições de campo. **Summa Phytopathologica**, v. 37, n. 2, p. 107-112, 2011.
- MIRANDA, A. C. et al. Heritability for resistance to Puccinia psidii Winter rust in Eucalyptus grandis Hill ex Maiden in Southwestern Brazil. **Tree Genetics & Genomes**, v. 9, n. 2, p. 321-329, Apr 2013. ISSN 1614-2942. Disponível em: < <Go to ISI>://WOS:000316366200001 >.
- MORAES, C. B. et al. Estimativas dos parâmetros genéticos para seleção de árvores de *Eucalyptus*. **Scientia Forestalis**, v. 42, n. 104, p. 623-629, 2014.
- MORAES, W. B. et al. Potencial impact of the global climate changes on the spatial distribution of areas of risk for the occurrence of eucalyptus rust in Brazil. **Summa Phytopathologica**, v. 40, n. 2, p. 114-122, 2014.
- MORENO-GONZÁLEZ, J.; CUBERO, J. I. Selection strategies and choice of breeding methods. In: HAYWARD, M. D.; BOSEMARK, N. O., et al (Ed.). **Plant breeding: principles and prospects**. London: Ed. Chapman & Hall, 1993. p.281-309.
- MUÑIZ, G. I. B. Fatores que limitam a utilização da madeira de *Eucalyptus*. SEMINÁRIO: SÓLIDOS DE EUCALIPTOS: AVANÇOS CIENTÍFICOS E TECNOLÓGICOS, 2002, Lavras. UFLA. p.30-63.

- PALUDZYSZYN FILHO, E.; SANTOS, P. E. T. Programa de melhoramento genético de eucalipto da Embrapa Florestas: resultados e perspectivas. **Documentos: Embrapa Florestas**, p. 68 p., 2011.
- PAULA, R. C. et al. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 2, p. 159-165, 2002.
- PAVAN, B. E. **Competição em testes de progênies de eucalipto e suas implicações na seleção e no melhoramento**. 2009. 135 (Doutorado). Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Jaboticabal.
- PAVAN, B. E. et al. Efeito competitivo em testes de progênies de eucalipto. **Ciência Florestal**, v. 22, n. 3, p. 433-443, 2012.
- PEREIRA, M. B.; VENCOSKY, R. Limites da seleção recorrente: fatores que afetam o acréscimo das frequências alélicas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 23, n. 7, p. 769-780, 1988.
- PIRES, I. E. et al. **Genética Florestal**. Viçosa: Editora Arka, 2011.
- POLLI, H. Q. et al. Qualidade da madeira em clone de *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden submetido a desrama artificial. **Revista Árvore**, v. 30, n. 4, p. 557-566, 2006.
- PONCE, R. H. Eucalipto como madeira serrada: desafios e perspectivas. SEMINÁRIO INTERNACIONAL DE UTILIZAÇÃO DA MADEIRA DE EUCALIPTO PARA SERRARIA, 1995, Piracicaba. IPEF. p.51-60.
- PREVEDELLO, J. et al. Manejo do solo e crescimento inicial de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden em Argissolo. **Ciência Florestal**, v. 23, n. 1, p. 129-138, 2013.
- RAJORA, O. P.; MOSSELER, A. Challenges and opportunities for conservation of forest genetic resources. **Euphytica**, v. 118, n. 2, p. 197-212, 2001. ISSN 0014-2336. Disponível em: < <Go to ISI>://WOS:000167435700015 >.
- RAMALHO, M. A. et al. **Competências em melhoramento genético de plantas no Brasil**. Viçosa: Editora Arka, 2010.
- RAWLINGS, J. O. Present status of research on long and short-term recurrent selection in finites populations: choice of populations size. MEETING OF WORKING GROUP ON QUANTITATIVE GENETICS, 1970, New Orleans. Forest Service. p.1-15.

- RESENDE, M. D. V. **Predição de valores genéticos, componentes de variância, delineamentos de cruzamentos e estrutura de populações no melhoramento florestal**. 1999. 434 (Doutorado). Setor de Ciências Biológicas - Departamento de Genética, Universidade Federal do Paraná, Curitiba.
- _____. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002.
- _____. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas - Documentos, 2004.
- _____. Melhoramento de essências florestais. In: BOREM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Editora UFV, 2005. p.717-780.
- RESENDE, M. D. V. et al. Estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor predição linear não viciada (BLUP) em Pinus. **Boletim de Pesquisa Florestal**, v. 32, n. 33, p. 18-45, 1996.
- REZENDE, G. D. S. P.; BERTOLUCCI, F. D. L. G.; RAMALHO, M. A. P. Eficiência da seleção precoce na recomendação de clones de eucalipto avaliados no norte do Espírito Santo e sul da Bahia. **Cerne**, v. 1, n. 1, p. 45-50, 1994.
- REZENDE, J. A. M. et al. Conceito de doença, sintomatologia e diagnose. In: AMORIM, L.; REZENDE, J. A. M., et al (Ed.). **Manual de Fitopatologia: princípios de conceitos**. 4º. São Paulo, v.1, 2011. cap. 37-58,
- ROCHA, M. P. ***Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden e *Eucalyptus dunnii* Maiden como Fontes de Matéria Prima para Serrarias**. 2000. 186 (Doutorado). Setor de Ciências Agrárias - Departamento de Engenharia Florestal, Universidade Federal do Paraná, Curitiba.
- RODRIGUEZ, L. C. E. Melhoramento e conservação genética. CIÊNCIA E TECNOLOGIA NO SETOR FLORESTAL BRASILEIRO: diagnósticos, prioridades e modelo de financiamento., 2002, Brasília. Ministério da Ciência e Tecnologia, IPEF. p.187.
- SANTOS, A. F.; AUER, C. G. Controle químico da ferrugem do eucalipto em plantios jovens. **Embrapa Florestas - Comunicado Técnico**, p. 3, 2011.
- SANTOS, A. F.; AUER, C. G.; GRIGOLETTI JUNIOR, A. Doenças do eucalipto no sul do Brasil: identificação e controle. **Embrapa Florestas - Circular Técnica**, p. 20, 2001.

- SANTOS, P. E. T. et al. Potencial para programas de melhoramento, estimativas de parâmetros genéticos e interação progênies x locais em populações de *Eucalyptus urophylla* ST Blake. **IPEF - Instituto de Pesquisa e Estudos Florestais**, n. 43-44, p. 11-19, 1990.
- SEARLE, S. R.; CASELLA, G.; MCCULLOCH, C. E. **Variance components**. New York: Ed. J. Wiley, 1992.
- SHIMIZU, J. Y.; KAGEYAMA, P. Y.; HIGA, A. R. Procedimentos e recomendações para estudos de progênies de essências florestais. **Embrapa Florestas - Documentos**, p. 33, 1982.
- SILVA, P. H. M. et al. Selecting for rust (*Puccinia psidii*) resistance in *Eucalyptus grandis* in Sao Paulo State, Brazil. **Forest Ecology and Management**, v. 303, p. 91-97, Sep 2013. ISSN 0378-1127. Disponível em: < <Go to ISI>://WOS:000321405600010 >.
- _____. Screening of rust and gall wasp in eucalypts species and provenances. **Brazilian Journal of Forestry Research**, v. 35, n. 83, p. 323-328, 2015.
- TEIXEIRA, J. E. C. et al. Análise da herança da resistência a *Puccinia psidii* em progênies de híbridos interespecíficos de eucalipto avaliadas sob condições naturais de infecção;. **Tropical Plant Pathology**, v. 34, n. 4, p. 203-210, 2009.
- TOMASELLI, I. Processing young *Eucalyptus*. THE FUTURE OF EUCALYPTUS FOR WOOD PRODUCTS, 2000, Launceston, Tasmania. IUFRO. p.167-174.
- TSOUMIS, G. **Wood as raw material: source, structure, chemical composition, grow, degradation and identification**. New York: Ed. Pergamon Press., 1968.
- VENCOVSKY, R. Tamanho efetivo populacional na coleta e preservação de germoplasmas de espécies alógamas. **IPEF - Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais**, n. 35, p. 79-84, 1987.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992.
- WEST, P. W. **Growing Plantation Forests**. Lismore, Austrália: Editora Springer, 2014.
- WRIGHT, J. W. **Introduction to forest genetics**. New York: Academic Press, 1976.
- WRIGHT, S. Evolution in Mendelian populations. **Genetics**, v. 16, n. 2, p. 0097-0159, Mar 1931. ISSN 0016-6731. Disponível em: < <Go to ISI>://WOS:000201597700001 >.

- WU, H. X. et al. Efficiency of early selection for rotation-aged wood quality traits in radiata pine. **Annals of Forest Science**, v. 64, n. 1, p. 1-9, 2007.
- XAVIER, A. A. **Histopatologia da interação *Puccinia psidii* e virulência de isolados do patógeno em espécies de Myrtaceae**. 2002. 83 (Doutorado). Fitopatologia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG.
- XAVIER, A. A. et al. Resistência de *Eucalyptus globulus* e *Eucalyptus nitens* à ferrugem (*Puccinia psidii*). **Revista Árvore**, v. 31, n. 4, p. 731-735, 2007. ISSN 0100-6762.
- YANCHUK, A. D. A quantitative framework for breeding and conservation of forest tree genetic resources in British Columbia. **Canadian Journal of Forest Research- Revue Canadienne De Recherche Forestiere**, v. 31, n. 4, p. 566-576, Apr 2001. ISSN 0045-5067. Disponível em: < <Go to ISI>://WOS:000168172800002 >.
- ZAUZA, E. A. V. et al. Wind dispersal of *Puccinia psidii* urediniospores and progress of eucalypt rust. **Forest Pathology**, v. 45, n. 2, p. 102-110, Apr 2015. ISSN 1437-4781. Disponível em: < <Go to ISI>://WOS:000352641200002 >.

3 CAPÍTULO 1 - ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM TESTE DE PROGÊNIES DE POLINIZAÇÃO ABERTA DE *Eucalyptus grandis* HILL EX MAIDEN

Resumo

O objetivo do trabalho foi estimar parâmetros genéticos em teste de progênies de polinização aberta de *E. grandis*, visando avaliar o potencial de ganho com a seleção direta e indireta de variáveis relacionadas ao crescimento, grau de infecção à ferrugem e qualidade da madeira. O teste de progênies foi plantado em Anhembi-SP e Itatinga-SP, em delineamento de blocos casualizados, com 176 progênies, uma planta por parcela, 29 repetições em Anhembi-SP e 30 repetições em Itatinga-SP, e uma linha de bordadura externa. Foram realizadas três avaliações aos 9, 14 e 20 meses em Anhembi-SP e aos 11, 16 e 22 meses em Itatinga-SP. As variáveis avaliadas para os dois locais foram sobrevivência (SOB), DAP e altura (ALT) em todas as idades, grau de infecção à ferrugem (GRI) na primeira e terceira avaliação, e bifurcação (BIF) e tortuosidade do fuste (TORT) na última avaliação. Na segunda avaliação no teste de progênies em Anhembi-SP foi avaliado número (NG) e diâmetro (DG) de galhos. Os parâmetros genéticos foram estimados utilizando o software SELEGEN. As herdabilidades médias de progênies indicam bom controle genético com a seleção das melhores famílias para DAP e ALT nos dois locais variando de 0,68 a 0,82 e 0,59 a 0,83 respectivamente para Itatinga-SP e 0,49 a 0,52 e 0,50 a 0,62 respectivamente para Anhembi-SP nas diferentes avaliações. As correlações genéticas entre DAP e ALT indicam que a seleção indireta sobre o DAP trará bons ganhos genéticos para ALT, sendo estimados valores de 0,90 e 0,88 para Itatinga-SP e Anhembi-SP, respectivamente, na terceira avaliação. Para GRI a avaliação aos 9 e 11 meses idades estimou bom controle genético a nível de progênies para os dois locais sendo maiores que 0,50 indicando que deve ser priorizada a seleção para GRI nessas idades. As avaliações indiretas para qualidade da madeira no teste de progênies em Anhembi-SP indicaram baixa a moderada herdabilidade para DG, BIF e TORT, com valores de 0,34; 0,40; e 0,32, respectivamente, contudo para o NG a herdabilidade média de progênies foi 0,59, sendo essa variável mais indicada para a seleção. As correlações genéticas entre o DAP, GRI e NG foram de fraca magnitude para o teste de progênies instalado em Anhembi-SP e as correlações genéticas entre DAP, GRI, BIF e TORT foram de moderada magnitude para o teste de progênies em Itatinga-SP, indicando que as variáveis são independentes. As análises da interação genótipo x ambiente indicaram que os dois locais foram uma zona de melhoramento para a seleção do DAP e GRI, com correlações genótipo ambiente de 0,71 e 0,91, respectivamente, recomendando-se trabalhar com apenas um local para a produção de sementes melhoradas na seleção simultânea.

Palavras-chave: Herdabilidade; Seleção direta; Melhoramento florestal

Abstract

The objective of this study was to estimate the genetic parameters in the open pollination progenies test of *E. grandis*, aiming to evaluate the gain potential with direct and indirect selection of variables related to growth, degree of infection to rust and wood quality. The progenies test was planted in Anhembi-SP and Itatinga-SP, in a randomized block design, with 176 progenies, one plant per plot, 29 blocks in Anhembi-SP and 30 blocks in Itatinga-SP, and one external border line. Three evaluations were performed at 9, 14 and 20 months of age in Anhembi-SP and at 11, 16 and 22 months of age in Itatinga-SP. The variables evaluated for the two sites were survival (SOB), DBH and height (ALT) in all ages, degree of infection to rust

(GRI) in the first and third evaluation, and bifurcation (BIF) and straightness (TORT) in the last evaluation. In the second evaluation in the progenies test in Anhembi-SP was evaluated number (NG) and diameter (DG) of branches. Genetic parameters were estimated using the SELEGEN. The mean heritabilities of progeny indicate good genetic control with the selection of the best families for DAP and ALT in the two sites ranging from 0.68 to 0.82 and 0.59 to 0.83 respectively for Itatinga-SP and 0.49 to 0.52 and 0.50 to 0.62 respectively for Anhembi-SP in different evaluations. Genetic correlations between DAP and ALT indicate that direct selection on DAP will yield good genetic gains for ALT, with estimates of 0.90 and 0.88 in the third evaluation for Itatinga-SP and Anhembi-SP, respectively. For GRI the evaluation at 9 and 11 months of ages estimated good mean heritabilities of progeny for the two sites being greater than 0.50 and indicating that the selection for GRI at these ages should be prioritized. The indirect evaluations for wood quality in the progenies test in Anhembi-SP indicated low to moderate heritabilities for DG, BIF and TORT, with values of 0.34, 0.40, and 0.32, respectively, but for NG, the mean heritability of progeny was 0.59, being this variable more suitable for selection. Genetic correlations between DAP, GRI and NG were of low magnitude for the progenies test installed in Anhembi-SP and the genetic correlations between DAP, GRI, BIF and TORT were of moderate magnitude for the progenies test in Itatinga-SP, indicating that the variables are independent. Analyzes of the genotype x environment interaction indicated that the two sites are one breeding zone for the selection of DAP and GRI, with environment genotype correlations of 0.71 and 0.91, respectively, recommending to work with only one site for the production of improved seeds in the simultaneous selection.

Keywords: Heritability; Direct selection; Forest improvement

3.1 Introdução

Eucalyptus grandis é a espécie florestal pura mais plantada no Brasil (Garcia et al., 2014), pela sua excelente adaptação, rápido crescimento e ampla base genética, que possibilitou aos programas de melhoramento selecionar os melhores genótipos aos diferentes objetivos e ambientes de produção (Kageyama e Vencovsky, 1983).

Contudo a espécie é altamente susceptível a infecção pelo fungo *P. psidii*, que causa perda de produtividade em crescimento (Furtado et al., 2009), mas alguns trabalhos apontam grande variabilidade genética em *E. grandis* para suscetibilidade ao fungo *P. psidii*, podendo obter ganhos genéticos com seleção dos genótipos mais resistentes (Miranda et al., 2013).

A seleção genética dos melhores indivíduos é uma das formas de melhorar o crescimento, adaptabilidade, resistência a doenças, pragas, e a qualidade dos produtos oriundos de madeira. Para isso, é de fundamental importância estimativas precisas de parâmetros genéticos em teste de progênies ou clonais ao longo do tempo (Rezende et al., 2014).

Através das estimativas dos parâmetros genéticos é possível comparar ganhos de diferentes estratégias de melhoramento para diferentes variáveis, para um

conjunto de locais ou para cada local separadamente. No caso deste estudo, a estratégia é entendida como otimização de ganhos através de definição de métodos de seleção, combinando variáveis de crescimento, resistência à *P. psidii* e indiretamente para a qualidade da madeira.

A herdabilidade das variáveis candidatas à seleção é importante pela influência do aspecto genético nas próximas gerações (Falconer e Mackay, 1996). Altos valores de herdabilidade ($> 0,50$) para uma variável indicam um bom controle genético, com a possibilidade de obtenção de bons ganhos genéticos com a seleção direta.

O conhecimento da correlação genética é outro fator importante na definição da estratégia. Correlações nulas ou não significativas indicam independência entre as variáveis, ou seja, a seleção em uma não provocará nenhum efeito, positivo ou negativo, na outra variável. Quando as correlações são negativas e significativas, a seleção indireta entre características pode ser prejudicada (Resende, 2002a).

Em espécies florestais, o componente de interação genótipo x ambiente é fundamental, devido ao aumento da área plantada e avanço das plantações para diferentes regiões do Brasil, o que demanda materiais genéticos distintos (Reis e Paludzyszyn Filho, 2011).

A estimação de parâmetros genéticos leva a possibilidade de estabelecer estratégias eficientes de melhoramento para uma ou mais variáveis, para uma ou várias zonas de melhoramento, o que permitirá a obtenção de ganhos genéticos que levarão ao aumento da qualidade das variáveis de interesse.

3.2 Hipóteses

1) Os valores de herdabilidade para variáveis relacionadas ao crescimento, como sobrevivência, altura e DAP, serão de alta magnitude, sendo possível obter bons ganhos genéticos com a seleção dos melhores indivíduos e famílias para os dois locais.

2) A correlação genética entre as variáveis relacionadas ao crescimento será de forte magnitude, indicando que a seleção indireta será uma boa alternativa na seleção para crescimento inicial.

3) Os valores de herdabilidade para a variável grau de infecção à ferrugem do eucalipto serão de alta magnitude para os dois locais sendo possível obter bons ganhos genéticos com a seleção de indivíduos e famílias.

4) Os valores de herdabilidade para número de galhos, diâmetro de galhos, bifurcação e tortuosidade do fuste serão de alta magnitude sendo possível obter bons ganhos genéticos para a qualidade da madeira com a seleção direta.

5) As variáveis relacionadas ao crescimento, grau de infecção à ferrugem e qualidade da madeira apresentarão correlações genéticas fortes entre si, indicando que a seleção indireta será uma boa alternativa para o melhoramento.

6) Os valores de interação genótipo x ambiente indicarão que os locais estudados podem ser tratados como uma mesma zona de melhoramento para o estabelecimento das estratégias de seleção.

3.3 Objetivo

Estimar parâmetros genéticos em um teste de progênies de polinização aberta de *E. grandis*, visando avaliar o potencial de ganho com a seleção direta e indireta de variáveis individuais em dois locais.

3.4 Material e métodos

3.4.1 Época e local de instalação do teste de progênies

O teste de progênies foi plantado em maio de 2014 na Estação Experimental de Ciências Florestais de Itatinga (EECF-Itatinga), no município de Itatinga, e em agosto de 2014 na Estação Experimental de Ciências Florestais de Anhembi (EECF-Anhembi) no município de Anhembi, ambas localizadas no estado de São Paulo (Figura 1). As duas estações experimentais pertencem à Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, da Universidade de São Paulo. Na Tabela 1 é apresentada descrição geográfica e o tipo de solo dos locais de instalação dos testes de progênies.

Figura 1. Locais de plantio do teste de progênies de *E. grandis* no estado de São Paulo.
 Fonte: <http://www.dicionariotupiguarani.com.br/dicionario/anhembi/itatinga>.
 Acesso em 14/09/2015. Adaptado pelo autor.

Tabela 1. Descrição geográfica dos locais de instalação dos testes de progênies de *E. grandis*.

LOCAL	LATITUDE (°S)	LONGITUDE (°O)	ALTITUDE (m)	Tipo de Solo
EECF- Itatinga	23°06'06"	48°36'57"	845	Latossolo Vermelho- Amarelo Distrófico ⁽¹⁾
EECF- Anhembi	22°47'20"	48°07'37"	472	Neossolo Quartzarênico ⁽²⁾

⁽¹⁾ Gonçalves et al. (2012) ⁽²⁾ Miranda et al. (2015).

FONTE: O autor (2016).

O clima da região, segundo Koppen, é classificado como Cfa, caracterizado como clima temperado úmido, sem estação seca e com verão quente, apresentando temperaturas superiores à 22°C (Alvares et al., 2013).

Na Tabela 2 são apresentados os dados das médias dos últimos 20 anos referentes à temperatura mínima, média e máxima, precipitação e umidade relativa do ar para os dois locais. Os dados foram obtidos das estações meteorológicas das Estações Experimentais de Itatinga-SP e Anhembi-SP.

Tabela 2. Dados de temperaturas, precipitação anual e umidade relativa do ar média para os locais de plantio do teste de progênes de *E. grandis*.

LOCAL	TEMPERATURAS (°C)			PRECIPITAÇÃO ANUAL (mm)	UMIDADE DO AR MÈDIA (%)
	Mínima	Média	Máxima		
Itatinga	13,8	19,5	27,2	1433,4	77,6
Anhembi	15,4	22,4	29,3	1336,8	83,4

FONTE: O autor (2016).

Nas Figuras 2 e 4 são apresentadas as médias mensais dos últimos 20 anos de temperatura mínima, média, máxima e precipitação para EECF de Itatinga-SP e para EECF de Anhembi, respectivamente, e nas Figuras 3 e 5 são apresentadas as médias mensais de temperatura mínima, média, máxima e precipitação para o período de avaliação do teste de progênes na EECF de Itatinga-SP e da EECF de Anhembi-SP, respectivamente.

Figura 2. Variação mensal dos últimos 20 anos de temperaturas e precipitação para EECF de Itatinga-SP.

Figura 3. Variação mensal de temperaturas e precipitação no período de junho/2014 a maio/2016 na EECF de Itatinga-SP.

Figura 4. Variação mensal dos últimos 20 anos de temperaturas e precipitação para EECF de Anhembi-SP.

Figura 5. Variação mensal de temperaturas e precipitação no período de julho/2014 a maio/2016 na EECF de Anhembi-SP.

De acordo com a Figura 2, observa-se que os meses com maiores precipitações em Itatinga-SP são janeiro e fevereiro, com 259 e 189 mm, respectivamente, e os de menor precipitação são julho e agosto, com 54 e 28 mm, respectivamente. O mês mais quente é fevereiro com média de temperaturas máximas de 29,1°C e o mês mais frio é julho com média de temperaturas mínimas de 9,4°C. Quando comparamos com a Figura 3, é possível observar que o período de estudo apresentou variação semelhante as médias dos últimos 20 anos, com inverno bastante seco em 2014, verões chuvosos e com altas temperaturas em 2015 e 2016.

Para Anhembi-SP, de acordo com a Figura 4, as maiores precipitações ocorrem em janeiro e dezembro, com 271 e 197 mm, respectivamente, e os meses com menor precipitação são junho e agosto, com 51 e 33 mm, respectivamente. O mês mais quente também é fevereiro com média de temperaturas máximas de 31,6°C e o mês mais frio é julho com média de temperaturas mínimas de 10,6°C. Na Figura 5 é possível observar que o período de estudo para Anhembi-SP, assim como para Itatinga-SP, apresentou variação semelhante à média dos últimos 20 anos, não sendo, portanto, um período atípico.

3.4.2 Material genético

O teste foi estabelecido com 176 progênies de polinização aberta de *E. grandis*, coletadas um Pomar Clonal de Sementes localizado no município de Itapeva, São Paulo. As matrizes deste pomar foram selecionadas em plantações originadas de sementes colhidas na região de Atherton, no estado de Queensland, Austrália.

Além das progênies de *E. grandis* anteriormente descritas, foram utilizados dois lotes de sementes oriundos de sementes comerciais de *E. grandis*, sendo um procedente de Área de Produção de Sementes de segunda geração da EECF de Itatinga e o outro procedente de Pomar de Sementes por Mudas de primeira geração da EECF de Anhembi, ambos materiais são originários da região de Coff's Harbour, no estado de New South Wales, Austrália. A terceira testemunha foi o clone comercial de *E. urophylla* nomeado de AEC 0144 no Registro Nacional de Cultivares do Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento - MAPA. Os dados das testemunhas não foram utilizados na estimativa dos parâmetros genéticos, sendo utilizados apenas no *ranking* dos melhores materiais.

3.4.3 Delineamento experimental do teste de progênies

O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso, com 179 tratamentos, parcelas de uma planta, espaçamento de 3 m x 2 m e uma linha de bordadura externa. O teste conta com 29 blocos na EECF-Anhembi-SP e 30 blocos em EECF-Itatinga-SP, sendo que na EECF-Itatinga-SP alguns blocos foram incompletos em função da mortalidade de plantas no viveiro.

3.4.4 Coleta e análise de dados

Foram realizadas três avaliações, a primeira foi em abril/maio de 2015 quando as árvores estavam com 11 meses de idade em Itatinga-SP e 9 meses de idade em Anhembi-SP. A segunda foi em setembro/outubro de 2015, quando as árvores estavam com 16 meses de idade em Itatinga-SP e 14 meses de idade em Anhembi-SP e a terceira em março/abril de 2016 quando as árvores estavam com 22 meses de idade em Itatinga-SP e 20 meses de idade em Anhembi-SP.

Em todas as avaliações foram mensurados diâmetro à altura do peito (DAP) em centímetros com auxílio de uma suta, altura total em metros com auxílio do hipsômetro Vertex III® e sobrevivência, onde os indivíduos mortos receberam nota zero e os indivíduos sobreviventes nota um. O diâmetro (DAP), altura e sobrevivência representaram as variáveis relacionadas ao crescimento.

Na primeira e terceira avaliação foi observado o grau de infecção das progênes pelo fungo *Puccinia. psidii*, causador da doença ferrugem do eucalipto, através de escala de notas que variaram de 1 a 4 conforme Tabela 3. Essa metodologia de avaliação foi proposta por Takahashi (2002) e modificada por Zamprogno et al. (2008).

Tabela 3. Critérios de avaliação do grau de infecção do fungo *Puccinia. psidii* nas progênes de *E. grandis*.

Nota	Critério de avaliação
1	Com pústulas e esporulações intensas, comprometendo a estrutura foliar da planta
2	Com pústulas e esporulações abundantes
3	Com poucas pústulas e esporulações espaçadas
4	Com ausência de pústulas e esporulações

FONTE: Takahashi (2002) modificada por Zamprogno *et al.* (2008) adaptada pelo autor (2016).

Na segunda avaliação, foram observadas variáveis relacionadas à qualidade da madeira. Para isso, foi estabelecida uma subamostra, de 1 m no fuste das árvores, entre 1m a 2 m de altura. Nessa subamostra foram contados todos os galhos presentes. O diâmetro dos galhos foi avaliado em uma subamostra de 20 cm do fuste das árvores, entre 1,2 m a 1,4 m de altura. O diâmetro do galho foi medido com auxílio de um paquímetro digital. O número e diâmetro dos galhos foram avaliados apenas no teste de progênes instalado na EECF de Anhembi-SP.

Na terceira avaliação foi avaliada a ocorrência de bifurcação e tortuosidade do fuste nas árvores. Essas avaliações foram realizadas considerando uma primeira tora de 0,0m a 3,5m de altura no fuste. As notas variaram de 1 a 3, como apresentado na Tabela 4 para bifurcação e Tabela 5 para tortuosidade.

Tabela 4. Critério de avaliação da bifurcação nas progênes de *E. grandis*.

NOTA	CRITÉRIO
1	Bifurcada entre 0,0 a 3,5 metros
2	Bifurcada acima de 3,5 metros
3	Sem bifurcação aparente

FONTE: O autor (2016).

Tabela 5. Critério de avaliação da tortuosidade do fuste nas progênes de *E. grandis*.

NOTA	CRITÉRIO
1	Tortuosidade entre 0,0 a 3,5 m
2	Tortuosidade acima de 3,5 m
3	Sem tortuosidade aparente na árvore

FONTE: O autor (2016).

3.4.5 Determinação dos parâmetros genéticos

Para análise de dados desbalanceados, os efeitos dos modelos foram testados utilizando o teste da razão de verossimilhança (LRT) para os efeitos aleatórios, que é estabelecido de acordo com os seguintes passos (Resende, 2002b):

- Obtenção do logaritmo do ponto máximo da função da verossimilhança residual (L) para os modelos com e sem o efeito testado, nesse caso é o efeito do genótipo sobre o modelo;
- Obtenção da deviance, $D = -2 \log L$, para os modelos com e sem o efeito do genótipo;
- Cálculo da diferença entre as deviances (D) para os modelos com e sem o efeito do genótipo, obtendo a razão de verossimilhança (LR);
- Teste da razão de verossimilhança (LRT), da significância da diferença das deviances (D) com e sem o efeito do genótipo, usando o teste de qui-quadrado com 1 grau de liberdade;

A estimativa dos parâmetros genéticos no teste de progênes de meios-irmãos, em delineamento de blocos ao acaso, com uma planta por parcela, uma medição por indivíduo, uma variável e uma população, foi utilizado o seguinte modelo linear misto do software de Seleção Genética Computadorizada – SELEGEN (Resende, 2002b):

$$y = Xb + Za + e$$

Sendo:

y = vetor de dados;

b = vetor dos efeitos de repetição ou blocos (assumidos como fixos) somados à média geral;

a = vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios);

e = vetor de erros ou resíduos (aleatórios);

X, Z = matrizes de incidências para os efeitos referidos;

A distribuição e matrizes das médias e variâncias seguem conforme as fórmulas descritas abaixo:

$$a \sim N(0, G)$$

$$b \sim N(0, R)$$

$$E(y) = Xb$$

$$Var(y) = V = ZGZ' + R$$

$$\begin{pmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z+G^{-1} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} b \\ a \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{pmatrix}$$

$$b = (X'V^{-1}X)^{-1} X'V^{-1}y$$

$$a = GZ'V^{-1}(y - Xb)$$

$$V = R + ZGZ'$$

Sendo:

G = matriz de variância – covariância dos efeitos aleatórios;

R = matriz de variância – covariância dos erros aleatórios;

0 : vetor nulo

$$E \begin{pmatrix} y \\ a \\ e \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}$$

$$Var \begin{pmatrix} a \\ e \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} I\sigma_{pr}^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_e^2 \end{pmatrix}$$

Portanto as equações do modelo misto serão dadas por:

$$\begin{pmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z+A^{-1}\lambda_I \end{pmatrix} \begin{pmatrix} b \\ a \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'y \\ Z'y \end{pmatrix}$$

$$\sigma_f^2 = \sigma_a^2 + \sigma_e^2$$

$$\sigma_{pr}^2 = \frac{1}{4} \sigma_a^2$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1 - h^2}{h^2}$$

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}$$

$$h_{mp}^2 = \frac{[1 + (n - 1)r_{xy}]h^2}{1 + (n - 1)(r_{xy}h^2)}$$

$$h_{ad}^2 = \frac{(1 - r_{xy})\sigma_a^2}{[(1 - r_{xy})\sigma_a^2]\sigma_e^2}$$

Sendo:

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

σ_f^2 = variância fenotípica;

σ_a^2 = variância genética aditiva;

σ_e^2 = variância residual;

σ_{pr}^2 = variância entre progênes;

h^2 = herdabilidade aditiva individual no sentido restrito;

h_{mp}^2 = herdabilidade média de progênes;

h_{ad}^2 = herdabilidade aditiva dentro de progênes;

r_{xy} = correlação genética entre os indivíduos do tipo de progênie considerada ($r_{xy} = 1/4$ para meios-irmãos);

n = número total de indivíduos por progênie;

A classificação das herdabilidades foi conforme o trabalho de (Resende, 1995), conforme Tabela 6.

Tabela 6. Critério de classificação das herdabilidades.

Valor da herdabilidade	Classificação
$h < 0,15$	Baixa
$0,15 \leq h < 0,5$	Moderada
$h \geq 0,5$	Alta

FONTE: Resende (1995).

O coeficiente de variação genética individual (CVgi), coeficiente de variação genética entre progênes (CVgp) e o coeficiente de variação residual (CVe) foram estimados a partir das expressões abaixo:

$$CV_{gi} = \frac{100 \sqrt{\sigma_a^2}}{m}$$

$$CV_{gp} = \frac{100 \sqrt{r_{xy} \sigma_a^2}}{m}$$

$$CV_e = \frac{100 \sqrt{QM_{res}}}{m}$$

Sendo:

m = média geral;

A acurácia de seleção de progênes (r_{aa}) foi estimada segundo a expressão:

$$r_{aa} = \sqrt{h_{mp}^2}$$

Valores de acurácia maiores que 0,70 são classificados como altos por (Resende, 2007), indicando proximidade dos valores genéticos preditos aos valores genéticos verdadeiros.

A correlação genética, entre as variáveis avaliadas em diferentes idades, como sobrevivência, DAP, altura total e grau de infecção à ferrugem, e entre as diferentes variáveis avaliadas no experimento foi estimada utilizando o software SELEGEN, que se baseou na fórmula abaixo:

$$r_{a(x,y)} = \frac{COV_{a(x,y)}}{\sigma_{ax} + \sigma_{ay}}$$

Sendo:

$r_{a(x,y)}$ = correlação genética aditiva entre os caracteres x e y

$COV_{a(x,y)}$ = covariância genética aditiva entre os caracteres x e y

σ_{ax} = desvio padrão genético aditivo para o caráter x

σ_{ay} = desvio padrão genético aditivo para o caráter y

Tabela 7. Classificação dos valores de correlação genética.

Correlação genética	Magnitude
0,75 a 1	Forte
0,50 a 0,74	Moderada
< 0,50	Fraca

FONTE: O autor (2016).

O critério para definição da classificação dos valores de correlação genética foi de acordo com o trabalho de Resende (2002a) e Resende (2007).

Na análise da interação genótipo x ambiente para avaliação de progênies de meios irmãos, no delineamento de blocos ao acaso, com uma planta por parcela, uma medição por indivíduo, uma variável e avaliação em vários locais, utilizou o software SELEGEN, com o seguinte modelo linear misto, que trata um mesmo caráter em diferentes locais como sendo diferentes caracteres (Resende, 2002b):

$$y = Xb + Za + e,$$

$$\begin{pmatrix} y_1 \\ y_2 \\ \vdots \\ y_l \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X_1 & \cdots & \cdots & 0 \\ \vdots & X_2 & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \cdots & X_l \end{pmatrix} \begin{pmatrix} b_1 \\ b_2 \\ \vdots \\ b_l \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} Z_1 & \cdots & \cdots & 0 \\ \vdots & Z_2 & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \cdots & Z_l \end{pmatrix} \begin{pmatrix} a_1 \\ a_2 \\ \vdots \\ a_l \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} e_1 \\ e_2 \\ \vdots \\ e_l \end{pmatrix}$$

A distribuição das médias e variâncias seguem conforme as matrizes abaixo:

$$E \begin{pmatrix} y_1 \\ y_2 \\ a_1 \\ a_2 \\ e_1 \\ e_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X_1 b_1 \\ X_2 b_2 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} \quad \text{Var} \begin{pmatrix} a_1 \\ a_2 \\ e_1 \\ e_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} A \sigma_{a1}^2 & A \sigma_{12} & 0 & 0 \\ A \sigma_{12} & A \sigma_{a2}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I \sigma_{e1}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I \sigma_{e2}^2 \end{pmatrix}$$

$$\text{Var}(y_1) = Z_1' + I \sigma_{e1}^2$$

$$\text{Var}(y_2) = Z_2 A \sigma_{a2}^2 Z_2' + I \sigma_{e2}^2$$

Sendo:

$\sigma_{a1}^2, \sigma_{a2}^2$ = variâncias genéticas aditivas dos locais 1 e 2 respectivamente;

σ_{12} = covariância genética aditiva, envolvendo a combinação dos locais 1-2, ou variância genética aditiva livre da interação genótipos x ambientes;

$\sigma_{e1}^2, \sigma_{e2}^2$ = variâncias residuais nos locais 1 e 2, respectivamente.

As equações de modelo misto seguem conforme as matrizes apresentadas abaixo:

$$\begin{pmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{pmatrix}$$

$$X = \begin{pmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{pmatrix} \quad Z = \begin{pmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{pmatrix} \quad y = \begin{pmatrix} y_1 \\ y_2 \end{pmatrix} \quad \hat{a} = \begin{pmatrix} \hat{a}_1 \\ \hat{a}_2 \end{pmatrix} \quad \hat{b} = \begin{pmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \end{pmatrix}$$

$$R^{-1} = R_0^{-1} \otimes I \quad G^{-1} = G_0^{-1} \otimes A^{-1}$$

$$R_0 = \begin{pmatrix} \sigma_{e1}^2 & 0 \\ 0 & \sigma_{e2}^2 \end{pmatrix} \quad G_0 = \begin{pmatrix} \hat{\sigma}_{a1}^2 & \hat{\sigma}_{12} \\ \hat{\sigma}_{12} & \hat{\sigma}_{a2}^2 \end{pmatrix}$$

$$\sigma_{ai}^2 = h_i^2 \sigma_{yi}^2$$

$$\sigma_{aj}^2 = h_j^2 \sigma_{yj}^2$$

$$\sigma_{ei}^2 = (1 - h_i^2) \sigma_{yi}^2$$

$$\sigma_{aij} = \rho_{aij} \sigma_{ai} \sigma_{aj}$$

Sendo:

$$\rho_{aij} = \frac{\sigma_{aij}}{\sigma_{ai} \sigma_{aj}} = \text{correlação genética entre o desempenho nos locais } i \text{ e } j;$$

$\sigma_{yi}^2, \sigma_{yj}^2$ = variância fenotípica ao nível de indivíduo no local i e j, respectivamente;

h_i^2, h_j^2 = herdabilidades individuais para os locais i e j, respectivamente.

3.5 Resultados e discussão

3.5.1 Estimativas de parâmetros genéticos para sobrevivência, altura e DAP

A sobrevivência média foi de 96%; 95% e 83% para Itatinga-SP, aos 11, 16 e 22 meses de idade, respectivamente, e de 97%; 94% e 81% para Anhembi-SP aos 9, 14 e 22 meses de idade, respectivamente, indicando que a maior mortalidade no decorrer do tempo foi oriunda da ocorrência de doenças, pragas e adaptação das progêneses as condições de cada local. Os resultados encontrados foram similares aos trabalhos de Kageyama (1980), Queiroz et al. (2009) com *E. grandis* aos 12 e 4 meses de idade, respectivamente, Higa et al. (2000) com *E. dunnii* aos 12 meses com sobrevivência de 94% e Costa et al. (2012) com *E. camaldulensis* aos 24 meses com sobrevivência de 97%.

Na Tabela 8 são apresentados os valores médios e os desvios padrões para as variáveis altura e DAP avaliadas nos dois locais.

Tabela 8. Valores médios e desvios padrões para altura e DAP nas diferentes idades de avaliação para os dois locais de instalação do teste de progêneses de *E. grandis*.

Variáveis	EECF-Itatinga-SP			EECF-Anhembi-SP		
	11 meses	16 meses	22 meses	9 meses	14 meses	20 meses
Altura (m)	4,94 ± 1,46	7,89 ± 2,47	11,48 ± 3,01	4,58 ± 1,10	7,06 ± 2,11	11,35 ± 3,56
DAP (cm)	4,44 ± 1,70	6,74 ± 2,72	8,67 ± 2,93	3,68 ± 1,09	5,70 ± 1,90	8,06 ± 2,79

FONTE: O autor (2016).

O teste da razão da verossimilhança (LRT) para Itatinga-SP, realizado a partir das análises das deviances, foi significativo à 1% para o efeito de progêneses para todas as variáveis em todas as avaliações, indicando existir variabilidade genética passível de ser explorada pelo melhoramento (Tabela 9).

Tabela 9. Teste da razão da verossimilhança para sobrevivência, altura e DAP em Itatinga-SP.

Variável	LRT (Qui-quadrado) – EECF – Itatinga		
	11 meses	16 meses	22 meses
Sobrevivência	51,27**	63,32**	191,59**
Altura (m)	445,41**	324,99**	57,73**
DAP (cm)	386,57**	353,5**	105,19**

Valor do teste de Qui-quadrado com 1 grau de liberdade à 1%: 6,63.

FONTE: O autor (2016).

Para Anhembi-SP, o teste da razão da verossimilhança (LRT) realizado a partir das análises deviance, foi significativo à 1% para o efeito de progênies para a altura e DAP, indicando existir variabilidade entre as progênies, com exceção da sobrevivência avaliada aos 9 e 14 meses (Tabela 10).

Tabela 10. Teste da razão da verossimilhança para sobrevivência, altura e DAP em Anhembi-SP.

Variável	LRT (Qui-quadrado) – EECF – Anhembi		
	9 meses	14 meses	20 meses
Sobrevivência	0,51 ^{ns}	1,42 ^{ns}	19,04**
Altura (m)	54,3**	102,3**	34,5**
DAP (cm)	45,2**	61,77**	42,17**

Valor do teste de Qui-quadrado com 1 grau de liberdade à 1%: 6,63.

FONTE: O autor (2016).

A diferença de significância entre os locais para sobrevivência ocorreu porque em Anhembi-SP a mortalidade das plantas foi aleatória e simultânea na maioria das famílias, estando mais relacionada a variações do ambiente do que ao material genético, conforme apresentado na Tabela 38 em Anexo.

Os parâmetros genéticos para sobrevivência, altura e DAP para Itatinga-SP nas três avaliações estão apresentados na Tabela 11, e para Anhembi-SP estão apresentados na Tabela 12.

Tabela 11. Parâmetros genéticos para sobrevivência, altura e DAP das progênes de *E. grandis* aos 11, 16, e 22 meses de idade em Itatinga-SP.

Parâmetros	EECF - Itatinga								
	Sobrevivência			Altura (m)			DAP (cm)		
	11	16	22	11	16	22	11	16	22
σ_a^2	0,004	0,006	0,044	1,241	2,893	1,656	1,47	3,69	2,246
σ_e^2	0,027	0,034	0,093	0,855	3,157	7,208	1,30	3,604	6,239
σ_f^2	0,031	0,042	0,139	2,096	6,05	8,864	2,78	7,294	8,486
h_a^2	0,137	0,161	0,322	0,592	0,478	0,187	0,53	0,506	0,264
h_{mp}^2	0,51	0,55	0,72	0,83	0,80	0,59	0,82	0,81	0,68
h_{ad}^2	0,10	0,12	0,26	0,52	0,40	0,14	0,45	0,43	0,21
r_{aa}	0,71	0,74	0,85	0,91	0,89	0,77	0,90	0,90	0,82
$CV_{gi}(\%)$	6,82	8,43	25,30	22,53	21,54	11,20	27,35	28,48	17,27
$CV_{gp}(\%)$	3,41	4,21	12,65	11,26	10,77	5,60	13,67	14,24	8,63
$CV_e(\%)$	18,06	20,62	42,73	27,04	29,24	25,30	34,98	37,43	32,44

σ_a^2 = variância genética aditiva; σ_e^2 = variância residual; σ_f^2 = variância fenotípica; h_a^2 = herdabilidade individual no sentido restrito; h_{mp}^2 = herdabilidade média de progênes; h_{ad}^2 = herdabilidade aditiva dentro de progênes; r_{aa} = acurácia de seleção de progênes; $CV_{gi}(\%)$ = coeficiente de variação genética individual; $CV_{gp}(\%)$ = coeficiente de variação genética entre progênes; $CV_e(\%)$ = coeficiente de variação residual.

FONTE: O autor (2016).

Tabela 12. Parâmetros genéticos para sobrevivência, altura e DAP das progênes de *E. grandis* aos 9, 14 e 20 meses de idade em Anhembi-SP.

Parâmetros	EECF - Anhembi								
	Sobrevivência			Altura (m)			DAP (cm)		
	9	14	20	9	14	20	9	14	20
σ_a^2	0,000	0,000	0,011	0,17	0,951	1,594	0,13	0,549	1,114
σ_e^2	0,025	0,051	0,137	1,013	3,38	10,28	0,862	2,852	6,347
σ_f^2	0,025	0,052	0,148	1,184	4,332	11,87	0,992	3,401	7,462
h_a^2	0,011	0,018	0,074	0,144	0,219	0,134	0,131	0,162	0,149
h_{mp}^2	0,07	0,11	0,35	0,51	0,62	0,50	0,49	0,54	0,52
h_{ad}^2	0,00	0,01	0,05	0,11	0,17	0,10	0,10	0,12	0,11
r_{aa}	0,27	0,34	0,59	0,72	0,79	0,70	0,70	0,74	0,72
$CV_{gi}(\%)$	1,73	3,31	12,89	8,99	13,81	11,11	9,77	12,99	13,08
$CV_{gp}(\%)$	0,86	1,65	6,44	4,49	6,90	5,55	4,88	6,49	6,54
$CV_e(\%)$	16,39	24,17	46,91	23,28	28,65	29,83	26,57	31,66	33,22

σ_a^2 = variância genética aditiva; σ_e^2 = variância residual; σ_f^2 = variância fenotípica; h_a^2 = herdabilidade individual no sentido restrito; h_{mp}^2 = herdabilidade média de progênes; h_{ad}^2 = herdabilidade aditiva dentro de progênes; r_{aa} = acurácia de seleção de progênes; $CV_{gi}(\%)$ = coeficiente de variação genética individual; $CV_{gp}(\%)$ = coeficiente de variação genética entre progênes; $CV_e(\%)$ = coeficiente de variação residual.

FONTE: O autor (2016).

Os parâmetros genéticos para a sobrevivência em Itatinga-SP indicam altas herdabilidades médias de progênes variando de 0,51 a 0,72 (Tabela 11), indicando a possibilidade de bons ganhos genéticos com a seleção entre famílias. O aumento dos valores de herdabilidade média de progênes ao longo do tempo em Itatinga-SP pode ser explicado pelas diferenças entre as percentagens de sobrevivência entre as famílias avaliadas nesse teste entre a primeira e terceira avaliação.

As herdabilidades média de progênes para sobrevivência em Anhembi-SP também indicaram aumento ao longo do tempo, contudo as magnitudes desses valores foram de fracas a moderadas (0,07 a 0,35) indicando que menores ganhos genéticos serão obtidos com a seleção direta para esse local.

Andrade (1991) conclui que apesar da taxa de sobrevivência representar indiretamente a adaptabilidade dos materiais genéticos, a mesma deve ser vista com cautela, pois a mortalidade das plantas também pode ser decorrente incêndios, condições climáticas extremas, ataque de pragas e ocorrência de doenças. Carvalho et al. (2012) encontraram valores de moderada magnitude para a herdabilidade média de progênes (0,42) com *E. grandis*, concluindo que a sobrevivência, nesse caso, não se apresentou como uma boa variável para ser usada na seleção dos melhores genótipos.

Para altura e DAP, as herdabilidades médias de progênes foram de alta magnitude em todos os períodos de avaliação, variando, para altura, de 0,59 a 0,83 em Itatinga-SP e 0,50 a 0,62 em Anhembi-SP. Para o DAP a variação foi de 0,68 a 0,82 e 0,49 a 0,54, em Itatinga-SP e Anhembi-SP, respectivamente de acordo com as Tabelas 11 e 12, indicando a possibilidade de bons ganhos genéticos com a seleção direta das melhores famílias para as duas variáveis nos dois locais.

Os resultados encontrados corroboram com outros estudos com progênes de *E. grandis* como de Miranda et al. (2015) com valores de herdabilidade média de progênes de 0,73 a 0,84 para altura, e 0,78 a 0,80 para DAP e Moraes et al. (2014) que encontraram valores de 0,55 a 0,61 para altura avaliada dos 2 a 6 anos.

No trabalho de Rosado et al. (2010) e Pupin et al. (2015) com *E. urophylla*, foram encontrados valores de herdabilidade média de progênes para crescimento maiores que 0,50. Esses valores indicaram que a seleção entre progênes deve ser mais eficiente do que a seleção individual e dentro de progênes.

De acordo com a Tabela 11 e 12 as herdabilidades individuais e dentro de progênes para altura e DAP apresentaram comportamento distinto nos dois locais,

sendo que para Itatinga-SP aos 11 meses, todos os valores foram de moderada a alta magnitude (0,45 a 0,59), e em Anhembi-SP aos 9 meses os valores foram de baixa magnitude ($<0,15$).

Isso indica que a seleção dos melhores indivíduos e das melhores progênes dentro das famílias para altura e DAP nas primeiras avaliações trará maior ganho genético em Itatinga-SP do que em Anhembi-SP, pois em Anhembi-SP o controle genético para as duas variáveis é menor, indicando que maiores intensidades de seleção deverão ser adotadas.

Na segunda avaliação, em Itatinga-SP aos 16 meses, ocorreu uma queda nos valores de herdabilidade individual e dentro de progênes para altura e DAP, sendo que a maior parte dos valores foram classificados como moderados (0,40 a 0,48), exceto para a herdabilidade individual para o DAP que foi de alta magnitude (0,50) (Tabela 11). Para Anhembi-SP aos 14 meses a maioria das herdabilidades foram classificadas como moderadas (0,16 a 0,21), exceto apenas para a herdabilidade dentro de progênes para o DAP, que ainda se apresentou de baixa magnitude (Tabela 12).

As diferenças entre os valores de herdabilidade individual para cada local podem ser explicados por diferenças no ambiente de instalação do teste de progênes que ocasionam respostas diferenciadas dentro da mesma espécie (Queiroz et al., 2009; Vila Bôas et al., 2009) e por fatores bióticos.

A presença do fungo *P. psidii* causador da doença ferrugem do eucalipto, que pode ter afetado o crescimento das plantas durante o período de infecção, consequentemente mascarando os parâmetros genéticos para altura e DAP nas duas primeiras avaliações em Itatinga-SP, período onde a infecção e ocorrência da doença é mais intensa (Alfenas et al., 2004), onde os valores de herdabilidade para essa variável em Itatinga-SP estavam superestimados, estando muito acima da média dos valores encontrados para altura e DAP com espécies de eucalipto, devendo ser analisados com cautela.

Na última avaliação, aos 22 meses em Itatinga-SP, ocorreu uma queda nos valores de herdabilidades para esse local, período onde a ocorrência da doença ferrugem do eucalipto era menor que 5% e os mesmos foram mais próximos as herdabilidades estimadas aos 20 meses em Anhembi-SP, sendo estimados valores de baixa magnitude para todas as herdabilidades em Anhembi-SP (0,10 a 0,14) e para herdabilidade dentro de progênes para altura em Itatinga-SP (0,14).

Assim como na terceira avaliação, Rosado et al. (2010) trabalhando com *E. urophylla* também estimou valores de herdabilidade individual para altura de 0,19 e DAP de 0,26, ambos também maiores do que os valores de herdabilidade dentro de progênies de 0,15 para altura e 0,23 para DAP, Barros Rocha et al. (2007) encontrou valores de herdabilidade individual de 0,27 para altura e 0,22 para DAP para *E. grandis*, e valores de 0,36 para altura e 0,27 para DAP para *E. urophylla*, sendo usados para a seleção de genitores para a composição de pomares para produção de híbridos. Contudo, Gapare et al. (2003), encontrou valores de herdabilidade individual baixo para progênies de *E. grandis* de 0,06 para altura e 0,04 para DAP, indicando baixo controle genético e a impossibilidade de seleção para essas variáveis.

Em relação aos valores de acurácia, todos foram altos ($>0,70$) para todas as variáveis avaliadas em Itatinga-SP nas três avaliações, e para a altura e DAP em Anhembi-SP nas três avaliações, indicando proximidade dos valores genéticos preditos aos valores genéticos verdadeiros dos indivíduos.

Para os coeficientes de variação genética individual, devem ser buscados valores maiores do que 10%, como o caso, da sobrevivência aos 22 meses, altura, DAP nas três idades, para Itatinga-SP, sobrevivência aos 20 meses, altura e DAP aos 14 e 20 meses, para Anhembi-SP, indicando a maior possibilidade de encontrar indivíduos superiores e conseqüentemente de obter ganhos com a seleção (Miranda et al., 2015).

Os valores dos coeficientes de variação experimental podem ser classificados como altos (20 a 30%) para a maioria das variáveis avaliadas (Pimentel-Gomes e Garcia, 2002), contudo os valores estão de acordo com outros trabalhos com espécies de eucalipto para altura e DAP, como Bueno e Vencovsky (2000), Pavan et al. (2012) e Moraes et al. (2015).

Na Tabela 13 é apresentada a correlação genética a nível de plantas individual entre as mesmas variáveis avaliadas nas diferentes idades para Itatinga-SP e na Tabela 14 para Anhembi-SP.

Tabela 13. Correlação genética a nível de plantas individuais para sobrevivência, altura e DAP avaliados em diferentes idades em Itatinga-SP.

EECF - Itatinga-SP									
Idades (meses)	Sobrevivência			Altura (m)			DAP (cm)		
	11	16	22	11	16	22	11	16	22
11	1	0,93	0,53	1	0,95	0,81	1	0,97	0,85
16	-	1	0,61	-	1	0,84	-	1	0,86
22	-	-	1	-	-	1	-	-	1

FONTE: O autor (2016).

Tabela 14. Correlação genética a nível de plantas individuais para sobrevivência, altura e DAP avaliados em diferentes idades em Anhembi-SP.

EECF - Anhembi-SP									
Idades (meses)	Sobrevivência			Altura (m)			DAP (cm)		
	9	14	20	9	14	20	9	14	20
9	1	0,67	0,38	1	0,82	0,63	1	0,81	0,65
14	-	1	0,62	-	1	0,82	-	1	0,82
20	-	-	1	-	-	1	-	-	1

FONTE: O autor (2016).

De acordo com a Tabela 13 e 14, as correlações genéticas entre as diferentes idades para todas as variáveis foram positivas. Para Itatinga-SP, as correlações entre altura e DAP avaliados aos 11, 16 e 22 meses de idade, e da sobrevivência entre 11 e 16 meses são classificadas como fortes. Isso indica que, para altura e DAP, a seleção em qualquer idade trará bons ganhos genéticos com a seleção indireta para as demais idades.

Em Anhembi-SP, as correlações entre altura aos 9 e 14 meses, e aos 14 e 20 meses, são fortes, assim como o DAP, medidos nessas mesmas idades. Contudo, diferentemente de Itatinga-SP, a altura e o DAP medido aos 20 meses, tiveram uma correlação moderada com altura e DAP medidos aos 9 meses.

A correlação genética da sobrevivência avaliada aos 9 e 14 meses, e entre 14 e 20 meses, também foram classificadas como moderadas, e apenas a correlação entre a sobrevivência avaliada aos 9 e 20 meses foi classificada como fraca, indicando que a sobrevivência avaliada aos 9 meses não é um bom preditor da sobrevivência avaliada aos 20 meses.

Moraes et al. (2015) estimaram correlações genéticas entre altura e DAP medido nas diferentes idades de progênies de *E. dunnii*, e também encontraram forte correlação entre a altura medida aos 12 e 18 meses (0,84) para e o DAP medido aos 12 e 18 meses (0,83), indicando a potencialidade da seleção dessas variáveis em qualquer idade.

Em trabalho com progênies de *E. grandis*, Moraes et al. (2014) estimaram correlações genéticas entre altura e DAP medido aos 2, 3, 4, 5 anos. Os valores variaram de 0,77 a 0,91 para altura e variaram de 0,84 a 0,97 para o DAP, concluindo que praticamente todos os indivíduos com maiores alturas e DAP na idade de dois anos serão os mesmos aos seis anos. Os mesmos autores comentam que quanto mais avançada for a idade de avaliação existe uma tendência das correlações ficarem mais fortes com a idade final de rotação, devendo ser priorizadas as idades mais avançadas para a seleção da altura e DAP.

Pavan et al. (2014) comenta que não ocorreu alteração no *ranking* das melhores famílias para o volume de progênies de *E. grandis* aos dois ou três anos de idade, e o mesmo fato é relatado no trabalho de Lima et al. (2011) em progênies de *E. grandis*, *E. urophylla*, *E. camaldulensis* e *E. pellita*, que apresentaram valores de correlações acima de 0,85 para a circunferência à altura do peito (CAP) medido aos 30 e 84 meses.

Diante da maior precisão de estimação das herdabilidades, principalmente para Itatinga-SP, e pela forte correlação genética apresentada entre as diferentes idades de avaliação para altura e DAP, para as análises da correlação genética entre as variáveis relacionadas ao crescimento foram escolhidas as variáveis da terceira avaliação para os dois locais.

A estimativa da correlação genética a nível de plantas individuais entre as variáveis relacionadas ao crescimento em Itatinga-SP aos 22 meses de idade e Anhembi-SP aos 20 meses de idade estão apresentadas na Tabela 15.

Tabela 15. Correlações genéticas a nível de plantas individuais entre sobrevivência, altura e DAP avaliado aos 20 meses em Anhembi-SP e 22 meses em Itatinga-SP.

Correlações genéticas	EECF - Itatinga			EECF - Anhembi		
	22 meses			20 meses		
Variáveis	Sobrevivência	Altura	DAP	Sobrevivência	Altura	DAP
Sobrevivência	1	0,47	0,47	1	0,29	0,23
Altura (m)	-	1	0,90	-	1	0,88
DAP (cm)	-	-	1	-	-	1

FONTE: O autor (2016).

De acordo com a Tabela 15 é possível observar que todas as correlações genéticas foram positivas. A magnitude dos valores de correlação da sobrevivência com a altura e o DAP se apresentaram fracos para ambos os locais, indicando que a seleção indireta para sobrevivência, quando a seleção é feita na altura ou no DAP pode ser prejudicada. Contudo o baixo controle genético para sobrevivência em Anhembi-SP, e alta taxa de sobrevivência no experimento para os dois locais indicam que essa variável não deve ser priorizada na seleção.

A correlação genética entre altura e DAP foi de forte magnitude para ambos os locais, indicando que a seleção feita para DAP trará altos ganhos genéticos para a variável altura. A forte magnitude da correlação genética entre DAP e altura foi relatada em trabalhos como de Mori et al. (1988) com progênies de *E. urophylla*, que encontraram valores de correlação variando de 0,78 a 0,90, Moraes et al. (2015), onde foram encontrados valores de correlação de 0,92, 0,94 e 0,91, entre DAP e altura avaliados aos 12, 18 e 36 meses em progênies de *E. dunnii*.

Valores positivos e altos de correlações genéticas, como encontrado nesse trabalho sugerem a possibilidade de seleção indireta de uma característica pela seleção direta em outra, indicando que o DAP, pela sua maior facilidade e precisão na medição em campo (Machado e Figueredo-Filho, 2006), deverá usado na seleção indireta para a variável altura.

3.5.2 Estimativas de parâmetros genéticos para grau de infecção da ferrugem do eucalipto

A porcentagem de árvores infectadas, classificadas nas notas 1, 2 e 3, foi de 90,3% para Itatinga-SP aos 11 meses de idade e de 87,6% para Anhembi-SP aos 9

meses de idade, mostrando a alta susceptibilidade da espécie a infecção do fungo *P. psidii*, causador da doença ferrugem do eucalipto (Xavier *et al.*, 2007). Na Tabela 16 são mostradas as porcentagens de árvores classificadas em cada nota nas duas avaliações para os dois locais.

Tabela 16. Porcentagens de árvores classificadas nas notas de avaliação para o grau de infecção à ferrugem (GRI) nos testes de progênies de *E. grandis*.

Nota – Critério de avaliação	Grau de infecção à ferrugem (%)			
	EECF – Itatinga -SP		EECF – Anhembi-SP	
	11 meses	22 meses	9 meses	20 meses
1 – Plantas com pústulas e esporulações intensas, que comprometiam a estrutura foliar	15,8	0,0	9,9	0,0
2 – Plantas com pústulas e esporulações abundantes	31,0	0,0	29,8	0,0
3 – Plantas com pústulas e esporulações espaçadas	43,4	4,7	48,1	3,7
4 – Plantas com ausência de pústulas e esporulações	9,8	95,3	12,1	96,3

FONTE: O autor (2016).

De acordo com a Tabela 16, podemos observar a baixa porcentagem de plantas resistentes, classificadas na nota 4, indicando o alto grau de infecção à ferrugem no experimento para os dois locais aos 11 meses de idade em Itatinga-SP e aos 9 meses de idade em Anhembi-SP.

Na segunda avaliação para grau de infecção as plantas infectadas apresentavam características que as classificaram na nota 3, mostrando que os avanços da idade do povoamento, assim como o maior crescimento das árvores, estão relacionados a diminuição da incidência da infecção ou ausência da doença em campo (Alfenas *et al.*, 2004). As médias e os desvios padrões para o grau de infecção da ferrugem do eucalipto para os dois locais de avaliação do teste de progênies de *E. grandis* estão apresentados na Tabela 17.

Tabela 17. Médias e desvios padrões para as duas avaliações de GRI para os dois locais de instalação do teste de progênies de *E. grandis*.

Local	Idades	GRI
Itatinga-SP	11 meses	2,47 ± 0,87
	22 meses	3,95 ± 0,21
Anhembi-SP	9 meses	2,62 ± 0,82
	20 meses	3,96 ± 0,18

FONTE: O autor (2016).

Conforme Tabela 18, é possível observar o teste da razão da verossimilhança (LRT) para os dois locais. O grau de infecção para Itatinga-SP foi significativo à 1% para o efeito de progênies nas duas avaliações (11 e 22 meses idade), indicando a existência de variabilidade genética e mostrando a possibilidade de melhoramento genético. Para Anhembi-SP, o grau de infecção foi significativo apenas na primeira avaliação, indicando que existiu variabilidade genética entre os indivíduos para a variável e possibilidade de melhoramento genético apenas com base nos dados dessa avaliação.

Tabela 18. Teste da razão da verossimilhança para grau de infecção da ferrugem do eucalipto durante a primeira e segunda avaliação nos dois locais.

Variável	Local	LRT (Qui-quadrado)	
Grau de infecção	EECF - Itatinga	11 meses	22 meses
		820,49**	13,37**
	EECF - Anhembi	9 meses	20 meses
		355,39**	1 ^{ns}

Valor do teste de Qui-quadrado com 1 grau de liberdade à 1%: 6,63.

FONTE: O autor (2016).

Na Tabela 19 são apresentados os parâmetros genéticos para o grau de infecção da ferrugem do eucalipto nas duas avaliações para Itatinga-SP e Anhembi-SP.

Tabela 19. Parâmetros genéticos para o grau de infecção à ferrugem do eucalipto na primeira e segunda avaliação para os dois locais.

Parâmetros	Grau de infecção			
	EECF - Itatinga		EECF - Anhembi	
	11 meses	22 meses	9 meses	20 meses
σ_a^2	0,688	0,003	0,319	0,0006
σ_e^2	0,064	0,040	0,341	0,033
σ_f^2	0,753	0,044	0,659	0,034
h_a^2	0,914	0,081	0,483	0,02
h_{mp}^2	0,89	0,38	0,79	0,12
h_{ad}^2	0,88	0,06	0,41	0,01
r_{aa}	0,94	0,61	0,89	0,35
$CV_{gi}(\%)$	33,57	1,50	21,53	0,66
$CV_{gp}(\%)$	16,78	0,75	10,76	0,33
$CV_e(\%)$	30,83	5,23	29,04	4,64

σ_a^2 = variância genética aditiva; σ_e^2 = variância residual; σ_f^2 = variância fenotípica; h_a^2 = herdabilidade individual no sentido restrito; h_{mp}^2 = herdabilidade média de progênies; h_{ad}^2 = herdabilidade aditiva dentro de progênies; r_{aa} = acurácia de seleção de progênies; $CV_{gi}(\%)$ = coeficiente de variação genética individual; $CV_{gp}(\%)$ = coeficiente de variação genética entre progênies; $CV_e(\%)$ = coeficiente de variação residual.

FONTE: O autor (2016).

Para o grau de infecção da ferrugem do eucalipto ocorreram diferenças entre os parâmetros genéticos ao longo nas diferentes idades de avaliação para os dois locais. Aos 11 meses de idade, todas as herdabilidades, para Itatinga-SP apresentam-se de alta magnitude ($<0,50$), indicando bons ganhos genéticos com a seleção direta para essa variável ao nível de plantas individuais, entre e dentro de famílias (Tabela 19).

A herdabilidade a nível de média de progênies, para Anhembi-SP aos 9 meses, também foi de alta magnitude. Alto valor de herdabilidade média de progênies para *E. grandis*, visando resistência ao fungo *P. psidii*, também foi relatado por Silva et al. (2013) indicando que a variável em questão apresentou forte controle genético e grande possibilidade para o melhoramento visando a seleção das melhores famílias.

Contudo, as herdabilidades a nível de plantas individuais e dentro de progênies, na primeira avaliação, tiveram magnitude moderada em Anhembi-SP, e diferentemente de Itatinga-SP, indicaram que moderados ganhos poderão ser conseguidos com a seleção direta para essa variável (Tabela 19).

Com outras espécies de eucalipto também susceptíveis ao fungo *P. psidii* como *E. globulus* sendo estudado por Balmelli et al. (2014) também encontraram valores moderados de herdabilidade individual, variando de 0,38 a 0,41 para os danos causados por doenças foliares, onde o controle genético para doenças foliares foi maior que para o volume individual de madeira.

Valores de herdabilidades individuais para severidade do ataque de *P. psidii* entre 0,24 a 0,46 também foram encontrados para progênies de várias populações de *Corymbia* spp., onde Pegg et al. (2014) sugerem que o esforço para melhorar a resistência a ferrugem deve ser feito através do melhoramento com a seleção de indivíduos superiores.

A diferença entre a magnitude dos valores de herdabilidade entre os dois locais nas primeiras avaliações pode ser explicada pela diferença entre o comportamento do fungo *P. psidii* em diferentes ambientes (Tabela 41 em Anexo), conforme também relatado no trabalho de Miranda et al. (2013).

Miranda et al. (2013) encontraram valores de herdabilidade individual variando de 0,06 a 0,46 para progênies de *E. grandis* entre os nove locais estudados, indicando que a expressão da variação genética para o grau de infecção da ferrugem do eucalipto é diferente entre os sítios. Os mesmos autores também relatam a existência de forte correlação entre a altitude do ambiente e a ocorrência da doença, onde quanto maior a altitude do local melhores serão as condições para a ocorrência da doença, aumentando a variabilidade e, conseqüentemente, maiores serão as herdabilidades.

De acordo com a Tabela 19, na terceira avaliação ocorreu uma queda nos valores de herdabilidade para os dois locais. Com exceção da herdabilidade média de progênies para Itatinga-SP, todas as herdabilidades foram classificadas como baixa magnitude ($< 0,15$), o que indica ganhos genéticos não promissores com a seleção direta para a variável grau de infecção na segunda avaliação da variável realizada no terceiro inventário.

Altos valores de acuraria ($>0,70$) e coeficientes de variação genética ($>10\%$) foram encontrados para Itatinga-SP e Anhembi-SP nas primeiras avaliações, indicando que alta proximidade dos valores genéticos preditos aos verdadeiros e maior possibilidade de encontrar indivíduos superiores (Tabela 19).

As correlações genéticas ao nível de plantas individuais para o grau de infecção da ferrugem do eucalipto avaliado aos 11 e 22 meses de idade em Itatinga-SP foi de 0,54 e aos 9 e 20 meses de idade em Anhembi-SP foi de 0,44. A correlação

foi moderada para Itatinga-SP e fraca para Anhembi –SP, indicando que a avaliação feita no terceiro inventário não foi um bom preditor para selecionar indivíduos ou famílias com menor incidência ou ausência de infecção pelo fungo *P. psidii*.

Isso pode ser explicado pela idade do povoamento que é um fator limitante a incidência da doença ferrugem em plantios de eucalipto, onde os tecidos maduros das folhas apresentam substâncias que auxiliam na resistência a infecção da doença e acabam por dificultar a formação do apressório do fungo e penetração do mesmo (Alfenas et al., 2004; Xavier et al., 2015) e pelo maior crescimento em altura das plantas (Ferreira, 1989).

3.5.3 Estimativas de parâmetros genéticos para variáveis relacionadas indiretamente à qualidade de madeira para serraria

O número e diâmetros de galhos, avaliados no teste de progênie de *E. grandis* plantado na EECF-Anhembi-SP aos 14 meses de idade, tiveram média geral e desvio padrão de $13,4 \pm 2,59$ e $8,38 \pm 2,52$, respectivamente. O número de galhos variou entre 5 e 25 galhos, enquanto que o diâmetro médio dos galhos variou de 1,17 a 27,62 cm.

A Tabela 20 apresenta o teste da razão da máxima verossimilhança (LRT) para as duas variáveis, onde foi possível observar que o teste foi significativo à 1%, demonstrando a existência de variabilidade genética para ambas.

Tabela 20. Teste da razão da verossimilhança para número e diâmetros de galhos avaliados aos 14 meses de idade nas progênie de *E. grandis* em Anhembi-SP.

LRT (Qui-quadrado) – EECF - Anhembi	
Variáveis	14 meses
Número de galhos	84,49**
Diâmetro de galhos (cm)	15,78**

Valor do teste de Qui-quadrado com 1 grau de liberdade à 1%: 6,63.

FONTE: O autor (2016).

Na Tabela 21 são apresentados os parâmetros genéticos relacionadas as variáveis número (NG) e diâmetros de galhos (DG).

Tabela 21. Parâmetros genéticos das variáveis número e diâmetro de galhos avaliados no teste de progênies de *E. grandis* em Anhembi-SP.

Parâmetros	EECF - Anhembi – 14 meses	
	Número de galhos	Diâmetro de galhos (cm)
σ_a^2	1,281	0,457
σ_e^2	5,232	5,839
σ_f^2	6,513	6,295
h_a^2	0,197	0,073
h_{mp}^2	0,59	0,34
h_{ad}^2	0,15	0,05
r_{aa}	0,77	0,59
$CV_{gi}(\%)$	8,44	8,05
$CV_{gp}(\%)$	4,22	4,02
$CV_e(\%)$	18,56	29,65

σ_a^2 = variância genética aditiva; σ_e^2 = variância residual; σ_f^2 = variância fenotípica; h_a^2 = herdabilidade individual no sentido restrito; h_{mp}^2 = herdabilidade média de progênies; h_{ad}^2 = herdabilidade aditiva dentro de progênies; r_{aa} = acurácia de seleção de progênies; $CV_{gi}(\%)$ = coeficiente de variação genética individual; $CV_{gp}(\%)$ = coeficiente de variação genética entre progênies; $CV_e(\%)$ = coeficiente de variação residual.

FONTE: O autor (2016).

De acordo com a Tabela 21, a variável número de galhos apresentou herdabilidade média de progênies de alta magnitude e magnitude moderada para as herdabilidades individuais e dentro de progênies, indicando que a seleção direta das melhores famílias trata maiores ganhos genéticos para essa variável.

O diâmetro de galhos apresentou comportamento diferente em relação as herdabilidades, onde foi estimada herdabilidade moderada para a média de progênies e de baixa magnitude para as herdabilidades individual e dentro de progênies, indicando que baixos ganhos genéticos serão obtidos com a seleção direta para essa variável.

Com base nos resultados é possível selecionar famílias que apresentam menores números de galhos, pois os mesmos causam defeitos na madeira que será utilizada para a serraria pela presença de nós, sendo possível selecionar genótipos que apresentem menor quantidade de nós no fuste, facilitando a desrama artificial e cicatrização após à poda para a produção de madeira limpa (Polli et al., 2006).

Diferentemente do encontrado no presente trabalho, Ginwal et al. (2004) trabalharam com progênies de *E. camaldulensis* e encontraram 0,08 de herdabilidade individual para número de galhos avaliando três locais em conjunto, e concluíram que

o controle genético para variável é baixo. Essa tendência é relatada no trabalho de Kien et al. (2009) que encontrou valores de herdabilidade dentro de diferentes procedências e progênies de *E. urophylla*, para tamanho de galho, variando de 0,09 a 0,14, apresentando baixo controle genético, como relato no presente estudo.

Callister et al. (2011) trabalhando com progênies de *E. globulus* também encontraram valores de herdabilidade individual variando de 0,00 a 0,14 entre as diferentes procedências para espessura do galho. Os autores comentam que essa variável não apresentou boa justificativa para o melhoramento pelo seu baixo controle genético.

Conforme Tabela 21, as acurácias foram de alta magnitude para número de galhos (0,77) e moderada magnitude para diâmetro de galhos (0,59), indicando que a seleção sobre essa variável deve ser vista com cautela. Os coeficientes de variação individual se mostraram de baixa magnitude para as duas características indicando que poderá haver dificuldade em encontrar indivíduos superiores na população, contudo, o coeficiente experimental se apresentou de classificação média para número de galhos e alta para diâmetro de galhos.

A seleção, com a escolha das melhores famílias, dos melhores indivíduos dentro de famílias e dos melhores indivíduos no experimento, nesse caso deve ser feita preferencialmente para a variável número de galhos, que apresentou um melhor controle genético e maior acurácia na seleção das progênies. Contudo, para avaliação indireta da qualidade de madeira para serraria nos dois testes de progênies também foi avaliada a ocorrência de bifurcação e tortuosidade do fuste das plantas no terceiro inventário. A percentagem de plantas classificadas em cada nota, a média e o desvio padrão para bifurcação e tortuosidade do fuste estão apresentados na Tabela 22.

Tabela 22. Média, desvios e percentagens de plantas classificadas em cada nota para as variáveis bifurcação e tortuosidade do fuste avaliadas no teste de progênies de *E. grandis*.

Notas	EECF – Itatinga -SP		EECF – Anhembi –SP	
	Bifurcação	Tortuosidade	Bifurcação	Tortuosidade
1- Bifurcada ou torta entre 0,0 a 3,5 m	11,5%	37,7%	9,4%	30,0%
2- Bifurcada ou torta acima de 3,5 m	14,1%	38,7%	23,3%	51,2%
3- Sem bifurcação ou tortuosidade	73,5%	23,6%	67,34%	18,8%
Média/desvio	2,61 ± 0,68	1,84 ± 0,76	2,58 ± 0,65	1,88 ± 0,68

FONTE: O autor (2016).

Conforme Tabela 23 é possível observar que a bifurcação e tortuosidade para os dois locais foram significativas à 1% pelo teste da razão da máxima verossimilhança (LRT), mostrando a existência de variabilidade genética entre as progênies a ser explorada no melhoramento.

Tabela 23. Teste da razão da verossimilhança para bifurcação e tortuosidade avaliadas nos dois locais.

Variável	LRT (Qui-quadrado)	
	EECF - Itatinga- 22 meses	EECF - Anhembi- 20 meses
Bifurcação	42,94**	18,28**
Tortuosidade do fuste	46,77**	10,05**

Valor do teste de Qui-quadrado com 1 grau de liberdade à 1%: 6,63.

FONTE: o autor (2016).

Na Tabela 24 são apresentados os parâmetros genéticos relacionados a bifurcação e tortuosidade do fuste para o teste de progênies de *E. grandis* instalados nas EECF de Itatinga-SP e Anhembi-SP.

Tabela 24. Parâmetros genéticos para bifurcação e tortuosidade do fuste avaliadas nos dois locais de instalação do teste de progênies.

Parâmetros	EECF - Itatinga – 22 meses		EECF- Anhembi – 20 meses	
	Bifurcação	Tortuosidade	Bifurcação	Tortuosidade
σ_a^2	0,073	0,094	0,04	0,029
σ_e^2	0,388	0,491	0,389	0,422
σ_f^2	0,461	0,585	0,429	0,452
h_a^2	0,159	0,161	0,093	0,063
h_{mp}^2	0,55	0,55	0,40	0,32
h_{ad}^2	0,12	0,12	0,07	0,04
r_{aa}	0,74	0,74	0,63	0,56
$CV_{gi}(\%)$	10,39	16,64	7,74	9,06
$CV_{gp}(\%)$	5,19	8,32	3,87	4,53
$CV_e(\%)$	25,51	40,52	25,1	35,31

σ_a^2 = variância genética aditiva; σ_e^2 = variância residual; σ_f^2 = variância fenotípica; h_a^2 = herdabilidade individual no sentido restrito; h_{mp}^2 = herdabilidade média de progênies; h_{ad}^2 = herdabilidade aditiva dentro de progênies; r_{aa} = acurácia de seleção de progênies; $CV_{gi}(\%)$ = coeficiente de variação genética individual; $CV_{gp}(\%)$ = coeficiente de variação genética entre progênies; $CV_e(\%)$ = coeficiente de variação residual.

FONTE: O autor (2016).

Conforme Tabela 24, para a bifurcação em Itatinga-SP a herdabilidade média de progênies foi considerada de alta magnitude, a herdabilidade aditiva individual de magnitude moderada e a herdabilidade dentro de progênies de baixa magnitude,

indicando que os ganhos genéticos serão diferentes de acordo com o método de seleção adotado. O mesmo é verificado para a tortuosidade do fuste.

Em Anhembi-SP a bifurcação teve um menor controle genético, apresentando herdabilidade individual e dentro de progênes de baixa magnitude e herdabilidade média de progênes de moderada magnitude, indicando que a seleção direta das melhores famílias para essa variável não trará bons ganhos quanto a seleção das melhores famílias em Itatinga-SP, a mesma discussão pode ser verificada para a variável tortuosidade do fuste, que também apresentou menor controle genético no teste de progênes instalado em Anhembi-SP (Tabela 24).

No trabalho de Callister et al. (2011), com *E. globulus*, os valores de herdabilidade individual variaram de 0,20 a 0,34 para forma do fuste em três locais diferentes e de 0,00 a 0,13 para bifurcação entre oito locais. Resultados semelhantes também são encontrados por López et al. (2002), em que o controle genético para forma do fuste e bifurcação variam entre os locais, como no presente trabalho.

Resende e Fantini Júnior (2001) comentam que a bifurcação apesar dos efeitos genéticos que apresenta, a mesma, pode ser ocasionada na maioria das vezes por efeitos ambientais, como práticas silviculturais inadequadas, ataque de pragas, doenças, déficit hídrico e ocorrência de geadas.

Para tortuosidade do fuste, resultados diferentes do presente estudo foram relatados por Kageyama (1980) com progênes de *E. grandis* que estimou valores de herdabilidade individual variando de 0,28 a 0,32 para cinco locais no estado de São Paulo, indicando bons ganhos genéticos com a seleção dos melhores indivíduos.

Como no presente trabalho, valores de herdabilidade individual de baixa a moderada magnitude para forma do fuste também são relatados por Li et al. (2012) com progênes de *E. dunni* (0,17), Hamilton et al. (2015) com progênes de *E. globulus* (0,20) e Macedo et al. (2013) com *E. tereticornis* (0,02).

Os valores da acurácia indicaram maior confiabilidade para a seleção dessas duas variáveis em Itatinga-SP, por serem maiores que 0,70. Em relação aos coeficientes de variação genética individual, assim como a acurácia, indicam que existe maior variabilidade entre as duas variáveis em Itatinga-SP (<10%), sendo possível explorá-la neste local através da seleção dos melhores indivíduos. Para Anhembi-SP, pelos baixos valores de herdabilidade e acurácia, a bifurcação e tortuosidade do fuste não devem ser indicadas para a seleção genética de variáveis relacionadas indiretamente à qualidade da madeira.

3.5.4 Correlação genética entre as variáveis de crescimento, grau de infecção e qualidade da madeira

As correlações genéticas avaliadas no teste de progênies plantado em Itatinga-SP são apresentadas na Tabela 25, para variável relacionada ao crescimento foi utilizado o DAP e sobrevivência avaliado aos 22 meses de idade, para o grau de infecção da ferrugem do eucalipto foi utilizada a avaliação aos 11 meses de idade e para a qualidade da madeira foram utilizadas as variáveis bifurcação e tortuosidade avaliado aos 22 meses de idade.

Para Anhembi-SP para as correlações genéticas entre as variáveis avaliadas no teste de progênies de *E. grandis* estão apresentadas na Tabela 26. O DAP avaliado aos 20 meses foi utilizado como variável relacionada ao crescimento, para o grau de infecção à ferrugem foi utilizada a avaliação aos 9 meses de idade e para a qualidade da madeira a variável número de galhos avaliada aos 14 meses de idade.

Tabela 25. Correlação genética a nível de plantas individuais para as variáveis avaliadas no teste de progênies instalado em Itatinga-SP.

Correlação genética – EECF - Itatinga					
Variáveis	11 meses	22 meses			
	GRI	SOB	DAP	BIF	TORT
GRI	1	-	-	-	-
SOB	0,72	1	-	-	-
DAP	0,63	0,65	1	-	-
BIF	0,57	0,75	0,70	1	-
TORT	0,44	0,56	0,63	0,56	1

GRI = grau de infecção da ferrugem do eucalipto; SOB = sobrevivência; DAP = diâmetro à altura do peito; BIF = bifurcação; TORT = tortuosidade do fuste.

FONTE: O autor (2016).

Tabela 26. Correlação genética a nível de plantas individuais para as variáveis avaliadas no teste de progênies instalado em Anhembi-SP.

Correlações genéticas – EECF - Anhembi			
Variáveis	9 meses	14 meses	20 meses
	GRI	NG	DAP
GRI	1	-	-
NG	-0,08	1	-
DAP	0,49	-0,33	1

GRI = grau de infecção da ferrugem do eucalipto; NG = número de galhos; DAP = diâmetro à altura do peito.

FONTE: O autor (2016).

De acordo com a Tabela 25 as correlações genéticas entre grau de infecção, sobrevivência, DAP, e as variáveis de indiretas para a qualidade da madeira como bifurcação e tortuosidade, variam de fracas a moderadas magnitudes para Itatinga-SP. Diante das diferentes magnitudes de correlação, a seleção indireta entre essas variáveis deve ser vista com cautela, indicando que de modo geral essas características são independentes, principalmente para o grau de infecção e as variáveis bifurcação e tortuosidade.

Fracas correlações entre forma do fuste e DAP também foram estimadas no trabalho de Macedo et al. (2013) com *E. tereticornis* (0,25), e no trabalho de Hamilton et al. (2015) com *E. globulus* (0,17), e os mesmos autores encontram correlações nulas entre bifurcação e volume.

Correlações moderadas a fracas foram também encontradas por Li et al. (2012) com progênies de *E. dunni* entre volume e retidão do fuste (0,49 a 0,57) avaliadas em dois locais, Kageyama (1980) estimou correlação genéticas variando de -0,33 a 0,28 entre DAP e forma do fuste.

Para Anhembi-SP, na Tabela 26 foi possível observar que as correlações genéticas entre as variáveis foram fracas. As correlações negativas entre número de galhos e as demais variáveis são entendidas de forma positiva, pois buscamos a seleção de árvores com o menor número de galhos, o que tem correlação com as árvores com maiores DAP, contudo de maneira geral as variáveis avaliadas em também são independentes.

Em relação a doenças foliares, foi encontrado por Balmelli et al. (2014) correlações fracas e negativas entre severidade de doenças foliares e o crescimento (DAP e altura), que variaram de -0,40 a -0,20, e entre severidade de doenças e

sobrevivência (-0,51 a -0,28), indicando que a severidade da doença não está correlacionada com essas variáveis, o que dificultou a seleção indireta dessas características, ou seja, as árvores com maior crescimento não são aquelas resistentes à doenças.

Diante das correlações fracas a moderadas, para selecionar árvores com menor grau de infecção da ferrugem do eucalipto, maior crescimento em DAP e com madeira de melhor qualidade para serraria nessa primeira etapa do programa de melhoramento, serão necessários métodos de seleção que melhor combinem a ponderação entre as variáveis e que consigam selecionar as melhores famílias e/ou indivíduos para ambas.

3.5.5 Estudo da interação genótipo x ambiente para variáveis de crescimento, grau de infecção e qualidade da madeira

Na Tabela 27 são apresentados os parâmetros genéticos da interação genótipo x ambiente para as variáveis grau de infecção da ferrugem do eucalipto avaliado na primeira avaliação e para sobrevivência, DAP, bifurcação e tortuosidade do fuste avaliados na terceira avaliação. Segundo Vencovsky e Barriga (1992) o conhecimento do comportamento dos genótipos em diferentes ambientes é necessário para estabelecimento de diferentes estratégias nos processos de seleção.

Tabela 26. Parâmetros genéticos da interação genótipo x ambiente para as variáveis avaliadas nos dois locais de instalação do teste de progênies de *E. grandis*.

Genéticos	Variáveis				
	GRI	SOB	DAP	BIF	TORT
σ_a^2	0,455	0,016	1,198	0,044	0,033
σ_{int}^2	0,01	0,002	0,119	0,002	0,006
σ_e^2	0,239	0,124	6,649	0,397	0,477
σ_f^2	0,705	0,143	7,967	0,445	0,517
h_a^2	0,645	0,115	0,15	0,101	0,064
c_{int}^2	0,014	0,018	0,015	0,006	0,013
ρ_{aij}	0,91	0,61	0,71	0,80	0,55

σ_a^2 = variância genética aditiva; σ_{int}^2 = variância da interação genótipos x ambiente; σ_e^2 = variância residual; σ_f^2 = variância fenotípica; h_a^2 = herdabilidade individual no sentido restrito; c_{int}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes; ρ_{aij} = correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

FONTE: O autor (2016).

Conforme Tabela 26, é possível observar que os níveis de interação genótipo x ambiente encontrados para as variáveis grau de infecção, DAP e bifurcação foram maiores que 0,70, indicando que as melhores famílias no teste de progênies de *E. grandis* em Itatinga-SP também foram as melhores no teste de progênies de *E. grandis* em Anhembi-SP.

Resende (2002a) comenta que valores de correlação genética do desempenho das progênies em vários ambientes (ρ_{aij}) maiores que 0,67 indicam que os locais de experimentação podem ser agrupados em uma zona de melhoramento.

Resultados similares para DAP foram encontrados por Pupin et al. (2015) que trabalharam com progênies de *E. urophylla* em cinco locais e também estimaram valor da correlação genética do desempenho de progênies em diferentes ambientes de 0,78. Esses autores comentam que esse valor indica uma interação genótipo x ambiente do tipo simples, onde o programa de melhoramento poderia ser conduzido em apenas um local, tendo em vista a similaridade dos ambientes. Martinez et al. (2012) trabalhando com progênies de *Pinus taeda* e por Harrand et al. (2009) com progênies de *E. grandis* também encontraram resultados semelhantes para DAP.

Miranda et al. (2013) também encontrou valores maiores de 0,9 para interação genótipo x ambiente para o grau de resistência à ferrugem do eucalipto em progênies de *E. grandis* em nove locais, como também encontrado no presente estudo.

Para a sobrevivência e tortuosidade o nível da correlação do desempenho das progênies nos diferentes ambientes foram de 0,61 a 0,54, respectivamente. Isso indica que o estabelecimento de uma única zona de melhoramento poderá acarretar perda de alguns genótipos superiores para essas variáveis em algum dos locais.

A maioria das variáveis apresentou valores de correlação genética do desempenho das progênies em vários ambientes (ρ_{aij}) maiores que 0,67, sendo, portanto, estabelecido que para a seleção genética Itatinga-SP e Anhembi-SP formaram uma única zona de melhoramento.

3.6 Conclusões

A seleção direta das variáveis relacionadas ao crescimento no teste de progênies de *E. grandis*, devem ser baseadas no diâmetro à altura do peito (DAP) avaliado aos 20 meses de idade na EEFC de Anhembi-SP e aos 22 meses idade na

EEFC de Itatinga-SP, pelo bom controle genético a nível de progênie e plantas individuais, pela sua maior facilidade e precisão de medição em campo e pela forte correlação genética com a altura.

Para grau de infecção à ferrugem altos valores de herdabilidade foram estimados na avaliação aos 9 meses de idade na EEFC de Anhembi-SP e aos 11 meses de idade na EECF de Itatinga-SP, mostrando a possibilidade de obtenção de ganho com a seleção genética direta dessa variável nessas idades de avaliação no teste de progênie de *E. grandis*.

O número de galhos, como variável relacionada indiretamente à qualidade de madeira, apresentou bom controle genético para a seleção das melhores famílias no teste de progênie de *E. grandis* na EECF de Anhembi-SP e essa variável deve ser priorizada para a seleção em relação ao diâmetro dos galhos, bifurcação e tortuosidade do fuste, que não apresentaram bom controle genético. No teste de progênie de *E. grandis* instalado na EECF de Itatinga-SP as variáveis bifurcação e tortuosidade do fuste apresentaram bom controle genético para a seleção entre famílias.

A seleção indireta sobre as variáveis relacionadas ao crescimento, grau de infecção à ferrugem e qualidade da madeira não deve ser recomendada, pois foram encontrados valores fracos a moderados de correlação genética, o que indicam que as variáveis são independentes.

Os estudos das interações genótipo x ambiente para o grau de infecção à ferrugem e DAP indicam que é possível estabelecer uma única zona de melhoramento envolvendo as duas localidades, sendo escolhido o teste de progênie de *E. grandis* instalado na EECF de Anhembi-SP para os cálculos dos ganhos genéticos pela avaliação de todas as variáveis apresentadas no estudo.

Referências

- ALFENAS, A. et al. **Clonagem e doenças do eucalipto**. Viçosa: Editora UFV, 2004. 442.
- ALVARES, C. A. et al. Koppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v. 22, n. 6, p. 711-728, Dec 2013. ISSN 0941-2948. Disponível em: < <Go to ISI>://WOS:000333177800008 >.

- ANDRADE, H. B. **Avaliação de espécies e procedências de *Eucalyptus* L'Héritier (Myrtaceae) na regiões norte e noroeste do Estado de Minas Gerais**. 1991. 105 p. Ciência e Melhoramento de Planta, Escola Superior de Agricultura de Lavras, Lavras.
- BALMELLI, G. et al. Genetic variation for resistance to *Mycosphaerella* leaf disease and *Eucalyptus* rust on *Eucalyptus globulus* in Uruguay. **Australasian Plant Pathology**, v. 43, n. 1, p. 97-107, 2014. ISSN 0815-3191.
- BARROS ROCHA, M. D. G. et al. Seleção de genitores de *Eucalyptus grandis* e de *Eucalyptus urophylla* para produção de híbridos interespecíficos utilizando REML/BLUP e informação de divergência genética. **Revista Árvore**, v. 31, n. 6, p. 977-987, 2007. ISSN 0100-6762.
- BUENO, J. S. S.; VENCovsky, R. Efficiency of combined selection over sequential selection in forest tree progeny trials. **Silvae Genetica**, v. 49, n. 4-5, p. 169-173, 2000. ISSN 0037-5349.
- CALLISTER, A. N.; ENGLAND, N.; COLLINS, S. Genetic analysis of *Eucalyptus globulus* diameter, straightness, branch size, and forking in Western Australia. **Canadian Journal of Forest Research-Revue Canadienne De Recherche Forestiere**, v. 41, n. 6, p. 1333-1343, Jun 2011. ISSN 0045-5067. Disponível em: < <Go to ISI>://WOS:000291447300016 >.
- CARVALHO, J. B. et al. Variação genética em progênies de *Eucalyptus grandis* em sistema silvipastoril na região centro oeste do Brasil. *Ciencia e Investigación Forestal INFOR Chile*. 18: 51-74 p. 2012.
- COSTA, R. B. et al. Avaliação genética de *Eucalyptus camaldulensis* no Estado de Mato Grosso. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 32, n. 70, p. 165-173, 2012.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to Quantitative Genetics**. United Kingdom: Longmans Green, 1996.
- FERREIRA, A. F. **Patologia Florestal: principais doenças florestais do Brasil**. Viçosa: Sociedade de Investigações Florestais, 1989. 570.
- FURTADO, E. L. et al. **Doenças do eucalipto no Brasil**. Botucatu: 2009.
- GAPARE, W. J.; GWAZE, D. P.; MUSOKONYI, C. Genetic parameter estimates for growth traits and stem straightness in a breeding seedling orchard of *Eucalyptus grandis*. **Journal of Tropical Forest Science**, v. 15, n. 4, p. 613-625, Oct 2003. ISSN 0128-1283.

- GARCIA, L. G. et al. Modelagem da aptidão climática do *Eucalyptus grandis* frente aos cenários de mudanças climáticas no Brasil. **Scientia Forestalis**, v. 42, n. 104, p. 503-511, 2014.
- GINWAL, H. S. et al. Seed source variation in growth performance of *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. of Australian origin in India. **Silvae Genetica**, v. 53, n. 4, p. 182-186, 2004 2004. ISSN 0037-5349.
- GONÇALVES, J.L.M. et al. Mapeamento de solos e da produtividade de plantações de *Eucalyptus grandis*, com uso de sistema de informação geográfica. **Scientia Forestalis**, v.40, n.94, p. 187-201, 2012.
- HAMILTON, M. G. et al. Genetic control of *Eucalyptus globulus* harvest traits. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 45, n. 6, p. 615-624, Jun 2015. ISSN 0045-5067. Disponível em: < <Go to ISI>://WOS:000355553400002 >.
- HARRAND, L. et al. Genetic parameters of growth traits and wood density in *Eucalyptus grandis* progenies planted in Argentina. **Silvae Genetica**, v. 58, n. 1-2, p. 11-19, 2009.
- HIGA, R. C. V. et al. Resistência e resiliência a geadas em *Eucalyptus dunnii* MAIDEN plantados em Campo do Tenente, PR **Pesquisa Florestal Brasileira**, n. 40, p. 67-76, 2000.
- KAGEYAMA, P. Y. **Variação genética em progênes de uma população de eucalyptus grandis (hill) maiden**. 1980. 125 p. (Doutorado). Genética e Melhoramento de Plantas, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" - Universidade de São Paulo, Piracicaba.
- KAGEYAMA, P. Y.; VENCOSKY, R. Variação genética em progênes de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden. **IPEF - Instituto de Pesquisa e Estudos Florestais**, Piracicaba, n. 24, p. 9-26, 1983.
- KIEN, N. D. et al. Genetic control of growth and form in *Eucalyptus urophylla* in northern Vietnam. **Journal of Tropical Forest Science**, v. 21, n. 1, p. 50-65, Jan 2009. ISSN 0128-1283.
- LI, B. et al. Genetic variation in growth, cold tolerance and coppicing in *Eucalyptus dunnii* in trials in Hunan, China. **Australian Forestry**, v. 75, n. 4, p. 215-224, Dec 2012. ISSN 0004-9158. Disponível em: < <Go to ISI>://WOS:000312987400001 >.
- LIMA, J. L. et al. Early selection of parents and trees in *Eucalyptus* full-sib progeny tests. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 11, n. 1, p. 10-16, Mar 2011. ISSN 1518-7853. Disponível em: < <Go to ISI>://WOS:000291668400002 >.

- LÓPEZ, G. A. et al. Genetic variation and inter-trait correlations in *Eucalyptus globulus* base population trials in Argentina. Genetic variation and inter-trait correlations in *Eucalyptus globulus* base population trials in Argentina. **Forest Genetics**, v. 9, n. 3, p. 217-231, 2002.
- MACEDO, H. R. et al. Variação, herdabilidade e ganhos genéticos em progênies de *Eucalyptus tereticornis* aos 25 anos de idade em Batatais-SP. **Scientia Forestalis**, v. 41, n. 100, p. 533-540, Dec 2013. ISSN 1413-9324.
- MACHADO, S. D. A.; FIGUEREDO-FILHO, A. **Dendrometria**. Guarapuava: 2006.
- MARTINEZ, D. T. et al. Estudo da interação genótipo x ambiente em progênies de *Pinus taeda* por meio da análise de parâmetros genéticos. Estudo da interação genótipo x ambiente em progênies de *Pinus taeda* por meio da análise de parâmetros genéticos. **Revista Floresta**, v. 42, n. 3, p. 539-552, 2012.
- MIRANDA, A. C. et al. Heritability for resistance to Puccinia psidii Winter rust in *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden in Southwestern Brazil. **Tree Genetics & Genomes**, v. 9, n. 2, p. 321-329, Apr 2013. ISSN 1614-2942. Disponível em: <<Go to ISI>://WOS:000316366200001 >.
- _____. Ganhos genéticos na seleção pelo método de índice multi-efeitos em progênies polinização livre de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Scientia Forestalis**, v. 43, n. 105, p. 203-209, 2015.
- MORAES, C. B. et al. Estimativas dos parâmetros genéticos para seleção de árvores de *Eucalyptus*. **Scientia Forestalis**, v. 42, n. 104, p. 623-629, 2014.
- _____. VARIABILIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE EUCALIPTOS PARA TOLERÂNCIA AO FRIO. **Revista Árvore**, v. 39, n. 6, p. 1047-1054, 2015.
- MORI, E. S.; KAGEYAMA, M.; FERREIRA, M. Variação genética e interação progênies x locais em *Eucalyptus urophylla*. **Revista IPEF**, v. 39, p. 53-63, 1988.
- PAVAN, B. E. et al. Efeito competitivo em testes de progênies de eucalipto. **Ciência Florestal**, v. 22, n. 3, p. 433-443, 2012.
- _____. Early selection in open-pollinated *Eucalyptus* families based on competition covariates. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 49, n. 6, p. 483-492, Jun 2014. ISSN 0100-204X.
- PEGG, G. S.; BRAWNER, J. T.; LEE, D. J. Screening *Corymbia* populations for resistance to Puccinia psidii. **Plant Pathology**, v. 63, n. 2, p. 425-436, Apr 2014. ISSN 0032-0862.

- PIMENTEL-GOMES, F.; GARCIA, C. H. **Estatística aplicada a experimentos agrônômicos e florestais: exposição com exemplos e orientações para uso de aplicativos** Piracicaba: Fundação de Estudos Agrários“Luiz de Queiroz”, 2002. 309.
- POLLI, H. Q. et al. Qualidade da madeira em clone de *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden submetido a desrama artificial. **Revista Árvore**, v. 30, n. 4, p. 557-566, 2006.
- PUPIN, S. et al. Produtividade, estabilidade e adaptabilidade em progênies de polinização aberta de *Eucalyptus urophylla* ST Blake. **Scientia Forestalis**, v. 43, n. 105, p. 7, 2015.
- QUEIROZ, M. M. et al. Comportamento de materiais genéticos de eucalipto em Paty do Alferes, RJ. **Floresta e Ambiente**, v. 16, n. 1, p. 1-10, 2009.
- REIS, C. A. F.; PALUDZYSZYN FILHO, E. **Estado da arte de plantios com espécies florestais de interesse para o Mato Grosso**. Colombo: Embrapa Florestas - Documentos: 65 p. 2011.
- RESENDE, M. D. V. Delineamento de experimentos de seleção para maximização da acurácia seletiva e do progresso genético. **Revista Árvore**, v. 19, n. 4, p. 479-500, 1995.
- _____. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002a.
- _____. **Software SELEGEN-REML/BLUP**. Colombo: Embrapa Florestas - Documentos, 2002b.
- _____. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.
- RESENDE, M. D. V.; FANTINI JÚNIOR, M. Bifurcação e Quebra de Copa em Eucalipto: Efeitos Genéticos, Ambientais e Silviculturais. **Embrapa Florestas Documentos**, v. 63, p. 20, 2001. ISSN 1676-9449.
- REZENDE, G. D. S. P.; RESENDE, M. D. V.; ASSIS, T. F. *Eucalyptus* breeding for clonal forestry. In: FENNING, T. (Ed.). **Challenges and Opportunities for the World's Forests in the 21 st Century**: Springer, 2014. p.393-424.
- ROSADO, A. M. et al. Ganhos genéticos preditos por diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus urophylla*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 12, p. 1653-1659, 2010.

- SILVA, P. H. M. et al. Selecting for rust (*Puccinia psidii*) resistance in *Eucalyptus grandis* in Sao Paulo State, Brazil. **Forest Ecology and Management**, v. 303, p. 91-97, Sep 2013. ISSN 0378-1127.
- TAKAHASHI, S. S. **Ferrugem do eucalipto: índice de infecção, análise temporal e estimativas de danos relacionados a intensidade da doença no campo**. 2002. 113 (Mestrado). Agronomia, Universidade Estadual Paulista "Julio de Mesquita Filho", Botucatu.
- VARGAS-REEVE, F. et al. Heritability of stem straightness and genetic correlations in *Eucalyptus cladocalyx* in the semi-arid region of Chile. Heritability of stem straightness and genetic correlations in *Eucalyptus cladocalyx* in the semi-arid region of Chile. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 13, n. 2, p. 107-112, Jul 2013. ISSN 1984-7033.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992.
- VILA BÔAS, O.; MAX, J. C. M.; MELO, A. C. G. Crescimento comparativo de espécies de *Eucalyptus* e *Corymbia* no município de Marília, SP. Crescimento comparativo de espécies de *Eucalyptus* e *Corymbia* no município de Marília, SP. **Revista Instituto Florestal**, v. 21, n. 1, p. 63-72, 2009.
- XAVIER, A. A. et al. Infection process of *Puccinia psidii* in *Eucalyptus grandis* leaves of different ages. **Tropical Plant Pathology**, v. 40, n. 5, p. 318-325, Oct 2015. ISSN 1983-2052. Disponível em: < <Go to ISI>://WOS:000365122400004 >.
- _____. Resistência de *Eucalyptus globulus* e *Eucalyptus nitens* à ferrugem (*Puccinia psidii*). **Revista Árvore**, v. 31, n. 4, p. 731-735, 2007. ISSN 0100-6762.
- ZAMPROGNO, K. C. et al. Utilização de análise de segregantes agrupados na identificação de marcadores ligados a genes que controlam a resistência à ferrugem (*Puccinia psidii* Winter) em *Eucalyptus* sp. **Summa Phytopathologica**, v. 34, n. 3, p. 253-255, 2008.

4 CAPÍTULO 2 - OTIMIZAÇÃO DO GANHO GENÉTICO EM DIFERENTES VARIÁVEIS PARA PROGÊNIES DE *Eucalyptus grandis* HILL EX MAIDEN

Resumo

O objetivo do trabalho foi otimizar o ganho genético para crescimento inicial, menor grau de infecção à ferrugem e qualidade da madeira em teste de progênies de polinização aberta de *E. grandis*. O teste de progênies foi plantado em dois locais Anhembi-SP e Itatinga-SP, no delineamento de blocos casualizados, com 176 progênies, uma planta por parcela, 29 repetições em Anhembi-SP e 30 repetições em Itatinga-SP, e uma linha de bordadura externa. Foram realizadas três avaliações. Para a variável relacionada ao crescimento foi escolhido o DAP avaliado aos 20 meses de idade em Anhembi-SP e aos 22 meses de idade em Itatinga-SP, para o grau de infecção à ferrugem (GRI) as avaliações realizadas aos 9 e 11 meses de idade em Anhembi-SP e Itatinga-SP, respectivamente, e para qualidade da madeira a variável número de galhos (NG) avaliada aos 14 meses no teste de progênies instalado em Anhembi-SP. A escolha dessas variáveis levou em conta as estimativas de herdabilidades e correlações genéticas. Com base nos resultados foi definida uma estratégia de melhoramento visando otimizar os ganhos genéticos utilizando métodos de seleção simultâneos como a seleção indireta, níveis independentes e índices combinados de seleção com pesos iguais e diferentes para cada variável. As duas localidades representam uma zona de melhoramento, sendo escolhido o teste de progênies instalado em Anhembi-SP para o cálculo dos ganhos genéticos. O melhoramento genético baseado na formação de um Pomar de Sementes por Muda (PSM) e na formação de um Pomar Clonal de Sementes (PCS). Ambos os pomares atenderão as duas regiões para produção de sementes melhoradas. Como as correlações genéticas entre DAP, GRI e NG foram fracas não se recomendou a seleção indireta, sendo necessário considerar as três variáveis para a construção dos índices de seleção e níveis independentes. Para as duas estratégias, os níveis independentes de seleção são o que melhor otimizam a seleção simultânea para crescimento, resistência à ferrugem e qualidade da madeira, apresentando ganhos para o DAP, GRI e NG de 5,83%, 13,88% e 4,12% respectivamente para formação do PSM, e ganhos de 7,23%, 18,76% e 6,72% respectivamente para a formação do PCS.

Palavras-chave: Correlação genética; Índices combinados de seleção; Níveis independentes

Abstract

The objective of this study was to optimize the genetic gain for initial growth, lower degree of infection to rust and wood quality in the open pollinated progenies test of *E. grandis*. The progenies test were planted at two sites Anhembi-SP and Itatinga-SP, in a randomized block design, with 176 progenies, one plant per plot, 29 blocks in Anhembi-SP and 30 blocks in Itatinga-SP, and one external border line. Three evaluations were carried out. For the growth-related variable, DHB was evaluated at 20 months of age in Anhembi-SP and at 22 months of age in Itatinga-SP, for the degree of infection to rust (GRI) the evaluations performed at 9 and 11 months of age in Anhembi-SP and Itatinga-SP, respectively, and for the wood quality was chosen the number of branches (NG) evaluated at 14 months in the progenies test in Anhembi-SP. The choice of these variables took into account estimates of heritabilities and genetic correlations. Based on the results, a breeding strategy was defined to optimize genetic gains using simultaneous selection methods such as indirect selection, independent levels and combined selection indexes with equal and different weights for each variable. It was chosen the progenies test installed in Anhembi-SP to calculate the genetic gain, because the two sites

represent one breeding zone. The genetic improvement was based on the formation of a Seed Orchard by Seedlings (SOS) and in the in the formation of a Clonal Seed Orchard (CSO). Both orchards will serve the two regions for improved seed production. As genetic correlations between DHB, GRI and NG were weak, indirect selection was not recommended, and it was necessary to consider the three variables for the construction of selection indices and independent levels. The independent levels optimize the simultaneous selection for growth, resistance to rust and wood quality, presenting genetics gains for DHB, GRI and NG of 5.83%, 13.88% and 4.12% respectively for SOS formation, and gains of 7.23%, 18.76% and 6.72%, respectively, for CSO formation.

Keywords: Genetic correlation; Combined selection indexes; Independent levels

4.1 Introdução

Eucalyptus grandis é uma espécie indicada para a produção de madeira serrada pelo seu bom crescimento e forma do fuste (Hillis e Brown, 1984). Contudo alguns aspectos ainda devem ser levados em conta para a utilização da espécie, como a presença de defeitos na madeira pela presença de nós, e alta susceptibilidade de alguns genótipos às doenças, principalmente nas fases iniciais de desenvolvimento como a ferrugem do eucalipto, que afeta a produtividade inicial das plantações.

No melhoramento florestal a produção de material genético melhorado via sementes ou por propagação vegetativa trouxe aumento em produtividade, adaptação, resistência à pragas e doenças, à fatores abióticos e qualidade da madeira para as espécies florestais (Gonçalves et al., 2013).

Diante disso, os programas de melhoramento da espécie para madeira serrada, devem otimizar o ganho genético visando a obtenção de material de alta qualidade em um menor intervalo de tempo, onde o diâmetro à altura do peito (DAP) é priorizado pela sua importância silvicultural, menores valores de herdabilidades e pela maior correlação genética com o volume de madeira (Volker et al. 1990; Paula et al., 2002) importante característica para a utilização na serraria.

O melhoramento florestal baseia-se na seleção recorrente, que visa aumentar de forma gradativa a frequência de alelos favoráveis para por meio de ciclos de seleção e sem reduzir a variabilidade genética da população (Baudouin et al., 1997). A correta definição do objetivo da seleção é um requisito essencial para os programas de melhoramento genético, assim como uma estratégia bem definida visando a obtenção de ganhos genéticos imediatos e ao longo do tempo.

A otimização do ganho genético depende da escolha de métodos de seleção em que seja possível a obtenção de materiais que reúnam uma série de atributos

favoráveis para diversas variáveis ao mesmo tempo. O conceito de otimização do ganho genético veio do melhoramento animal, onde buscava-se um balanço ou equilíbrio entre o ganho genético em várias características para várias populações e indivíduos (Villanueva e Woolliams, 1997).

Na seleção para mais de uma variável, parâmetros genéticos como herdabilidade e correlações são extremamente importantes. A herdabilidade irá influenciar na escolha das variáveis mais promissoras para obtenção de ganho genético, onde variáveis com maiores valores de herdabilidade devem ser priorizadas na seleção. As correlações genéticas mostram o grau de independência entre as diferentes variáveis. As variáveis que apresentam altas correlações a seleção indireta será uma boa alternativa, contudo quando as correlações são fracas a seleção direta sobre qualquer variável não trará bons ganhos genéticos sobre outra variável e sistemas de seleção simultânea podem ser adotados, como níveis independentes e índices combinados de seleção (Resende, 2005).

Nível independente de seleção é um método de seleção onde são estabelecidos níveis de eliminação para cada variável, onde todas as famílias e indivíduos abaixo desse nível são eliminados, sendo interessantes para variáveis que apresentem correlações fracas (Resende, 2005). Os índices combinados de seleção através da correta ponderação dos seus coeficientes proporcionam maiores ganhos genéticos totais, com a distribuição adequada do ganho entre as variáveis de acordo com os propósitos do melhoramento (Smith et al., 1981), contudo os parâmetros genéticos, como correlações nulas e fracas, e dificuldade no estabelecimento de pesos econômicos para as variáveis fazem com que os índices combinados de seleção não sejam a alternativa mais promissa na seleção simultânea.

4.2 Hipóteses

1) No *ranking* dos melhores materiais genéticos as testemunhas de sementes comerciais e o clone de *E. urophylla* utilizados no experimento serão melhores em relação ao crescimento inicial, menor grau de infecção à ferrugem e melhor qualidade da madeira do que as progênies de *E. grandis* estudadas.

2) O ganho genético com a seleção indireta trará menores ganhos genéticos do que os métodos de seleção simultânea, como índices combinados de seleção e níveis independentes.

3) Dentre os métodos de seleção simultânea, os índices combinados de seleção irão proporcionar melhor ganho genético entre as variáveis do que os níveis independentes.

4.3 Objetivo

Otimizar o ganho genético em estratégias com diferentes intensidades de seleção para crescimento inicial, menor grau de infecção à ferrugem e qualidade da madeira em progênies polinização aberta de *E. grandis*.

4.4 Material e métodos

4.4.1 Material genético

As informações sobre as variáveis avaliadas no teste de progênies de polinização aberta de *E. grandis* instalados em Anhembi-SP e Itatinga-SP, assim como seus parâmetros genéticos utilizados no presente capítulo foram apresentados nos itens 3.4.4 e 3.4.5 do Capítulo 2.

Para o cálculo dos ganhos genéticos foi utilizado o teste de progênies de *E. grandis* instalado em Anhembi-SP, pois nesse teste foi feita a avaliação de todas as variáveis descritas no item 3.4.4 do Capítulo 2. Para a caracterização dos genótipos selecionados pelos métodos de seleção que serão apresentados foi calculado o volume médio de madeira com casca (m³) da terceira avaliação, utilizando a fórmula abaixo:

$$Volume (m^3) = \frac{\pi DAP^2}{40000} \times H \times ff$$

Sendo:

Volume = volume de madeira com casca em metros cúbicos (m³);

DAP = diâmetro à altura do peito em centímetros (cm);

H = altura total em metros (m);

ff = fator de forma (0,5).

4.4.2 Covariâncias genéticas e fenotípicas entre crescimento, grau de infecção à ferrugem e qualidade da madeira

Com base nos dados de grau de infecção à ferrugem avaliado aos 9 meses de idade, número de galhos avaliados aos 14 meses de idade e DAP avaliado aos 20 meses de idade, ambos no teste de progênies de polinização aberta de *E. grandis* instalado em Anhembi-SP, foram estimadas as matrizes de covariâncias genéticas e fenotípicas entre as variáveis utilizando o software SELEGEN-Relm/Blup (Resende, 2002b) para a determinação dos coeficientes de ponderação dos índices de seleção.

As covariâncias genéticas e fenotípicas foram determinadas de acordo com a expressão abaixo:

$$COV(X, Y) = \frac{1}{n} \left[\sum_{i=1}^n x_i y_i - \frac{1}{n} \left(\sum_{i=1}^n x_i \right) \left(\sum_{i=1}^n y_i \right) \right]$$

Sendo:

$COV(X, Y)$ = covariância genética ou fenotípica entre X e Y;

n = número de observações;

x_i = valores genéticos aditivos ou fenotípicos da variável X;

y_i = valores genéticos aditivos ou fenotípicos da variável Y.

4.4.3 Seleção simultânea

4.4.3.1 Índices combinados de seleção

Foram utilizados índices de seleção para seleção de materiais genéticos superiores para as variáveis grau de infecção à ferrugem, número de galhos e DAP simultaneamente.

Para unificar a escala entre as três variáveis, o número de galhos e o DAP foram transformados em variáveis categóricas, variando de 1 a 4, como a variável grau de infecção à ferrugem, conforme Tabela 27.

Tabela 27. Amplitude das classes para número de galhos (NG) e diâmetro à altura do peito (DAP).

Classe	Grau de infecção à ferrugem	Número de galhos	DAP (cm)
1	1	21 a 25	0,0 a 3,8
2	2	16 a 20	3,9 a 7,7
3	3	11 a 15	7,8 a 11,6
4	4	5 a 10	11,7 a 15,6

Fonte: O autor (2016).

O número de galhos, que variou de 5 a 25 unidades, foi dividido em quatro classes, com variação de aproximadamente 5 galhos em cada classe, onde os indivíduos com menores números de galhos foram classificados com a nota mais alta. Para a variável DAP, que variou de 0,0 a 15,6 cm, também foi dividido em quatro classes de amplitude de 3,8 cm, onde os indivíduos com maiores DAP's também foram classificados na nota mais alta.

Foi utilizado o índice clássico de seleção, proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), que consiste na combinação linear das variáveis de importância econômica, de modo a maximizar a correlação entre o índice (I) e o agregado genotípico (H), e a determinação dos coeficientes de ponderação do índice seguem de acordo com a equação abaixo:

$$b = P^{-1}Gw$$

Sendo:

b = vetor de coeficientes de ponderação do índice clássico;

P^{-1} = inversa da matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas entre as variáveis;

G = matriz de variâncias e covariâncias genéticas entre as variáveis;

w = vetor de pesos econômicos previamente estabelecidos.

A equação apresentada acima deriva da maximização da correlação entre um índice qualquer (I) e o agregado genotípico (H) para as variáveis utilizadas na construção do índice, conforme equações abaixo:

$$I = b_1x_1 + b_2x_2 + \dots + b_nx_n = \sum_{i=1}^n b_ix_i = b'x'$$

$$H = w_1g_1 + w_2g_2 + \dots + w_ng_n = \sum_{i=1}^n a_ig_i = w'g'$$

$$\rho_{IH} = \frac{b' G w}{\sqrt{(b' P b)(w' G w)}}$$

Sendo:

g' = matriz de dimensão $n \times p$ de valores genéticos desconhecidos das n variáveis consideradas;

x' = matriz de dimensão $n \times p$ de médias das variáveis

w' = vetor de dimensão $n \times 1$ de pesos econômicos previamente estabelecidos;

b' = vetor de dimensão $n \times 1$ de coeficientes de ponderação do índice;

n = número de variáveis avaliadas;

p = número de famílias ou progênies avaliadas;

ρ_{IH} = correlação entre I e H.

Os pesos econômicos foram calculados pela multiplicação do peso estabelecido para cada variável pelo valor da herdabilidade média de progênies de cada variável avaliada no teste de progênies de *E. grandis* instalado em Anhembi-SP. Os pesos de cada variável, para cada simulação de seleção, assim como os valores de herdabilidade média de progênies são apresentados na Tabela 28.

Tabela 28. Herdabilidades estimadas para cada variável e pesos propostos, para as duas simulações de seleção, na construção dos índices de seleção.

Variáveis	Herdabilidade média de progênies (h_{mp}^2)	PESOS	
GRI	0,799451	33,3%	10%
NG	0,599897	33,3%	40%
DAP	0,529428	33,4%	50%
	Soma	100%	100%

GRI = grau de infecção à ferrugem; NG = número de galhos;

FONTE: O autor (2016).

Para estabelecimento dos pesos apresentados na Tabela 28 foi levado em conta a importância econômica e a magnitude dos parâmetros genéticos, principalmente pelo menor genético de algumas variáveis em relação às outras, como o DAP, que é importante pois é uma variável dependente para o cálculo do volume de madeira e apresentou menor valor de herdabilidade em relação as outras variáveis utilizadas na seleção.

Os cálculos matriciais utilizados para encontrar os valores dos coeficientes dos índices de Smith e Hazel foram feitos no software SAS, utilizando o PROC IML.

Os valores das variáveis número de galhos (NG) e DAP, utilizados para calcular os valores finais dos índices de Smith e Hazel foram os valores das classes de 1 a 4 conforme apresentado na Tabela 27.

Também foi utilizado o índice de Pesek e Baker (1969), conhecido como índice com base nos ganhos desejados, onde os pesos econômicos (w) são substituídos pelos ganhos desejados (Δg_d) em um programa de melhoramento, conforme a equação abaixo:

$$b = G^{-1}\Delta g_d$$

Sendo:

b = vetor de coeficientes de ponderação do índice de ganhos desejados;

G^{-1} = inversa da matriz de variâncias e covariâncias genéticas entre as variáveis;

Δg_d = vetor de ganhos desejados pelo melhorista.

A construção do índice segue conforme a expressão do ganho esperado para cada variável, conforme equação abaixo.

$$\Delta g = \frac{Gbi}{\sigma_i}$$

Sendo:

Δg = vetor de ganhos esperados;

i = intensidade de seleção;

σ_i = desvio padrão do índice.

Pesek e Barker (1969) substituem na expressão anterior o vetor Δg , que é de ganhos esperados, pelo vetor Δg_d , que é o vetor de ganhos desejados, e o valor do escalar ($\frac{\sigma_i}{i}$) não afeta a proporcionalidade dos valores de b , sendo portanto retirado da equação abaixo para a determinação dos coeficientes de ponderação do índice de ganhos desejados:

$$b = G^{-1}\Delta g_d \frac{\sigma_i}{i}$$

Foi utilizada a mesma metodologia da estimativa dos pesos econômicos dos índices de Smith e Hazel, para a determinação dos ganhos desejados dos índices de Pesek e Baker, onde os pesos da Tabela 28 foram multiplicados pelos valores das herdabilidades médias de progênie de cada variável.

Os cálculos matriciais utilizados para encontrar os valores dos coeficientes dos índices de Pesek e Baker foram feitos no software SAS, utilizando o PROC IML.

Os valores das variáveis, número de galhos (NG) e DAP, utilizados para calcular os valores dos índices foram os valores das classes de 1 a 4 conforme apresentado na Tabela 27.

Para a determinação dos valores genéticos aditivos dos indivíduos e das famílias através dos índices combinados de seleção descritos anteriormente, foi utilizado o modelo $y = Xb + Za + e$ do software SELEGEN-REML/BLUP (Resende, 2002b). Esse modelo linear misto é utilizado na avaliação de progênies de meios-irmãos, em delineamento de blocos ao acaso, com uma planta por parcela, uma medição por indivíduo, uma variável e uma população. Os componentes do modelo foram descritos no item 3.4.5 do Capítulo 2.

4.4.3.2 Níveis independentes

A seleção por níveis independentes entre e dentro de famílias de acordo com cada estratégia de seleção foi feita primeiramente para a variável DAP, onde foram eliminadas 55% das piores famílias para essa variável, depois para número de galhos, onde foram eliminadas 30% das piores famílias e por último grau de infecção à ferrugem sendo eliminadas 13% das piores famílias para essa variável. Os mesmos níveis de eliminação foram utilizados para a seleção dentro de progênies, onde foi feita a seleção primeiramente para o DAP, depois para número de galhos e grau de infecção à ferrugem.

4.4.4 Estratégias de seleção via sexuada

Foram estabelecidas duas estratégias de seleção via sexuada, onde o tamanho efetivo populacional (N_e) foi calculado com a expressão apresentada abaixo (Resende, 2002a):

$$N_e = \frac{4 N_f k_f}{k_f + 3}$$

Sendo:

N_e = tamanho efetivo populacional;

N_f = número de famílias selecionadas;

k_f = número de indivíduos selecionados por família.

As médias da população melhorada para grau de infecção à ferrugem (GRI), número de galhos (NG) e DAP através de cada método de seleção para as duas estratégias foram comparadas com as médias das testemunhas seminais oriundas da APS da EECF de Itatinga-SP e do PSM da EECF de Anhembi-SP, e do clone comercial de *E. urophylla*.

4.4.4.1 Pomar de Sementes por Mudas

Essa estratégia consistirá na estimativa dos ganhos genéticos pela transformação do teste de progênies de polinização aberta de *E. grandis* instalado na EECF- Anhembi-SP em um Pomar de Sementes por Mudas (PSM).

As estimativas de ganhos genéticos para o PSM serão baseadas em diferentes métodos de seleção, utilizando a seleção direta, indireta, índices combinados de seleção e níveis independentes para a obtenção de bons ganhos genéticos para grau de infecção à ferrugem, número de galhos e DAP simultaneamente.

Para a implantação do PSM será aplicada uma intensidade de seleção de 45% entre famílias (80 melhores famílias) de maior valor genético aditivo e 17% dentro da família (5 melhores indivíduos por família) de maior valor genético aditivo.

A seleção dentro das famílias será feita com base no agrupamento das informações dos indivíduos dentro das repetições (blocos), selecionando, portanto, o indivíduo de maior valor genético aditivo entre os blocos 1 a 6, entre os blocos 7 a 12, entre os blocos 13 a 18, entre os blocos 19 a 24, e entre os blocos 25 a 29, visto que operacionalmente para a transformação do Teste de Progênies em um Pomar de Sementes por Mudas será necessário a redução do número de blocos, em função do número de plantas por parcela.

Os métodos de seleção utilizados para a implantação do Pomar de Sementes por Mudas (PSM) foram:

Método 1 – Seleção direta entre e dentro de famílias com base no valor genético aditivo para a variável grau de infecção à ferrugem (GRI) e seleção indireta para número de galhos (NG) e DAP.

Método 2 – Seleção direta entre e dentro de famílias com base no valor genético aditivo para a variável número de galhos (NG) e seleção indireta para grau de infecção à ferrugem (GRI) e DAP.

Método 3 – Seleção direta entre e dentro de famílias com base no valor genético aditivo para a variável DAP e seleção indireta para grau de infecção à ferrugem (GRI) e número de galhos (NG).

Método 4 – Seleção entre e dentro de famílias com base no ordenamento do valor genético aditivo feito pelo Índice de Smith e Hazel, que considera pesos iguais para as três variáveis multiplicados pelos seus respectivos valores de herdabilidade média de progênes.

Método 5 – Seleção entre e dentro de famílias com base no ordenamento do valor genético aditivo feito pelo Índice de Smith e Hazel, que considera pesos diferenciados para as três variáveis multiplicados pelos seus respectivos valores de herdabilidade média de progênes.

Método 6 – Seleção entre e dentro de famílias com base no ordenamento do valor genético aditivo feito pelo Índice de Pesek e Baker, que considera pesos iguais para as três variáveis multiplicados pelos seus respectivos valores de herdabilidade média de progênes.

Método 7 – Seleção entre e dentro de famílias com base no ordenamento do valor genético aditivo feito pelo Índice de Pesek e Baker, que considera pesos diferenciados para as três variáveis multiplicados pelos seus respectivos valores de herdabilidade média de progênes.

Método 8 – Seleção entre e dentro de famílias por níveis independentes. Para a seleção das 80 famílias a seleção foi baseada primeiramente na variável DAP onde foram eliminadas 54 piores famílias sobre esse critério, depois foram eliminadas 29 piores famílias para a variável número de galhos (NG), e por último foram eliminadas as 13 piores famílias para grau de infecção. A seleção dentro de famílias também foi primeiramente baseada na variável DAP onde foram eliminados 3 indivíduos sobre esse critério, depois foi eliminado um indivíduo para número de galhos (NG) e por último, um indivíduo para grau de infecção à ferrugem (GRI).

Para avaliar o efeito da estratégia de seleção nos dois locais foi feita a seleção e estimados os ganhos genéticos diretos e indiretos para as variáveis avaliadas no teste de progênie de polinização aberta de *E. grandis* instalado em Itatinga-SP, com base na seleção das 80 melhores famílias em Anhembi-SP de acordo com cada método de seleção descrito anteriormente.

4.4.4.2 Pomar Clonal de Sementes

Visando maiores ganhos genéticos com maior intensidade de seleção, propôs a formação de Pomar Clonal de Sementes (PCS). A implantação do PCS foi baseada na seleção entre e dentro famílias do teste de progênies de polinização aberta de *E. grandis* instalado na EECF de Anhembi-SP, onde utilizou-se intensidade de seleção de 28% entre famílias (50 melhores famílias) e do melhor indivíduo dentro das famílias.

Os métodos de seleção adotados para formação do PCS serão os mesmos utilizados para a formação do PSM, com a seleção utilizando o ordenamento através dos valores genéticos aditivos das famílias e dos indivíduos através das seleções diretas e indiretas sobre o grau de infecção à ferrugem (GRI), número de galhos (NG) e DAP, e baseadas nos índices combinados de seleção.

Para o método 8 baseado nos níveis independentes a seleção entre e dentro de famílias ocorreu da seguinte forma: seleção baseada primeiramente na variável DAP onde foram eliminadas 70 famílias, depois foram eliminadas 39 famílias de acordo com a variável número de galhos (NG) e por último foram eliminadas 17 famílias para grau de infecção à ferrugem (GRI). A seleção dentro de famílias foi baseada primeiramente para na variável DAP, onde foram eliminados 15 indivíduos, depois foram eliminados 10 indivíduos para número de galhos (NG) e por último foram eliminados 3 indivíduos de acordo com a variável grau de infecção à ferrugem (GRI).

4.4.5 Ganhos genéticos

Com base nos diferentes métodos de seleção propostos, foram determinados os ganhos genéticos e suas porcentagens para cada variável, onde foram utilizadas as seguintes expressões (Cruz *et al.*, 2004):

$$GS_{entre} = h_{mp}^2 * DS_f$$

Sendo:

GS_{entre} = ganho genético pela seleção entre famílias;

h_{mp}^2 = herdabilidade média de progênies;

DS_f = diferencial de seleção entre famílias.

$$DS_f = (\bar{X}fs - \bar{X}o)$$

Sendo:

$\bar{X}fs$ = média das famílias selecionadas;

$\bar{X}o$ = média original da população.

$$GS\ entre\ (\%) = \frac{GS\ entre * 100}{\bar{X}o}$$

Sendo:

$GS\ entre\ (\%)$ = percentual do ganho genético pela seleção entre famílias.

$$GS\ dentro = h_{ad}^2 * DS_d$$

Sendo:

$GS\ dentro$ = ganho genético pela seleção dentro da família;

h_{ad}^2 = herdabilidade aditiva dentro de progênies;

DS_d = diferencial de seleção dentro das famílias.

$$DS_d = (\bar{X}ds - \bar{X}f)$$

Sendo:

$\bar{X}ds$ = média dos indivíduos selecionados dentro da família;

$\bar{X}f$ = média da família.

$$GS\ dentro\ (\%) = \frac{GS\ dentro * 100}{\bar{X}f}$$

Sendo:

$GS\ dentro\ (\%)$ = percentual do ganho genético pela seleção dentro da família;

$$\overline{GS\ dentro}\ (\%) = \frac{\sum GS\ dentro\ (\%)}{nf}$$

Sendo:

$\overline{GS\ dentro}\ (\%)$ = média do ganho genético dentro das famílias;

nf = número de famílias selecionadas.

$$GS\ total\ (\%) = GS\ entre\ (\%) + \overline{GS}\ dentro\ (\%)$$

Sendo:

$GS\ total\ (\%)$ = percentual do ganho genético total pela seleção entre e dentro das famílias

4.4.6 Eficiência da seleção entre famílias

Considerando o ganho genético pela seleção indireta sob determinada variável ou através de índices combinados de seleção em função da seleção direta, a eficiência da seleção indireta entre famílias pode ser mensurada através da estimativa que, segundo Resende (2002a) é dada pela expressão abaixo:

$$Ef = \frac{\varphi_{x,y}}{h_y^2}$$

$$\varphi_{x,y} = r_{gx,y} * r_{aa}x * r_{aa}y$$

Sendo:

Ef = eficiência da seleção indireta ou utilizando índices combinados de seleção de uma variável y quando a seleção é praticada sob a variável x ou sobre o índice;

$\varphi_{x,y}$ = produto das acurácias de seleção das progênies para x e y e da correlação genética entre x e y ;

$r_{gx,y}$ = correlação genética entre x e y ;

$r_{aa}x$ = acurácia média de progênies da característica x ;

$r_{aa}y$ = acurácia média de progênies da característica y ;

h_y^2 = herdabilidade média de progênies da variável y .

Para auxílio na escolha do melhor método de seleção para as duas estratégias avaliou-se também a eficiência da seleção indireta sobre as variáveis diâmetro de galhos (DG) aos 14 meses de idade, e sobrevivência, altura, bifurcação e tortuosidade aos 20 meses de idade avaliados no teste de progênies de polinização aberta de *E. grandis* instalados na EECF de Anhembi-SP.

4.5 Resultados e discussão

4.5.1 Pesos econômicos (w) e ganhos desejados (Δg_d)

Os pesos econômicos (w) para o cálculo dos coeficientes dos índices de Smith e Hazel e os ganhos desejados (Δg_d) para o cálculo dos coeficientes dos índices de Pesek e Baker, estão apresentados na Tabela 29.

Tabela 29. Pesos econômicos para Índices de Smtih e Hazel e ganhos desejados para os Índices de Pesek e Baker para cada variável.

Variáveis	Pesos econômicos (w) e Ganhos desejados (Δg_d)	
	Índice 1	Índice 2
GRI	26,6484	7,9945
NG	19,9966	23,9959
DAP	17,6476	26,4714

GRI= grau de infecção à ferrugem; NG = número de galhos.

FONTE: O autor (2016);

Os coeficientes dos índices de Smith e Hazel para as variáveis, grau de infecção à ferrugem (GRI), número de galhos (NG) e DAP utilizando os pesos econômicos (w) da Tabela 29 estão apresentados nas equações abaixo:

$$\text{Índice de Smith e Hazel 1} = 13,87981 (GRI) + 1,871772(NG) + 0,138726 (DAP)$$

$$\text{Índice de Smith e Hazel 2} = 8,005259 (GRI) + 2,266238 (NG) + 0,980631 (DAP)$$

Os coeficientes dos índices de Pesek e Baker para as variáveis, grau de infecção à ferrugem (GRI), número de galhos (NG) e DAP utilizando como ganhos desejados (Δg_d) os valores da Tabela 29 estão apresentados nas equações abaixo:

$$\text{Índice de Pesek e Baker 1} = 101,9076 (GRI) + 35,43451 (NG) + 11,98554 (DAP)$$

$$\text{Índice de Pesek e Baker 2} = -15,7816 (GRI) + 52,79546 (NG) + 76,33242 (DAP)$$

Observa-se que os maiores coeficientes de ponderação dos índices de Smith e Hazel foram estimados para variável grau de infecção (GRI), mesmo quando o peso econômico para essa variável era menor, assim como o índice de Pesek e Baker que considera igual nível de importância das variáveis multiplicado pelos seus valores de herdabilidade.

O contrário ocorreu para o índice de Pesek e Baker, que considerou o maior nível de importância para o DAP, que foi a variável com maior coeficiente para esse índice. Esses valores de coeficientes alteram os valores dos ganhos genéticos para

cada variável, devendo portanto ser buscado o índice de seleção que melhor otimiza o ganho genético para as três variáveis simultaneamente.

4.5.2 Estimativas de ganhos genéticos para Pomar de Sementes por Mudanças

A estimativa dos ganhos genéticos pela implantação de um Pomar de Sementes por Mudanças em Anhembi-SP foi baseada na seleção das 80 melhores famílias e 5 melhores indivíduos por famílias de acordo com a seleção direta, indireta, pelos índices combinados de seleção e níveis independentes para as variáveis grau de infecção à ferrugem (GRI), número de galhos e DAP.

Essas intensidades de seleção entre e dentro progênies para a implantação de um Pomar de Sementes por Muda manterá um tamanho efeito de 200 e boa variabilidade genética para as próximas etapas do programa de melhoramento conforme relatam Resende e Bertolucci (1995).

Na Tabela 30 são apresentados os 80 melhores genótipos entre as famílias de *E. grandis* e as testemunhas selecionadas no teste de progênies instalados em Anhembi-SP de acordo com o *ranking* de cada método de seleção.

Tabela 30. Materiais genéticos selecionados por cada método de seleção.

(continua)

Métodos de Seleção	1	2	3	4	5	6	7	8
Ordem	GRI	NG	DAP	SH	SH	PB	PB	NI
1	AEC144	148	AEC144	AEC144	AEC144	AEC144	AEC144	1
2	36	102	117	36	36	36	117	9
3	71	87	51	71	71	71	87	13
4	168	AEC144	87	50	50	50	183	14
5	179	101	81	168	168	168	102	20
6	104	48	84	179	179	179	81	25
7	50	182	116	67	67	67	90	26
8	35	127	50	35	35	20	115	28
9	9	117	102	9	20	35	116	29
10	20	118	20	104	175	175	99	33
11	149	81	47	20	9	9	148	35
12	67	55	106	78	78	78	51	36
13	114	161	99	175	107	87	61	37
14	175	43	183	107	87	107	55	41
15	177	38	172	133	117	117	118	42
16	105	40	33	149	133	133	43	45
17	37	90	26	142	149	114	20	47
18	133	61	126	114	142	142	127	48
19	78	183	121	105	114	149	161	50
20	107	115	75	87	104	104	26	51
21	117	178	64	117	105	105	38	54
22	180	144	61	177	37	37	1	55
23	66	86	107	37	51	51	151	57
24	87	62	175	172	177	177	75	58
25	172	138	115	180	172	172	101	61
26	11	1	71	51	180	180	182	62
27	73	125	77	125	102	102	64	64
28	33	114	17	54	176	125	163	66
29	54	167	9	176	125	176	50	67
30	126	142	90	33	47	47	71	70
31	27	130	133	152	33	26	175	71
32	142	26	181	47	26	66	28	72
33	74	134	78	66	66	33	62	73
34	125	AN213	6	11	54	54	107	74
35	51	176	13	27	152	113	126	75
36	102	151	28	26	113	160	124	78
37	10	57	161	73	160	156	134	80
38	176	71	147	102	156	152	57	81
39	128	165	66	113	27	165	106	87
40	139	36	105	156	73	73	42	90
41	28	20	41	25	165	27	14	96
42	165	175	180	165	11	28	48	99
43	106	39	118	160	139	138	47	101
44	181	35	10	139	25	139	77	102
45	47	27	74	128	28	11	176	106
46	53	29	80	10	126	25	5	107
47	84	75	151	74	138	126	33	112
48	113	156	35	28	128	74	AN213	113
49	160	160	114	126	74	128	80	114
50	52	16	59	138	136	136	138	115
51	141	135	83	136	106	116	144	116
52	152	14	148	106	116	106	59	117
53	161	152	144	84	10	75	130	118
54	25	143	113	181	75	10	114	130
55	169	28	149	143	181	181	78	132

Tabela 30. Materiais genéticos selecionados por cada método de seleção.

(conclusão)

Métodos de Seleção	1	2	3	4	5	6	7	8
Ordem	GRI	NG	DAP	SH	SH	PB	PB	NI
56	136	158	176	6	84	183	181	133
57	156	8	182	116	161	161	66	134
58	13	113	169	75	183	143	160	135
59	64	99	135	29	143	84	13	136
60	96	37	168	77	99	99	147	138
61	24	78	14	161	64	64	136	139
62	70	173	130	18	77	130	84	140
63	69	44	128	130	130	29	121	141
64	130	149	163	13	29	77	172	142
65	138	93	65	121	13	86	16	144
66	75	136	85	64	86	13	149	148
67	45	73	AN213	122	121	121	17	149
68	29	120	142	70	6	122	9	152
69	85	124	179	86	122	69	65	156
70	77	42	124	169	169	144	113	160
71	88	140	36	99	69	169	140	161
72	122	153	88	69	70	70	184	163
73	109	66	136	135	144	132	41	165
74	116	137	11	132	18	148	105	169
75	159	82	140	24	132	18	IT059	173
76	140	141	44	85	135	6	69	175
77	83	163	138	45	45	135	142	176
78	99	132	95	53	147	45	29	181
79	112	67	43	183	148	147	110	182
80	132	9	57	144	85	55	44	183
81	178	112	67	83	24	24	137	AN213
82	-	150	1	-	-	-	133	AEC144
83	-	-	-	-	-	-	112	-

FONTE: O autor (2016).

Na Tabela 31 é apresentado os volumes médios de madeira com casca para os materiais genéticos de acordo com o *ranking* de cada método de seleção.

Tabela 31. Volume médio (m³) dos materiais genéticos selecionados por cada método de seleção na terceira avaliação no teste de progênies de *E. grandis* da EECF de Anhembi-SP. (continua)

Métodos de seleção	1	2	3	4	5	6	7	8
Ordem	GRI	NG	DAP	SH	SH	PB	PB	NI
1	0,0665	0,0466	0,0665	0,0665	0,0665	0,0665	0,0665	0,0415
2	0,0335	0,0470	0,0603	0,0335	0,0335	0,0335	0,0603	0,0404
3	0,0431	0,0538	0,0615	0,0431	0,0431	0,0431	0,0538	0,0469
4	0,0400	0,0665	0,0538	0,0452	0,0452	0,0452	0,0477	0,0438
5	0,0362	0,0389	0,0541	0,0400	0,0400	0,0400	0,0470	0,0530
6	0,0278	0,0366	0,0512	0,0362	0,0362	0,0362	0,0541	0,0302
7	0,0451	0,0451	0,0484	0,0331	0,0331	0,0331	0,0426	0,0483
8	0,0391	0,0360	0,0451	0,0391	0,0391	0,0529	0,0434	0,0423
9	0,0405	0,0603	0,0470	0,0405	0,0529	0,0391	0,0483	0,0382
10	0,0529	0,0420	0,0529	0,0278	0,0439	0,0439	0,0543	0,0472
11	0,0384	0,0541	0,0495	0,0529	0,0405	0,0405	0,0466	0,0391
12	0,0331	0,0342	0,0503	0,0419	0,0419	0,0419	0,0615	0,0335
13	0,0372	0,0421	0,0543	0,0439	0,0449	0,0538	0,0441	0,0342
14	0,0439	0,0388	0,0477	0,0449	0,0538	0,0449	0,0342	0,0439
15	0,0328	0,0342	0,0518	0,0603	0,0603	0,0603	0,0420	0,0383
16	0,0435	0,0301	0,0472	0,0384	0,0431	0,0431	0,0388	0,0363
17	0,0342	0,0426	0,0483	0,0390	0,0384	0,0372	0,0530	0,0495
18	0,0603	0,0441	0,0446	0,0372	0,0390	0,0390	0,0360	0,0366
19	0,0419	0,0477	0,0514	0,0435	0,0372	0,0384	0,0421	0,0452
20	0,0449	0,0434	0,0398	0,0538	0,0277	0,0277	0,0483	0,0615
21	0,0603	0,0290	0,0478	0,0603	0,0435	0,0435	0,0342	0,0344
22	0,0400	0,0394	0,0441	0,0328	0,0342	0,0342	0,0415	0,0342
23	0,0370	0,0270	0,0449	0,0342	0,0615	0,0615	0,0459	0,0419
24	0,0538	0,0394	0,0439	0,0518	0,0328	0,0328	0,0397	0,0326
25	0,0518	0,0437	0,0433	0,0400	0,0518	0,0518	0,0387	0,0441
26	0,0383	0,0415	0,0431	0,0615	0,0400	0,0400	0,0451	0,0394
27	0,0316	0,0301	0,0455	0,0301	0,0470	0,0470	0,0478	0,0478
28	0,0472	0,0372	0,0412	0,0344	0,0398	0,0309	0,0356	0,0370
29	0,0344	0,0245	0,0404	0,0398	0,0344	0,0398	0,0451	0,0331
30	0,0446	0,0390	0,0426	0,0472	0,0495	0,0495	0,0431	0,0374
31	0,0316	0,0397	0,0431	0,0341	0,0472	0,0495	0,0439	0,0431
32	0,0390	0,0495	0,0426	0,0495	0,0495	0,0370	0,0423	0,0346
33	0,0463	0,0386	0,0419	0,0370	0,0370	0,0472	0,0394	0,0331
34	0,0309	0,0405	0,0428	0,0383	0,0343	0,0343	0,0449	0,0464
35	0,0615	0,0399	0,0469	0,0316	0,0341	0,0448	0,0446	0,0397
36	0,0470	0,0459	0,0423	0,0483	0,0448	0,0403	0,0412	0,0419
37	0,0438	0,0419	0,0421	0,0331	0,0403	0,0327	0,0385	0,0472
38	0,0399	0,0431	0,0426	0,0470	0,0326	0,0342	0,0418	0,0541
39	0,0434	0,0407	0,0370	0,0448	0,0316	0,0407	0,0503	0,0538
40	0,0346	0,0334	0,0434	0,0326	0,0331	0,0331	0,0383	0,0426
41	0,0423	0,0529	0,0438	0,0302	0,0407	0,0316	0,0438	0,0355
42	0,0407	0,0439	0,0400	0,0407	0,0383	0,0423	0,0365	0,0543
43	0,0503	0,0339	0,0420	0,0403	0,0346	0,0437	0,0495	0,0387
44	0,0426	0,0391	0,0439	0,0346	0,0302	0,0346	0,0455	0,0470
45	0,0494	0,0316	0,0463	0,0434	0,0423	0,0383	0,0399	0,0503
46	0,0228	0,0381	0,0472	0,0439	0,0447	0,0302	0,0414	0,0449
47	0,0512	0,0397	0,0459	0,0463	0,0437	0,0446	0,0472	0,0405
48	0,0440	0,0326	0,0391	0,0423	0,0434	0,0464	0,0405	0,0448
49	0,0403	0,0403	0,0372	0,0447	0,0463	0,0434	0,0472	0,0372
50	0,0172	0,0361	0,0435	0,0437	0,0389	0,0389	0,0437	0,0434
51	0,0339	0,0462	0,0363	0,0389	0,0503	0,0484	0,0394	0,0484
52	0,0341	0,0437	0,0466	0,0503	0,0484	0,0503	0,0435	0,0603
53	0,0421	0,0342	0,0394	0,0512	0,0439	0,0397	0,0397	0,0420

Tabela 31. Volume médio (m³) dos materiais genéticos selecionados por cada método de seleção na terceira avaliação no teste de progênie de *E. grandis* da EECF de Anhembi-SP. (conclusão)

Métodos de seleção	1	2	3	4	5	6	7	8
Ordem	GRI	NG	DAP	SH	SH	PB	PB	NI
54	0,0302	0,0272	0,0448	0,0426	0,0397	0,0439	0,0372	0,0397
55	0,0368	0,0423	0,0384	0,0273	0,0426	0,0426	0,0419	0,0357
56	0,0389	0,0328	0,0398	0,0428	0,0512	0,0477	0,0426	0,0431
57	0,0326	0,0325	0,0451	0,0483	0,0421	0,0421	0,0370	0,0386
58	0,0469	0,0448	0,0368	0,0397	0,0477	0,0273	0,0403	0,0462
59	0,0478	0,0542	0,0461	0,0382	0,0273	0,0512	0,0469	0,0390
60	0,0355	0,0342	0,0400	0,0455	0,0542	0,0542	0,0426	0,0437
61	0,0334	0,0419	0,0438	0,0421	0,0478	0,0478	0,0389	0,0346
62	0,0373	0,0362	0,0396	0,0269	0,0455	0,0396	0,0512	0,0407
63	0,0311	0,0401	0,0424	0,0396	0,0396	0,0382	0,0514	0,0339
64	0,0396	0,0384	0,0356	0,0469	0,0382	0,0455	0,0518	0,0390
65	0,0437	0,0294	0,0438	0,0514	0,0469	0,0270	0,0361	0,0394
66	0,0397	0,0389	0,0411	0,0478	0,0270	0,0469	0,0384	0,0466
67	0,0363	0,0330	0,0405	0,0331	0,0514	0,0514	0,0412	0,0384
68	0,0381	0,0319	0,0390	0,0373	0,0428	0,0331	0,0404	0,0342
69	0,0411	0,0412	0,0362	0,0270	0,0331	0,0311	0,0439	0,0326
70	0,0455	0,0383	0,0412	0,0368	0,0368	0,0394	0,0448	0,0403
71	0,0434	0,0407	0,0335	0,0543	0,0311	0,0368	0,0407	0,0421
72	0,0331	0,0288	0,0434	0,0311	0,0374	0,0374	0,0379	0,0356
73	0,0396	0,0370	0,0389	0,0462	0,0323	0,0357	0,0439	0,0408
74	0,0483	0,0353	0,0383	0,0357	0,0269	0,0466	0,0435	0,0368
75	0,0289	0,0374	0,0406	0,0334	0,0357	0,0269	0,0346	0,0362
76	0,0406	0,0339	0,0401	0,0411	0,0462	0,0428	0,0311	0,0440
77	0,0363	0,0356	0,0437	0,0363	0,0363	0,0462	0,0390	0,0399
78	0,0543	0,0357	0,0411	0,0279	0,0426	0,0363	0,0382	0,0426
79	0,0405	0,0331	0,0388	0,0477	0,0466	0,0426	0,0334	0,0451
80	0,0357	0,0404	0,0419	0,0394	0,0411	0,0342	0,0401	0,0477
81	0,0290	0,0404	0,0331	0,0363	0,0334	0,0334	0,0353	0,0405
82	-	0,0303	0,0415	-	-	-	0,0431	0,0665
83	-	-	-	-	-	-	0,0405	
Volume médio (m ³)	0,0406	0,0393	0,0440	0,0413	0,0413	0,0413	0,0433	0,0419

FONTE: O autor (2016).

O clone comercial de *E. urophylla* (AEC144), utilizado como referência em produtividade e resistência à ferrugem, se apresentou como material superior dentre os 80 melhores genótipos em todos os métodos de seleção (Tabela 30), mostrando a grande potencialidade desse material, principalmente relacionado a resistência ao fungo *P. psidii* e ao crescimento em DAP, apresentando o maior volume médio de madeira entre os materiais genéticos (Tabela 31).

Esse fato sugere a possibilidade da utilização da hibridação do *E. grandis* com outras espécies compatíveis e na utilização de clones para o programa de melhoramento. Contudo, como essa constitui a primeira etapa do programa de melhoramento da espécie para madeira serrada, é necessário a manutenção da

variabilidade genética entre e dentro das progênies para que seja possível realizar a seleção e obter ganhos genéticos nas próximas etapas, o que não será conseguido com a utilização de clones nessa etapa.

A testemunha do Pomar de Sementes por Mudas (PSM) de *E. grandis* na EECF de Anhembi-SP (AN213) se apresentou como material genético entre os 80 melhores em três métodos de seleção, a seleção direta para número de galhos (NG), DAP e pelo método 7. O método 7 foi o único método que apresentou a testemunha IT059 da Área de Produção de Sementes (APS) de *E. grandis* na EECF de Itatinga-SP entre os 80 melhores materiais genéticos (Tabela 30).

Podemos observar que na população em estudo existem famílias de *E. grandis*, que são procedentes de Atherton, com comportamento superior para as variáveis avaliadas nesse teste de progênies em relação as duas testemunhas de sementes comerciais procedentes de Coff's Harbour, que é a procedência mais indicada para a região em estudo, mostrando a possibilidade de utilização de materiais genéticos de Atherton nessas regiões.

O método 4 apresentou semelhança entre as famílias selecionadas para GRI de 88,8%, para NG de 50% e para DAP de 70%. Para as famílias selecionadas pelo método 5, 86% foram as mesmas para GRI, 51,3% para NG e 71,3% para DAP. A maior semelhança entre as 80 famílias selecionadas por esses métodos com o GRI foi porque os coeficientes de ponderação dos índices de Smith e Hazel priorizaram essa variável em detrimento do NG e do DAP.

O método 6 apresentou 85% de paridade entre as famílias selecionadas para GRI, 52,5% para NG e 70% para DAP, apresentando valores similares aos métodos 4 e 5. O método 7 apresentou 52,5% de semelhança entre as famílias selecionadas para GRI, 66,3% para NG e 78,8% para DAP. A seleção por níveis independentes (método 8) foi a que mais apresentou equilíbrio entre as famílias selecionadas para cada variável individual, com 67,5% de semelhança entre as famílias selecionadas para GRI, 71,3% para NG e 68,8% para DAP.

Na Tabela 32 são apresentados os percentuais dos ganhos genéticos totais e as novas médias da população melhorada para as variáveis grau de infecção à ferrugem, número de galhos e DAP, com a seleção das 80 melhores famílias de *E. grandis* e dos 5 melhores indivíduos dentro das famílias no teste de progênies instalado em Anhembi-SP de acordo com cada método de seleção.

Tabela 32. Ganhos genéticos e novas médias da população melhorada com a seleção entre e dentro progênies de *E. grandis* para a formação do PSM de acordo com cada método de seleção.

Ganho genético (GS)		GRI		NG		DAP (cm)	
Métodos de Seleção	GS Total	Nova média	GS Total	Nova média	GS Total	Nova média	
Método 1	19,39%	3,60	0,75%	13,16	3,43%	9,37	
Método 2	2,55%	2,67	6,42%	10,17	1,42%	8,49	
Método 3	11,77%	3,13	1,83%	12,62	7,79%	11,46	
Método 4	19,47%	3,60	1,81%	12,50	3,73%	9,36	
Método 5	19,38%	3,59	2,21%	12,29	4,43%	9,73	
Método 6	19,17%	3,58	2,20%	12,24	4,34%	9,71	
Método 7	6,74%	2,91	3,88%	11,64	6,70%	10,99	
Método 8	13,88%	3,31	4,12%	11,58	5,83%	10,71	

FONTE: O autor (2016).

Na Tabela 33 são apresentadas as médias das três testemunhas utilizada como referencial no *ranking* dos materiais genéticos no teste de *E. grandis* instalado na EECF de Anhembi-SP para as variáveis grau de infecção à ferrugem, número de galhos e DAP.

Tabela 33. Médias para grau de infecção à ferrugem, número de galhos e DAP das três testemunhas utilizadas no teste de progênies de *E. grandis* instalado em Anhembi-SP.

Testemunhas	GRI	NG	DAP (cm)
IT059 – APS 2ª geração EECF – Itatinga-SP	2,57	13,84	8,03
AN213 – PSM 1ª geração EECF – Anhembi-SP	2,67	12,86	8,35
AEC144 – clone de <i>E. urophylla</i>	3,56	11,72	10,71

FONTE: O autor (2016).

Segundo Resende (2002a) a maneira mais fácil e rápida de obter ganhos genéticos sobre determinado caráter é através da seleção direta sobre este. Os resultados apresentados na Tabela 32 mostraram que os maiores ganhos genéticos totais para NG e DAP foram encontrados quando foi praticada a seleção direta sobre essas variáveis. Contudo para GRI valores próximos e maiores de ganhos genéticos totais foram encontrados pelos métodos 4, 5 e 6 quando comparados com a seleção direta para essa variável.

O maior progresso genético estimado pela seleção direta sobre cada variável foi para GRI de 19,39%. Esse fato ocorreu pela maior magnitude dos seus valores de herdabilidades para essa variável em relação as demais, onde segundo Falconer (1976) quanto maior o valor de herdabilidade maior é o progresso genético esperado com a seleção direta.

Resende (2005) comenta que quando os valores de correlação genética entre as variáveis são de fracas magnitudes a seleção indireta pode ser prejudicada, por proporcionar ganhos genéticos muito inferiores ao que poderia ser alcançado com a seleção direta, conforme ocorreu nesse estudo. O ganho genético calculado pela seleção indireta foi inferior aos ganhos calculados pelos métodos de seleção simultânea.

Na Tabela 32 é observado que a seleção indireta para NG e DAP, quando era praticada a seleção direta sobre a variável GRI, apresentaram os ganhos indiretos foram de 0,75% e 3,43% para NG e DAP, respectivamente, ficando muito abaixo do ganho obtido pela seleção direta para cada variável individual. Esse fato também foi observado quando praticada a seleção direta para NG e indireta para GRI e DAP.

Na Tabela 32 podemos observar que a seleção direta sobre cada variável (método 1, 2 e 3) obteve uma média da população melhorada superior em relação as três testemunhas comerciais utilizadas no teste de progênies (Tabela 33), mostrando o potencial do melhoramento na seleção nas progênies de *E. grandis*.

Dentre os índices combinados de seleção os valores de ganhos genéticos totais foram similares para o método 4 e 5 que são os índices de Smith e Hazel e o método 6 que é o índice de Pesek e Baker com pesos iguais para todas as variáveis. Os três métodos priorizaram a variável GRI, mesmo quando o peso estabelecido para essa variável era menor (método 5) se mostrando pouco flexíveis na distribuição igualitária dos ganhos genéticos.

Esse fato também foi relatado por Paula et al. (2002) com progênies de polinização aberta de *E. camaldulensis* e por Missio et al. (2004) com progênies de polinização aberta de *Pinus caribea* var. *bahamensis*, que trabalharam com a índices de seleção de Smith e Hazel, e como no presente trabalho esses índices não se mostraram eficientes para otimizar o ganho para todas as variáveis simultaneamente.

O método 7, que é o índice de Pesek e Baker que considera pesos diferenciados para as três variáveis, apresentou os maiores ganhos genéticos para NG (3,88%) e DAP (6,70%) entre os índices combinados de seleção. Para a variável

GRI o ganho genético obtido por esse método de seleção ficou muito abaixo do possível ganho genético obtido com a seleção direta e através dos métodos 4, 5 e 6, isso porque o coeficiente de ponderação desse índice foi negativo para GRI e pela fraca correlação com as demais variáveis não apresentou ganho genético satisfatório.

Segundo Berlin et al. (2010) a utilização dos índices no melhoramento florestal deve estar de acordo com os objetivos do programa de melhoramento, onde as características contempladas nos índices de seleção devem priorizar as variáveis de maior importância, como por exemplo, o volume da madeira para a produção de madeira serrada em *Pinus sylvestris* L.

Índices de seleção também foram usados no estudo de Cumbie et al. (2012) com 48 progênies de *Pinus taeda* L., os autores estimaram ganhos genéticos através de índices de seleção visando selecionar árvores com maior crescimento em volume e melhor forma do fuste para madeira serrada. Diferentemente desse estudo, os autores observaram que o índice de seleção baseado apenas em uma variável foi o que melhor otimizou o ganho genético para as várias características avaliadas por causa dos altos valores de correlação genética.

O método 8 foi o que melhor distribuiu os ganhos genéticos para as três variáveis simultaneamente, indicando que a seleção por níveis independentes pode ser vantajosa quando se estabelecem níveis de eliminação para cada variável, principalmente quando as correlações entre elas são fracas, apresentando ganho para grau de infecção à ferrugem de 13,88%, para número de galhos de 4,12% e para DAP de 5,83%.

Esses resultados mostram que os métodos de seleção simultânea de variáveis, principalmente por níveis independentes, foram mais vantajosos do que a seleção indireta, quando se pretende um material melhorado para diferentes características ao mesmo tempo.

Em relação as médias das testemunhas comerciais utilizadas no teste de progênies de *E. grandis* (Tabela 33), todos métodos de seleção de simultânea (método 4,5,6,7 e 8) apresentaram médias das populações melhoradas superiores as testemunhas seminais da APS da EECF de Itatinga-SP e do PSM da EECF de Anhembi-SP, indicando o grande potencial desses métodos na seleção genética em relação as testemunhas procedentes de Coff's Harbour.

Em relação ao clone comercial de *E. urophylla* (AEC144) os métodos 4, 5 e 6 apresentaram valores inferiores a essa testemunha para as variáveis NG e DAP e os

métodos 7 e 8 apresentaram médias inferiores a testemunha para a variável GRI. Isso indica que o clone, graças ao intenso melhoramento e silvicultura aplicados para sua utilização, ainda foi melhor em relação as famílias de *E. grandis* utilizadas nesse estudo.

Na Tabela 34 também foram calculados os percentuais dos ganhos genéticos e as novas médias para grau de infecção à ferrugem e o DAP para o teste de progênies de polinização aberta de *E. grandis* plantado em Itatinga-SP pela seleção das 80 melhores famílias em Anhembi-SP de acordo com cada método de seleção.

Tabela 34. Ganhos genéticos e novas médias da população melhorada com a seleção entre famílias de *E. grandis* para o teste de progênie plantado em Itatinga-SP de acordo com as famílias selecionadas do teste de progênies plantado em Anhembi-SP.

Método de Seleção	GRI		DAP (cm)	
	GS entre famílias	Nova média	GS entre famílias	Nova média
Método 1	15,33%	2,89	3,66%	9,14
Método 2	6,49%	2,65	2,31%	8,96
Método 3	10,74%	2,76	2,56%	9,00
Método 4	14,47%	2,87	3,18%	9,08
Método 5	14,09%	2,85	3,00%	9,06
Método 6	13,89%	2,85	2,81%	9,03
Método 7	7,91%	2,69	2,29%	8,96
Método 8	10,19%	2,75	2,67%	9,02

FONTE: O autor (2016).

Na Tabela 35 é apresentado as médias das testemunhas comerciais utilizadas no teste de progênies de *E. grandis* instalado na EECF de Itatinga-SP para as variáveis GRI e DAP.

Tabela 35. Médias para grau de infecção à ferrugem e DAP dos materiais genéticos utilizados como testemunhas no teste de progênies de *E. grandis* em Itatinga-SP.

Testemunhas	GRI	DAP (cm)
IT059 – APS 2ª geração EECF – Itatinga-SP	2,14	8,11
AN213 – PSM 1ª geração EECF – Anhembi-SP	2,17	9,02
AEC144 – clone de <i>E. urophylla</i>	3,76	12,16

FONTE: O autor (2016).

De acordo que com a Tabela 34 é possível observar que a seleção das 80 melhores famílias no teste de progênie de *E. grandis* instalado em Anhembi-SP para o teste de progênie de *E. grandis* instalado em Itatinga-SP proporcionou ganhos positivos para as variáveis GRI e DAP.

Para GRI o maior ganho genético foi obtido pela seleção direta sobre essa variável, assim como no teste de progênie em Anhembi-SP. Ganhos próximos à seleção direta para grau de infecção foram obtidos utilizando os índices combinados de seleção de Smith e Hazel (métodos 4 e 5) e o índice de Pesek e Baker (método 6). Baixo ganho genético foi obtido pelo método 7, como também ocorreu no teste de progênie instalado em Anhembi-SP (Tabela 32). Isso indica que as melhores famílias selecionadas para GRI em Anhembi-SP foram necessariamente as melhores famílias em Itatinga-SP.

Para o DAP, apesar dos ganhos positivos com a seleção das melhores famílias para todos os métodos, a seleção direta para essa variável no teste de progênie de *E. grandis* em Anhembi-SP não proporcionou o maior ganho genético no teste de progênie de *E. grandis* plantado em Itatinga-SP. Isso indica que existem algumas famílias que foram melhores em um local, mas intermediárias ou inferiores em outro, o que diminuiu o ganho genético de um ambiente quando à seleção era praticada em outro ambiente (Vencovsky e Barriga, 1992).

O melhor ganho genético para o DAP foi obtido pelo método 1, superando até a seleção direta (método 3), pois a magnitude da correlação genética entre o GRI e o DAP foi maior em Itatinga-SP de 0,63 (Tabela 25) do que em Anhembi-SP. Diferentemente do que ocorreu para o teste de progênie de *E. grandis* plantado em Anhembi-SP para a variável DAP, a seleção das melhores famílias baseada no método 7 foi a que proporcionou os menores ganhos genéticos no teste de progênie plantado em Itatinga-SP.

Em relação as médias das testemunhas comerciais (Tabela 35), para a variável GRI todas as novas médias de todos os métodos de seleção foram superiores em relação as testemunhas seminais da APS da EECF de Itatinga-SP e do PSM da EECF de Anhembi-SP. Para o DAP todos os métodos de seleção apresentaram médias superiores ao material seminal da APS da EECF de Itatinga-SP, contudo os métodos 2,3 e 7 foram inferiores em relação à média da população melhorada quando comparado com o material do PSM da EECF de Anhembi-SP.

Para a seleção visando maior resistência à doença ferrugem do eucalipto e maior crescimento, todos os métodos de seleção foram inferiores ao clone de *E. urophylla* (AEC144) mostrando o maior potencial desse material em relação as famílias selecionadas nessa primeira etapa do programa de melhoramento.

A transformação do Teste de Progênies em Pomar de Sementes por Mudas atribuirá o nível de melhoramento das sementes produzidas a categoria qualificada (Brasil, 2011). O Pomar de Sementes por Mudas será estabelecido com os indivíduos selecionados, com desbaste dos indivíduos não selecionados e isolamento contra pólen externo (Brasil, 2004). Esse isolamento deve ser feito com espécies não compatíveis e a uma distância mínima de 250 metros de plantações com a espécie em questão (Jones et al., 2008).

4.5.3 Estimativas de ganhos genéticos para Pomar Clonal de Sementes

Na implantação de um Pomar Clonal de Sementes (PCS) utilizando a seleção 50 melhores famílias e o melhor indivíduo dentro de cada família, a produção de sementes de *E. grandis* as duas regiões de estudo, Anhembi-SP e Itatinga-SP.

A implantação do Pomar Clonal reduzirá o tamanho efetivo para 50, considerado adequado segundo Resende e Bertolucci (1995), contudo maiores ganhos genéticos são esperados pela maior intensidade de seleção entre e dentro famílias (Oda et al., 1989). Os percentuais de ganhos genéticos totais e as novas médias da população melhorada para a implantação dos PCS estão apresentados na Tabela 36.

Tabela 36. Ganhos genéticos e nova média da população melhorada de acordo com cada método de seleção para a formação de um PCS em Anhembi-SP de acordo com cada método de seleção.

Métodos de seleção	GRI		NG		DAP (cm)	
	GS	Nova média	GS	Nova média	GS	Nova média
Método 1	27,94%	3,98	0,81%	13,3	2,72%	8,52
Método 2	2,69%	2,70	9,44%	8,42	1,99%	8,47
Método 3	11,46%	3,12	2,17%	12,38	10,91%	13,07
Método 4	26,14%	3,98	2,42%	12,08	3,40%	8,92
Método 5	26,40%	3,98	3,05%	11,60	4,59%	9,73
Método 6	25,14%	3,96	3,33%	11,24	4,55%	9,71
Método 7	5,76%	2,88	6,59%	10,24	9,32%	12,38
Método 8	18,76%	3,60	6,72%	9,86	7,23%	11,41

FONTE: O autor (2016).

De acordo com a Tabela 36 podemos observar que o comportamento da estimativa do ganho genético seguiu de maneira semelhante ao que foi estimado para a estratégia do PSM onde nenhum método de seleção foi tão eficiente quanto a seleção direta sobre cada variável.

Para GRI, os métodos 4, 5 e 6, que são os índices combinados de Smith e Hazel e o índice combinado de Pesek e Baker com pesos iguais para as três variáveis, proporcionaram ganhos genéticos muito próximos a seleção direta, e o método 2 e 7 foram os que mais penalizaram o ganho genético para GRI, onde a nova média para essa variável ficou abaixo de 3.

O método 7 foi o que obteve maior ganho genético para NG dentre os índices combinados de seleção. Na Tabela 36 os métodos de seleção simultânea foram muito mais eficientes na seleção para NG do que a seleção indireta, isso também foi relatado para as demais variáveis. Os níveis independentes de seleção (método 8) estimaram maiores ganhos genéticos para NG indicando ser uma estratégia promissora para seleção dessa variável.

Para o DAP o método 7, que é o índice de Pesek e Baker que apresenta pesos diferenciados para as três variáveis apresentou, entre os índices combinados de seleção, a maior estimativa do ganho para DAP e segunda melhor entre os métodos de seleção propostos.

Na Tabela 36 podemos observar que a seleção por níveis independentes (método 8) foi a que proporcionou a melhor otimização do ganho genético para as três

variáveis simultaneamente, pois foi o melhor para NG, terceira melhor para DAP, com ganhos genéticos de 6,72% e 7,23% respectivamente, e apresentou bom ganho genético para GRI de 18,76% elevando à média da população melhorada para a nota média de 3,60.

Para as testemunhas comerciais utilizadas no teste de progênes de *E. grandis* em Anhembi-SP (Tabela 33), podemos observar que, em relação à média da população melhorada, todos os métodos de seleção foram superiores a testemunha seminal da APS da EECF de Itatinga-SP e do PSM da EECF de Anhembi-SP para todas as variáveis.

O clone de *E. urophylla* (AEC144) foi superior em relação à média para população melhorada no método 7 para o GRI, no método 4 para o NG e nos métodos 4,5 e 6 para o DAP. Isso indica que dentre os métodos de seleção simultânea os níveis independentes foi o único que proporcionou médias da população melhorada superiores em relação a todas as testemunhas para as três variáveis.

Através do método de seleção 8 poderia ser possível implantar um Pomar Clonal de Sementes que produza sementes em um bom nível de melhoramento genético para menor grau de infecção à ferrugem, menor número de galhos e maior DAP. Esse mesmo método também foi o que melhor otimizou o ganho genético para a formação do Pomar de Sementes por Mudanças.

A criação do Pomar Clonal de Sementes também atribuirá o nível de melhoramento das sementes na categoria qualificada (Brasil, 2011). O Pomar Clonal de Sementes será estabelecido por meio da propagação vegetativa dos indivíduos superiores e isolamento contra pólen externo (Brasil, 2004).

A técnica de propagação utilizada será a enxertia. A razão da utilização da enxertia consiste em manter as características genéticas da planta que se quer multiplicar, floração e frutificação precoce, e com técnicas silviculturais adequadas apresenta melhor trabalhabilidade no manejo da polinização (Xavier et al., 2009). O Pomar Clonal de Sementes deve ser plantado no local mais produtivo da área e onde a possibilidade de cruzamento entre as árvores aparentadas seja mínima (Mori et al., 1988).

4.5.4 Eficiência da seleção indireta entre famílias

Na Tabela 37 são apresentadas as eficiências da seleção indireta entre famílias com a seleção direta sobre as variáveis grau de infecção à ferrugem (GRI), número de galhos (NG), DAP e utilizando os índices combinados de seleção sob as demais variáveis avaliadas no teste de progênies de *E. grandis* instalado em Anhembi-SP. Para a seleção em níveis independentes não é possível calcular a eficiência da seleção indireta, pois como não há geração de uma nova variável, como nos índices combinados de seleção, não é possível o cálculo da correlação genética.

Tabela 37. Eficiência da seleção indireta e por índices combinados de seleção para as variáveis avaliadas no teste de progênie de *E. grandis* plantado na EECF de Anhembi-SP.

Métodos de seleção	Eficiências da seleção entre famílias							
	GRI	NG	DAP	DG	SOB	ALT	TORT	BIF
Método 1	1	0,09	0,61	0,18	0,63	0,70	0,56	0,79
Método 2	0,07	1	0,36	0,37	0,29	0,31	0,46	0,09
Método 3	0,40	0,31	1	-0,03	0,28	0,90	0,59	0,59
Método 4	0,97	0,12	0,66	0,17	0,71	0,73	0,52	0,81
Método 5	0,96	0,22	0,72	0,14	0,75	0,79	0,55	0,82
Método 6	0,96	0,24	0,73	0,12	0,75	0,80	0,55	0,82
Método 7	0,13	0,61	0,79	-0,22	0,71	0,66	0,44	0,36

GRI = grau de infecção à ferrugem; NG = número de galhos; DAP= diâmetro à altura do peito (cm); DG = diâmetro de galhos (cm); SOB = sobrevivência (%); ALT = Altura total (m); TORT = tortuosidade; BIF= bifurcação.

FONTE: O autor (2016).

De acordo com a Tabela 37 observa-se altas magnitudes de eficiências da seleção indireta pelos métodos 4, 5 e 6 para as variáveis GRI, BIF e SOB. O método 7 apresentou alta magnitude de eficiência para a seleção entre famílias apenas para o DAP, e moderada para NG, SOB e ALT.

Os índices combinados de Smith e Hazel (método 4 e 5), e o índice combinado de Pesek e Baker (método 6), foram muito eficientes na seleção para GRI, chegando a eficiências próximas a unidade, ou seja, bons ganhos serão obtidos utilizando esses índices combinados de seleção para essa variável. Segundo Falconer (1976) esse fato ocorre quando a herdabilidade da variável utilizada como auxiliar é maior que a herdabilidade da variável principal e se a correlação entre as variáveis for positiva e alta a seleção indireta ou por índices de seleção pode trazer maiores ganhos genéticos do que a seleção direta.

Isso também ocorreu com a ALT e a seleção direta sobre o DAP, pois essas variáveis apresentaram correlação genética positiva e forte. Esse fato também foi relatado nos trabalhos de Vargas-Reeve et al. (2013) com *E. cladocalyx* no Chile e Nieto et al. (2016) com *E. pellita* na Colômbia.

A seleção direta para NG não foi eficiente para a seleção indireta sobre nenhuma variável, onde quase todos os valores foram baixos por causa das fracas correlações genéticas entre as variáveis, isso também foi relatado para a seleção indireta para DG.

O método de seleção que se apresentou mais eficiente na seleção indireta para as variáveis foi o método 6, onde a maioria das eficiências foram fortes e todas positivas. Conforme no trabalho de Missio et al. (2004) os índices se mostraram mais promissores na seleção simultânea das características e distribuíram os ganhos genéticos de forma mais equilibrada que a seleção direta e indireta.

Contudo, pelas correlações nulas e fracas entre a maioria das variáveis o estabelecimento de níveis de eliminação (método 8) na seleção para crescimento, de forma indireta para qualidade da madeira e menor grau de infecção à ferrugem foi uma alternativa mais promissora em relação aos ganhos genéticos e a comparação com as testemunhas comerciais, para a transformação do teste de progênie de *E. grandis* de Anhembi-SP em um Pomar de Sementes por Mudas e para formação de um Pomar Clonal de Sementes, visando a obtenção de sementes melhoradas para as três principais variáveis avaliadas nessa primeira etapa do programa de melhoramento com a espécie.

4.6 Conclusões

Na seleção entre famílias de *E. grandis* em Itatinga-SP, e entre e dentro famílias de *E. grandis* em Anhembi-SP para a formação dos Pomares de Sementes, os materiais genéticos selecionados pela seleção direta, índices combinados de seleção e níveis independentes foram superiores em relação as testemunhas seminais de Coff's Harbour, indicando existir melhores materiais genéticos procedentes de Atherton.

O clone de *E. urophylla* foi superior para todas as variáveis em relação a maioria dos métodos dos índices combinados de seleção no teste de progênies de *E. grandis* em Anhembi-SP e Itatinga-SP, contudo a seleção por níveis independentes seleciona famílias e indivíduos superiores em relação ao clone, indicando que nessa primeira etapa do programa de melhoramento esse método será mais promissor.

A seleção indireta proporciona pior otimização do ganho genético do que os índices combinados de seleção e níveis independentes para o Pomar de Sementes por Muda e Pomar Clonal de Sementes, pois as correlações estimadas entre grau de infecção à ferrugem, número de galhos e DAP são de fraca magnitude ($<0,50$).

A seleção por níveis independentes deve ser indicada para a formação do Pomar de Sementes por Mudas e do Pomar Clonal de Sementes pois é mais eficiente na otimização dos ganhos genéticos, quando comparado aos índices combinados de seleção, na produção de sementes melhoradas para menor grau de infecção à ferrugem, menor número de galhos e maior DAP.

Após a recombinação das famílias selecionadas no teste de progênies de *E. grandis* recomenda-se instalar um novo teste de progênies, visando avaliar também outras variáveis para a segunda etapa do programa de melhoramento da espécie para produção de madeira serrada.

Referências

- BAUDOUIN, L. et al. Recurrent selection of tropical tree crops. **Euphytica**, v. 96, n. 1, p. 101-114, 1997. ISSN 0014-2336.
- BERLIN, M. et al. Developing a Scots Pine Breeding Objective: a Case Study Involving a Swedish Sawmill. **Silva Fennica**, v. 44, n. 4, p. 643-656, 2010. ISSN 0037-5330.
- BRASIL. **Decreto-Lei n. 5.153**. BRASIL, D. O. D. R. F. D. Brasília 2004.
- _____. **Instrução Normativa nº56**. BRASIL, D. O. D. R. F. D. Brasília 2011.

- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: 2004. 480.
- CUMBIE, W. P.; ISIK, F.; MCKEAND, S. E. Genetic Improvement of Sawtimber Potential in Loblolly Pine. **Forest Science**, v. 58, n. 2, p. 168-177, Apr 2012. ISSN 0015-749X.
- FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. New York: Ed. Roland Press, 1976. 365.
- GONCALVES, J. L. D. et al. Integrating genetic and silvicultural strategies to minimize abiotic and biotic constraints in Brazilian eucalypt plantations. **Forest Ecology and Management**, v. 301, p. 6-27, Aug 2013. ISSN 0378-1127.
- HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v. 28, n. 6, p. 476-490, Nov 1943. ISSN 0016-6731. Disponível em: < <Go to ISI>://WOS:000201545300002 >.
- HILLIS, W. E.; BROWN, A. G. **Eucalyptus for wood production**. Sydney (Australia): 1984. 434.
- JONES, M. E. et al. Pollen flow in Eucalyptus grandis determined by paternity analysis using microsatellite markers. **Tree Genetics & Genomes**, v. 4, n. 1, p. 37-47, Jan 2008. ISSN 1614-2942. Disponível em: < <Go to ISI>://WOS:000251696000004 >.
- MISSIO, R. F. et al. Seleção simultânea de caracteres em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var. *bahamensis* **Scientia Forestalis**, n. 66, p. 161-168, 2004.
- MORI, E. S. et al. **Pomares de sementes florestais**. Piracicaba: IPEF, 1988. 1-27.
- NIETO, V. et al. Effects of provenance and genetic variation on the growth and stem formation of *Eucalyptus pellita* in Colombia Effects of provenance and genetic variation on the growth and stem formation of *Eucalyptus pellita* in Colombia. **Journal of Tropical Forest Science**, v. 28, n. 3, p. 227-234, 2016. ISSN 0128-1283.
- ODA, S.; MENCK, A. L. M.; VENCOSKY, R. Problemas no melhoramento genético clássico do eucalipto em função da alta intensidade de seleção. **IPEF: Instituto de pesquisas e Estudos Florestais**, n. 41-42, p. 8-17, 1989.
- PAULA, R. C. et al. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 2, p. 159-165, 2002.
- PESEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selection indices. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 49, n. 6, p. 803-+, 1969. ISSN 0008-4220. Disponível em: < <Go to ISI>://WOS:A1969E624700022 >.

- RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002a.
- _____. **Software SELEGEN-REML/BLUP**. Colombo: Embrapa Florestas - Documentos, 2002b.
- _____. Melhoramento de essências florestais. In: BOREM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Editora UFV, 2005. p.717-780.
- RESENDE, M. D. V.; BERTOLUCCI, F. L. G. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis* IUFRO - Eucalypt Plantations: Improving fibre yield and quality, 1995, Hobart. p.167-170.
- SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, v. 7, p. 240-250, Nov 1936. Disponível em: < <Go to ISI>://WOS:000200604400005 >.
- SMITH, O. S.; HALLAUER, A. R.; RUSSELL, W. A. Use of index selection in recurrent selection programs in maize. **Euphytica**, v. 30, n. 3, p. 611-618, 1981. ISSN 0014-2336.
- VARGAS-REEVE, F. et al. Heritability of stem straightness and genetic correlations in *Eucalyptus cladocalyx* in the semi-arid region of Chile. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 13, n. 2, p. 107-112, Jul 2013. ISSN 1984-7033. Disponível em: < <Go to ISI>://WOS:000323499500002 >.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992.
- VILLANUEVA, B.; WOOLLIAMS, J. A. Optimization of breeding programmes under index selection and constrained inbreeding. **Genetical Research**, v. 69, n. 2, p. 145-158, Apr 1997. ISSN 0016-6723. Disponível em: < <Go to ISI>://WOS:A1997XP33900008 >.
- VOLKER, P. W.; DEAN, C. A.; TIBBITS, W. N.; RAVENWOOD, I. C. Genetic parameters and gains expected from selection in *Eucalyptus globulus* in Tasmania. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 39, n. 1, p. 18-28, 1990.
- XAVIER, A.; WENDLING, I.; SILVA, R. L. **Silvicultura Clonal: princípios e técnicas**. Viçosa: 2009. 272.

ANEXOS

Tabela 38. Percentagem de sobrevivência das famílias do teste de progênies de *E. grandis* instalados em Itatinga-SP e Anhembi-SP nas diferentes idades de plantio. (continua)

Famílias	Sobrevivência (%)					
	Itatinga			Anhembi		
	11 meses	16 meses	22 meses	9 meses	14 meses	20 meses
1	80,0	66,7	40,0	96,6	93,1	86,2
4	93,3	93,3	60,0	100,0	100,0	82,8
5	93,3	93,3	86,7	96,6	96,6	75,9
6	96,7	96,7	86,7	100,0	96,6	79,3
7	90,0	86,7	70,0	93,1	89,7	79,3
8	73,3	73,3	36,7	96,6	93,1	65,5
9	100,0	100,0	96,7	100,0	96,6	82,8
10	86,7	83,3	80,0	93,1	89,7	79,3
11	90,0	90,0	90,0	96,6	96,6	86,2
12	96,7	96,7	90,0	93,1	89,7	82,8
13	100,0	100,0	86,7	89,7	89,7	86,2
14	100,0	100,0	76,7	100,0	96,6	72,4
16	100,0	100,0	86,7	100,0	96,6	93,1
17	93,3	93,3	90,0	96,6	96,6	86,2
18	100,0	100,0	83,3	100,0	96,6	82,8
19	96,7	96,7	80,0	100,0	96,6	79,3
20	100,0	93,3	93,3	96,6	96,6	86,2
21	93,3	93,3	63,3	96,6	96,6	69,0
23	96,7	96,7	46,7	96,6	89,7	75,9
24	100,0	100,0	93,3	100,0	93,1	72,4
25	100,0	100,0	80,0	96,6	93,1	79,3
26	100,0	96,7	93,3	100,0	96,6	79,3
27	100,0	100,0	93,3	93,1	89,7	79,3
28	100,0	100,0	93,3	96,6	93,1	82,8
29	96,7	96,7	90,0	100,0	96,6	86,2
30	100,0	93,3	66,7	96,6	86,2	65,5
31	100,0	100,0	93,3	93,1	89,7	62,1
32	100,0	93,3	63,3	96,6	86,2	69,0
33	100,0	100,0	100,0	96,6	93,1	86,2
34	100,0	96,7	76,7	100,0	96,6	86,2
35	100,0	100,0	100,0	96,6	89,7	89,7
36	100,0	100,0	96,7	96,6	96,6	86,2
37	100,0	100,0	100,0	100,0	96,6	86,2
38	96,7	96,7	70,0	100,0	100,0	79,3
39	103,3	103,3	83,3	96,6	93,1	79,3
40	100,0	100,0	83,3	100,0	100,0	75,9
41	96,7	96,7	90,0	96,6	93,1	82,8
42	86,7	86,7	73,3	93,1	93,1	82,8

Tabela 38. Percentagem de sobrevivência das famílias do teste de progênies de *E. grandis* instalados em Itatinga-SP e Anhembi-SP nas diferentes idades de plantio. (continuação)

Famílias	Sobrevivência (%)					
	Itatinga			Anhembi		
	11 meses	16 meses	22 meses	9 meses	14 meses	20 meses
43	100,0	100,0	80,0	100,0	100,0	93,1
44	96,7	93,3	80,0	93,1	93,1	86,2
45	96,7	96,7	90,0	93,1	89,7	82,8
46	100,0	100,0	93,3	100,0	100,0	93,1
47	90,0	90,0	90,0	100,0	100,0	82,8
48	90,0	86,7	73,3	100,0	96,6	79,3
49	100,0	96,7	90,0	96,6	93,1	82,8
50	96,7	96,7	96,7	100,0	96,6	82,8
51	96,7	96,7	90,0	96,6	89,7	72,4
52	96,7	96,7	83,3	93,1	89,7	72,4
53	100,0	100,0	86,7	100,0	93,1	86,2
54	93,3	93,3	90,0	93,1	93,1	89,7
55	93,3	90,0	70,0	96,6	89,7	79,3
56	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0
57	100,0	100,0	80,0	89,7	89,7	69,0
58	90,0	90,0	70,0	100,0	96,6	79,3
59	100,0	100,0	93,3	96,6	82,8	75,9
60	93,3	90,0	46,7	89,7	82,8	65,5
61	100,0	93,3	76,7	100,0	89,7	82,8
62	96,7	96,7	70,0	93,1	89,7	72,4
63	103,3	100,0	76,7	93,1	93,1	79,3
64	90,0	90,0	83,3	93,1	86,2	75,9
65	100,0	100,0	80,0	100,0	82,8	48,3
66	100,0	100,0	96,7	93,1	93,1	82,8
67	96,7	96,7	93,3	103,4	103,4	93,1
68	100,0	96,7	70,0	89,7	86,2	69,0
69	90,0	90,0	73,3	96,6	89,7	72,4
70	96,7	96,7	90,0	100,0	100,0	82,8
71	100,0	100,0	96,7	96,6	96,6	89,7
72	100,0	100,0	73,3	100,0	100,0	89,7
73	100,0	100,0	80,0	96,6	93,1	89,7
74	100,0	100,0	96,7	100,0	96,6	82,8
75	93,3	93,3	90,0	103,4	96,6	75,9
76	86,7	83,3	60,0	89,7	89,7	75,9
77	93,3	93,3	90,0	100,0	100,0	82,8
78	93,3	83,3	76,7	96,6	96,6	82,8
79	100,0	100,0	86,7	93,1	89,7	82,8
80	90,0	83,3	46,7	100,0	100,0	86,2
81	96,7	96,7	83,3	96,6	96,6	93,1
82	100,0	100,0	80,0	100,0	96,6	86,2

Tabela 38. Percentagem de sobrevivência das famílias do teste de progênies de *E. grandis* instalados em Itatinga-SP e Anhembi-SP nas diferentes idades de plantio. (continuação)

Famílias	Sobrevivência (%)					
	Itatinga			Anhembi		
	11 meses	16 meses	22 meses	9 meses	14 meses	20 meses
83	100,0	100,0	80,0	96,6	96,6	79,3
84	93,3	93,3	90,0	96,6	96,6	86,2
85	103,3	100,0	93,3	100,0	100,0	93,1
86	100,0	100,0	93,3	100,0	86,2	69,0
87	100,0	100,0	100,0	96,6	93,1	89,7
88	100,0	100,0	73,3	100,0	100,0	82,8
89	100,0	100,0	73,3	96,6	96,6	82,8
90	96,7	96,7	96,7	96,6	93,1	82,8
91	93,3	93,3	66,7	96,6	89,7	75,9
92	96,7	96,7	80,0	93,1	89,7	69,0
93	96,7	96,7	90,0	96,6	93,1	69,0
94	96,7	93,3	70,0	100,0	100,0	69,0
95	86,7	86,7	73,3	103,4	100,0	79,3
96	100,0	100,0	93,3	93,1	93,1	82,8
97	90,0	90,0	60,0	93,1	89,7	58,6
98	86,7	80,0	56,7	96,6	96,6	82,8
99	93,3	90,0	86,7	100,0	96,6	79,3
100	100,0	100,0	66,7	103,4	103,4	93,1
101	103,3	103,3	83,3	100,0	100,0	100,0
102	100,0	100,0	100,0	86,2	86,2	86,2
103	100,0	100,0	93,3	100,0	100,0	86,2
104	90,0	90,0	83,3	100,0	100,0	75,9
105	100,0	100,0	100,0	103,4	96,6	82,8
106	90,0	90,0	83,3	89,7	79,3	75,9
107	100,0	100,0	100,0	103,4	100,0	93,1
108	100,0	100,0	73,3	100,0	96,6	79,3
109	100,0	100,0	90,0	96,6	96,6	96,6
110	96,7	96,7	63,3	100,0	93,1	62,1
111	90,0	90,0	63,3	93,1	89,7	79,3
112	100,0	100,0	93,3	100,0	96,6	93,1
113	103,3	103,3	103,3	96,6	96,6	86,2
114	96,7	96,7	93,3	93,1	93,1	82,8
115	96,7	96,7	83,3	93,1	89,7	86,2
116	83,3	76,7	63,3	96,6	93,1	79,3
117	93,3	93,3	90,0	100,0	96,6	89,7
118	96,7	90,0	80,0	96,6	93,1	75,9
119	96,7	96,7	96,7	103,4	100,0	96,6
120	100,0	100,0	90,0	96,6	93,1	82,8
121	93,3	93,3	73,3	103,4	103,4	86,2
122	100,0	100,0	76,7	100,0	96,6	86,2

Tabela 38. Percentagem de sobrevivência das famílias do teste de progênies de *E. grandis* instalados em Itatinga-SP e Anhembi-SP nas diferentes idades de plantio. (continuação)

Famílias	Sobrevivência (%)					
	Itatinga			Anhembi		
	11 meses	16 meses	22 meses	9 meses	14 meses	20 meses
123	100,0	100,0	90,0	93,1	93,1	89,7
124	93,3	93,3	76,7	100,0	89,7	75,9
125	100,0	100,0	86,7	96,6	96,6	89,7
126	93,3	90,0	83,3	96,6	93,1	86,2
127	100,0	100,0	93,3	100,0	100,0	86,2
128	100,0	100,0	100,0	93,1	89,7	75,9
129	100,0	100,0	86,7	100,0	100,0	89,7
130	100,0	100,0	100,0	96,6	93,1	86,2
131	96,7	93,3	80,0	93,1	89,7	75,9
132	93,3	93,3	93,3	100,0	100,0	82,8
133	96,7	96,7	93,3	100,0	100,0	86,2
134	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	86,2
135	100,0	100,0	83,3	93,1	86,2	69,0
136	100,0	96,7	83,3	100,0	86,2	82,8
137	93,3	93,3	76,7	96,6	96,6	89,7
138	100,0	100,0	96,7	96,6	93,1	72,4
139	93,3	93,3	73,3	96,6	89,7	79,3
140	83,3	83,3	73,3	96,6	96,6	89,7
141	96,7	96,7	90,0	100,0	100,0	86,2
142	100,0	96,7	96,7	100,0	96,6	86,2
143	96,7	96,7	90,0	96,6	93,1	75,9
144	103,3	100,0	66,7	96,6	93,1	65,5
145	100,0	100,0	76,7	93,1	79,3	51,7
146	96,7	96,7	90,0	100,0	96,6	86,2
147	100,0	100,0	93,3	96,6	93,1	86,2
148	100,0	100,0	83,3	96,6	93,1	72,4
149	103,3	103,3	103,3	100,0	100,0	93,1
150	96,7	96,7	73,3	93,1	89,7	65,5
151	93,3	86,7	60,0	100,0	100,0	89,7
152	100,0	100,0	83,3	100,0	96,6	79,3
153	90,0	90,0	90,0	100,0	93,1	75,9
155	90,0	90,0	80,0	96,6	96,6	86,2
156	100,0	100,0	86,7	100,0	96,6	72,4
157	93,3	90,0	73,3	86,2	86,2	58,6
158	100,0	100,0	86,7	96,6	96,6	89,7
159	96,7	96,7	96,7	96,6	96,6	82,8
160	83,3	83,3	80,0	82,8	82,8	69,0
161	100,0	100,0	93,3	96,6	96,6	96,6
163	76,7	76,7	66,7	89,7	89,7	75,9
165	100,0	100,0	100,0	100,0	96,6	82,8

Tabela 38. Percentagem de sobrevivência das famílias do teste de progênies de *E. grandis* instalados em Itatinga-SP e Anhembi-SP nas diferentes idades de plantio. (conclusão)

Famílias	Sobrevivência (%)					
	Itatinga			Anhembi		
	11 meses	16 meses	22 meses	9 meses	14 meses	20 meses
167	100,0	100,0	83,3	89,7	89,7	82,8
168	86,7	86,7	86,7	96,6	96,6	93,1
169	96,7	96,7	96,7	93,1	82,8	69,0
170	93,3	90,0	70,0	89,7	86,2	69,0
171	100,0	96,7	73,3	93,1	93,1	75,9
172	100,0	100,0	93,3	96,6	93,1	82,8
173	100,0	96,7	86,7	100,0	96,6	79,3
175	93,3	93,3	80,0	89,7	89,7	75,9
176	90,0	86,7	76,7	100,0	100,0	86,2
177	96,7	96,7	86,7	96,6	93,1	93,1
178	100,0	100,0	96,7	100,0	100,0	93,1
179	100,0	100,0	90,0	100,0	93,1	82,8
180	100,0	100,0	93,3	96,6	89,7	89,7
181	96,7	96,7	90,0	100,0	100,0	89,7
182	96,7	93,3	70,0	96,6	93,1	82,8
183	86,7	86,7	63,3	89,7	89,7	79,3
184	100,0	96,7	80,0	100,0	96,6	72,4
185	90,0	90,0	83,3	100,0	93,1	82,8
Média geral	96,7	95,8	83,2	97,3	94,4	81,4

FONTE: O autor (2016).

Tabela 39. Altura média e desvio padrão das famílias de *E. grandis* avaliadas nos testes de progênies de Itatinga-SP e Anhembi-SP nas diferentes idades de plantio. (continua)

Famílias	Altura (m)											
	Itatinga						Anhembi					
	11 meses		16 meses		22 meses		9 meses		14 meses		20 meses	
	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s
1	3,93	1,52	6,54	2,58	11,82	2,19	4,34	1,30	6,68	2,37	10,96	4,08
4	3,84	0,71	6,11	1,52	8,69	2,46	4,57	0,79	6,30	1,86	9,76	2,86
5	4,15	1,07	6,85	2,00	9,20	3,71	4,69	1,12	6,74	2,35	11,51	4,12
6	4,43	1,15	7,26	1,99	10,29	2,80	4,65	1,05	7,07	2,06	11,48	3,46
7	4,01	1,52	6,18	2,24	8,94	3,38	4,43	1,25	6,37	2,33	9,63	3,96
8	3,39	1,12	5,28	2,45	9,34	2,81	4,19	1,03	6,03	2,59	10,57	3,65
9	5,57	1,10	8,79	1,83	12,13	2,62	4,92	0,83	7,89	1,57	12,61	3,35
10	4,82	1,42	8,16	1,99	11,37	3,12	4,52	1,17	7,67	2,00	12,09	4,26
11	5,39	1,46	8,57	2,60	11,44	3,73	4,68	0,79	7,93	1,52	12,45	2,67
12	5,10	1,48	7,90	2,32	11,51	2,87	4,59	0,90	7,03	1,97	10,71	4,00
13	5,15	1,42	8,15	2,48	11,98	2,81	4,95	0,86	8,08	2,11	12,34	4,06
14	4,01	1,49	6,52	2,68	10,66	3,45	4,43	1,22	6,43	2,36	11,84	3,88
16	5,41	1,52	8,77	2,74	12,41	3,25	4,79	1,19	7,10	2,05	11,19	4,19
17	5,69	1,18	9,29	1,76	12,68	2,48	4,56	0,78	7,22	1,50	12,28	2,37
18	4,41	1,48	7,01	2,62	10,23	3,59	4,14	0,87	6,53	2,10	10,64	3,40
19	4,06	1,30	6,91	2,36	10,87	2,91	3,92	1,15	6,08	2,20	10,44	3,52
20	5,54	1,68	8,97	2,86	11,85	3,81	4,80	1,08	8,00	2,13	12,67	3,84
21	4,03	1,40	6,15	2,69	10,04	3,19	4,37	0,95	6,40	2,37	10,38	3,69
23	3,56	1,41	5,31	2,65	10,31	2,73	4,44	0,89	6,62	2,02	10,58	2,72
24	4,85	1,31	8,21	2,13	11,19	2,99	4,50	0,90	6,92	2,09	11,40	3,50

Tabela 39. Altura média e desvio padrão das famílias de *E. grandis* avaliadas nos testes de progênies de Itatinga-SP e Anhembi-SP nas diferentes idades de plantio.
(continuação)

Famílias	Altura (m)											
	Itatinga						Anhembi					
	11 meses		16 meses		22 meses		9 meses		14 meses		20 meses	
	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s
25	4,84	1,00	8,17	2,48	12,48	2,50	4,42	0,87	7,00	1,98	10,50	3,29
26	5,63	1,32	9,06	1,81	12,69	2,35	4,79	0,88	7,44	1,95	12,33	3,16
27	6,13	1,07	9,65	1,91	13,59	2,04	4,83	0,98	7,71	1,42	11,63	3,48
28	5,84	1,06	9,22	2,24	12,98	2,09	4,95	1,11	7,60	1,79	12,34	3,45
29	5,85	0,98	8,45	1,77	12,17	1,83	4,73	0,84	7,40	1,92	12,08	3,14
30	4,31	1,21	7,11	2,06	11,49	2,53	4,54	0,96	6,80	2,04	9,92	3,39
31	5,25	1,33	8,57	2,12	12,26	2,12	4,44	1,05	6,28	2,15	9,62	3,44
32	3,73	1,02	6,14	2,22	10,28	2,92	4,03	1,09	6,00	2,26	9,67	4,33
33	5,98	1,40	9,49	1,88	12,65	3,07	5,00	0,99	8,06	1,82	12,42	3,42
34	4,40	1,24	6,98	2,03	10,42	2,73	4,01	1,25	6,19	2,16	9,64	3,50
35	5,82	0,99	9,29	1,60	12,55	2,63	4,74	0,97	7,78	1,34	12,35	2,05
36	5,79	0,99	8,78	1,97	11,70	2,46	4,85	0,79	7,66	1,46	10,98	2,35
37	5,36	0,94	8,04	1,86	11,16	2,67	4,68	1,14	7,54	2,02	11,65	2,46
38	4,14	1,42	6,64	2,55	10,59	3,75	4,57	1,03	6,60	2,02	11,17	3,64
39	4,55	1,61	7,18	2,95	10,70	4,05	4,59	1,07	6,47	2,02	10,55	3,69
40	4,59	1,30	7,16	2,70	10,53	3,46	4,09	1,25	5,67	2,49	9,61	3,95
41	5,07	1,38	8,38	1,89	11,91	2,38	4,47	1,20	6,92	2,48	11,49	4,02
42	4,60	1,48	7,35	2,42	10,51	2,57	4,75	1,06	7,16	1,99	11,14	3,99
43	4,19	1,43	6,99	2,64	9,93	4,10	4,88	0,90	7,50	1,71	11,36	3,74
44	4,95	1,35	8,03	2,60	11,81	3,23	5,03	0,77	7,57	1,78	11,21	3,58
45	5,07	1,52	8,31	2,18	11,88	2,60	4,59	0,82	7,08	1,98	11,56	3,48

Tabela 39. Altura média e desvio padrão das famílias de *E. grandis* avaliadas nos testes de progênes de Itatinga-SP e Anhembi-SP nas diferentes idades de plantio. (continuação)

Famílias	Altura (m)											
	Itatinga						Anhembi					
	11 meses		16 meses		22 meses		9 meses		14 meses		20 meses	
	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s
46	5,08	1,57	8,38	2,42	11,54	3,32	4,74	0,86	7,09	1,95	11,34	4,17
47	4,96	1,33	8,33	2,06	10,71	2,91	4,91	1,14	7,46	2,53	12,41	3,83
48	4,60	1,11	7,42	2,00	11,39	1,59	4,47	1,06	6,81	2,07	11,26	3,65
49	4,80	1,25	7,95	1,90	11,10	2,86	4,10	1,05	6,17	1,66	9,89	3,85
50	5,92	1,15	8,85	1,94	12,07	2,93	4,84	1,47	7,83	2,20	12,06	2,93
51	5,42	1,15	8,28	2,22	11,77	3,03	4,47	1,50	7,19	2,48	13,88	2,97
52	4,96	1,32	7,70	2,26	11,21	2,92	3,88	1,05	5,75	1,76	8,93	2,95
53	4,37	1,41	7,39	2,78	10,32	3,71	4,12	0,90	6,68	1,92	9,83	3,48
54	5,76	1,17	8,83	1,74	12,32	2,21	4,58	0,79	7,20	1,72	11,51	3,23
55	4,06	1,75	6,66	2,88	10,41	4,23	4,59	1,18	7,08	2,06	10,94	3,07
56	4,93	1,39	7,57	2,56	11,12	2,93	4,71	0,97	7,32	1,95	10,97	3,21
57	4,61	1,51	7,56	2,61	11,92	2,47	4,26	1,11	6,31	2,38	11,68	3,73
58	3,96	1,62	6,44	2,61	9,44	3,99	4,38	0,99	6,64	2,27	10,41	3,73
59	4,79	1,24	7,68	2,35	11,34	3,18	4,57	1,33	7,35	2,41	11,58	3,59
60	3,69	1,45	6,03	3,02	10,46	4,52	4,14	0,92	6,23	1,83	9,71	2,92
61	4,18	1,56	7,05	2,82	10,60	3,16	4,72	1,00	7,53	2,26	11,96	2,98
62	4,54	1,62	7,26	3,04	11,67	3,39	4,29	1,20	6,45	2,55	10,87	3,81
63	4,23	1,15	6,99	2,13	10,73	2,66	4,62	1,01	6,26	1,49	9,20	3,60
64	5,14	1,38	8,28	2,59	11,25	3,25	4,41	1,28	7,34	2,39	11,73	3,86
65	4,05	1,53	6,72	2,76	11,02	3,09	3,92	1,45	6,26	2,40	12,66	3,21
66	5,78	0,91	9,15	1,48	12,54	1,92	4,87	0,81	8,02	1,26	11,28	2,89

Tabela 39. Altura média e desvio padrão das famílias de *E. grandis* avaliadas nos testes de progênes de Itatinga-SP e Anhembi-SP nas diferentes idades de plantio. (continuação)

Famílias	Altura (m)											
	Itatinga						Anhembi					
	11 meses		16 meses		22 meses		9 meses		14 meses		20 meses	
	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s
67	6,03	0,68	9,48	1,34	12,70	2,07	4,85	0,71	7,56	1,51	11,36	2,17
68	4,62	1,40	7,39	2,73	11,91	2,96	4,16	1,26	6,16	2,57	9,94	3,99
69	4,72	1,44	6,79	2,65	10,43	3,49	4,60	1,12	6,66	2,09	10,70	3,94
70	5,21	1,38	8,05	2,36	11,53	2,38	4,58	1,12	7,04	1,97	11,28	3,77
71	5,71	1,01	8,79	1,58	12,12	2,52	4,89	1,08	7,99	1,61	12,71	2,84
72	4,73	1,56	7,30	2,91	11,35	3,57	4,46	1,17	6,73	2,45	10,88	3,44
73	5,21	1,55	7,95	2,47	13,28	2,57	4,78	1,01	7,42	1,62	11,46	2,78
74	6,23	1,23	9,66	2,18	12,85	2,53	4,89	1,40	7,45	2,39	12,11	4,14
75	5,40	1,24	8,46	2,32	11,58	2,51	4,66	0,98	7,26	2,31	10,98	3,50
76	4,32	1,26	7,63	2,76	12,32	2,68	4,45	1,17	6,30	2,45	9,80	4,65
77	5,19	1,24	8,44	2,11	11,76	2,86	4,88	0,66	7,44	1,91	12,66	3,09
78	5,14	1,33	8,17	2,44	11,73	2,53	4,90	1,06	7,90	1,93	12,31	3,13
79	4,43	1,53	6,65	2,62	10,37	3,12	4,91	0,95	6,70	1,76	9,83	3,42
80	3,88	1,53	5,92	2,74	10,67	3,66	4,77	1,32	7,42	2,53	12,14	4,30
81	5,12	1,45	8,34	2,69	12,39	3,35	5,01	0,80	7,83	2,01	12,79	3,43
82	5,06	1,61	7,73	2,55	11,88	2,66	4,55	1,01	6,79	1,97	11,49	4,04
83	3,98	1,39	6,62	2,57	10,51	3,16	4,43	1,12	6,90	2,35	11,09	3,30
84	5,76	0,95	8,98	1,79	12,59	2,45	4,78	1,29	7,79	2,04	12,69	2,73
85	5,18	1,33	8,39	1,97	12,09	2,68	4,80	0,98	7,37	2,03	12,33	3,54
86	5,09	1,58	8,36	2,39	11,68	3,93	4,08	1,25	6,29	1,80	9,61	4,02
87	6,15	1,28	9,45	1,70	12,89	2,40	5,21	0,97	8,67	1,49	12,93	2,46

Tabela 39. Altura média e desvio padrão das famílias de *E. grandis* avaliadas nos testes de progênies de Itatinga-SP e Anhembi-SP nas diferentes idades de plantio. (continuação)

Famílias	Altura (m)											
	Itatinga						Anhembi					
	11 meses		16 meses		22 meses		9 meses		14 meses		20 meses	
	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s
88	5,00	1,67	7,92	2,69	13,19	2,62	4,83	1,14	7,34	2,11	12,13	4,34
89	4,46	1,45	7,09	2,56	10,85	3,45	4,66	1,05	6,51	1,96	10,55	3,43
90	5,10	1,18	8,41	1,70	11,73	2,58	4,90	0,89	7,30	1,79	11,23	3,42
91	4,16	1,28	6,67	2,34	10,30	3,53	4,65	0,98	6,50	1,98	10,33	3,64
92	4,64	1,35	7,34	2,52	11,10	3,70	4,04	1,25	6,15	2,18	10,21	4,09
93	5,51	1,21	8,67	2,07	12,31	2,26	4,38	0,92	6,40	1,78	10,46	3,95
94	4,11	1,45	6,08	2,72	10,37	4,08	4,15	1,14	5,87	2,26	9,65	3,92
95	4,68	1,38	7,73	2,24	10,87	3,29	4,40	1,07	7,09	2,18	11,75	3,55
96	5,10	1,40	8,20	2,59	11,80	3,24	4,55	1,08	6,76	2,02	11,28	3,90
97	4,18	1,41	6,20	2,59	10,24	3,52	4,11	1,23	5,11	1,55	8,28	2,94
98	4,24	1,72	6,75	2,59	10,77	3,70	3,90	1,26	5,87	2,33	9,33	3,92
99	4,99	1,41	8,61	1,98	11,80	2,82	4,68	1,23	7,42	2,31	12,60	3,88
100	4,51	1,51	6,96	2,75	11,75	2,68	4,80	0,95	6,82	1,85	10,76	3,62
101	4,34	1,36	6,94	2,34	10,57	3,15	4,62	1,09	7,28	2,02	11,61	4,07
102	5,39	1,23	8,49	1,81	11,52	3,04	5,14	0,84	7,90	1,73	11,96	2,65
103	4,25	1,30	7,67	2,27	10,54	2,95	4,22	0,86	6,36	1,77	10,53	2,88
104	5,30	1,26	8,15	2,04	11,23	3,07	3,87	1,60	5,90	2,86	9,96	3,49
105	5,47	1,15	9,15	1,72	12,23	2,56	4,68	1,01	7,76	1,77	12,67	3,20
106	5,13	1,31	7,99	2,20	11,78	2,29	4,73	0,95	7,89	1,74	12,41	3,08
107	6,07	1,32	9,29	1,93	12,76	3,16	5,10	0,87	8,31	1,57	12,89	2,98
108	4,20	1,66	6,81	2,91	11,09	2,98	4,49	0,96	6,77	2,00	10,15	3,35

Tabela 39. Altura média e desvio padrão das famílias de *E. grandis* avaliadas nos testes de progênes de Itatinga-SP e Anhembi-SP nas diferentes idades de plantio.
(continuação)

Famílias	Altura (m)											
	Itatinga						Anhembi					
	11 meses		16 meses		22 meses		9 meses		14 meses		20 meses	
	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s
109	5,10	1,31	8,31	2,59	11,45	3,02	4,78	0,91	7,54	1,61	11,69	2,97
110	4,05	1,54	6,25	2,82	10,54	3,49	4,36	1,10	6,38	2,57	11,34	3,86
111	4,84	1,37	7,16	2,34	11,39	2,58	4,62	1,12	7,28	2,10	11,80	3,46
112	5,81	1,09	9,51	1,76	12,79	1,57	4,81	1,25	7,30	1,98	11,66	4,04
113	5,77	1,20	9,11	1,87	12,37	3,12	4,77	1,14	7,34	2,14	11,81	4,08
114	5,50	0,75	8,81	1,13	12,30	1,65	4,94	0,80	8,06	1,12	11,95	2,73
115	5,03	1,46	7,86	2,56	11,31	3,10	4,60	1,25	7,03	1,79	11,43	3,27
116	4,56	1,72	7,69	2,79	11,74	3,07	4,66	0,75	7,36	1,83	11,91	2,68
117	5,86	0,97	9,26	1,64	12,57	2,76	5,18	1,29	8,07	2,18	12,83	3,38
118	4,50	1,25	7,78	1,99	10,95	2,95	4,77	1,27	7,20	2,35	11,86	3,54
119	5,49	1,23	8,85	2,25	11,86	3,66	4,74	0,94	7,27	1,77	11,38	3,34
120	4,99	1,61	7,91	2,55	11,19	2,94	4,28	1,24	6,39	1,99	11,02	3,44
121	4,94	1,42	7,46	2,58	12,10	2,47	4,86	1,01	7,28	2,47	12,54	3,97
122	4,53	1,65	7,04	2,82	10,89	3,26	4,32	0,95	6,94	1,99	10,73	3,58
123	5,20	1,55	8,82	2,52	12,83	2,00	4,59	0,99	6,99	1,94	10,47	3,62
124	4,97	1,70	7,93	2,89	12,29	2,89	4,56	1,18	6,63	2,37	11,63	3,71
125	4,80	1,60	7,36	2,61	10,32	3,54	4,62	1,09	7,11	2,03	10,45	3,41
126	5,07	1,74	8,54	2,54	12,18	2,69	4,58	1,35	8,00	1,97	12,26	2,91
127	4,81	1,35	7,98	2,21	11,48	3,23	4,68	0,68	6,77	1,75	11,04	3,02
128	5,50	1,22	8,85	1,71	12,09	2,46	4,07	1,45	6,92	2,58	12,14	3,69
129	5,16	1,16	7,81	2,08	11,28	2,70	4,21	0,98	6,35	1,73	10,32	3,05

Tabela 39. Altura média e desvio padrão das famílias de *E. grandis* avaliadas nos testes de progênie de Itatinga-SP e Anhembi-SP nas diferentes idades de plantio. (continuação)

Famílias	Altura (m)											
	Itatinga						Anhembi					
	11 meses		16 meses		22 meses		9 meses		14 meses		20 meses	
	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s
130	5,45	1,17	8,90	2,02	11,99	2,96	4,69	0,89	7,43	2,02	11,17	3,47
131	5,19	1,80	8,54	2,93	12,08	3,34	4,61	1,42	6,69	2,13	10,83	3,55
132	5,15	1,30	8,95	1,87	12,30	2,75	4,68	0,94	7,38	1,82	11,77	3,23
133	5,69	0,90	9,23	1,15	12,28	2,10	4,91	1,07	8,00	1,94	12,70	3,04
134	5,48	1,34	8,92	2,10	12,39	3,22	4,48	1,03	6,84	2,37	10,72	3,86
135	4,93	1,48	7,83	2,47	11,83	3,19	4,60	1,41	6,92	2,27	12,51	3,93
136	4,52	1,44	7,72	2,51	10,82	2,82	4,77	0,93	7,52	1,75	12,53	3,76
137	4,54	1,46	7,50	2,70	11,34	3,85	4,69	1,33	6,92	2,21	10,97	4,40
138	6,05	1,13	9,43	1,60	12,41	2,62	4,69	1,34	7,46	2,56	12,04	3,86
139	4,73	1,36	7,37	2,66	11,21	3,71	4,23	1,23	7,17	2,15	11,32	3,39
140	4,97	1,40	7,99	2,42	11,16	2,79	4,53	1,18	7,24	2,18	11,25	3,30
141	5,07	1,47	8,21	2,52	11,59	3,38	4,92	1,14	6,67	2,44	10,74	3,82
142	5,26	1,25	8,88	1,57	12,06	1,80	4,37	1,12	7,07	2,22	11,90	3,26
143	5,06	1,46	8,09	2,41	11,71	2,69	4,19	0,87	6,53	1,59	10,57	2,76
144	4,14	1,38	6,64	2,63	10,94	3,09	4,39	1,31	6,61	2,28	11,36	3,33
145	4,61	1,55	7,54	2,91	11,77	3,10	3,99	1,03	6,24	1,92	9,96	3,35
146	4,98	1,33	8,06	2,27	11,22	3,23	4,64	1,07	6,71	2,18	10,50	3,94
147	5,06	1,05	7,87	1,91	11,45	2,33	4,74	1,29	7,88	2,33	12,13	3,12
148	4,07	1,44	6,12	2,55	8,54	3,76	4,54	1,17	6,96	2,43	11,89	4,58
149	5,64	0,77	9,05	1,25	11,98	1,68	4,76	0,78	7,82	1,71	12,03	3,04
150	4,57	1,65	7,08	2,81	11,09	3,99	4,12	1,13	6,13	2,38	11,12	3,63

Tabela 39. Altura média e desvio padrão das famílias de *E. grandis* avaliadas nos testes de progênie de Itatinga-SP e Anhembi-SP nas diferentes idades de plantio.
(continuação)

Famílias	Altura (m)											
	Itatinga						Anhembi					
	11 meses		16 meses		22 meses		9 meses		14 meses		20 meses	
	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s
151	3,88	1,76	6,37	3,46	10,94	4,39	4,69	1,31	7,14	2,42	11,30	3,97
152	4,66	1,29	7,21	2,33	10,44	3,59	4,44	0,94	7,13	1,93	10,98	3,33
153	5,36	1,04	8,66	1,54	11,93	2,36	4,34	0,97	6,86	1,94	11,34	3,38
155	5,09	1,47	8,36	2,60	11,70	3,45	4,74	1,01	6,74	2,26	10,99	3,70
156	5,83	1,28	9,06	2,28	12,91	1,94	4,53	1,38	6,94	2,21	10,73	3,11
157	4,24	1,42	6,95	2,46	10,18	3,58	4,16	1,09	5,88	2,12	10,53	3,56
158	4,07	1,30	6,53	2,26	9,45	3,01	4,50	0,99	6,96	1,99	10,88	3,76
159	5,51	1,22	8,72	2,03	11,96	2,78	4,38	1,20	6,69	2,38	10,82	3,38
160	4,96	1,06	8,46	1,71	12,18	2,20	4,86	1,19	7,35	2,34	11,79	3,84
161	5,45	1,40	8,58	2,64	12,23	3,24	4,84	0,89	7,84	1,56	12,13	3,31
163	4,69	1,25	8,11	2,52	11,27	3,08	4,46	1,11	7,13	2,04	11,46	3,37
165	6,38	0,98	10,34	1,24	13,32	1,77	5,13	1,24	7,90	2,22	12,00	4,08
167	4,76	1,42	7,21	2,61	10,84	3,28	4,44	1,15	6,53	2,21	9,93	3,55
168	5,43	0,94	8,69	1,97	11,50	3,02	4,69	1,06	7,73	1,60	12,32	3,45
169	4,87	1,54	8,00	2,53	10,30	3,64	4,92	0,98	7,38	2,33	11,41	3,36
170	4,31	1,49	7,22	2,88	11,16	3,24	4,58	0,89	6,71	1,92	10,35	2,99
171	4,21	1,41	7,01	2,36	11,35	2,16	4,64	1,02	6,76	2,37	10,85	3,77
172	5,35	1,37	8,27	2,40	11,87	3,04	4,61	1,16	7,78	2,32	12,82	3,63
173	4,75	1,28	7,90	2,20	11,32	3,34	4,79	1,08	6,61	1,97	10,93	4,40
175	5,68	1,65	9,19	2,74	13,44	1,46	5,35	0,99	8,39	2,13	12,53	2,98
176	4,65	1,47	7,98	2,03	11,89	1,46	4,61	0,91	7,08	1,86	11,55	3,32

Tabela 39. Altura média e desvio padrão das famílias de *E. grandis* avaliadas nos testes de progênie de Itatinga-SP e Anhembi-SP nas diferentes idades de plantio. (conclusão)

Famílias	Altura (m)											
	Itatinga						Anhembi					
	11 meses		16 meses		22 meses		9 meses		14 meses		20 meses	
	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s
177	5,45	1,04	8,63	1,61	12,41	1,93	4,96	0,91	7,96	1,79	11,91	2,56
178	5,55	1,13	8,85	1,91	12,73	2,67	4,65	1,13	6,92	1,76	10,63	3,12
179	5,73	1,07	8,47	1,85	12,01	2,71	4,83	0,65	7,94	1,45	11,76	3,00
180	5,53	1,19	8,85	1,90	12,27	2,86	4,77	1,28	7,76	2,17	12,14	2,81
181	5,11	1,40	8,15	2,56	11,60	3,67	4,89	1,14	7,61	2,02	12,01	3,40
182	4,41	1,40	7,39	2,56	11,67	2,58	4,64	1,16	7,03	2,15	11,25	4,50
183	4,60	1,48	7,18	3,01	11,24	3,95	5,00	1,28	7,69	2,01	12,53	3,20
184	4,67	1,41	7,62	2,50	11,31	2,93	4,45	1,21	6,46	2,39	11,17	4,26
185	4,81	1,49	7,52	2,07	10,95	2,75	4,29	1,09	6,14	1,93	9,37	3,83
Média geral	4,94	1,46	7,89	2,48	11,48	3,02	4,59	1,10	7,06	2,12	11,35	3,56

FONTE: O autor (2016).

Tabela 40. DAP médio e desvio padrão das famílias de *E. grandis* avaliadas nos testes de progênie instalados em Itatinga-SP e Anhembi-SP nas diferentes idades de plantio. (continua)

Famílias	DAP (cm)											
	Itatinga						Anhembi					
	11 meses		16 meses		22 meses		9 meses		14 meses		20 meses	
	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s
1	3,56	1,81	5,55	3,00	9,30	2,52	3,43	1,34	5,54	2,20	8,16	3,49
4	3,52	0,90	4,44	1,29	5,53	1,53	3,65	0,90	5,21	1,49	7,08	2,31
5	4,20	1,08	5,79	2,14	6,88	2,75	3,71	1,10	5,49	2,20	8,08	3,21
6	3,98	1,58	5,95	2,46	7,43	2,80	3,84	0,90	5,94	2,11	8,67	2,96
7	3,46	1,82	4,93	2,68	6,27	3,18	3,68	1,35	5,19	2,06	7,20	3,36
8	2,77	1,43	3,91	2,39	6,34	2,75	3,37	0,93	4,79	1,74	7,54	3,07
9	4,98	1,14	7,69	1,91	8,88	2,45	3,91	0,95	6,38	1,34	8,62	1,95
10	4,20	1,79	6,70	2,33	8,01	2,76	3,65	1,37	6,17	1,93	8,52	2,86
11	4,90	1,63	7,42	2,65	8,51	3,37	3,76	0,68	5,99	1,38	8,31	2,00
12	4,74	1,54	7,03	2,54	8,86	3,07	3,64	1,04	5,53	1,90	7,58	3,20
13	4,70	1,82	6,87	2,42	8,71	2,44	4,02	1,01	6,27	2,02	8,63	2,99
14	3,21	1,92	4,97	3,04	7,30	3,26	3,48	1,25	5,43	2,26	8,37	3,29
16	5,09	1,70	7,64	2,85	10,23	3,04	3,88	1,19	5,76	2,05	7,74	3,01
17	5,13	1,39	8,16	2,08	9,73	2,51	3,90	0,75	6,05	1,54	8,66	2,32
18	3,76	1,84	5,77	2,95	7,39	3,56	3,33	0,88	5,29	1,79	7,18	2,41
19	3,04	1,42	5,27	2,46	7,35	2,75	2,96	1,09	4,60	2,03	6,69	2,91
20	5,13	1,94	7,71	3,11	9,13	4,01	4,00	0,87	6,38	1,82	9,26	2,97
21	3,30	1,75	4,74	2,80	7,05	2,97	3,51	0,82	4,98	1,78	7,03	2,36
23	2,58	1,69	3,62	2,67	7,09	2,46	3,53	0,95	5,47	1,80	7,46	2,17

Tabela 40. DAP médio e desvio padrão das famílias de *E. grandis* avaliadas nos testes de progênes instalados em Itatinga-SP e Anhembi-SP nas diferentes idades de plantio. (continuação)

Famílias	DAP (cm)											
	Itatinga						Anhembi					
	11 meses		16 meses		22 meses		9 meses		14 meses		20 meses	
	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s
24	4,37	1,53	6,62	2,29	8,01	2,90	3,54	0,93	5,44	1,80	7,71	2,48
25	4,80	1,05	6,71	2,07	8,52	2,37	3,46	1,01	5,65	1,73	7,67	2,37
26	5,17	1,31	7,96	1,99	9,61	2,25	3,90	0,65	6,16	1,62	9,05	3,00
27	5,47	1,22	8,23	2,21	10,48	2,43	3,76	0,78	5,71	1,26	7,57	2,12
28	5,36	1,28	8,09	2,19	10,30	2,30	3,76	0,93	6,28	1,73	8,64	2,52
29	5,17	1,23	7,88	1,81	9,49	1,83	3,88	0,79	5,93	1,50	8,14	2,51
30	3,90	1,53	6,01	2,70	8,38	3,12	3,53	0,77	5,42	1,82	7,76	2,27
31	4,88	1,33	7,44	2,32	9,70	2,61	3,66	1,21	5,20	2,03	7,63	2,90
32	3,08	1,45	4,72	2,27	6,87	2,21	3,18	1,04	4,92	1,99	6,88	3,21
33	5,67	1,37	8,30	2,09	9,72	2,93	3,91	0,93	6,31	1,52	9,09	2,57
34	3,88	1,52	6,03	2,53	7,67	2,56	3,36	1,19	5,14	1,92	6,71	2,75
35	5,36	0,99	8,17	1,96	9,61	2,67	3,68	1,18	6,32	1,45	8,52	2,14
36	5,20	1,29	7,77	2,02	9,02	2,15	3,89	0,76	6,40	1,20	8,32	1,96
37	5,33	0,76	7,84	1,22	8,59	1,48	3,66	1,16	5,94	1,85	8,01	2,23
38	3,74	1,75	5,70	2,98	8,23	3,66	3,98	1,04	5,51	1,66	7,98	2,43
39	4,44	1,98	6,30	3,34	8,60	3,95	3,55	1,13	5,29	1,98	7,60	3,11
40	4,06	1,93	5,98	2,94	8,17	3,36	3,29	1,14	4,72	2,08	6,90	3,58
41	4,68	1,52	7,14	2,40	8,91	2,71	3,83	1,30	5,79	2,21	8,50	3,16
42	4,38	1,50	6,47	2,77	8,42	3,10	3,76	0,91	5,80	1,77	8,14	3,06
43	4,21	1,95	6,09	3,36	8,04	3,85	4,12	0,76	6,09	1,61	8,22	2,91
44	4,50	1,87	6,95	2,95	9,45	3,28	4,04	0,82	6,26	2,00	8,22	3,24

Tabela 40. DAP médio e desvio padrão das famílias de *E. grandis* avaliadas nos testes de progênes instalados em Itatinga-SP e Anhembi-SP nas diferentes idades de plantio. (continuação)

Famílias	DAP (cm)											
	Itatinga						Anhembi					
	11 meses		16 meses		22 meses		9 meses		14 meses		20 meses	
	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s
45	4,75	1,77	7,11	2,75	8,86	2,95	3,68	0,92	5,88	1,83	8,02	2,60
46	4,45	1,71	6,72	2,76	8,40	3,42	3,77	0,96	5,70	1,62	7,50	2,91
47	4,50	1,74	7,03	2,35	8,08	2,87	3,98	1,04	6,27	2,00	9,06	2,92
48	4,10	1,30	6,21	2,03	8,22	1,75	3,52	1,16	5,53	2,10	7,88	2,85
49	4,54	1,48	6,79	2,29	8,33	2,82	3,46	1,19	5,17	1,50	6,59	2,20
50	5,44	1,59	8,54	2,32	9,99	2,85	3,66	1,39	6,14	1,90	9,23	2,14
51	4,96	1,33	7,48	2,20	9,41	2,24	3,49	1,64	6,00	2,39	10,02	2,41
52	4,36	1,65	6,57	2,66	8,74	3,03	2,87	1,24	4,62	2,11	6,04	2,33
53	4,27	1,50	5,91	2,61	7,50	2,84	3,09	0,98	4,97	1,72	6,51	2,58
54	5,25	1,21	7,87	1,93	9,38	2,13	3,62	0,81	6,04	1,52	7,83	2,43
55	3,46	2,09	5,47	3,23	7,77	3,75	3,53	1,16	5,67	1,76	8,10	2,41
56	4,57	1,86	6,64	2,79	8,76	2,70	3,84	1,05	5,73	1,60	7,51	2,62
57	4,26	1,83	6,31	2,98	9,30	2,86	3,42	1,10	5,13	2,24	8,31	3,17
58	3,07	1,88	4,76	3,03	6,55	3,62	3,39	1,18	5,50	2,13	7,67	2,89
59	4,74	1,25	7,08	2,19	8,81	2,40	3,65	1,27	5,87	2,16	8,48	3,31
60	3,02	1,91	4,27	2,93	7,45	3,46	3,16	0,93	4,71	1,73	6,45	2,04
61	3,44	1,81	5,59	3,00	7,69	3,24	3,95	1,14	6,21	1,80	8,84	2,63
62	3,82	1,95	5,94	3,40	8,75	3,55	3,41	1,33	5,26	2,30	8,11	3,29
63	3,67	1,33	5,53	2,21	7,25	2,33	3,58	1,08	5,41	1,57	6,89	2,72
64	4,77	1,67	7,15	2,66	8,90	3,14	3,58	1,33	6,01	2,28	8,88	3,26
65	3,37	1,65	5,14	2,64	7,41	2,60	2,89	1,36	4,86	2,13	8,58	2,67

Tabela 40. DAP médio e desvio padrão das famílias de *E. grandis* avaliadas nos testes de progênies instalados em Itatinga-SP e Anhembi-SP nas diferentes idades de plantio. (continuação)

Famílias	DAP (cm)											
	Itatinga						Anhembi					
	11 meses		16 meses		22 meses		9 meses		14 meses		20 meses	
	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s
66	5,20	0,97	7,88	1,40	9,35	1,60	3,98	0,76	6,33	1,30	8,64	1,96
67	5,36	0,79	8,27	1,21	9,68	1,34	3,74	0,69	6,19	1,37	8,17	1,98
68	4,26	1,47	6,18	2,70	9,08	2,78	3,21	1,23	4,89	2,28	7,13	3,50
69	4,08	1,96	5,90	3,07	7,86	3,14	3,59	1,02	5,47	1,94	7,51	2,57
70	4,60	1,70	7,20	2,71	8,80	2,73	3,57	1,11	5,78	2,11	8,10	2,88
71	5,15	1,27	7,86	1,89	9,35	2,15	3,96	1,02	6,44	1,65	8,79	2,19
72	3,98	1,89	5,93	3,14	8,63	3,16	3,67	1,14	5,36	2,10	7,64	3,22
73	5,11	1,89	7,28	2,97	10,18	2,40	3,81	1,07	6,09	1,57	7,83	2,30
74	5,57	1,28	8,68	2,10	10,54	2,58	3,81	1,36	6,11	2,30	8,50	3,36
75	4,71	1,34	7,33	2,18	8,94	2,35	3,63	0,94	5,84	1,89	8,95	2,27
76	4,09	1,63	6,10	2,77	9,11	3,07	3,50	1,22	5,32	2,21	6,95	3,41
77	4,88	1,43	7,45	2,30	9,07	2,75	3,91	0,71	6,09	1,68	8,86	2,29
78	4,75	1,49	7,22	2,54	8,81	2,81	3,87	0,94	5,86	1,78	8,62	2,36
79	4,49	1,75	6,31	3,28	8,88	3,86	3,97	0,86	5,68	1,47	7,26	2,63
80	2,88	1,84	4,34	2,93	7,24	3,45	3,74	1,06	5,79	2,00	8,66	3,13
81	4,58	1,70	7,17	2,89	9,84	2,90	4,14	0,70	6,68	1,64	9,46	2,78
82	4,64	1,70	6,99	2,92	9,66	3,03	3,85	0,97	5,84	1,96	7,93	2,83
83	3,76	1,43	5,33	2,39	7,43	2,50	3,58	1,28	5,57	2,11	8,43	2,15
84	5,30	1,54	8,00	2,33	9,47	2,65	3,60	1,22	6,14	1,84	9,47	2,60
85	4,91	1,83	7,65	2,60	9,78	2,15	3,87	1,27	6,13	1,93	8,34	2,50
86	4,99	1,64	7,57	2,63	9,20	3,57	2,99	1,23	5,02	1,95	6,93	3,08

Tabela 40. DAP médio e desvio padrão das famílias de *E. grandis* avaliadas nos testes de progênes instalados em Itatinga-SP e Anhembi-SP nas diferentes idades de plantio. (continuação)

Famílias	DAP (cm)											
	Itatinga						Anhembi					
	11 meses		16 meses		22 meses		9 meses		14 meses		20 meses	
	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s
87	5,69	1,50	8,28	2,27	9,64	3,12	4,12	0,86	6,95	1,63	9,67	2,58
88	4,58	1,76	6,65	2,86	9,75	2,28	3,81	1,06	5,96	1,76	8,29	3,01
89	4,10	1,66	5,95	2,69	8,22	3,09	3,62	1,17	5,33	1,79	7,40	2,85
90	4,87	1,39	7,49	2,26	9,01	2,88	4,12	0,88	6,12	1,96	8,64	3,13
91	4,11	1,50	5,61	2,65	7,84	3,46	3,70	0,89	5,37	1,68	7,18	2,74
92	3,80	1,75	6,01	2,91	7,65	3,34	3,11	1,33	4,82	2,06	7,27	3,09
93	4,90	1,32	7,54	2,19	9,37	2,37	3,45	0,98	5,04	1,67	7,29	2,64
94	3,28	1,70	4,84	2,78	7,03	3,15	3,26	1,21	4,43	1,92	6,51	2,66
95	4,42	1,54	6,31	2,31	8,35	2,77	3,54	1,09	5,42	2,04	8,21	3,07
96	4,72	1,74	7,33	2,95	9,09	3,17	3,49	1,08	5,53	1,97	7,69	2,86
97	3,30	1,73	4,90	2,75	7,34	2,73	3,13	1,25	4,31	1,78	5,98	2,09
98	3,80	2,10	5,65	3,37	8,29	4,21	3,30	1,47	4,79	2,13	6,50	2,97
99	4,50	1,70	7,13	2,66	8,78	3,31	3,72	1,34	6,04	2,23	9,15	3,37
100	4,28	1,65	6,14	2,76	9,23	2,38	3,94	0,93	5,76	1,70	7,76	2,92
101	3,55	1,68	5,41	2,78	7,42	3,07	3,57	1,00	5,89	1,92	7,91	2,99
102	5,20	1,25	7,86	2,31	9,26	3,07	4,26	1,07	6,76	1,38	9,30	2,43
103	3,98	1,74	5,89	2,64	7,38	3,28	3,40	0,98	5,31	1,76	7,48	2,53
104	4,88	1,86	7,44	2,58	9,12	3,25	3,03	1,47	4,55	2,44	7,15	2,89
105	5,09	1,43	7,92	2,04	9,57	2,66	3,78	1,07	6,24	1,68	8,68	2,35
106	4,78	1,51	7,07	2,32	8,58	2,34	3,91	1,09	6,54	1,89	9,32	2,72
107	5,49	1,33	8,32	1,92	9,99	2,62	3,70	0,89	6,20	1,23	8,81	2,15

Tabela 40. DAP médio e desvio padrão das famílias de *E. grandis* avaliadas nos testes de progênies instalados em Itatinga-SP e Anhembi-SP nas diferentes idades de plantio. (continuação)

Famílias	DAP (cm)											
	Itatinga						Anhembi					
	11 meses		16 meses		22 meses		9 meses		14 meses		20 meses	
	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s
108	4,08	1,85	5,75	2,86	8,21	2,36	3,74	0,87	5,36	1,55	7,74	2,62
109	4,69	1,43	7,03	2,45	8,92	2,74	4,01	1,07	6,16	1,73	8,20	2,90
110	3,42	1,81	4,90	3,03	7,48	3,21	3,46	1,16	5,02	2,23	7,57	2,77
111	4,46	1,35	6,27	2,70	8,70	2,80	3,89	1,11	5,78	2,00	8,13	2,79
112	5,64	1,08	8,44	1,85	10,85	1,58	3,93	1,35	5,98	1,90	8,07	3,04
113	5,48	1,30	8,20	2,09	9,70	2,78	3,92	1,10	6,03	2,08	8,50	3,30
114	5,04	0,92	7,54	1,65	8,78	2,12	3,94	0,83	6,37	0,98	8,55	1,45
115	4,77	1,67	6,92	2,83	8,94	3,11	3,74	1,11	6,02	1,83	8,82	2,81
116	4,14	2,07	6,30	2,87	8,40	2,61	3,92	0,84	6,12	1,63	9,43	2,57
117	5,66	1,16	8,65	1,97	10,66	2,40	3,98	1,31	6,90	2,07	10,24	2,61
118	4,19	1,63	6,68	2,43	8,48	2,96	3,68	1,19	5,74	2,11	8,55	2,89
119	5,04	1,47	7,54	2,52	9,01	3,36	3,70	0,93	5,96	1,50	7,69	2,52
120	4,52	1,81	6,90	2,92	8,57	2,97	3,17	1,34	5,11	2,05	7,42	2,94
121	4,71	1,77	6,65	2,90	9,35	2,63	3,92	1,12	6,02	2,11	9,00	3,15
122	3,95	2,04	5,85	3,13	8,38	3,23	3,25	1,00	5,48	2,00	7,51	3,11
123	4,64	1,45	7,13	2,44	9,04	2,53	3,55	0,97	5,52	1,73	7,29	2,99
124	4,36	2,01	6,74	3,32	9,40	3,11	3,53	1,18	5,41	2,20	8,25	3,00
125	4,23	1,89	6,35	2,89	8,03	3,07	3,54	1,11	5,53	1,92	7,48	2,92
126	4,50	2,08	7,27	2,96	9,22	3,22	3,69	1,26	6,22	1,81	9,05	2,24
127	4,18	1,61	6,51	2,42	8,10	2,62	3,82	0,69	5,63	1,45	8,24	2,54
128	5,07	1,49	7,65	2,01	9,02	2,44	3,29	1,51	5,31	2,37	8,28	3,24

Tabela 40. DAP médio e desvio padrão das famílias de *E. grandis* avaliadas nos testes de progênes instalados em Itatinga-SP e Anhembi-SP nas diferentes idades de plantio. (continuação)

Famílias	DAP (cm)											
	Itatinga						Anhembi					
	11 meses		16 meses		22 meses		9 meses		14 meses		20 meses	
	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s
129	4,56	1,50	6,86	2,49	8,62	2,75	3,33	1,22	5,21	2,02	7,18	3,17
130	5,18	1,50	7,77	2,34	9,16	2,96	3,85	0,99	6,03	1,91	8,31	3,02
131	4,83	1,83	7,48	2,92	9,89	3,21	3,77	1,21	5,52	1,96	7,55	2,73
132	5,14	1,43	7,91	2,08	9,26	2,64	3,59	0,91	5,59	1,49	7,96	2,43
133	5,15	1,06	8,07	1,56	9,37	2,02	3,82	1,03	6,19	1,74	8,73	2,15
134	4,92	1,53	8,00	2,36	9,96	3,17	3,84	1,10	5,77	2,19	8,14	3,27
135	4,51	1,54	6,84	2,68	8,92	3,13	3,48	1,44	5,49	2,18	8,51	3,16
136	4,00	1,66	6,25	2,40	7,98	2,79	3,83	0,79	6,32	1,36	8,33	1,85
137	4,11	1,60	6,13	2,77	8,04	3,47	3,76	1,36	5,53	2,21	7,40	3,30
138	5,44	1,38	8,32	2,35	10,16	2,95	3,73	1,32	5,92	2,43	8,20	3,41
139	4,50	1,73	6,60	2,90	8,91	2,83	3,37	1,36	5,78	2,12	7,92	2,48
140	4,83	1,69	7,01	2,60	8,94	2,60	3,58	1,02	5,74	2,03	8,23	3,32
141	4,26	1,71	6,65	2,63	8,12	2,86	3,88	0,96	5,53	2,13	7,69	2,81
142	4,88	1,69	7,75	2,25	9,15	2,65	3,43	1,25	5,65	1,79	8,25	2,74
143	4,68	1,78	7,37	2,90	9,45	3,14	3,14	0,71	5,09	1,44	7,28	2,32
144	3,63	1,85	5,38	2,93	8,11	2,87	3,27	1,24	5,33	2,06	8,39	2,91
145	3,87	1,84	5,80	2,95	8,18	3,06	3,01	1,02	4,96	2,02	7,19	3,31
146	4,38	1,58	6,65	2,38	8,21	3,11	3,55	1,03	5,36	1,92	7,21	3,25
147	4,40	1,39	6,86	2,26	8,36	2,92	3,88	1,16	6,33	1,76	8,57	2,60
148	3,40	1,95	5,13	3,06	6,41	3,61	3,61	1,26	5,69	2,17	8,40	3,41
149	4,96	0,85	7,64	1,56	8,94	2,12	3,73	0,82	6,06	1,47	8,48	1,98

Tabela 40. DAP médio e desvio padrão das famílias de *E. grandis* avaliadas nos testes de progênes instalados em Itatinga-SP e Anhembi-SP nas diferentes idades de plantio. (continuação)

Famílias	DAP (cm)											
	Itatinga						Anhembi					
	11 meses		16 meses		22 meses		9 meses		14 meses		20 meses	
	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s
150	4,04	1,98	5,89	3,14	8,19	3,62	3,16	1,26	4,84	2,05	7,41	2,58
151	3,18	2,44	5,13	4,04	8,64	4,81	3,53	1,30	5,81	2,54	8,52	3,71
152	4,15	1,39	6,27	2,36	8,12	2,55	3,60	0,79	5,65	1,76	7,90	2,77
153	4,92	1,35	7,51	2,00	8,99	2,67	3,38	1,01	5,26	1,46	7,40	2,12
155	4,88	1,76	7,46	2,84	9,58	3,53	3,79	0,87	5,63	1,91	7,58	2,90
156	5,19	1,39	7,96	2,51	10,33	2,18	3,39	1,18	5,38	2,13	7,66	2,90
157	3,56	1,58	5,35	2,52	6,79	3,04	3,26	1,09	4,70	2,01	7,12	2,41
158	3,41	1,44	5,26	2,37	6,69	2,76	3,55	1,09	5,45	1,99	7,50	2,93
159	5,10	1,40	7,83	2,09	9,16	2,65	3,34	1,23	5,14	2,00	7,25	2,54
160	4,07	1,44	6,80	2,01	8,46	2,50	3,75	1,17	5,85	2,09	8,26	2,73
161	4,98	1,53	7,47	2,42	9,04	2,53	3,75	0,99	6,23	1,44	8,59	2,50
163	4,43	1,44	6,59	2,44	8,48	2,87	3,44	1,19	5,50	1,95	8,33	2,02
165	5,81	1,12	9,15	1,85	10,95	2,55	3,83	1,09	6,03	2,00	8,10	2,94
167	4,32	1,42	6,26	2,46	8,12	2,58	3,46	1,20	4,85	1,71	6,69	2,69
168	4,77	1,27	7,52	1,74	8,34	2,17	3,79	0,97	6,41	1,50	8,33	2,33
169	4,12	1,72	6,25	2,68	7,34	3,45	3,79	0,88	5,96	1,54	8,37	2,18
170	3,63	2,03	5,58	3,13	7,76	3,38	3,58	1,12	5,18	1,62	6,75	2,24
171	3,66	1,72	5,83	2,60	8,11	2,00	3,64	0,74	5,67	1,91	7,95	3,24
172	4,97	1,47	7,54	2,50	9,15	2,71	3,71	1,28	6,10	1,94	9,18	2,80
173	4,36	1,44	6,57	2,38	8,23	2,79	3,75	0,64	5,61	1,61	7,90	2,88
175	5,16	1,87	7,98	3,07	10,73	2,24	4,30	0,98	6,52	1,49	8,82	2,23

Tabela 40. DAP médio e desvio padrão das famílias de *E. grandis* avaliadas nos testes de progênies instalados em Itatinga-SP e Anhembi-SP nas diferentes idades de plantio. (conclusão)

Famílias	DAP (cm)											
	Itatinga						Anhembi					
	11 meses		16 meses		22 meses		9 meses		14 meses		20 meses	
	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s
176	3,94	1,66	6,43	2,36	8,55	2,08	3,66	1,00	5,81	1,88	8,40	2,75
177	4,89	1,01	7,61	1,89	8,95	1,89	3,86	0,80	6,30	1,25	8,01	1,67
178	5,16	1,29	7,90	2,14	9,75	2,55	3,64	1,23	5,79	1,92	7,24	2,77
179	5,19	1,18	7,73	1,95	9,22	1,39	3,86	0,69	6,21	1,11	8,34	1,91
180	5,04	1,35	7,86	2,06	9,50	2,55	3,84	1,17	6,30	1,67	8,55	2,33
181	4,70	1,57	7,14	2,54	8,76	3,11	3,85	1,11	6,24	1,85	8,64	2,60
182	3,81	1,77	6,29	2,94	9,07	2,79	3,69	1,13	5,90	1,90	8,38	3,54
183	4,06	1,98	5,73	3,37	8,67	4,22	3,95	1,06	6,08	1,80	9,07	2,60
184	4,09	1,50	6,39	2,33	8,53	2,68	3,60	1,25	5,14	2,32	7,78	3,33
185	4,40	1,51	6,54	2,36	8,00	2,83	3,43	1,10	5,00	1,79	6,75	2,35
Média geral	4,45	1,71	6,74	2,72	8,67	2,94	3,64	1,10	5,70	1,91	8,06	2,80

FONTE: O autor (2016).

Tabela 41. Percentual de indivíduos das famílias de *E. grandis* classificados em cada nota de avaliação do grau de infecção à ferrugem do eucalipto nos testes de progênies instalados em Itatinga-SP aos 11 meses de idade e Anhembi-SP aos 9 meses de idade (continua)

Famílias	Grau de infecção da ferrugem do eucalipto (%)							
	Itatinga - 11 meses				Anhembi - 9 meses			
	1	2	3	4	1	2	3	4
1	41,7	25	33,3	0	7,1	39,3	46,4	7,1
4	35,7	64,3	0	0	3,4	75,9	20,7	0
5	28,6	50	21,4	0	14,3	42,9	42,9	0
6	13,8	48,3	34,5	3,4	17,2	20,7	51,7	10,3
7	25,9	48,1	22,2	3,7	18,5	29,6	44,4	7,4
8	72,7	22,7	4,5	0	25	46,4	21,4	7,1
9	0	6,7	63,3	30	0	6,9	62,1	31
10	7,7	11,5	73,1	7,7	3,7	7,4	85,2	3,7
11	0	14,8	70,4	14,8	0	14,3	75	10,7
12	13,8	44,8	37,9	3,4	7,4	59,3	29,6	3,7
13	13,3	26,7	53,3	6,7	7,7	19,2	61,5	11,5
14	40	40	20	0	24,1	37,9	31	6,9
16	10	33,3	53,3	3,3	17,2	41,4	37,9	3,4
17	7,1	10,7	60,7	21,4	10,7	28,6	53,6	7,1
18	26,7	23,3	46,7	3,3	17,2	17,2	51,7	13,8
19	24,1	55,2	17,2	3,4	10,3	34,5	44,8	10,3
20	0	26,7	33,3	40	3,6	3,6	60,7	32,1
21	35,7	35,7	21,4	7,1	25	28,6	42,9	3,6
23	55,2	27,6	17,2	0	14,3	32,1	42,9	10,7
24	10	40	43,3	6,7	6,9	24,1	58,6	10,3
25	13,3	26,7	46,7	13,3	10,7	21,4	46,4	21,4
26	6,7	16,7	66,7	10	17,2	20,7	41,4	20,7
27	6,7	20	53,3	20	7,4	11,1	59,3	22,2
28	3,3	6,7	83,3	6,7	7,1	7,1	75	10,7
29	3,4	20,7	58,6	17,2	6,9	27,6	55,2	10,3
30	33,3	46,7	20	0	10,7	46,4	21,4	21,4
31	13,3	33,3	43,3	10	18,5	37	40,7	3,7
32	30	50	20	0	32,1	32,1	32,1	3,6
33	0	10	63,3	26,7	3,6	21,4	50	25
34	23,3	43,3	23,3	10	24,1	27,6	37,9	10,3
35	6,7	6,7	60	26,7	3,6	7,1	50	39,3
36	3,3	10	53,3	33,3	0	10,7	35,7	53,6
37	0	12,5	43,8	43,8	0	17,2	58,6	24,1
38	34,5	44,8	17,2	3,4	17,2	48,3	31	3,4
39	32,3	45,2	12,9	9,7	14,3	60,7	21,4	3,6
40	16,7	40	43,3	0	24,1	41,4	27,6	6,9
41	6,9	48,3	34,5	10,3	10,7	39,3	35,7	14,3

Tabela 41. Percentual de indivíduos das famílias de *E. grandis* classificados em cada nota de avaliação do grau de infecção à ferrugem do eucalipto nos testes de progênies instalados em Itatinga-SP aos 11 meses de idade e Anhembi-SP aos 9 meses de idade. (continuação)

Famílias	Grau de infecção da ferrugem do eucalipto (%)							
	Itatinga - 11 meses				Anhembi - 9 meses			
	1	2	3	4	1	2	3	4
42	7,7	53,8	30,8	7,7	11,1	37	37	14,8
43	6,7	60	26,7	6,7	10,3	55,2	24,1	10,3
44	13,8	41,4	44,8	0	18,5	29,6	44,4	7,4
45	3,4	24,1	65,5	6,9	11,1	14,8	66,7	7,4
46	20	43,3	30	6,7	6,9	51,7	34,5	6,9
47	3,7	22,2	66,7	7,4	3,4	27,6	51,7	17,2
48	18,5	51,9	29,6	0	13,8	44,8	37,9	3,4
49	10	53,3	33,3	3,3	21,4	42,9	35,7	0
50	0	0	44,8	55,2	3,4	6,9	48,3	41,4
51	6,9	24,1	41,4	27,6	7,1	7,1	71,4	14,3
52	13,8	13,8	72,4	0	0	37	44,4	18,5
53	33,3	20	33,3	13,3	13,8	13,8	48,3	24,1
54	0	3,6	71,4	25	7,4	18,5	44,4	29,6
55	39,3	25	32,1	3,6	25	21,4	50	3,6
56	16,7	44,4	38,9	0	10,3	37,9	44,8	6,9
57	25	31,3	43,8	0	15,4	42,3	38,5	3,8
58	29,6	48,1	22,2	0	3,4	51,7	37,9	6,9
59	13,3	66,7	20	0	10,7	39,3	46,4	3,6
60	35,7	39,3	21,4	3,6	26,9	46,2	26,9	0
61	33,3	33,3	30	3,3	20,7	31	44,8	3,4
62	34,5	27,6	31	6,9	25,9	29,6	25,9	18,5
63	25,8	58,1	16,1	0	7,4	48,1	44,4	0
64	7,4	14,8	63	14,8	11,1	14,8	63	11,1
65	20	50	26,7	3,3	13,8	48,3	31	6,9
66	0	0	66,7	33,3	0	14,8	70,4	14,8
67	0	3,4	79,3	17,2	3,3	10	53,3	33,3
68	20	40	26,7	13,3	3,8	50	34,6	11,5
69	22,2	25,9	44,4	7,4	3,6	21,4	75	0
70	3,4	31	65,5	0	13,8	13,8	58,6	13,8
71	0	10	56,7	33,3	3,6	3,6	50	42,9
72	26,7	36,7	33,3	3,3	13,8	34,5	34,5	17,2
73	6,7	20	33,3	40	0	14,3	75	10,7
74	6,7	10	70	13,3	3,4	17,2	62,1	17,2
75	7,1	28,6	53,6	10,7	3,3	46,7	26,7	23,3
76	7,7	57,7	34,6	0	19,2	42,3	34,6	3,8
77	10,7	35,7	46,4	7,1	6,9	31	48,3	13,8
78	3,6	21,4	67,9	7,1	0	14,3	64,3	21,4
79	22,2	50	22,2	5,6	14,8	40,7	40,7	3,7
80	51,9	29,6	18,5	0	13,8	37,9	44,8	3,4

Tabela 41. Percentual de indivíduos das famílias de *E. grandis* classificados em cada nota de avaliação do grau de infecção à ferrugem do eucalipto nos testes de progênies instalados em Itatinga-SP aos 11 meses de idade e Anhembi-SP aos 9 meses de idade.
(continuação)

Famílias	Grau de infecção da ferrugem do eucalipto (%)							
	Itatinga - 11 meses				Anhembi - 9 meses			
	1	2	3	4	1	2	3	4
81	27,6	34,5	37,9	0	3,6	39,3	57,1	0
82	20	36,7	33,3	10	10,3	51,7	31	6,9
83	33,3	13,3	46,7	6,7	10,7	21,4	57,1	10,7
84	0	17,9	64,3	17,9	0	25	67,9	7,1
85	9,7	25,8	51,6	12,9	3,4	37,9	44,8	13,8
86	13,3	26,7	53,3	6,7	6,9	34,5	51,7	6,9
87	0	13,3	60	26,7	3,6	14,3	60,7	21,4
88	13,3	40	40	6,7	3,4	37,9	44,8	13,8
89	36,7	40	23,3	0	10,7	46,4	35,7	7,1
90	3,4	51,7	41,4	3,4	3,6	46,4	46,4	3,6
91	42,9	39,3	14,3	3,6	10,7	67,9	17,9	3,6
92	17,2	41,4	34,5	6,9	11,1	37	48,1	3,7
93	3,4	20,7	65,5	10,3	14,3	25	46,4	14,3
94	37,9	31	20,7	10,3	31	44,8	17,2	6,9
95	23,1	23,1	46,2	7,7	13,3	30	46,7	10
96	10	36,7	43,3	10	3,7	25,9	63	7,4
97	37	29,6	29,6	3,7	25,9	51,9	18,5	3,7
98	26,9	38,5	30,8	3,8	7,1	53,6	35,7	3,6
99	10,7	50	35,7	3,6	10,3	24,1	55,2	10,3
100	33,3	53,3	13,3	0	10	43,3	40	6,7
101	29	41,9	29	0	0	41,4	55,2	3,4
102	6,7	26,7	63,3	3,3	0	24	60	16
103	20	73,3	6,7	0	6,9	44,8	44,8	3,4
104	0	0	63	37	0	3,4	65,5	31
105	0	6,7	66,7	26,7	3,3	16,7	50	30
106	0	25,9	70,4	3,7	7,7	15,4	61,5	15,4
107	0	10	76,7	13,3	3,3	6,7	70	20
108	20	40	40	0	6,9	31	51,7	10,3
109	13,3	30	43,3	13,3	0	39,3	53,6	7,1
110	34,5	44,8	17,2	3,4	37,9	17,2	34,5	10,3
111	22,2	40,7	33,3	3,7	7,4	37	40,7	14,8
112	3,3	30	50	16,7	13,8	24,1	44,8	17,2
113	3,2	16,1	64,5	16,1	7,1	14,3	67,9	10,7
114	0	10,3	55,2	34,5	0	3,7	81,5	14,8
115	31	37,9	31	0	14,8	37	44,4	3,7
116	8	24	60	8	10,7	25	50	14,3
117	0	21,4	64,3	14,3	0	13,8	69	17,2
118	24,1	41,4	31	3,4	14,3	39,3	42,9	3,6
119	6,9	44,8	48,3	0	3,3	53,3	40	3,3

Tabela 41. Percentual de indivíduos das famílias de *E. grandis* classificados em cada nota de avaliação do grau de infecção à ferrugem do eucalipto nos testes de progênies instalados em Itatinga-SP aos 11 meses de idade e Anhembi-SP aos 9 meses de idade.
(continuação)

Famílias	Grau de infecção da ferrugem do eucalipto (%)							
	Itatinga - 11 meses				Anhembi - 9 meses			
	1	2	3	4	1	2	3	4
120	10	23,3	63,3	3,3	7,1	28,6	57,1	7,1
121	25	39,3	32,1	3,6	13,3	33,3	36,7	16,7
122	20	43,3	30	6,7	3,4	31	58,6	6,9
123	13,3	30	53,3	3,3	11,1	55,6	25,9	7,4
124	25	35,7	32,1	7,1	24,1	31	37,9	6,9
125	10	36,7	40	13,3	0	17,9	71,4	10,7
126	3,6	32,1	53,6	10,7	0	21,4	60,7	17,9
127	13,3	36,7	46,7	3,3	10,3	44,8	44,8	0
128	3,3	33,3	46,7	16,7	0	25,9	59,3	14,8
129	10	20	56,7	13,3	10,3	20,7	65,5	3,4
130	3,3	30	53,3	13,3	3,6	28,6	60,7	7,1
131	10,3	31	48,3	10,3	11,1	51,9	33,3	3,7
132	7,1	21,4	57,1	14,3	3,4	41,4	41,4	13,8
133	3,4	10,3	44,8	41,4	3,4	20,7	41,4	34,5
134	3,3	33,3	56,7	6,7	17,2	34,5	41,4	6,9
135	26,7	36,7	33,3	3,3	11,1	29,6	44,4	14,8
136	13,3	43,3	36,7	6,7	3,4	24,1	65,5	6,9
137	25	42,9	32,1	0	10,7	39,3	50	0
138	3,3	23,3	60	13,3	14,3	10,7	64,3	10,7
139	21,4	28,6	50	0	7,1	10,7	67,9	14,3
140	8	28	64	0	3,6	32,1	57,1	7,1
141	13,8	24,1	41,4	20,7	10,3	17,2	55,2	17,2
142	6,7	13,3	66,7	13,3	6,9	13,8	58,6	20,7
143	17,2	27,6	48,3	6,9	10,7	28,6	53,6	7,1
144	45,2	29	25,8	0	21,4	28,6	35,7	14,3
145	20	33,3	43,3	3,3	40,7	33,3	25,9	0
146	0	51,7	41,4	6,9	6,9	44,8	41,4	6,9
147	10	30	56,7	3,3	10,7	25	53,6	10,7
148	40	33,3	26,7	0	10,7	39,3	39,3	10,7
149	0	6,5	51,6	41,9	0	10,3	62,1	27,6
150	20,7	37,9	27,6	13,8	14,8	25,9	55,6	3,7
151	42,9	28,6	28,6	0	13,8	37,9	44,8	3,4
152	16,7	50	33,3	0	10,3	27,6	34,5	27,6
153	0	51,9	48,1	0	3,4	51,7	37,9	6,9
155	11,1	59,3	29,6	0	7,1	50	39,3	3,6
156	13,3	10	60	16,7	6,9	17,2	69	6,9
157	35,7	28,6	35,7	0	28	44	28	0
158	30	53,3	16,7	0	10,7	50	25	14,3
159	3,4	31	48,3	17,2	7,1	25	60,7	7,1

Tabela 41. Percentual de indivíduos das famílias de *E. grandis* classificados em cada nota de avaliação do grau de infecção à ferrugem do eucalipto nos testes de progênies instalados em Itatinga-SP aos 11 meses de idade e Anhembi-SP aos 9 meses de idade. (conclusão)

Famílias	Grau de infecção da ferrugem do eucalipto (%)							
	Itatinga - 11 meses				Anhembi - 9 meses			
	1	2	3	4	1	2	3	4
160	4	32	52	12	8,3	20,8	50	20,8
161	3,3	30	60	6,7	3,6	25	60,7	10,7
163	21,7	30,4	47,8	0	3,8	38,5	50	7,7
165	3,3	20	60	16,7	6,9	20,7	51,7	20,7
167	23,3	50	26,7	0	34,6	26,9	34,6	3,8
168	0	7,7	53,8	38,5	3,6	3,6	50	42,9
169	20,7	34,5	37,9	6,9	3,7	29,6	51,9	14,8
170	32,1	25	39,3	3,6	23,1	30,8	34,6	11,5
171	20	40	36,7	3,3	11,1	51,9	33,3	3,7
172	3,3	20	60	16,7	3,6	14,3	60,7	21,4
173	10	33,3	46,7	10	10,3	27,6	51,7	10,3
175	7,1	3,6	71,4	17,9	7,7	7,7	50	34,6
176	22,2	25,9	51,9	0	10,3	10,3	58,6	20,7
177	3,4	10,3	44,8	41,4	0	14,3	60,7	25
178	13,3	30	46,7	10	3,4	27,6	69	0
179	3,3	0	70	26,7	0	3,4	65,5	31
180	3,3	26,7	53,3	16,7	0	14,3	67,9	17,9
181	17,2	13,8	51,7	17,2	3,4	27,6	51,7	17,2
182	20,7	37,9	34,5	6,9	14,3	28,6	46,4	10,7
183	38,5	34,6	26,9	0	7,7	26,9	61,5	3,8
184	26,7	50	20	3,3	17,2	41,4	41,4	0
185	18,5	48,1	29,6	3,7	13,8	34,5	44,8	6,9
Total	15,8	31	43,4	9,8	9,9	29,8	48,1	12,1

FONTE: O autor (2016)

Tabela 42. Média e desvio padrão para número e diâmetro de galhos para as famílias de *E. grandis* do teste de progênies instalados em Anhembi-SP aos 14 meses de idade. (continua)

Famílias	Anhembi - 14 meses			
	Número de galhos		Diâmetro de galhos (cm)	
	$\bar{X}$	s	$\bar{X}$	s
1	12,74	2,93	9,12	3,18
4	14,10	2,24	8,06	2,15
5	13,57	2,60	7,31	1,50
6	14,93	2,68	8,67	2,33
7	13,85	4,00	8,28	2,96
8	13,04	2,34	9,56	2,57
9	13,32	1,93	7,78	2,01
10	14,46	2,83	8,15	2,46
11	14,54	2,53	7,93	2,41
12	14,27	2,75	8,88	4,45
13	13,35	2,62	8,75	2,13
14	13,00	1,81	9,06	3,09
16	12,96	1,90	7,59	1,91
17	13,86	2,34	8,35	1,94
18	13,54	2,08	8,20	2,92
19	13,96	2,73	6,97	2,76
20	12,89	2,60	8,40	3,53
21	13,64	2,54	7,61	2,14
23	13,77	2,52	8,82	2,82
24	13,63	1,76	7,82	2,26
25	13,70	2,60	8,19	1,83
26	12,79	2,41	8,56	1,97
27	12,88	3,28	9,15	3,08
28	13,04	2,50	8,85	2,18
29	13,00	1,96	8,99	2,71
30	15,60	2,40	7,89	1,74
31	15,12	1,86	8,16	2,14
32	13,92	2,90	9,60	3,26
33	13,37	2,51	7,81	2,03
34	13,68	4,08	9,15	3,23
35	12,92	2,10	8,81	2,52
36	12,89	1,91	8,30	2,06
37	12,61	3,62	8,13	2,56
38	12,34	2,50	9,85	3,95
39	12,93	1,98	7,31	2,53
40	11,86	3,10	7,75	3,58
41	13,93	2,91	8,56	2,68
42	13,22	2,44	8,76	1,92
43	12,34	1,99	8,42	1,80

Tabela 42. Média e desvio padrão para número e diâmetro de galhos para as famílias de *E. grandis* do teste de progênes instalados em Anhembi-SP aos 14 meses de idade. (continuação)

Famílias	Anhembi - 14 meses			
	Número de galhos		Diâmetro de galhos (cm)	
	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s
44	13,11	2,34	7,91	2,22
45	13,42	2,02	8,62	2,76
46	13,72	2,46	7,67	2,32
47	13,59	2,72	8,44	2,48
48	11,61	2,86	7,77	2,50
49	13,52	2,52	8,75	3,38
50	13,54	2,10	6,84	2,66
51	13,31	2,38	7,74	2,61
52	12,58	4,41	7,01	2,78
53	14,44	2,21	8,68	2,87
54	13,52	2,75	8,70	2,14
55	12,23	2,29	8,59	2,22
56	13,93	2,15	8,06	2,42
57	12,88	2,25	8,53	2,05
58	13,46	2,53	8,74	2,85
59	13,46	2,77	7,85	1,92
60	14,04	2,42	7,62	2,79
61	12,31	2,90	9,24	3,74
62	12,62	2,95	8,08	3,48
63	14,11	3,14	8,91	2,70
64	13,52	2,08	8,56	2,25
65	13,88	3,95	7,80	3,29
66	13,22	2,55	8,39	3,41
67	13,33	2,12	8,07	1,81
68	15,28	4,05	7,33	2,27
69	13,85	2,56	8,74	2,87
70	13,59	2,46	8,48	2,93
71	12,82	2,39	7,56	2,50
72	13,48	2,64	8,44	2,66
73	13,11	2,72	8,46	1,87
74	12,89	3,35	7,60	3,20
75	12,96	1,95	8,55	2,26
76	13,15	3,95	8,11	3,43
77	13,76	1,81	8,27	1,64
78	13,11	2,50	8,83	2,09
79	13,65	2,04	8,13	2,69
80	13,34	2,82	9,25	3,17
81	12,25	1,76	8,22	2,35
82	13,21	2,17	8,85	2,77
83	13,75	5,18	8,27	3,50

Tabela 42. Média e desvio padrão para número e diâmetro de galhos para as famílias de *E. grandis* do teste de progênies instalados em Anhembi-SP aos 14 meses de idade. (continuação)

Famílias	Anhembi - 14 meses			
	Número de galhos		Diâmetro de galhos (cm)	
	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s
84	14,39	1,99	7,84	2,97
85	14,28	4,01	8,35	2,62
86	12,04	3,25	8,87	3,53
87	11,70	2,28	10,22	2,70
88	14,45	2,43	8,78	2,34
89	13,93	2,09	8,03	2,79
90	12,30	2,87	8,80	2,10
91	14,19	2,90	8,24	2,41
92	13,31	4,00	7,56	2,85
93	13,11	2,36	8,21	2,82
94	14,90	3,04	7,33	2,37
95	14,14	2,56	7,75	1,99
96	13,52	3,11	8,28	2,57
97	14,50	4,87	8,17	2,43
98	13,68	4,35	8,41	4,02
99	13,07	2,42	9,24	2,95
100	14,10	2,29	7,94	1,65
101	12,00	2,43	9,35	2,79
102	11,52	2,20	7,89	2,50
103	13,52	1,84	9,22	2,05
104	13,41	5,00	6,81	3,01
105	13,75	3,16	7,65	2,29
106	13,52	2,21	7,91	2,64
107	13,41	2,24	7,43	2,23
108	14,25	2,91	8,51	1,73
109	14,07	2,14	8,27	2,09
110	13,93	3,27	8,85	2,70
111	14,23	2,10	8,59	2,25
112	13,32	2,60	8,81	1,79
113	13,07	3,39	8,67	4,35
114	12,74	1,95	8,74	1,61
115	12,42	2,66	8,33	2,71
116	13,41	2,34	9,33	2,66
117	11,64	3,16	7,42	3,11
118	11,78	3,37	8,37	2,90
119	13,48	2,35	9,51	1,74
120	12,22	3,95	8,27	3,72
121	13,37	2,95	7,59	2,07
122	13,82	2,50	8,11	1,98
123	13,52	2,33	9,26	3,45

Tabela 42. Média e desvio padrão para número e diâmetro de galhos para as famílias de *E. grandis* do teste de progênes instalados em Anhembi-SP aos 14 meses de idade. (continuação)

Famílias	Anhembi - 14 meses			
	Número de galhos		Diâmetro de galhos (cm)	
	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s
124	13,19	2,71	8,15	2,78
125	12,71	2,72	8,24	2,84
126	13,19	3,73	7,44	2,62
127	12,17	1,95	8,99	2,23
128	14,38	3,86	7,35	2,64
129	14,14	2,20	7,65	2,65
130	12,78	2,17	8,74	1,92
131	13,81	2,83	7,84	2,57
132	13,28	2,23	8,16	1,96
133	13,48	2,64	8,04	2,52
134	12,34	3,24	8,18	2,89
135	12,40	3,46	7,49	2,40
136	13,20	2,31	8,35	1,83
137	13,21	2,53	8,09	2,50
138	12,70	2,27	8,33	2,91
139	12,85	3,31	7,58	2,69
140	13,25	2,69	8,44	2,49
141	12,79	3,43	8,08	2,47
142	12,75	3,17	8,80	3,54
143	13,04	2,71	7,48	2,79
144	12,44	1,85	8,44	2,91
145	13,43	2,78	8,44	3,34
146	13,71	3,00	8,38	2,19
147	13,85	2,60	8,29	2,01
148	11,52	2,56	10,06	3,95
149	13,14	1,62	8,42	1,88
150	12,77	3,37	8,08	2,68
151	12,38	3,69	7,63	3,24
152	13,00	2,02	7,81	1,95
153	13,22	2,47	8,60	1,76
155	14,82	2,65	8,21	1,71
156	12,93	2,21	9,08	3,20
157	13,60	2,97	8,10	3,08
158	13,04	2,50	8,10	2,40
159	14,57	2,96	7,34	2,22
160	12,96	2,79	7,55	2,75
161	12,32	2,57	8,65	1,57
163	13,27	2,72	8,12	2,67
165	12,86	2,30	8,27	2,37
167	12,23	3,55	7,68	3,24

Tabela 42. Média e desvio padrão para número e diâmetro de galhos para as famílias de *E. grandis* do teste de progênies instalados em Anhembi-SP aos 14 meses de idade. (conclusão)

Famílias	Anhembi - 14 meses			
	Número de galhos		Diâmetro de galhos (cm)	
	$\bar{x}$	s	$\bar{x}$	s
168	13,86	1,74	7,96	2,20
169	13,38	2,16	7,30	2,27
170	13,48	2,62	8,28	2,68
171	14,67	1,98	9,27	1,84
172	13,93	3,89	8,31	2,33
173	13,11	1,69	7,76	2,10
175	12,85	2,49	8,08	2,56
176	12,34	2,96	8,66	2,87
177	14,00	2,96	8,12	1,95
178	12,52	1,86	8,67	2,97
179	13,48	3,08	8,84	2,36
180	14,04	2,79	7,71	2,03
181	12,97	3,51	8,42	3,24
182	12,04	2,52	9,38	3,00
183	12,38	2,76	7,44	1,99
184	13,82	2,89	8,00	2,25
185	12,93	3,65	8,13	3,16
Média geral	13,31	2,82	8,38	2,66

FONTE: O autor (2016).

Tabela 43. Percentual de plantas bifurcadas e tortas de acordo com cada nota nas famílias de *E. grandis* avaliadas no teste de progênies de Itatinga-SP aos 22 meses de idade e Anhembi-SP aos 20 meses de idade. (continua)

Famílias	Itatinga – 22 meses						Anhembi – 20 meses					
	Bifurcação (%)			Tortuosidade do fuste (%)			Bifurcação (%)			Tortuosidade do fuste (%)		
	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
1	0,0	16,7	83,3	16,7	83,3	0,0	12,0	20,0	68,0	28,0	44,0	28,0
4	55,6	11,1	33,3	77,8	11,1	11,1	16,7	29,2	54,2	41,7	41,7	16,7
5	38,5	30,8	30,8	53,8	23,1	23,1	4,5	22,7	72,7	22,7	45,5	31,8
6	19,2	23,1	57,7	42,3	26,9	30,8	8,7	26,1	65,2	17,4	47,8	34,8
7	23,8	23,8	52,4	71,4	9,5	19,0	8,7	52,2	39,1	34,8	65,2	0,0
8	18,2	45,5	36,4	45,5	45,5	9,1	21,1	10,5	68,4	31,6	42,1	26,3
9	3,4	20,7	75,9	31,0	37,9	31,0	4,2	12,5	83,3	12,5	58,3	29,2
10	16,7	0,0	83,3	37,5	37,5	25,0	4,3	13,0	82,6	21,7	43,5	34,8
11	11,1	3,7	85,2	40,7	37,0	22,2	8,0	4,0	88,0	20,0	52,0	28,0
12	7,4	29,6	63,0	25,9	48,1	25,9	8,3	41,7	50,0	37,5	45,8	16,7
13	7,7	23,1	69,2	15,4	53,8	30,8	4,0	16,0	80,0	20,0	40,0	40,0
14	34,8	0,0	65,2	69,6	26,1	4,3	4,8	9,5	85,7	52,4	38,1	9,5
16	7,7	15,4	76,9	23,1	46,2	30,8	11,1	25,9	63,0	18,5	63,0	18,5
17	11,1	14,8	74,1	44,4	29,6	25,9	4,0	32,0	64,0	32,0	56,0	12,0
18	24,0	12,0	64,0	48,0	28,0	24,0	20,8	25,0	54,2	58,3	37,5	4,2
19	54,2	4,2	41,7	75,0	8,3	16,7	8,7	21,7	69,6	47,8	30,4	21,7
20	21,4	21,4	57,1	50,0	7,1	42,9	8,0	16,0	76,0	32,0	52,0	16,0
21	26,3	15,8	57,9	47,4	42,1	10,5	30,0	25,0	45,0	50,0	25,0	25,0
23	7,1	28,6	64,3	50,0	42,9	7,1	0,0	40,9	59,1	18,2	59,1	22,7
24	0,0	21,4	78,6	42,9	35,7	21,4	0,0	42,9	57,1	4,8	76,2	19,0
25	8,3	0,0	91,7	16,7	16,7	66,7	4,3	13,0	82,6	34,8	34,8	30,4

Tabela 43. Percentual de plantas bifurcadas e tortas de acordo com cada nota nas famílias de *E. grandis* avaliadas no teste de progênies de Itatinga-SP aos 22 meses de idade e Anhembi-SP aos 20 meses de idade (continuação)

Famílias	Itatinga – 22 meses						Anhembi – 20 meses					
	Bifurcação (%)			Tortuosidade do fuste (%)			Bifurcação (%)			Tortuosidade do fuste (%)		
	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
26	10,7	7,1	82,1	42,9	42,9	14,3	0,0	26,1	73,9	26,1	39,1	34,8
27	7,1	7,1	85,7	21,4	50,0	28,6	8,7	17,4	73,9	34,8	43,5	21,7
28	3,6	14,3	82,1	17,9	46,4	35,7	0,0	20,8	79,2	25,0	54,2	20,8
29	3,7	18,5	77,8	33,3	25,9	40,7	12,0	16,0	72,0	24,0	52,0	24,0
30	10,0	20,0	70,0	30,0	50,0	20,0	15,8	36,8	47,4	31,6	52,6	15,8
31	7,1	10,7	82,1	42,9	32,1	25,0	16,7	50,0	33,3	38,9	50,0	11,1
32	15,8	10,5	73,7	52,6	42,1	5,3	25,0	35,0	40,0	50,0	30,0	20,0
33	6,7	16,7	76,7	33,3	13,3	53,3	8,0	16,0	76,0	20,0	56,0	24,0
34	26,1	8,7	65,2	47,8	26,1	26,1	12,0	28,0	60,0	32,0	64,0	4,0
35	6,7	0,0	93,3	20,0	20,0	60,0	0,0	23,1	76,9	11,5	53,8	34,6
36	3,4	13,8	82,8	24,1	37,9	37,9	0,0	36,0	64,0	32,0	56,0	12,0
37	0,0	46,7	53,3	46,7	33,3	20,0	8,0	24,0	68,0	40,0	52,0	8,0
38	23,8	9,5	66,7	33,3	47,6	19,0	8,7	17,4	73,9	13,0	73,9	13,0
39	28,0	16,0	56,0	40,0	52,0	8,0	13,0	34,8	52,2	43,5	47,8	8,7
40	16,0	16,0	68,0	32,0	36,0	32,0	31,8	18,2	50,0	54,5	40,9	4,5
41	11,1	7,4	81,5	22,2	48,1	29,6	8,3	33,3	58,3	33,3	45,8	20,8
42	18,2	27,3	54,5	27,3	45,5	27,3	0,0	29,2	70,8	25,0	45,8	29,2
43	25,0	41,7	33,3	58,3	33,3	8,3	11,1	29,6	59,3	22,2	59,3	18,5
44	12,5	16,7	70,8	29,2	62,5	8,3	16,0	24,0	60,0	28,0	56,0	16,0
45	3,7	7,4	88,9	48,1	33,3	18,5	12,5	25,0	62,5	41,7	45,8	12,5
46	7,1	17,9	75,0	39,3	39,3	21,4	11,1	25,9	63,0	40,7	40,7	18,5
47	14,8	37,0	48,1	77,8	14,8	7,4	8,3	25,0	66,7	25,0	62,5	12,5

Tabela 43. Percentual de plantas bifurcadas e tortas de acordo com cada nota nas famílias de *E. grandis* avaliadas no teste de progênies de Itatinga-SP aos 22 meses de idade e Anhembi-SP aos 20 meses de idade (continuação)

Famílias	Itatinga – 22 meses						Anhembi – 20 meses					
	Bifurcação (%)			Tortuosidade do fuste (%)			Bifurcação (%)			Tortuosidade do fuste (%)		
	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
48	9,1	9,1	81,8	36,4	54,5	9,1	4,3	21,7	73,9	39,1	39,1	21,7
49	11,1	18,5	70,4	37,0	29,6	33,3	25,0	29,2	45,8	50,0	37,5	12,5
50	0,0	27,6	72,4	27,6	51,7	20,7	8,3	33,3	58,3	29,2	54,2	16,7
51	3,7	14,8	81,5	48,1	33,3	18,5	9,5	14,3	76,2	33,3	47,6	19,0
52	8,0	12,0	80,0	28,0	28,0	44,0	9,5	9,5	81,0	14,3	71,4	14,3
53	15,4	23,1	61,5	38,5	30,8	30,8	20,0	12,0	68,0	44,0	40,0	16,0
54	3,7	3,7	92,6	33,3	25,9	40,7	3,8	19,2	76,9	19,2	73,1	7,7
55	19,0	9,5	71,4	52,4	19,0	28,6	17,4	17,4	65,2	21,7	73,9	4,3
56	20,0	20,0	60,0	46,7	53,3	0,0	3,4	34,5	62,1	20,7	44,8	34,5
57	8,3	16,7	75,0	16,7	58,3	25,0	10,0	20,0	70,0	35,0	50,0	15,0
58	19,0	14,3	66,7	71,4	14,3	14,3	13,0	30,4	56,5	43,5	39,1	17,4
59	14,3	14,3	71,4	35,7	35,7	28,6	13,6	18,2	68,2	45,5	45,5	9,1
60	28,6	14,3	57,1	42,9	28,6	28,6	10,5	26,3	63,2	42,1	52,6	5,3
61	21,7	4,3	73,9	52,2	34,8	13,0	8,3	20,8	70,8	29,2	58,3	12,5
62	14,3	9,5	76,2	33,3	52,4	14,3	4,8	33,3	61,9	42,9	47,6	9,5
63	8,7	21,7	69,6	43,5	39,1	17,4	17,4	39,1	43,5	39,1	47,8	13,0
64	12,0	24,0	64,0	44,0	40,0	16,0	9,1	9,1	81,8	45,5	31,8	22,7
65	12,5	4,2	83,3	62,5	29,2	8,3	7,1	21,4	71,4	21,4	42,9	35,7
66	6,9	3,4	89,7	37,9	31,0	31,0	0,0	25,0	75,0	20,8	58,3	20,8
67	10,7	10,7	78,6	32,1	46,4	21,4	3,7	18,5	77,8	11,1	70,4	18,5
68	14,3	4,8	81,0	23,8	47,6	28,6	25,0	40,0	35,0	45,0	40,0	15,0
69	4,5	31,8	63,6	31,8	45,5	22,7	4,8	14,3	81,0	23,8	47,6	28,6

Tabela 43. Percentual de plantas bifurcadas e tortas de acordo com cada nota nas famílias de *E. grandis* avaliadas no teste de progênies de Itatinga-SP aos 22 meses de idade e Anhembi-SP aos 20 meses de idade (continuação)

Famílias	Itatinga – 22 meses						Anhembi – 20 meses					
	Bifurcação (%)			Tortuosidade do fuste (%)			Bifurcação (%)			Tortuosidade do fuste (%)		
	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
70	7,4	14,8	77,8	29,6	48,1	22,2	4,2	25,0	70,8	25,0	54,2	20,8
71	3,4	6,9	89,7	41,4	34,5	24,1	19,2	7,7	73,1	26,9	57,7	15,4
72	13,6	13,6	72,7	54,5	27,3	18,2	15,4	19,2	65,4	26,9	65,4	7,7
73	8,3	0,0	91,7	16,7	25,0	58,3	3,8	11,5	84,6	34,6	57,7	7,7
74	3,4	6,9	89,7	17,2	37,9	44,8	12,5	16,7	70,8	20,8	70,8	8,3
75	11,1	14,8	74,1	33,3	51,9	14,8	18,2	22,7	59,1	31,8	50,0	18,2
76	11,1	5,6	83,3	50,0	27,8	22,2	22,7	27,3	50,0	36,4	50,0	13,6
77	11,1	14,8	74,1	25,9	70,4	3,7	0,0	16,7	83,3	20,8	62,5	16,7
78	4,3	26,1	69,6	39,1	56,5	4,3	8,3	16,7	75,0	25,0	54,2	20,8
79	38,5	23,1	38,5	61,5	23,1	15,4	25,0	29,2	45,8	45,8	54,2	0,0
80	14,3	7,1	78,6	57,1	28,6	14,3	8,0	24,0	68,0	28,0	40,0	32,0
81	12,0	16,0	72,0	32,0	56,0	12,0	7,4	33,3	59,3	11,1	51,9	37,0
82	20,8	8,3	70,8	29,2	33,3	37,5	12,0	24,0	64,0	28,0	48,0	24,0
83	33,3	25,0	41,7	75,0	16,7	8,3	0,0	30,4	69,6	21,7	52,2	26,1
84	0,0	22,2	77,8	18,5	48,1	33,3	0,0	20,0	80,0	44,0	36,0	20,0
85	7,1	17,9	75,0	21,4	60,7	17,9	3,7	22,2	74,1	14,8	63,0	22,2
86	14,3	0,0	85,7	35,7	21,4	42,9	5,0	25,0	70,0	30,0	50,0	20,0
87	6,7	26,7	66,7	6,7	66,7	26,7	0,0	15,4	84,6	23,1	38,5	38,5
88	9,1	18,2	72,7	27,3	45,5	27,3	12,5	20,8	66,7	25,0	50,0	25,0
89	13,6	22,7	63,6	31,8	45,5	22,7	4,2	25,0	70,8	37,5	50,0	12,5
90	10,3	6,9	82,8	37,9	41,4	20,7	16,7	20,8	62,5	29,2	70,8	0,0
91	15,0	25,0	60,0	45,0	45,0	10,0	9,1	50,0	40,9	27,3	50,0	22,7

Tabela 43. Percentual de plantas bifurcadas e tortas de acordo com cada nota nas famílias de *E. grandis* avaliadas no teste de progênies de Itatinga-SP aos 22 meses de idade e Anhembi-SP aos 20 meses de idade (continuação)

Famílias	Itatinga – 22 meses						Anhembi – 20 meses					
	Bifurcação (%)			Tortuosidade do fuste (%)			Bifurcação (%)			Tortuosidade do fuste (%)		
	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
92	20,8	29,2	50,0	45,8	45,8	8,3	10,0	35,0	55,0	50,0	30,0	20,0
93	7,4	7,4	85,2	29,6	37,0	33,3	5,0	35,0	60,0	55,0	25,0	20,0
94	19,0	9,5	71,4	42,9	38,1	19,0	15,0	10,0	75,0	35,0	60,0	5,0
95	9,1	36,4	54,5	54,5	27,3	18,2	8,7	13,0	78,3	21,7	39,1	39,1
96	7,1	10,7	82,1	42,9	25,0	32,1	16,7	8,3	75,0	33,3	41,7	25,0
97	16,7	11,1	72,2	38,9	38,9	22,2	17,6	41,2	41,2	52,9	41,2	5,9
98	29,4	17,6	52,9	64,7	29,4	5,9	29,2	20,8	50,0	37,5	58,3	4,2
99	11,5	0,0	88,5	38,5	42,3	19,2	8,7	8,7	82,6	26,1	47,8	26,1
100	10,0	25,0	65,0	50,0	35,0	15,0	7,4	25,9	66,7	18,5	66,7	14,8
101	24,0	8,0	68,0	52,0	32,0	16,0	13,8	24,1	62,1	44,8	34,5	20,7
102	23,3	16,7	60,0	36,7	56,7	6,7	4,0	32,0	64,0	20,0	76,0	4,0
103	14,3	28,6	57,1	21,4	42,9	35,7	4,0	36,0	60,0	36,0	44,0	20,0
104	4,0	16,0	80,0	40,0	40,0	20,0	9,1	18,2	72,7	36,4	36,4	27,3
105	6,7	20,0	73,3	53,3	26,7	20,0	0,0	16,7	83,3	16,7	66,7	16,7
106	0,0	32,0	68,0	40,0	44,0	16,0	0,0	18,2	81,8	31,8	50,0	18,2
107	6,7	10,0	83,3	13,3	60,0	26,7	3,7	7,4	88,9	22,2	55,6	22,2
108	18,2	9,1	72,7	45,5	54,5	0,0	8,7	30,4	60,9	34,8	52,2	13,0
109	7,4	14,8	77,8	51,9	29,6	18,5	7,1	10,7	82,1	35,7	42,9	21,4
110	10,5	10,5	78,9	47,4	31,6	21,1	11,1	22,2	66,7	33,3	50,0	16,7
111	5,3	31,6	63,2	26,3	31,6	42,1	0,0	21,7	78,3	30,4	47,8	21,7
112	7,1	14,3	78,6	21,4	57,1	21,4	0,0	29,6	70,4	29,6	48,1	22,2
113	6,5	16,1	77,4	22,6	38,7	38,7	16,0	28,0	56,0	44,0	24,0	32,0

Tabela 43. Percentual de plantas bifurcadas e tortas de acordo com cada nota nas famílias de *E. grandis* avaliadas no teste de progênies de Itatinga-SP aos 22 meses de idade e Anhembi-SP aos 20 meses de idade (continuação)

Famílias	Itatinga – 22 meses						Anhembi – 20 meses					
	Bifurcação (%)			Tortuosidade do fuste (%)			Bifurcação (%)			Tortuosidade do fuste (%)		
	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
114	3,6	21,4	75,0	28,6	46,4	25,0	4,2	37,5	58,3	16,7	50,0	33,3
115	20,0	16,0	64,0	36,0	40,0	24,0	12,0	20,0	68,0	20,0	56,0	24,0
116	5,3	21,1	73,7	42,1	36,8	21,1	4,3	13,0	82,6	30,4	34,8	34,8
117	14,8	22,2	63,0	37,0	40,7	22,2	3,8	30,8	65,4	26,9	50,0	23,1
118	12,5	37,5	50,0	33,3	50,0	16,7	9,1	31,8	59,1	27,3	63,6	9,1
119	13,8	6,9	79,3	24,1	41,4	34,5	10,7	25,0	64,3	25,0	57,1	17,9
120	11,1	14,8	74,1	33,3	33,3	33,3	0,0	20,8	79,2	37,5	54,2	8,3
121	13,6	18,2	68,2	27,3	63,6	9,1	8,0	24,0	68,0	20,0	60,0	20,0
122	17,4	17,4	65,2	43,5	43,5	13,0	8,0	20,0	72,0	36,0	44,0	20,0
123	3,7	3,7	92,6	40,7	33,3	25,9	19,2	23,1	57,7	57,7	30,8	11,5
124	13,0	4,3	82,6	34,8	39,1	26,1	13,6	13,6	72,7	45,5	31,8	22,7
125	19,2	15,4	65,4	57,7	11,5	30,8	3,8	23,1	73,1	15,4	61,5	23,1
126	4,0	8,0	88,0	24,0	52,0	24,0	12,0	8,0	80,0	36,0	36,0	28,0
127	7,1	3,6	89,3	32,1	35,7	32,1	4,0	36,0	60,0	28,0	56,0	16,0
128	3,3	3,3	93,3	33,3	53,3	13,3	4,5	13,6	81,8	27,3	59,1	13,6
129	7,7	7,7	84,6	34,6	30,8	34,6	15,4	23,1	61,5	38,5	53,8	7,7
130	13,3	13,3	73,3	36,7	33,3	30,0	16,0	20,0	64,0	28,0	48,0	24,0
131	12,5	16,7	70,8	25,0	54,2	20,8	13,6	36,4	50,0	50,0	40,9	9,1
132	0,0	0,0	100,0	35,7	28,6	35,7	8,3	8,3	83,3	12,5	54,2	33,3
133	3,6	17,9	78,6	39,3	28,6	32,1	4,0	12,0	84,0	28,0	52,0	20,0
134	13,3	6,7	80,0	33,3	30,0	36,7	8,0	28,0	64,0	16,0	60,0	24,0
135	4,0	28,0	68,0	28,0	36,0	36,0	5,0	35,0	60,0	30,0	45,0	25,0

Tabela 43. Percentual de plantas bifurcadas e tortas de acordo com cada nota nas famílias de *E. grandis* avaliadas no teste de progênies de Itatinga-SP aos 22 meses de idade e Anhembi-SP aos 20 meses de idade (continuação)

Famílias	Itatinga – 22 meses						Anhembi – 20 meses					
	Bifurcação (%)			Tortuosidade do fuste (%)			Bifurcação (%)			Tortuosidade do fuste (%)		
	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
136	4,0	24,0	72,0	44,0	44,0	12,0	4,2	25,0	70,8	25,0	70,8	4,2
137	8,7	8,7	82,6	39,1	26,1	34,8	11,5	11,5	76,9	26,9	50,0	23,1
138	0,0	13,8	86,2	10,3	51,7	37,9	9,5	4,8	85,7	14,3	47,6	38,1
139	18,2	0,0	81,8	54,5	36,4	9,1	8,7	13,0	78,3	21,7	56,5	21,7
140	9,1	31,8	59,1	36,4	50,0	13,6	7,7	23,1	69,2	42,3	34,6	23,1
141	14,8	22,2	63,0	51,9	37,0	11,1	12,0	28,0	60,0	32,0	64,0	4,0
142	3,4	6,9	89,7	27,6	37,9	34,5	8,0	8,0	84,0	28,0	48,0	24,0
143	14,8	11,1	74,1	33,3	44,4	22,2	13,6	27,3	59,1	40,9	54,5	4,5
144	5,0	15,0	80,0	50,0	30,0	20,0	5,3	15,8	78,9	31,6	52,6	15,8
145	8,7	8,7	82,6	39,1	39,1	21,7	26,7	33,3	40,0	33,3	53,3	13,3
146	11,1	22,2	66,7	59,3	37,0	3,7	8,0	44,0	48,0	36,0	48,0	16,0
147	14,3	7,1	78,6	32,1	32,1	35,7	4,0	20,0	76,0	12,0	76,0	12,0
148	32,0	32,0	36,0	56,0	32,0	12,0	19,0	14,3	66,7	23,8	57,1	19,0
149	3,2	9,7	87,1	29,0	54,8	16,1	0,0	18,5	81,5	25,9	59,3	14,8
150	9,1	9,1	81,8	54,5	31,8	13,6	10,5	31,6	57,9	21,1	73,7	5,3
151	22,2	0,0	77,8	44,4	22,2	33,3	23,1	11,5	65,4	30,8	38,5	30,8
152	12,0	24,0	64,0	36,0	40,0	24,0	17,4	17,4	65,2	30,4	65,2	4,3
153	3,7	14,8	81,5	44,4	25,9	29,6	4,5	18,2	77,3	18,2	77,3	4,5
155	20,8	16,7	62,5	20,8	41,7	37,5	8,0	20,0	72,0	28,0	64,0	8,0
156	0,0	7,7	92,3	23,1	46,2	30,8	0,0	33,3	66,7	23,8	52,4	23,8
157	13,6	13,6	72,7	63,6	31,8	4,5	0,0	35,3	64,7	41,2	52,9	5,9
158	26,9	15,4	57,7	61,5	26,9	11,5	23,1	23,1	53,8	30,8	50,0	19,2

Tabela 43. Percentual de plantas bifurcadas e tortas de acordo com cada nota nas famílias de *E. grandis* avaliadas no teste de progênies de Itatinga-SP aos 22 meses de idade e Anhembi-SP aos 20 meses de idade (continuação)

Famílias	Itatinga – 22 meses						Anhembi – 20 meses					
	Bifurcação (%)			Tortuosidade do fuste (%)			Bifurcação (%)			Tortuosidade do fuste (%)		
	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
159	6,9	20,7	72,4	44,8	41,4	13,8	8,3	20,8	70,8	20,8	54,2	25,0
160	4,2	12,5	83,3	41,7	37,5	20,8	20,0	15,0	65,0	35,0	50,0	15,0
161	7,1	17,9	75,0	35,7	21,4	42,9	0,0	28,6	71,4	10,7	57,1	32,1
163	15,0	5,0	80,0	50,0	30,0	20,0	4,5	31,8	63,6	18,2	54,5	27,3
165	6,7	10,0	83,3	26,7	33,3	40,0	4,2	20,8	75,0	20,8	45,8	33,3
167	24,0	24,0	52,0	36,0	40,0	24,0	16,7	37,5	45,8	45,8	37,5	16,7
168	0,0	23,1	76,9	26,9	53,8	19,2	3,7	22,2	74,1	25,9	59,3	14,8
169	24,1	6,9	69,0	51,7	37,9	10,3	0,0	20,0	80,0	15,0	65,0	20,0
170	14,3	19,0	66,7	38,1	33,3	28,6	10,0	40,0	50,0	25,0	65,0	10,0
171	9,1	18,2	72,7	36,4	40,9	22,7	13,6	27,3	59,1	36,4	45,5	18,2
172	3,6	7,1	89,3	32,1	42,9	25,0	4,2	16,7	79,2	25,0	50,0	25,0
173	15,4	23,1	61,5	57,7	34,6	7,7	17,4	17,4	65,2	30,4	52,2	17,4
175	0,0	8,3	91,7	8,3	29,2	62,5	0,0	27,3	72,7	13,6	59,1	27,3
176	8,7	0,0	91,3	34,8	30,4	34,8	12,0	24,0	64,0	36,0	48,0	16,0
177	0,0	7,7	92,3	19,2	46,2	34,6	3,7	22,2	74,1	29,6	55,6	14,8
178	10,3	10,3	79,3	24,1	51,7	24,1	14,8	40,7	44,4	40,7	48,1	11,1
179	0,0	11,1	88,9	7,4	70,4	22,2	4,2	12,5	83,3	25,0	58,3	16,7
180	0,0	25,0	75,0	39,3	46,4	14,3	3,8	3,8	92,3	26,9	50,0	23,1
181	18,5	22,2	59,3	44,4	44,4	11,1	7,7	19,2	73,1	42,3	46,2	11,5
182	14,3	14,3	71,4	33,3	42,9	23,8	16,7	8,3	75,0	29,2	41,7	29,2
183	26,3	21,1	52,6	36,8	36,8	26,3	13,0	26,1	60,9	26,1	65,2	8,7
184	16,7	12,5	70,8	33,3	41,7	25,0	14,3	33,3	52,4	28,6	42,9	28,6

Tabela 43. Percentual de plantas bifurcadas e tortas de acordo com cada nota nas famílias de *E. grandis* avaliadas no teste de progênies de Itatinga-SP aos 22 meses de idade e Anhembi-SP aos 20 meses de idade (conclusão)

Famílias	Itatinga – 22 meses						Anhembi – 20 meses					
	Bifurcação (%)			Tortuosidade do fuste (%)			Bifurcação (%)			Tortuosidade do fuste (%)		
	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
185	4,0	20,0	76,0	32,0	52,0	16,0	16,7	37,5	45,8	41,7	45,8	12,5
Total	11,5	15,0	73,5	37,7	38,7	23,5	9,4	23,3	67,3	30,0	51,2	18,8

FONTE: O autor (2016).

Tabela 44. Matriz de covariâncias genéticas (*G*)

	GRI	NG	DAP
GRI	0,2533	-0,0386	0,1838
NG	-0,0386	0,7463	-0,2098
DAP	0,1838	-0,2098	0,5299

GRI = grau de infecção à ferrugem; NG = número de galhos

FONTE: O autor (2016).

Tabela 45. Matriz de covariâncias fenotípicas (*P*)

	GRI	NG	DAP
GRI	0,6757	-0,1517	0,9166
NG	-0,1517	6,7188	-2,005
DAP	0,9166	-2,005	7,8199

GRI = grau de infecção à ferrugem; NG = número de galhos.

FONTE: O autor (2016).

Tabela 46. Valores genéticos aditivos das famílias selecionadas pela seleção direta em Anhembi-SP.

(continua)

Ordem	Método 1			Método 2			Método 3		
	GRI	NG	DAP	GRI	NG	DAP	GRI	NG	DAP
1	1,2784	0,6103	0,2576	-0,2027	2,2124	0,4263	0,6586	1,4552	2,1601
2	1,1133	0,6672	0,735	0,4835	2,1213	1,2302	0,4849	0,0201	1,703
3	1,0955	-0,5612	0,3474	0,5945	2,021	1,6474	0,5945	2,021	1,6474
4	1,0446	-0,0651	0,2735	-0,003	1,6849	-0,1632	-0,1427	1,3782	1,4572
5	1,0446	-1,1554	-0,7899	-0,4992	1,5838	-0,2053	0,3212	-1,1745	1,3295
6	1,0446	-0,1427	1,2672	-0,1342	1,5693	0,3764	0,0892	0,0086	1,3244
7	0,9947	0,5804	0,4477	-0,4441	1,478	0,1384	1,0446	-0,1427	1,2672
8	0,9894	0,1372	0,6464	0,6586	1,4552	2,1601	0,4835	2,1213	1,2302
9	0,9309	0,6076	1,1547	-0,4277	1,402	0,5172	0,9309	0,6076	1,1547
10	0,8792	0,3196	0,3877	-0,1427	1,3782	1,4572	0,3278	-0,2182	1,1201
11	0,8767	0,1405	0,1783	-0,4801	1,3468	0,1137	0,3484	-0,108	1,1033
12	0,7673	0,8084	0,441	0,2627	1,2847	0,5734	0,0569	0,3948	1,102
13	0,7607	0,5996	0,7622	-0,4441	1,2712	0,1849	0,003	1,2002	1,0418
14	0,758	-0,7214	-0,1015	-0,6646	1,2712	-0,0137	0,5907	-1,2116	1,0403
15	0,7194	-0,4304	0,5296	-0,7197	1,2668	-1,1641	0,5494	0,0578	1,0292
16	0,7138	0,3847	-0,0634	-0,1955	1,2489	0,6385	0,0521	0,7372	1,0291
17	0,7138	-0,0941	0,6344	-0,5053	1,2261	0,7836	0,534	-0,2929	1,0207
18	0,7129	0,3724	0,6168	0,003	1,2002	1,0418	-0,0891	0,1	0,9177
19	0,7097	-0,0615	0,7805	-0,4022	1,1537	0,7547	0,1271	0,543	0,8895
20	0,6586	1,4552	2,1601	0,0521	1,0643	-0,8909	0,1886	-0,1391	0,8423
21	0,6562	-0,659	0,5173	-0,301	1,0628	0,415	-0,5053	1,2261	0,7836
22	0,5963	0,2027	0,5606	-0,0581	0,9759	-0,5826	0,7097	-0,0615	0,7805
23	0,5945	2,021	1,6474	-0,4049	0,9186	0,1293	0,7607	0,5996	0,7622

Tabela 46. Valores genéticos aditivos das famílias selecionadas pela seleção direta em Anhembi-SP.

(continuação)

Ordem	Método 1			Método 2			Método 3		
	GRI	NG	DAP	GRI	NG	DAP	GRI	NG	DAP
24	0,5907	-1,2116	1,0403	0,14	0,8527	0,197	-0,4022	1,1537	0,7547
25	0,5636	-1,3747	0,217	-0,1247	0,8225	0,1685	1,1133	0,6672	0,735
26	0,5495	0,2945	-0,1833	0,4895	0,82	-0,4861	0,1073	-0,425	0,6982
27	0,5494	0,0578	1,0292	0,7673	0,8084	0,441	-0,0826	-0,5301	0,6859
28	0,5392	-0,1868	-0,2128	-0,8375	0,7992	-1,3008	0,9894	0,1372	0,6464
29	0,534	-0,2929	1,0207	0,4932	0,7788	0,2781	-0,1955	1,2489	0,6385
30	0,5332	0,5564	-0,5139	0,1408	0,751	0,3242	0,7138	-0,0941	0,6344
31	0,4932	0,7788	0,2781	0,0521	0,7372	1,0291	0,3278	-0,0577	0,6306
32	0,4932	0,0835	0,5116	-0,3889	0,7343	0,0844	0,7129	0,3724	0,6168
33	0,4895	0,82	-0,4861	0,4381	0,7303	0,3764	-0,1133	-1,7992	0,6132
34	0,4849	0,0201	1,703	-0,3889	0,71	0,4656	0,2053	0,0772	0,6032
35	0,4835	2,1213	1,2302	-0,5134	0,6741	0,1812	0,4277	0,4378	0,5766
36	0,4521	-1,2191	0,5165	1,1133	0,6672	0,735	0,2627	1,2847	0,5734
37	0,4381	0,7303	0,3764	0,3829	0,6458	0,0602	0,0252	-0,5076	0,5633
38	0,436	-1,7439	0,3195	1,2784	0,6103	0,2576	0,5963	0,2027	0,5606
39	0,4295	0,0445	-0,0453	0,9309	0,6076	1,1547	0,7194	-0,4304	0,5296
40	0,4277	0,4378	0,5766	0,7607	0,5996	0,7622	-0,1247	-0,587	0,5207
41	0,3829	0,6458	0,0602	-0,7804	0,5805	-0,3265	0,6562	-0,659	0,5173
42	0,3484	-0,108	1,1033	0,9947	0,5804	0,4477	-0,4277	1,402	0,5172
43	0,3278	-0,0577	0,6306	0,5332	0,5564	-0,5139	0,4521	-1,2191	0,5165
44	0,3278	-0,2182	1,1201	0,1163	0,5463	0,123	0,4932	0,0835	0,5116
45	0,3278	-1,1998	-1,5423	0,1271	0,543	0,8895	-0,3889	0,0714	0,5059
46	0,3212	-1,1745	1,3295	0,2175	0,5355	-0,3365	-0,3889	0,71	0,4656
47	0,318	0,3951	0,4009	0,3044	0,5262	0,1509	0,9947	0,5804	0,4477

Tabela 46. Valores genéticos aditivos das famílias selecionadas pela seleção direta em Anhembi-SP.

(continuação)

Ordem	Método 1			Método 2			Método 3		
	GRI	NG	DAP	GRI	NG	DAP	GRI	NG	DAP
48	0,3044	0,5262	0,1509	-0,5543	0,526	-0,2662	0,7673	0,8084	0,441
49	0,296	-0,2862	-1,932	0,0108	0,5153	0,3535	-0,3077	-0,0101	0,4375
50	0,2727	0,1811	-0,3953	-0,6646	0,4876	0,3406	0,0805	-1,5853	0,4265
51	0,2727	0,4876	-0,1001	0,2727	0,4876	-0,1001	-0,2027	2,2124	0,4263
52	0,2627	1,2847	0,5734	-0,0859	0,4697	-0,6799	-0,301	1,0628	0,415
53	0,2613	-0,3433	-0,4067	0,4277	0,4378	0,5766	0,318	0,3951	0,4009
54	0,2348	0,1037	0,3745	-0,316	0,4088	-0,5314	0,8792	0,3196	0,3877
55	0,2175	0,3049	0,2324	-0,8267	0,4028	-0,4305	0,4381	0,7303	0,3764
56	0,2175	0,5355	-0,3365	0,318	0,3951	0,4009	-0,1342	1,5693	0,3764
57	0,2053	0,0772	0,6032	0,0569	0,3948	1,102	0,2348	0,1037	0,3745
58	0,1886	-0,1391	0,8423	0,7138	0,3847	-0,0634	0,0108	0,5153	0,3535
59	0,1841	-0,1853	-0,4036	0,7129	0,3724	0,6168	1,0955	-0,5612	0,3474
60	0,1624	-0,264	-0,2924	-0,003	0,3463	-0,1967	-0,6646	0,4876	0,3406
61	0,1624	-0,2182	0,0107	-0,353	0,3368	0,211	0,1408	0,751	0,3242
62	0,1526	-0,5022	-0,4675	0,8792	0,3196	0,3877	0,436	-1,7439	0,3195
63	0,1408	0,751	0,3242	-0,0329	0,3147	-0,6443	-0,0099	0,1736	0,3105
64	0,14	0,8527	0,197	0,2175	0,3049	0,2324	-0,4929	-1,2029	0,31
65	0,1271	0,543	0,8895	0,5495	0,2945	-0,1833	0,1073	-1,0456	0,2849
66	0,1219	0,0187	-0,0195	0,0359	0,244	-0,6005	0,4932	0,7788	0,2781
67	0,1163	0,5463	0,123	-0,5543	0,2364	0,26	1,0446	-0,0651	0,2735
68	0,1073	-1,0456	0,2849	-0,1007	0,2302	0,1531	-0,5543	0,2364	0,26
69	0,1073	-0,425	0,6982	0,0819	0,2217	0,2136	1,2784	0,6103	0,2576
70	0,1073	-1,2525	0,2363	-0,2235	0,2202	-0,5551	0,1073	-1,2525	0,2363
71	0,1073	-0,4803	-0,5156	0,5963	0,2027	0,5606	0,2175	0,3049	0,2324

Tabela 46. Valores genéticos aditivos das famílias selecionadas pela seleção direta em Anhembi-SP.

(conclusão)

Ordem	Método 1			Método 2			Método 3		
	GRI	NG	DAP	GRI	NG	DAP	GRI	NG	DAP
72	0,1072	-0,785	0,1224	-0,3786	0,1993	-0,595	0,5636	-1,3747	0,217
73	0,0892	0,0086	1,3244	-0,4441	0,1993	-0,0862	0,0819	0,2217	0,2136
74	0,0842	-1,3474	-0,6797	0,2727	0,1811	-0,3953	-0,353	0,3368	0,211
75	0,0819	0,2217	0,2136	-0,0099	0,1736	0,3105	0,14	0,8527	0,197
76	0,0805	-1,5853	0,4265	0,0521	0,1542	-0,0586	-0,1423	-0,883	0,1894
77	0,0569	0,3948	1,102	0,8767	0,1405	0,1783	-0,4441	1,2712	0,1849
78	0,0521	0,1312	0,0487	0,9894	0,1372	0,6464	-0,5134	0,6741	0,1812
79	0,0521	0,1542	-0,0586	0,0521	0,1312	0,0487	0,8767	0,1405	0,1783
80	0,0521	1,0643	-0,8909	-0,2393	0,1253	-0,5051	-0,1247	0,8225	0,1685

GRI = grau de infecção à ferrugem; NG = número de galhos

FONTE: O autor (2016).

Tabela 47. Valores genéticos das famílias selecionadas pela seleção direta no teste de progênes em Anhembi-SP para Itatinga-SP. (continua)

Ordem	Método 1		Método 2		Método 3	
	GRI	DAP	GRI	DAP	GRI	DAP
1	1,2483	0,4581	-1,0888	-2,8956	-0,7919	0,2935
2	1,3682	0,9175	0,2895	0,7996	-0,3593	-1,5734
3	1,4765	-0,4741	1,1447	0,7068	1,3682	0,2213
4	1,323	0,7498	-0,8493	-1,5986	0,5895	-0,8399
5	1,587	0,607	-0,6441	-0,4998	0,9523	-0,2223
6	1,9257	2,2293	-0,3547	0,4981	0,1651	-0,254
7	1,0359	0,6794	-0,13	-0,8367	-1,2087	-1,7318
8	1,3682	0,2213	0,8057	2,6197	0,8772	1,4158
9	1,1447	0,8229	-0,6029	-0,2399	1,1447	0,8229
10	1,5995	0,35	-0,6605	1,4838	0,5891	1,2753
11	1,1952	1,3743	-0,8414	-1,1668	0,8288	2,135
12	1,3689	0,174	0,4079	0,5061	1,2654	1,4144
13	0,9394	2,697	-0,1615	-0,87	1,0359	0,6794
14	1,3653	0,374	-1,0335	-0,5792	1,2483	0,4581
15	1,2536	0,6313	-0,3697	-0,6784	0,0062	0,3571
16	1,4634	-0,3862	-0,0469	0,4387	-0,1615	-0,87
17	1,3766	0,9236	-0,7845	-1,1327	-0,2875	0,996
18	0,561	0,2357	-1,0311	-0,0099	0,5572	-0,7914
19	1,0086	1,7835	-0,8456	0,3682	1,9257	2,2293
20	0,8057	2,6197	0,1162	1,3774	0,7647	0,9114
21	0,649	1,1111	-1,2015	-0,6235	-0,4019	0,3041
22	1,548	0,9156	0,1651	0,2576	-0,5969	-0,1265
23	1,1447	0,7068	-0,6633	0,0959	-0,7845	-1,1327
24	0,7689	0,6187	0,649	2,0022	0,6588	0,2929
25	0,9523	-0,2223	-0,7919	0,2935	-0,6094	-1,515
26	1,0359	1,1513	0,1696	-0,8634	1,548	0,9156
27	1,2654	1,4144	1,3689	0,174	1,1952	1,3743
28	1,3333	0,9111	-0,7892	-0,6345	1,3682	0,9175
29	0,4287	0,5677	0,7082	0,6189	0,7624	2,4693
30	0,7093	1,4902	0,5292	0,6636	0,3661	0,3876
31	0,7082	0,6189	0,5891	1,2753	0,0486	0,5068
32	0,7624	2,4693	0,3494	1,7472	0,561	0,2357
33	0,1696	-0,8634	-0,296	-0,1457	-1,4154	-1,326
34	0,7647	0,9114	-0,9524	-0,1784	-0,6605	1,4838
35	0,2895	0,7996	-0,4019	0,3041	-0,2703	-1,4221
36	0,5895	-0,8399	1,3682	0,9175	0,9316	1,0454
37	-0,296	-0,1457	0,7689	3,0937	0,3656	1,4349
38	0,5292	0,4732	1,2483	0,4581	1,1447	0,7068
39	-0,2477	-0,0244	1,1447	0,8229	-0,0526	0,7123
40	0,8288	2,135	0,9394	2,697	-0,0469	0,4387
41	0,7689	3,0937	-0,8437	-0,0686	-0,0729	-0,5236

Tabela 47. Valores genéticos das famílias selecionadas pela seleção direta no teste de progênes em Anhembi-SP para Itatinga-SP (conclusão)

Ordem	Método 1		Método 2		Método 3	
	GRI	DAP	GRI	DAP	GRI	DAP
42	0,5619	-0,1157	1,0359	0,6794	-0,2723	0,0659
43	0,3899	0,141	0,7093	1,4902	0,2895	0,7996
44	0,5572	-0,7914	0,7573	1,1654	1,2536	0,6313
45	-0,2638	-1,4211	0,3661	0,3876	0,5619	-0,1157
46	0,9316	1,0454	0,5858	2,1081	1,0086	1,7835
47	0,8431	1,3874	0,4328	-0,2821	0,8431	1,3874
48	0,4328	-0,2821	0,0498	2,0185	1,3689	0,174
49	0,2039	0,1767	-0,6094	0,3941	-0,8456	0,3682
50	0,3899	-0,6849	-1,2087	-1,7318	0,3843	-0,2796
51	-0,5416	-0,6808	-0,5416	-0,6808	0,8057	2,6197
52	0,4079	0,5061	-0,0512	1,0324	-0,6029	-0,2399
53	0,2739	-0,3835	0,8288	2,135	-0,587	0,8162
54	-0,3027	-1,7989	-1,0888	-2,5061	-0,468	0,8081
55	-0,1899	-0,8575	-1,9554	-1,9912	0,4287	0,5677
56	0,5858	2,1081	0,8431	1,3874	0,5292	0,4732
57	0,1651	-0,254	-0,2723	0,0659	0,5292	0,6636
58	0,6588	0,2929	1,4634	-0,3862	1,3766	0,9236
59	0,1097	0,5661	0,561	0,2357	-0,6094	0,3941
60	-0,0101	-0,8772	0,1696	-0,5308	-0,1899	-0,8575
61	0,2569	0,1949	-0,2875	0,996	0,649	2,0022
62	-0,1872	-0,96	1,5995	0,35	0,1226	0,3601
63	0,5292	0,6636	0,6269	0,9834	0,7082	0,6189
64	0,649	2,0022	-0,1899	-0,8575	-1,2015	-0,6235
65	0,3661	0,3876	1,0359	1,1513	0,1097	-0,4172
66	0,5147	0,1918	0,2296	-0,1527	-1,0888	-2,8956
67	0,7573	1,1654	-0,468	0,8081	1,5995	0,35
68	0,3656	1,4349	-0,064	-0,5047	-0,9524	-0,1784
69	0,0486	0,5068	0,1226	0,3601	0,4079	0,5061
70	-0,0526	0,7123	-0,0132	0,4703	-0,3455	-0,3084
71	-0,4296	-0,4475	1,548	0,9156	1,4765	-0,4741
72	0,1696	0,3111	-0,7348	-0,6774	-0,3027	-1,7989
73	0,3843	-0,2796	-0,2499	1,3799	0,7689	0,6187
74	0,5827	0,7077	0,3899	-0,6849	0,9394	2,697
75	0,1226	0,3601	-0,3455	-0,3084	-0,296	-0,1457
76	-0,2703	-1,4221	0,5977	0,2898	1,323	0,7498
77	-0,2723	0,0659	1,1952	1,3743	0,649	1,1111
78	0,5891	2,893	1,3682	0,2213	0,3899	0,141
79	0,5977	0,2898	0,5891	2,893	-0,3547	0,4981
80	0,1162	1,3774	-0,2322	-0,5706	-1,0311	-0,0099

GRI = grau de infecção à ferrugem; NG = número de galhos.

FONTE: O autor (2016).

Tabela 48. Valores genéticos aditivos para as variáveis grau de infecção à ferrugem (GRI), número de galhos (NG) e DAP das famílias selecionadas de acordo com a seleção baseada nos índices combinados. (continua)

Ordem	Método 4			Método 5			Método 6			Método 7		
	GRI	NG	DAP	GRI	NG	DAP	GRI	NG	DAP	GRI	NG	DAP
1	1,2784	0,6103	0,2576	1,2784	0,6103	0,2576	1,2784	0,6103	0,2576	0,6586	1,4552	2,1601
2	1,1133	0,6672	0,735	1,1133	0,6672	0,735	1,1133	0,6672	0,735	0,5945	2,021	1,6474
3	1,0446	-0,1427	1,2672	1,0446	-0,1427	1,2672	1,0446	-0,1427	1,2672	0,003	1,2002	1,0418
4	1,0955	-0,5612	0,3474	1,0955	-0,5612	0,3474	1,0955	-0,5612	0,3474	0,4835	2,1213	1,2302
5	1,0446	-0,0651	0,2735	1,0446	-0,0651	0,2735	1,0446	-0,0651	0,2735	-0,1427	1,3782	1,4572
6	0,8767	0,1405	0,1783	0,8767	0,1405	0,1783	0,8767	0,1405	0,1783	-0,1955	1,2489	0,6385
7	0,9947	0,5804	0,4477	0,9947	0,5804	0,4477	0,9309	0,6076	1,1547	-0,4022	1,1537	0,7547
8	0,9894	0,1372	0,6464	0,9309	0,6076	1,1547	0,9947	0,5804	0,4477	0,0892	0,0086	1,3244
9	1,0446	-1,1554	-0,7899	0,7607	0,5996	0,7622	0,7607	0,5996	0,7622	0,0569	0,3948	1,102
10	0,9309	0,6076	1,1547	0,9894	0,1372	0,6464	0,9894	0,1372	0,6464	-0,2027	2,2124	0,4263
11	0,7129	0,3724	0,6168	0,7129	0,3724	0,6168	0,7129	0,3724	0,6168	0,4849	0,0201	1,703
12	0,7607	0,5996	0,7622	0,7097	-0,0615	0,7805	0,5945	2,021	1,6474	-0,5053	1,2261	0,7836
13	0,7097	-0,0615	0,7805	0,5945	2,021	1,6474	0,7097	-0,0615	0,7805	-0,4801	1,3468	0,1137
14	0,7138	-0,0941	0,6344	0,6586	1,4552	2,1601	0,6586	1,4552	2,1601	-0,4277	1,402	0,5172
15	0,8792	0,3196	0,3877	0,7138	-0,0941	0,6344	0,7138	-0,0941	0,6344	-0,4441	1,2712	0,1849
16	0,4932	0,7788	0,2781	0,8792	0,3196	0,3877	0,7673	0,8084	0,441	0,9309	0,6076	1,1547
17	0,7673	0,8084	0,441	0,4932	0,7788	0,2781	0,4932	0,7788	0,2781	-0,4441	1,478	0,1384
18	0,7194	-0,4304	0,5296	0,7673	0,8084	0,441	0,8792	0,3196	0,3877	0,2627	1,2847	0,5734
19	0,5945	2,021	1,6474	1,0446	-1,1554	-0,7899	1,0446	-1,1554	-0,7899	0,0521	0,7372	1,0291
20	0,6586	1,4552	2,1601	0,7194	-0,4304	0,5296	0,7194	-0,4304	0,5296	-0,6646	1,2712	-0,0137
21	0,758	-0,7214	-0,1015	0,7138	0,3847	-0,0634	0,7138	0,3847	-0,0634	-0,1247	0,8225	0,1685
22	0,7138	0,3847	-0,0634	0,4849	0,0201	1,703	0,4849	0,0201	1,703	-0,3889	0,71	0,4656

Tabela 48. Valores genéticos aditivos para as variáveis grau de infecção à ferrugem (GRI), número de galhos (NG) e DAP das famílias selecionadas de acordo com a seleção baseada nos índices combinados. (continuação)

Ordem	Método 4			Método 5			Método 6			Método 7		
	GRI	NG	DAP	GRI	NG	DAP	GRI	NG	DAP	GRI	NG	DAP
23	0,5907	-1,2116	1,0403	0,758	-0,7214	-0,1015	0,758	-0,7214	-0,1015	0,1271	0,543	0,8895
24	0,6562	-0,659	0,5173	0,5907	-1,2116	1,0403	0,5907	-1,2116	1,0403	-0,003	1,6849	-0,1632
25	0,4849	0,0201	1,703	0,6562	-0,659	0,5173	0,6562	-0,659	0,5173	-0,1342	1,5693	0,3764
26	0,4895	0,82	-0,4861	0,4835	2,1213	1,2302	0,4835	2,1213	1,2302	0,1886	-0,1391	0,8423
27	0,5392	-0,1868	-0,2128	0,4381	0,7303	0,3764	0,4895	0,82	-0,4861	-0,0099	0,1736	0,3105
28	0,4381	0,7303	0,3764	0,4895	0,82	-0,4861	0,4381	0,7303	0,3764	1,0446	-0,1427	1,2672
29	0,5494	0,0578	1,0292	0,3278	-0,2182	1,1201	0,3278	-0,2182	1,1201	1,1133	0,6672	0,735
30	0,2727	0,4876	-0,1001	0,5494	0,0578	1,0292	0,0521	0,7372	1,0291	0,7607	0,5996	0,7622
31	0,3278	-0,2182	1,1201	0,0521	0,7372	1,0291	0,5963	0,2027	0,5606	0,4277	0,4378	0,5766
32	0,5963	0,2027	0,5606	0,5963	0,2027	0,5606	0,5494	0,0578	1,0292	-0,4049	0,9186	0,1293
33	0,5636	-1,3747	0,217	0,5392	-0,1868	-0,2128	0,5392	-0,1868	-0,2128	0,7097	-0,0615	0,7805
34	0,5332	0,5564	-0,5139	0,2727	0,4876	-0,1001	0,318	0,3951	0,4009	0,534	-0,2929	1,0207
35	0,0521	0,7372	1,0291	0,318	0,3951	0,4009	0,3044	0,5262	0,1509	-0,5543	0,2364	0,26
36	0,5495	0,2945	-0,1833	0,3044	0,5262	0,1509	0,2175	0,5355	-0,3365	-0,3889	0,7343	0,0844
37	0,4835	2,1213	1,2302	0,2175	0,5355	-0,3365	0,2727	0,4876	-0,1001	-0,5134	0,6741	0,1812
38	0,318	0,3951	0,4009	0,5332	0,5564	-0,5139	0,3829	0,6458	0,0602	0,3484	-0,108	1,1033
39	0,2175	0,5355	-0,3365	0,5495	0,2945	-0,1833	0,5495	0,2945	-0,1833	-0,1007	0,2302	0,1531
40	0,2613	-0,3433	-0,4067	0,3829	0,6458	0,0602	0,5332	0,5564	-0,5139	-0,6646	0,4876	0,3406
41	0,3829	0,6458	0,0602	0,5636	-1,3747	0,217	0,4277	0,4378	0,5766	-0,4992	1,5838	-0,2053
42	0,3044	0,5262	0,1509	0,4295	0,0445	-0,0453	0,14	0,8527	0,197	0,3278	-0,2182	1,1201
43	0,4295	0,0445	-0,0453	0,2613	-0,3433	-0,4067	0,4295	0,0445	-0,0453	0,1073	-0,425	0,6982
44	0,436	-1,7439	0,3195	0,4277	0,4378	0,5766	0,5636	-1,3747	0,217	0,4381	0,7303	0,3764
45	0,4521	-1,2191	0,5165	0,534	-0,2929	1,0207	0,2613	-0,3433	-0,4067	-0,5216	-0,1826	0,0219

Tabela 48. Valores genéticos aditivos para as variáveis grau de infecção à ferrugem (GRI), número de galhos (NG) e DAP das famílias selecionadas de acordo com a seleção baseada nos índices combinados. (continuação)

Ordem	Método 4			Método 5			Método 6			Método 7		
	GRI	NG	DAP	GRI	NG	DAP	GRI	NG	DAP	GRI	NG	DAP
46	0,4932	0,0835	0,5116	0,14	0,8527	0,197	0,534	-0,2929	1,0207	0,5494	0,0578	1,0292
47	0,4277	0,4378	0,5766	0,436	-1,7439	0,3195	0,4932	0,0835	0,5116	-0,3889	0,0714	0,5059
48	0,534	-0,2929	1,0207	0,4932	0,0835	0,5116	0,436	-1,7439	0,3195	0,14	0,8527	0,197
49	0,14	0,8527	0,197	0,2175	0,3049	0,2324	0,2175	0,3049	0,2324	-0,301	1,0628	0,415
50	0,2175	0,3049	0,2324	0,3484	-0,108	1,1033	0,0892	0,0086	1,3244	-0,3077	-0,0101	0,4375
51	0,3484	-0,108	1,1033	0,0892	0,0086	1,3244	0,3484	-0,108	1,1033	0,1408	0,751	0,3242
52	0,3212	-1,1745	1,3295	0,4521	-1,2191	0,5165	0,1271	0,543	0,8895	0,7673	0,8084	0,441
53	0,3278	-0,0577	0,6306	0,1271	0,543	0,8895	0,4521	-1,2191	0,5165	0,7129	0,3724	0,6168
54	-0,0859	0,4697	-0,6799	0,3278	-0,0577	0,6306	0,3278	-0,0577	0,6306	0,3278	-0,0577	0,6306
55	-0,1133	-1,7992	0,6132	0,3212	-1,1745	1,3295	0,003	1,2002	1,0418	0,5963	0,2027	0,5606
56	0,0892	0,0086	1,3244	0,2627	1,2847	0,5734	0,2627	1,2847	0,5734	0,3044	0,5262	0,1509
57	0,1271	0,543	0,8895	0,003	1,2002	1,0418	-0,0859	0,4697	-0,6799	0,2053	0,0772	0,6032
58	0,1163	0,5463	0,123	-0,0859	0,4697	-0,6799	0,3212	-1,1745	1,3295	0,0252	-0,5076	0,5633
59	0,1073	-0,425	0,6982	0,0569	0,3948	1,102	0,0569	0,3948	1,102	0,2175	0,3049	0,2324
60	0,2627	1,2847	0,5734	0,1886	-0,1391	0,8423	0,1886	-0,1391	0,8423	0,3212	-1,1745	1,3295
61	-0,003	-0,1349	-0,9068	0,1073	-0,425	0,6982	0,1408	0,751	0,3242	-0,0891	0,1	0,9177
62	0,1408	0,751	0,3242	0,1408	0,751	0,3242	0,1163	0,5463	0,123	0,5907	-1,2116	1,0403
63	0,2053	0,0772	0,6032	0,1163	0,5463	0,123	0,1073	-0,425	0,6982	-0,5543	0,526	-0,2662
64	-0,0891	0,1	0,9177	0,2053	0,0772	0,6032	-0,0581	0,9759	-0,5826	0,8792	0,3196	0,3877
65	0,1886	-0,1391	0,8423	-0,0581	0,9759	-0,5826	0,2053	0,0772	0,6032	-0,0826	-0,5301	0,6859
66	0,1073	-0,4803	-0,5156	-0,0891	0,1	0,9177	-0,0891	0,1	0,9177	0,9894	0,1372	0,6464
67	0,1624	-0,2182	0,0107	-0,1133	-1,7992	0,6132	0,1073	-0,4803	-0,5156	-0,4929	-1,2029	0,31
68	-0,0581	0,9759	-0,5826	0,1073	-0,4803	-0,5156	0,1526	-0,5022	-0,4675	0,318	0,3951	0,4009

Tabela 48. Valores genéticos aditivos para as variáveis grau de infecção à ferrugem (GRI), número de galhos (NG) e DAP das famílias selecionadas de acordo com a seleção baseada nos índices combinados. (conclusão)

Ordem	Método 4			Método 5			Método 6			Método 7		
	GRI	NG	DAP	GRI	NG	DAP	GRI	NG	DAP	GRI	NG	DAP
69	0,2348	0,1037	0,3745	0,2348	0,1037	0,3745	-0,301	1,0628	0,415	0,0819	0,2217	0,2136
70	0,0569	0,3948	1,102	0,1526	-0,5022	-0,4675	0,2348	0,1037	0,3745	-0,6095	-0,4933	-0,2844
71	0,1526	-0,5022	-0,4675	0,1624	-0,2182	0,0107	0,1624	-0,2182	0,0107	-0,1247	-0,587	0,5207
72	0,0108	0,5153	0,3535	-0,301	1,0628	0,415	0,0521	0,1542	-0,0586	0,7194	-0,4304	0,5296
73	0,0521	0,1542	-0,0586	-0,003	-0,1349	-0,9068	-0,2027	2,2124	0,4263	0,1526	-0,5022	-0,4675
74	0,1624	-0,264	-0,2924	0,0521	0,1542	-0,0586	-0,003	-0,1349	-0,9068	0,4932	0,7788	0,2781
75	0,1073	-1,0456	0,2849	0,0108	0,5153	0,3535	-0,1133	-1,7992	0,6132	0,1163	0,5463	0,123
76	0,1219	0,0187	-0,0195	0,1219	0,0187	-0,0195	0,0108	0,5153	0,3535	-0,7197	-0,5732	-0,4569
77	0,3278	-1,1998	-1,5423	0,0252	-0,5076	0,5633	0,1219	0,0187	-0,0195	-0,353	0,3368	0,211
78	0,003	1,2002	1,0418	-0,2027	2,2124	0,4263	0,0252	-0,5076	0,5633	-0,3786	0,1993	-0,595
79	-0,301	1,0628	0,415	0,1073	-1,0456	0,2849	-0,4801	1,3468	0,1137	0,7138	-0,0941	0,6344
80	0,0805	-1,5853	0,4265	0,1624	-0,264	-0,2924	0,1624	-0,264	-0,2924	0,0521	0,1312	0,0487

FONTE: O autor (2016).

Tabela 49. Valores genéticos aditivos das famílias selecionadas pelos índices combinados de seleção em Anhembi-SP para o teste de progênes plantado em Itatinga-SP. (continua)

Ordem	Método 4		Método 5		Método 6		Método 7	
	GRI	DAP	GRI	DAP	GRI	DAP	GRI	DAP
1	1,2483	0,4581	1,2483	0,4581	1,2483	0,4581	0,8057	2,6197
2	1,3682	0,9175	1,3682	0,9175	1,3682	0,9175	1,1447	0,7068
3	1,9257	2,2293	1,9257	2,2293	1,9257	2,2293	-1,0311	-0,0099
4	1,4765	-0,4741	1,4765	-0,4741	1,4765	-0,4741	0,2895	0,7996
5	1,323	0,7498	1,323	0,7498	1,323	0,7498	-0,6605	1,4838
6	1,1952	1,3743	1,1952	1,3743	1,1952	1,3743	-0,0469	0,4387
7	1,0359	0,6794	1,0359	0,6794	1,1447	0,8229	-0,8456	0,3682
8	1,3682	0,2213	1,1447	0,8229	1,0359	0,6794	0,3843	-0,2796
9	1,587	0,607	0,9394	2,697	0,9394	2,697	-0,2723	0,0659
10	1,1447	0,8229	1,3682	0,2213	1,3682	0,2213	-1,0888	-2,8956
11	0,561	0,2357	0,561	0,2357	0,561	0,2357	0,7647	0,9114
12	0,9394	2,697	1,0086	1,7835	1,1447	0,7068	-0,7845	-1,1327
13	1,0086	1,7835	1,1447	0,7068	1,0086	1,7835	-0,8414	-1,1668
14	1,3766	0,9236	0,8057	2,6197	0,8057	2,6197	-0,6029	-0,2399
15	1,5995	0,35	1,3766	0,9236	1,3766	0,9236	-0,1615	-0,87
16	0,7082	0,6189	1,5995	0,35	1,3689	0,174	1,1447	0,8229
17	1,3689	0,174	0,7082	0,6189	0,7082	0,6189	-0,13	-0,8367
18	1,2536	0,6313	1,3689	0,174	1,5995	0,35	0,4079	0,5061
19	1,1447	0,7068	1,587	0,607	1,587	0,607	0,5891	1,2753
20	0,8057	2,6197	1,2536	0,6313	1,2536	0,6313	-1,0335	-0,5792
21	1,3653	0,374	1,4634	-0,3862	1,4634	-0,3862	-0,7919	0,2935
22	1,4634	-0,3862	0,7647	0,9114	0,7647	0,9114	-0,9524	-0,1784

Tabela 49. Valores genéticos aditivos das famílias selecionadas pelos índices combinados de seleção em Anhembi-SP para o teste de progênes plantado em Itatinga-SP.

Ordem	Método 4		Método 5		Método 6		Método 7	
	GRI	DAP	GRI	DAP	GRI	DAP	GRI	DAP
23	0,7689	0,6187	1,3653	0,374	1,3653	0,374	0,3661	0,3876
24	0,649	1,1111	0,7689	0,6187	0,7689	0,6187	-0,8493	-1,5986
25	0,7647	0,9114	0,649	1,1111	0,649	1,1111	-0,3547	0,4981
26	0,1696	-0,8634	0,2895	0,7996	0,2895	0,7996	0,6588	0,2929
27	1,3333	0,9111	-0,296	-0,1457	0,1696	-0,8634	-0,3455	-0,3084
28	-0,296	-0,1457	0,1696	-0,8634	-0,296	-0,1457	1,9257	2,2293
29	1,2654	1,4144	0,5572	-0,7914	0,5572	-0,7914	1,3682	0,9175
30	-0,5416	-0,6808	1,2654	1,4144	0,5891	1,2753	0,9394	2,697
31	0,5572	-0,7914	0,5891	1,2753	1,548	0,9156	0,8288	2,135
32	1,548	0,9156	1,548	0,9156	1,2654	1,4144	-0,6633	0,0959
33	0,9523	-0,2223	1,3333	0,9111	1,3333	0,9111	1,0086	1,7835
34	0,7093	1,4902	-0,5416	-0,6808	0,8431	1,3874	0,4287	0,5677
35	0,5891	1,2753	0,8431	1,3874	0,4328	-0,2821	-0,468	0,8081
36	1,0359	1,1513	0,4328	-0,2821	0,5858	2,1081	0,3494	1,7472
37	0,2895	0,7996	0,5858	2,1081	-0,5416	-0,6808	-0,4019	0,3041
38	0,8431	1,3874	0,7093	1,4902	0,7689	3,0937	0,5619	-0,1157
39	0,5858	2,1081	1,0359	1,1513	1,0359	1,1513	-0,064	-0,5047
40	0,2739	-0,3835	0,7689	3,0937	0,7093	1,4902	-1,2087	-1,7318
41	0,7689	3,0937	0,9523	-0,2223	0,8288	2,135	-0,6441	-0,4998
42	0,4328	-0,2821	-0,2477	-0,0244	0,649	2,0022	0,5572	-0,7914
43	-0,2477	-0,0244	0,2739	-0,3835	-0,2477	-0,0244	0,0486	0,5068
44	0,5292	0,4732	0,8288	2,135	0,9523	-0,2223	-0,296	-0,1457
45	0,5895	-0,8399	0,4287	0,5677	0,2739	-0,3835	-0,8121	-1,9292

Tabela 49. Valores genéticos aditivos das famílias selecionadas pelos índices combinados de seleção em Anhembi-SP para o teste de progênies plantado em Itatinga-SP. (continuação)

Ordem	Método 4		Método 5		Método 6		Método 7	
	GRI	DAP	GRI	DAP	GRI	DAP	GRI	DAP
46	0,7624	2,4693	0,649	2,0022	0,4287	0,5677	1,2654	1,4144
47	0,8288	2,135	0,5292	0,4732	0,7624	2,4693	-1,4154	-1,326
48	0,4287	0,5677	0,7624	2,4693	0,5292	0,4732	0,649	2,0022
49	0,649	2,0022	-0,1899	-0,8575	-0,1899	-0,8575	-1,2015	-0,6235
50	-0,1899	-0,8575	0,5619	-0,1157	0,3843	-0,2796	-0,5969	-0,1265
51	0,5619	-0,1157	0,3843	-0,2796	0,5619	-0,1157	0,5292	0,6636
52	0,9316	1,0454	0,5895	-0,8399	0,3661	0,3876	1,3689	0,174
53	0,3899	0,141	0,3661	0,3876	0,5895	-0,8399	0,561	0,2357
54	-0,0512	1,0324	0,3899	0,141	0,3899	0,141	0,3899	0,141
55	-0,3593	-1,5734	0,9316	1,0454	-1,0311	-0,0099	1,548	0,9156
56	0,3843	-0,2796	0,4079	0,5061	0,4079	0,5061	0,4328	-0,2821
57	0,3661	0,3876	-1,0311	-0,0099	-0,0512	1,0324	0,1651	-0,254
58	0,7573	1,1654	-0,0512	1,0324	0,9316	1,0454	0,1097	-0,4172
59	0,0486	0,5068	-0,2723	0,0659	-0,2723	0,0659	-0,1899	-0,8575
60	0,4079	0,5061	0,6588	0,2929	0,6588	0,2929	0,9316	1,0454
61	-0,3697	-1,5453	0,0486	0,5068	0,5292	0,6636	-0,587	0,8162
62	0,5292	0,6636	0,5292	0,6636	0,7573	1,1654	0,7689	0,6187
63	0,1651	-0,254	0,7573	1,1654	0,0486	0,5068	0,0498	2,0185
64	-0,587	0,8162	0,1651	-0,254	0,1651	0,2576	1,5995	0,35
65	0,6588	0,2929	0,1651	0,2576	0,1651	-0,254	0,8772	1,4158
66	-0,4296	-0,4475	-0,587	0,8162	-0,587	0,8162	1,3682	0,2213
67	0,2569	0,1949	-0,3593	-1,5734	-0,4296	-0,4475	-0,6094	-1,515
68	0,1651	0,2576	-0,4296	-0,4475	-0,1872	-0,96	0,8431	1,3874

Tabela 49. Valores genéticos aditivos das famílias selecionadas pelos índices combinados de seleção em Anhembi-SP para o teste de progênies plantado em Itatinga-SP.

Ordem	Método 4		Método 5		Método 6		Método 7	
	GRI	DAP	GRI	DAP	GRI	DAP	GRI	DAP
69	-0,3027	-1,7989	-0,3027	-1,7989	-1,2015	-0,6235	0,1226	0,3601
70	-0,2723	0,0659	-0,1872	-0,96	-0,3027	-1,7989	-0,8491	-0,1521
71	-0,1872	-0,96	0,2569	0,1949	0,2569	0,1949	0,0062	0,3571
72	-0,6094	0,3941	-1,2015	-0,6235	0,5977	0,2898	1,2536	0,6313
73	0,5977	0,2898	-0,3697	-1,5453	-1,0888	-2,8956	-0,1872	-0,96
74	-0,0101	-0,8772	0,5977	0,2898	-0,3697	-1,5453	0,7082	0,6189
75	0,3656	1,4349	-0,6094	0,3941	-0,3593	-1,5734	0,7573	1,1654
76	0,5147	0,1918	0,5147	0,1918	-0,6094	0,3941	-1,0236	-1,342
77	-0,2638	-1,4211	0,1097	-0,4172	0,5147	0,1918	-0,2875	0,996
78	-1,0311	-0,0099	-1,0888	-2,8956	0,1097	-0,4172	-0,7348	-0,6774
79	-1,2015	-0,6235	0,3656	1,4349	-0,8414	-1,1668	1,3766	0,9236
80	-0,2703	-1,4221	-0,0101	-0,8772	-0,0101	-0,8772	0,5891	2,893

GRI = grau de infecção à ferrugem.

FONTE: O autor (2016).

Tabela 50. Valores genéticos aditivos das famílias selecionadas em Anhembi-SP utilizando níveis independentes. (continua)

Método 8					
Famílias	Anhembi-SP			Itatinga-SP	
	GRI	NG	DAP	GRI	DAP
1	-0,1247	0,8225	0,1685	-0,7919	0,2935
9	0,9894	0,1372	0,6464	1,3682	0,2213
13	0,2053	0,0772	0,6032	0,1651	-0,254
14	-0,6646	0,4876	0,3406	-1,2087	-1,7318
20	0,9309	0,6076	1,1547	1,1447	0,8229
25	0,2613	-0,3433	-0,4067	0,2739	-0,3835
26	0,0521	0,7372	1,0291	0,5891	1,2753
28	0,4277	0,4378	0,5766	0,8288	2,135
29	0,1163	0,5463	0,123	0,7573	1,1654
33	0,5494	0,0578	1,0292	1,2654	1,4144
35	0,9947	0,5804	0,4477	1,0359	0,6794
36	1,2784	0,6103	0,2576	1,2483	0,4581
37	0,7138	0,3847	-0,0634	1,4634	-0,3862
41	-0,1247	-0,587	0,5207	0,0062	0,3571
42	-0,1007	0,2302	0,1531	-0,064	-0,5047
45	0,1219	0,0187	-0,0195	0,5147	0,1918
47	0,3278	-0,2182	1,1201	0,5572	-0,7914
48	-0,4992	1,5838	-0,2053	-0,6441	-0,4998
50	1,0446	-0,1427	1,2672	1,9257	2,2293
51	0,4849	0,0201	1,703	0,7647	0,9114
54	0,5392	-0,1868	-0,2128	1,3333	0,9111
55	-0,4801	1,3468	0,1137	-0,8414	-1,1668
57	-0,5134	0,6741	0,1812	-0,4019	0,3041
58	-0,2235	-0,0704	-0,4574	-0,9815	-2,523
61	-0,5053	1,2261	0,7836	-0,7845	-1,1327
62	-0,4049	0,9186	0,1293	-0,6633	0,0959
64	0,1886	-0,1391	0,8423	0,6588	0,2929
66	0,5963	0,2027	0,5606	1,548	0,9156
67	0,8767	0,1405	0,1783	1,1952	1,3743
70	0,1624	-0,2182	0,0107	0,2569	0,1949
71	1,1133	0,6672	0,735	1,3682	0,9175
72	-0,1133	-0,0941	-0,404	-0,6094	-0,0516
73	0,5495	0,2945	-0,1833	1,0359	1,1513
74	0,4932	0,0835	0,5116	0,7624	2,4693
75	0,1271	0,543	0,8895	0,3661	0,3876
78	0,7129	0,3724	0,6168	0,561	0,2357
80	-0,3889	0,0714	0,5059	-1,4154	-1,326
81	-0,1427	1,3782	1,4572	-0,6605	1,4838
87	0,5945	2,021	1,6474	1,1447	0,7068

Tabela 50. Valores genéticos aditivos das famílias selecionadas em Anhembi-SP utilizando níveis independentes. (continuação)

Famílias	Método 8				
	Anhembi-SP			Itatinga-SP	
	GRI	NG	DAP	GRI	DAP
90	-0,1955	1,2489	0,6385	-0,0469	0,4387
96	0,1841	-0,1853	-0,4036	0,1097	0,5661
99	0,0569	0,3948	1,102	-0,2723	0,0659
101	-0,003	1,6849	-0,1632	-0,8493	-1,5986
102	0,4835	2,1213	1,2302	0,2895	0,7996
106	0,3484	-0,108	1,1033	0,5619	-0,1157
107	0,7097	-0,0615	0,7805	1,0086	1,7835
112	0,0521	0,1312	0,0487	0,5891	2,893
113	0,318	0,3951	0,4009	0,8431	1,3874
114	0,7673	0,8084	0,441	1,3689	0,174
115	-0,4022	1,1537	0,7547	-0,8456	0,3682
116	0,0892	0,0086	1,3244	0,3843	-0,2796
117	0,6586	1,4552	2,1601	0,8057	2,6197
118	-0,4277	1,402	0,5172	-0,6029	-0,2399
130	0,1408	0,751	0,3242	0,5292	0,6636
132	0,0521	0,1542	-0,0586	0,5977	0,2898
133	0,7138	-0,0941	0,6344	1,3766	0,9236
134	-0,3889	0,7343	0,0844	0,3494	1,7472
135	0,0108	0,5153	0,3535	-0,6094	0,3941
136	0,2175	0,3049	0,2324	-0,1899	-0,8575
138	0,14	0,8527	0,197	0,649	2,0022
139	0,4295	0,0445	-0,0453	-0,2477	-0,0244
140	0,0819	0,2217	0,2136	0,1226	0,3601
141	0,2727	0,1811	-0,3953	0,3899	-0,6849
142	0,4932	0,7788	0,2781	0,7082	0,6189
144	-0,301	1,0628	0,415	-1,2015	-0,6235
148	-0,2027	2,2124	0,4263	-1,0888	-2,8956
149	0,8792	0,3196	0,3877	1,5995	0,35
152	0,2727	0,4876	-0,1001	-0,5416	-0,6808
156	0,2175	0,5355	-0,3365	0,5858	2,1081
160	0,3044	0,5262	0,1509	0,4328	-0,2821
161	0,2627	1,2847	0,5734	0,4079	0,5061
163	-0,0099	0,1736	0,3105	-0,3455	-0,3084
165	0,3829	0,6458	0,0602	0,7689	3,0937
169	0,2348	0,1037	0,3745	-0,3027	-1,7989
173	-0,003	0,3463	-0,1967	0,1696	-0,5308
175	0,7607	0,5996	0,7622	0,9394	2,697
176	0,4381	0,7303	0,3764	-0,296	-0,1457
181	0,3278	-0,0577	0,6306	0,3899	0,141
182	-0,1342	1,5693	0,3764	-0,3547	0,4981

Tabela 50. Valores genéticos aditivos das famílias selecionadas em Anhembi-SP utilizando níveis independentes. (conclusão)

Método 8					
Famílias	Anhembi-SP			Itatinga-SP	
	GRI	NG	DAP	GRI	DAP
183	0,003	1,2002	1,0418	-1,0311	-0,0099

GRI = grau de infecção à ferrugem; NG = número de galhos.

FONTE: O autor (2016).

Tabela 51. Árvores selecionadas para a instalação do PCS em Anhembi-SP de acordo com cada método de seleção.

(continua)

Ordem	Método 4		Método 5		Método 6		Método 7		Método 8	
	Bloco	Família	Bloco	Família	Bloco	Família	Bloco	Família	Bloco	Família
1	11	36	11	36	11	36	13	117	5	1
2	28	71	28	71	28	71	13	87	22	20
3	14	50	9	50	9	50	12	183	25	26
4	12	168	21	168	21	168	7	102	20	28
5	22	179	12	179	12	179	23	81	25	29
6	20	67	20	67	20	67	18	90	1	33
7	11	35	14	35	22	20	19	115	5	35
8	11	9	22	20	14	35	17	116	20	36
9	18	104	14	175	6	175	11	99	13	37
10	22	20	11	9	11	9	23	148	25	42
11	12	78	1	78	1	78	19	51	14	47
12	14	175	19	107	22	87	21	61	5	50
13	19	107	22	87	6	107	16	55	19	51
14	12	133	3	117	3	117	3	118	2	55
15	21	149	20	133	20	133	18	43	13	62
16	19	142	21	149	25	114	22	20	20	66
17	7	114	19	142	19	142	27	127	15	70
18	14	105	25	114	21	149	27	161	9	71
19	22	87	18	104	18	104	29	26	27	75
20	3	117	14	105	14	105	12	38	18	78
21	20	177	13	37	13	37	5	1	22	87
22	18	37	19	51	19	51	22	151	17	99

Tabela 51. Árvores selecionadas para a instalação do PCS em Anhembi-SP de acordo com cada método de seleção.

(continuação)

Ordem	Método 4		Método 5		Método 6		Método 7		Método 8	
	Bloco	Família	Bloco	Família	Bloco	Família	Bloco	Família	Bloco	Família
23	12	172	20	177	20	177	29	75	20	101
24	3	180	12	172	12	172	12	101	9	102
25	19	51	3	180	3	180	17	182	12	107
26	23	125	6	102	6	102	18	64	15	113
27	18	54	1	176	23	125	10	163	11	114
28	18	176	23	125	1	176	23	50	9	117
29	1	33	14	47	14	47	25	71	12	118
30	21	152	1	33	25	26	13	175	4	130
31	14	47	25	26	24	66	23	28	24	132
32	24	66	24	66	1	33	18	62	5	135
33	5	11	18	54	18	54	12	107	19	136
34	4	27	5	152	27	113	17	126	16	138
35	25	26	27	113	10	160	14	124	15	140
36	23	73	24	160	1	156	27	134	15	142
37	6	102	1	156	5	152	23	57	23	144
38	27	113	5	27	25	165	5	106	23	148
39	1	156	23	73	23	73	25	42	27	149
40	16	25	25	165	5	27	1	14	2	152
41	25	165	5	11	21	28	24	48	15	160
42	24	160	2	139	4	138	14	47	27	161
43	24	139	9	25	2	139	4	77	5	163
44	23	128	21	28	5	11	5	176	25	165
45	6	10	23	126	16	25	24	5	5	173
46	22	74	4	138	23	126	16	33	14	175

Tabela 51. Árvores selecionadas para a instalação do PCS em Anhembi-SP de acordo com cada método de seleção. (conclusão)

Ordem	Método 4		Método 5		Método 6		Método 7		Método 8	
	Bloco	Família	Bloco	Família	Bloco	Família	Bloco	Família	Bloco	Família
47	21	28	23	128	22	74	12	80	1	176
48	23	126	22	74	2	128	22	138	5	181
49	4	138	6	136	19	136	8	144	1	182
50	6	136	6	106	10	116	26	59	13	183

FONTE: O autor (2016).

Tabela 52. Correlação genética entre os métodos de seleção e as variáveis avaliadas no teste de progênies de *E. grandis* instalado em Anhembi-SP.

Correlação genética	GRI	NG	DAP	DG	SOB	ALT	TORT	BIF
Método 1	1	-0,08	0,5	-0,12	0,42	0,56	0,33	0,57
Método 2	-0,08	1	-0,33	-0,29	-0,22	-0,28	-0,12	-0,08
Método 3	0,5	-0,33	1	0,03	0,23	0,88	0,46	0,52
Método 4	0,99	-0,11	0,55	-0,12	0,48	0,59	0,34	0,59
Método 5	0,98	-0,19	0,6	-0,1	0,51	0,64	0,36	0,6
Método 6	0,98	-0,21	0,61	-0,09	0,51	0,65	0,36	0,6
Método 7	0,17	-0,66	0,81	0,19	0,59	0,66	0,35	0,32

GRI = grau de infecção à ferrugem; NG = número de galhos; DG = diâmetro de galhos; SOB = sobrevivência; ALT = Altura total; TORT = tortuosidade; BIF=bifurcação.

FONTE: O autor (2016).

Tabela 53. Parâmetros genéticos dos índices combinados de seleção.

Parâmetros	Índices combinados de seleção			
	Método 4 – Índice Smith e Hazel	Método 5 – Índice Smith e Hazel	Método 6 – Índice de Pesek e Baker	Método 7 – Índice de Pesek e Baker
σ_a^2	66,732	24,617	3998,5	756,6
σ_e^2	91,184	35,393	5775,9	4757,3
σ_f^2	157,916	60,009	9774,4	5513,9
h_a^2	0,422±0,05	0,41±0,05	0,409±0,05	0,137±0,03
h_{mp}^2	0,774	0,768	0,768	0,507
h_{ad}^2	0,354	0,343	0,342	0,106
r_{aa}	0,879	0,876	0,876	0,712
$CV_{gi}(\%)$	19,746	16,845	16,071	9,438
$CV_{gp}(\%)$	9,875	8,423	8,035	4,719
$CV_e(\%)$	28,732	24,916	23,807	25,037

σ_a^2 = variância genética aditiva; σ_e^2 = variância residual; σ_f^2 = variância fenotípica; h_a^2 = herdabilidade individual no sentido restrito; h_{mp}^2 = herdabilidade média de progênies; h_{ad}^2 = herdabilidade aditiva dentro de progênies; r_{aa} = acurácia de seleção de progênies; $CV_{gi}(\%)$ = coeficiente de variação genética individual; $CV_{gp}(\%)$ = coeficiente de variação genética entre progênies; $CV_e(\%)$ = coeficiente de variação residual.

FONTE: O autor (2016).