



ALISSON MOURA SANTOS

**MELHORAMENTO GENÉTICO DO CEDRO
AUSTRALIANO (*Toona ciliata* M. Roemer var.
australis)**

LAVRAS – MG

2011

ALISSON MOURA SANTOS

MELHORAMENTO GENÉTICO DO CEDRO AUSTRALIANO (*Toona ciliata* M. Roemer var. *australis*)

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Engenharia Florestal, área de concentração em Ciências Florestais, para a obtenção do título de Doutor.

Orientador

PhD. Sebastião Carlos da Silva Rosado

LAVRAS - MG

2011

**Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da
Biblioteca da UFLA**

Santos, Alisson Moura.

Melhoramento genético do cedro australiano (*Toona ciliata* M. Roemer var. *australis*) / Alisson Moura Santos. – Lavras : UFLA, 2011.

64 p. : il.

Tese (doutorado) – Universidade Federal de Lavras, 2011.

Orientador: Sebastião Carlos da Silva Rosado.

Bibliografia.

1. Melhoramento florestal. 2. Parâmetros genéticos. 3. Teste clonal. 4. REML/BLUP. 5. Procedência/progênie. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 634.956

ALISSON MOURA SANTOS

MELHORAMENTO GENÉTICO DO CEDRO AUSTRALIANO (*Toona ciliata* M. Roemer var. *australis*)

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Engenharia Florestal, área de concentração em Ciências Florestais, para a obtenção do título de Doutor.

APROVADA em 18 de fevereiro de 2011.

Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves	UFLA
Dr. José Luis Lima	V&M Florestal
PhD. Natalino Calegario	UFLA
Dr. Samuel Pereira de Carvalho	UFLA

PhD. Sebastião Carlos da Silva Rosado
Orientador

LAVRAS - MG

2011

A Pai e Mãe
A minha família querida!

DEDICO

A todos aqueles que em mim acreditaram.

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus por conceder a mim tamanha vitória.

Para chegar até aqui foi uma caminhada de muitas renúncias, dentre elas o alento da célula mestra em nossas vidas, a família. A eles, que me fortalecem no amor e na coragem em viver, agradeço e dedico esta obra, pois sem essa referência nunca teria realizado os meus sonhos.

À minha namorada, Deia, pelo amor, carinho, incentivo e por lutar junto comigo em busca dos meus anseios. E mais: por me ensinar também a importância em parar e pegar um fôlego em meio a essa luta. Agradeço ainda a toda a sua família pelo carinho e acolhida.

Agradeço de forma especial ao meu orientador Sebastião Rosado, pessoa de bom coração, que contribuiu de maneira preponderante na minha formação e, por sempre confiar em meu potencial.

À Universidade Federal de Lavras em especial ao Programa de Pós-Graduação em Engenharia Florestal por todo o suporte concedido a minha formação (mestrado e doutorado).

À CAPES pela concessão da bolsa e ao IEF e SEBRAE por financiamento de parte deste trabalho.

À APFLOR e Bela Vista Florestal por toda a estrutura e suporte fornecidos na condução deste trabalho, especialmente ao Eduardo Stehling pela confiança e toda a equipe de campo.

Aos membros da banca, Dr. José Luis Lima, professores Samuel Carvalho, Flávia Avelar, Natalino Calegario, pelas valiosas sugestões para a melhoria deste trabalho.

Aos professores dos Programas de Pós-Graduação em Engenharia Florestal (Dulcinéia, Soraya, Rubens e Totonho); Estatística e Experimentação Agropecuária (Cirillo, Daniel Furtado e Fabyano/UFV); Genética e

Melhoramento de Plantas (César Brasil, José Airton e Flávia) e Fitotecnia (Samuel), pela grandeza ao passar o conhecimento. Indiretamente, são responsáveis por este trabalho.

Ao prof. Ernane Ronie Martins do Instituto de Ciência Agrárias/UFMG pessoa sempre presente nessa trajetória de avanço intelectual.

Aos amigos Cecílio e Samuka que mesmo distantes incentivaram e contribuíram para a realização deste trabalho.

Aos colegas pós-graduandos pela convivência, aprendizado e amizade ao longo do doutorado, em especial a Ranoel (Butá), Fernando Guedes, Emílio (Japa-Man), Antônio (Manga), Ayuni e Lucas Amaral.

Aos membros da Gestão “Identidade coletiva” da Associação dos Pós-Graduandos da UFLA (APG) pela bela convivência e aprendizado no trabalho em equipe.

Ao Sílvio e Mariele pela amizade cultivada e fortalecida neste período.

Ao colega de república Diógenes por toda a contribuição.

A todos os colegas do Laboratório de Melhoramento Florestal e Recursos genéticos (Fabão, Afrânio, Dani, Murilão, Hugo, Vinícius, Eduardo, Sidney, Anna, Rutinha, Jô, Jaque, Nanda, Allan, Yuuki e Lucas Rosado.

Por fim, não menos, a todos aqueles que conviveram comigo durante esse tempo em Lavras.

*“Digo: o real não está na saída nem na chegada: ele se dispõe
para a gente é no meio da travessia”*

Guimarães Rosa

RESUMO

Com o objetivo de estudar a variabilidade genética, estimar os parâmetros genéticos e avaliar o desempenho inicial dos indivíduos no teste clonal e teste de procedência/progênie instalou-se dois experimentos em Campo Belo, MG. Por meio do teste de procedência/progênie de *Toona ciliata* avaliou-se 78 progênies de polinização aberta, provenientes de 16 procedências distintas da Austrália. O experimento foi instalado em janeiro de 2008 no delineamento de blocos ao acaso, com 3 repetições e 16 plantas por parcela em espaçamento de 3,0 x 2,0 m. Foram obtidos os dados de diâmetro e altura aos 6, 16 e 31 meses de idade. O teste clonal, implantado em fevereiro de 2010, foi composto por 40 clones no delineamento látice com 30 repetições e uma planta por parcela, em espaçamento de 3,0 x 2,0 m. Obtiveram-se os dados de diâmetro e altura aos 2 e 9 meses de idade. Estimaram-se os parâmetros genéticos e realizou a predição dos valores genotípicos, tanto no teste de procedência/progênie quanto no teste clonal. Observou-se grande variabilidade genética entre e dentro de procedências, constituindo numa importante fonte de genótipos promissores para o melhoramento. Pelos caracteres avaliados, nos dois experimentos, constataram-se herdabilidades de alta magnitude nas diferentes idades. Verificou-se ainda alta correlação genética entre as características avaliadas e entre as idades em ambos os experimentos, sugerindo a eficiência na seleção indireta. Observou-se alta coincidência entre as procedências selecionadas no teste clonal e teste de procedência/progênie.

Palavras-chave: Melhoramento florestal. Parâmetros genéticos. REML/BLUP. Procedência/Progênie. Teste clonal.

ABSTRACT

The aim of this study was to essay the genetic variability, estimate the parameters genetic and evaluate the silvicultural performance of *Toona ciliata* in the provenance/progeny test and clonal forestry in Campo Belo, south of Minas Gerais. Seventy eight open-pollinated progenies from sixteen locations in Australia, were assessed in a provenance/progeny test established in January 2008. The experimental design was a randomized block with 3 replicates and 16 plants per plot, in a 3.0 x 2.0 m spacing. Data diameters and height were taken at the ages of 6, 16 and 31 months. Clonal forestry was established in February 2010 with 40 clones in the lattice design with 30 replications and single tree plot in a 3.0 x 2.0 m spacing. The measured traits were data diameter and height at 2 and 9 months of age. Were estimated parameters genetics and performed the prediction of breeding values for both experiments. Significant differences among and within provenances were detected for data diameter, constituting an important source of promising genotypes for improvement. In both experiments showed high heritability at different ages. There was high genetic correlation age-age and between traits in both experiments, suggesting the efficiency indirect selection. There was a high coincidence between the provenances selected in a clonal forestry and test provenance/progeny.

Keywords: Tree improvement. Genetics parameters. REML/BLUP. Provenance/progeny. Forestry clonal.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	Relação das procedências de <i>Toona ciliata</i> com as respectivas informações regionais	21
Tabela 2	Procedências avaliadas no teste clonal em Campo Belo, MG	29
Tabela 3	Análise de deviance (ANADEV) para o caráter diâmetro obtido na avaliação de progênes de meio-irmãos de <i>Toona ciliata</i> em Campo Belo, MG	33
Tabela 4	Estimativas dos parâmetros genéticos para as características diâmetro e altura em progênes obtidas na avaliação de meio-irmãos de <i>Toona ciliata</i> aos 6, 16 e 31 meses de idade.....	34
Tabela 5	Correlação entre as características DAP e altura. Acima e abaixo da diagonal encontram-se, respectivamente, os valores de correlação genotípica e fenotípica.....	42
Tabela 6	Análise de deviance (ANADEV) para o caráter diâmetro em clones de <i>Toona ciliata</i> avaliado em Campo Belo, MG	43
Tabela 7	Estimativas de parâmetros genéticos para as características diâmetro e altura em teste clonal de <i>T. ciliata</i> avaliada aos 2 e 9 meses de idade	44
Tabela 9	Correlação entre as características diâmetro e altura. Acima e abaixo da diagonal encontram-se, respectivamente, os valores de correlação genotípica e fenotípica.....	48
Tabela 10	Clones selecionados aos nove meses de idade e respectivo indivíduo selecionado no teste de procedência e progênie aos 31 meses	51

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	12
2	REFERENCIAL TEÓRICO	14
2.1	O cedro australiano	14
2.2	Aspectos silviculturais da <i>Toona ciliata</i>	15
3	MATERIAL E MÉTODOS	19
3.1	Material genético	19
3.2	Local e caracterização da área experimental	22
3.3	Instalação e condução dos experimentos	22
3.3.1	Teste de procedência/ progênie	22
3.3.1.1	Distribuição e estruturas de médias e variâncias	25
3.3.1.2	Equações de modelo misto	26
3.3.1.3	Estimadores iterativos dos componentes de variância por REML via algoritmo EM (<i>expectation maximization</i>)	26
3.3.2	Estimativas de herdabilidade ao nível de média de progênie	27
3.3.3	Teste clonal.....	28
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	31
4.1	Teste de procedências/progênie de meio-irmãos	31
4.2	Teste clonal.....	42
4.3	Avaliação do desempenho silvicultural dos clones em relação às árvores matrizes.....	49
5	CONCLUSÃO	52
	REFERENCIAS	53
	ANEXOS	58

1 INTRODUÇÃO

É crescente a participação do segmento florestal na economia mundial. O ritmo de crescimento das florestas brasileiras tem sido imbatível em qualidade e em custos. Com recordes mundiais na produção de madeira, confere uma competitividade excepcional para as indústrias, sobretudo, no ramo de siderurgia baseada no carvão vegetal, papel e celulose.

Mesmo com a primazia alcançada, a cada dia surgem novos desafios advindos, especialmente, de suprimento de matéria-prima para os novos e exigentes mercados consumidores de madeira e de seus produtos e subprodutos. A exploração desse novo mercado é estratégica, principalmente pelo crescimento interno e da visão globalizada frente as potencialidades econômicas e ecológicas do Brasil.

Para o sucesso nessa conjuntura florestal, os processos produtivos devem contar com a sustentabilidade como pilar central e, por conseguinte, garantir uma competitividade diferenciada no mercado. Além de considerar outros aspectos como o atendimento das exigências em termos de qualidade da matéria-prima, bem como dos produtos manufaturados ou industrializados. Deverão ser levados em consideração.

Nesse cenário promissor, surgem oportunidades de negócio e geração de renda com o cultivo de espécies potenciais para suprimento dessa demanda de consumo. O número de espécies potenciais é expressivo; não são, porém, suficientemente desenvolvidos, com destaque para as espécies da família Meliáceas que ocorrem em várias regiões tropicais. Essas espécies estão inseridas no grupo das espécies mais valiosas para a produção de madeira e constituem uma excelente matéria-prima para as indústrias moveleiras. As propriedades biológicas, físicas e mecânicas da madeira das referidas espécies são bastante semelhantes entre as espécies da família Meliaceae (BYGRAVE; BYGRAVE, 2005; VENSON et al., 2008).

A principal limitação para o melhor uso das espécies potenciais é a ausência de informações básicas sobre a biologia, a utilização agrônômica e o estudo florestal, além do fato da espécie em questão, ainda não ter sido submetida aos processos de

melhoramento. Tal limitação está diretamente relacionada às estratégias de estabelecimento dessas espécies e são importantes subsídios para a sua domesticação

Dentre esses aspectos, o melhoramento genético florestal se constitui num importante instrumento para a domesticação dessas espécies e para a obtenção de genótipos com alta produtividade, bem como resistentes e/ou tolerantes as adversidades ambientais.

A espécie *Toona ciliata* vem sendo amplamente difundida devido aos excelentes aspectos silviculturais e a adaptação as diferentes condições edafoclimáticas do Brasil. Adicionalmente, ressalta-se o potencial da espécie para produção de madeira de excelente qualidade com a implementação de métodos de melhoramento genético.

Posto isso, hipóteses foram levantadas no sentido de que a importação de propágulos proveniente de diferentes procedências para condução de monocultivos dessa espécie pode produzir árvores com excelente qualidade de madeira e alta produtividade. Assim, com a presente pesquisa objetivou-se estudar a variabilidade genética, estimar os parâmetros genéticos e avaliar o desempenho inicial dos indivíduos no teste de clonal e teste de procedência/progênes em condições ecológicas do Sul de Minas Gerais.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

Entre os diversos gêneros de espécies arbóreas de interesse econômico plantadas comercialmente nas zonas tropicais e subtropicais do globo, inegavelmente, o *Eucalyptus* está entre os mais bem sucedidos. Isso se deve, principalmente, ao seu rápido crescimento e da grande diversidade de espécies. No entanto, há espécies de outros gêneros com características silviculturais semelhantes e promissoras para o cultivo. A *Toona ciliata* é uma delas, destacando-se pela boa adaptação às condições de solo e clima nas diversas regiões do Brasil.

2.1 O Cedro australiano

A subfamília Swietenioideae, pertencente à família Meliaceae, engloba as mais valiosas espécies de árvores das florestas tropicais, as quais estão incluídos os gêneros *Cedrela*, *Toona*, *Swietenia*, *Khaya* e *Chukrasia*. O valor comercial das árvores desses gêneros decorre da alta qualidade de suas madeiras e da diversificação em usos industriais (BYGRAVE; BYGRAVE, 2005).

A *Toona ciliata*, também conhecido por cedro australiano tem ocorrência natural na África, Índia, sudeste da Ásia e Austrália. As principais pragas das espécies da subfamília Swietenioideae são a *Hypsipyla grandella* e *Hypsipyla robusta* (PINHEIRO, 2003). No entanto, na literatura os relatos de ocorrência da *H. grandella* são descritos para as espécies do gênero *Swietenia* e *Cedrela*, enquanto que a *H. robusta* tem ataque nas espécies do gênero *Khaya*, *Chukrasia* e *Toona*. Plantios com *T. ciliata* podem ser observados em diversos países como Quênia, Maurítânia, Serra Leoa, África do Sul, a Tanzânia, Uganda, Estados Unidos (Havaí e Porto Rico), Zâmbia, Zimbábue (BYGRAVE; BYGRAVE, 2005), além de vários países da América do Sul.

Segundo Streets (1962), os plantios localizados no Havaí e Porto Rico são formados a partir de material genético oriundo da costa leste australiana, cuja distribuição pode ser observada na Figura 1. Murakami (2008) ressalta que essa espécie apresenta bom crescimento em regiões de 500 a 1.500 m de altitude e com regime pluviométrico de 800 a 1.800 mm/ano, com dois a seis meses de estiagem, tolera geadas leves de curta duração e não suporta solos mal drenados.

É interessante relatar que as características bioclimáticas nos locais de ocorrência da espécie apresentam distribuição em um gradiente latitudinal comum a muitas regiões no Brasil, tal como apresentado na Figura 2.

A *T. ciliata* tem sido cultivada em toda América do Sul. No Brasil, a espécie encontrou ótimas condições para o seu desenvolvimento vegetativo e conseqüentemente para a produção de madeira, sendo cultivada no sul do estado da Bahia e em toda a região sudeste, destacando os estados do Espírito Santo e Minas Gerais com plantios em escala comercial muito bem desenvolvidos (ZIECH, 2008).

Outra característica que merece atenção nessa espécie é a capacidade de tolerar a sombra, a *T. ciliata* pode ser descrita como uma espécie intermediária, pois demonstra boa tolerância ao sol e à sombra. Essa particularidade implica diversas vantagens, principalmente para produtores que desejam investir em plantios consorciados. Deve-se ressaltar, portanto, que plantios mistos são menos suscetíveis a ataques de fungos e insetos do que as monoculturas (BRISTOW; ANNANDALE; BRAGG, 2005).

2.2 Aspectos silviculturais da *Toona ciliata*

Dentre as espécies da subfamília *Swietenoidae* a *T. ciliata* é uma espécie de grande destaque, especialmente devido ao rápido crescimento, podendo alcançar de 20-30m de altura. A espécie ainda apresenta boa forma do

fuste e características de madeira que as credenciam como uma importante espécie para o cultivo comercial.

Na literatura há relatos que o primeiro reflorestamento com *T. ciliata* ocorreu no Zimbábue por volta de 1903 e até os dias atuais está entre as espécies mais cultivadas naquele país. Em outros países como a Zâmbia, a *T. ciliata* também já é cultivada desde 1917 (BYGRAVE; BYGRAVE, 2005).

O cultivo da *T. ciliata* é pouco expressivo nos locais de ocorrência natural por ter o crescimento e desenvolvimento muito prejudicado em decorrência do ataque da lagarta *Hypsipyla robusta*. Esse Lepidóptero constrói galerias no interior dos ramos, principalmente as gemas apicais, promovendo uma drástica redução do crescimento e perda da dominância apical. Essa é a principal praga da *T. ciliata* (CUNNINGHAM; FLOYD, 2006).

Embora as árvores adultas sejam constantemente atacadas, a maior prevalência ocorre em árvores jovens, com aproximadamente três anos de idade. Por essa razão as dificuldades para cultivar essas meliáceas tornaram-se muito grandes, alcançando níveis em que os esforços para torná-las com valor comercial, em áreas reflorestadas, foram intensamente reduzidos (Newton et al., 1995).

Situação semelhante ocorre com as Meliáceas com ocorrência predominante na América do Sul e Central; é devido, porém, as altas taxas de ataques da *Hypsipyla grandella* que, em condições de monocultivo, constroem galerias no interior dos ramos, principalmente no ápice. Esse dano promove uma redução na taxa de crescimento da árvore e a perda da dominância apical do tronco, fazendo com que ele se ramifique intensamente e tenha o valor comercial drasticamente reduzido.

Segundo Griffiths (2000), a maior diferença conhecida entre *H. grandella* e *H. robusta* é a preferência por hospedeiros distintos; a primeira praga prefere os gêneros com ocorrências nas Américas (*Swietenia* e *Cedrela*)

incluindo, dessa forma, o mogno e cedro brasileiro, enquanto que a segunda prefere os gêneros *Khaya*, *Toona* e *Chukrasia* com ocorrências fora da América.

Apesar de muitos anos de pesquisa ainda não há estratégia eficaz para o controle dessas pragas em ambos locais de ocorrências. Somente nos últimos anos, a experimentação com genótipos de diferentes origens e progênes tem mostrado que a seleção de genótipos apropriadamente resistente ou tolerante à referida praga pode constituir uma estratégia promissora (BYGRAVE; BYGRAVE, 2005).

Diante de tais fatos, hipóteses foram levantadas no sentido de que uma inversão na procedência de propágulos para condução de monocultivos dessas espécies poderia produzir árvores livres do ataque desses Lepidópteros. Assim, por exemplo, espécies dos gêneros *Swietenia* e *Cedrela* poderiam ser cultivadas fora das Américas e livres dos ataques da *H. grandella* e, por outro lado, as espécies dos gêneros *Khaya*, *Toona* e *Chukrasia* poderiam ser cultivadas nas Américas e livres dos ataques da *H. robusta*.

Grijpma (1973, 1976) em seus trabalhos apresentou as evidências para a aceitação da referida hipótese. O autor constatou que o ataque da *H. grandella* em *T. ciliata*, cultivada na América Central e do Sul, não foi tão intenso quanto o ataque em espécies de *Swietenia* e *Cedrela*. Constatou também ataque pouco intenso com relação ao ataque de *H. robusta* em espécies de *Cedrela* cultivadas na Austrália.

Assim, as evidências para o sucesso de cultivo da *T. ciliata* nas Américas em substituição aos cultivos de mogno e cedro foram realçadas. No Brasil, principalmente na região sudeste o crescimento e desenvolvimento da *T. ciliata* em plantios puros é bastante promissor, podendo assumir uma produtividade de 15 m³/ha/ano (PINHEIRO et al., 2003).

Em condições brasileiras, as pesquisas com *T. ciliata* são poucas e não há relatos de ataque de *H. robusta* ou de *H. grandella* em plantações comerciais,

tornando-a potencialmente apta para reflorestamentos, principalmente, na região sudeste do país, onde o crescimento dessa espécie em plantios puros é bastante destacado e o cultivo consorciado em sistemas agroflorestais tem sido apontado como uma boa alternativa de renda para as pequenas e médias propriedades rurais (CARDOSO et al., 2004).

Contudo, deve-se salientar que a *T. ciliata* ainda não foi geneticamente melhorada para as condições brasileiras e, por essa razão, ainda não se conhece o potencial de produção florestal da referida espécie, seja em povoamentos puros seja em consorciados.

3 MATERIAL E MÉTODOS

O presente trabalho foi realizado com dados do Programa de Melhoramento Genético do cedro australiano (*Toona Ciliata* M. Roemer var. *australis*) realizado por meio da parceria com as seguintes entidades: Universidade Federal de Lavras(UFLA), Associação dos Produtores Florestais do Sudoeste de Minas Gerais (APFLOR), empresa Bela Vista Florestal e Instituto Estadual de Florestas de Minas Gerais (IEF). Os trabalhos foram iniciados em 2007, nas dependências da empresa Bela Vista Florestal, com o objetivo de definir estratégias de seleção no programa de melhoramento genético do cedro australiano.

3.1 Material genético

Os genótipos utilizados no experimento constituíram-se de 78 progênies de meio-irmãos formados a partir de sementes coletadas em árvores matrizes de polinização livre. Essas árvores matrizes foram selecionadas nos estados australianos de Queensland (QLD) e New South Wales (NSW). A descrição dos locais de origem e respectivas famílias são apresentadas na Tabela 1. As procedências foram escolhidas por vegetarem ao longo de um gradiente altitudinal que varia de 40 a 1000m e de precipitação, variando de 790 a 2091mm (Figura 1). No experimento, como forma de comparações futuras, inseriu-se ainda uma procedência de origem desconhecida disponível no mercado de sementes no Brasil.

As mudas foram produzidas em tubetes de 50 cm³ com substrato constituído com mistura de casca de *Pinus*, casca de arroz carbonizada e vermiculita fina. As adubações foram realizadas conforme protocolo usual da empresa Bela Vista Florestal para *T. ciliata*, o qual se constituiu por uma

adubação de base contendo macro e micronutrientes incorporadas ao substrato antes do semeio.



Figura 1 Distribuição das origens de cedro australiano na costa leste da Austrália

Tabela 1 Relação das procedências de *Toona ciliata* com as respectivas informações regionais

Procedência	Estado	Região	Latitude/Longitude	Altitude (m)	N° de progênies	Precipitação (mm)
1	New South Wales	Allyn River	321100S / 1513009E	280	7	1046
2	Queensland	Atherton	171900S / 1453000E	700	12	1279
3	Queensland	Baldy Mountain	171800S / 1452600E	1100	4	1187
4	New South Wales	Coedale Wollongong	341716S/1505611E	180	4	1262
5	New South Wales	Dairy Flat	282600S/1524700E	180	6	790
6	New South Wales	Dorrigo	301496S/1524026E	750	2	1835
7	Queensland	Pascoe River	123300S/1430400E	40	6	2091
8	New South Wales	Kangaroo Valley	343800S/1503600E	400	8	1201
9	Queensland	Kenilworth S.F.	263800S/1523800SE	440	5	1251
10	New South Wales	Marshall Mount Woll/G	343100S/1504400E	130	3	1031
11	Queensland	Shipton Flat	155000S/1451400E	300	5	1873
12	Queensland	Teviot Brook	281300S/1523800E	360	2	903
13	Queensland	Eungella	210900S/1482900E	720	1	1549
14	Queensland	Iron Range	124400S/1431700E	40	6	2091
15	New South Wales	Blue Mountains	133300S/1430800E	250	2	1370
16	Queensland	Ubobo	242800S/1511300E	250	5	854

3.2 Local e caracterização da área experimental

O experimento foi instalado nas dependências da empresa Bela Vista Florestal no município de Campo Belo, sul de Minas Gerais, latitude $20^{\circ}53'58.89''S$, $45^{\circ}17'33.04''W$ e altitude média de 945 metros. A precipitação pluviométrica média anual é de 1.250 mm com chuvas bem distribuídas e temperatura média de $23,5^{\circ}C$. Na Figura 2 são apresentadas as referidas latitudes de origem e do local de experimentação acima referidos.

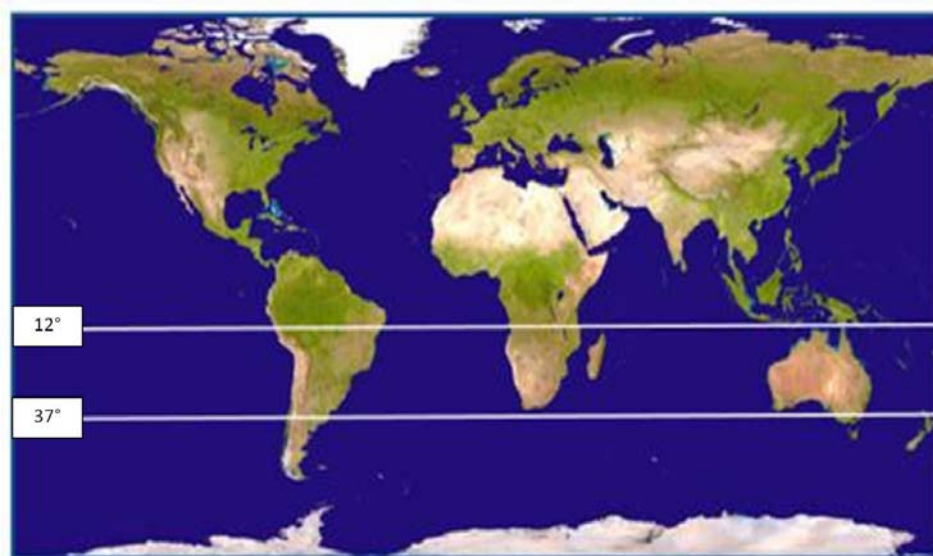


Figura 2 Planisfério indicando o intervalo entre as latitudes do local de ocorrência na Austrália e local de cultivo no Brasil

3.3 Instalação e condução dos experimentos

3.3.1 Teste de procedência/ progênie

O teste de procedência/progênie foi implantado no campo em janeiro de 2008. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso (DBC),

três repetições e parcelas constituídas de 4 linhas x 4 plantas (16 plantas). Adotou-se uma bordadura dupla de cedro australiano em torno de todo o experimento. O espaçamento utilizado foi de 3 x 2 metros, totalizando uma área de 4,55 ha, como indicado na Figura 3.

Para realização do plantio foi realizada a subsolagem do terreno e realizada adubação com fosfato reativo na quantidade de 400 kg/ha. O plantio foi realizado em curvas de nível, apesar da inclinação do terreno não ser muito acentuada. De acordo com a análise de solo, não foi necessária a utilização de calcário para correção do pH.

Após o plantio, foram efetuadas adubações de coberturas e administrados 250 gramas de super-simples (00-18-00) por planta, seguidas de 260 gramas de nitrogênio e potássio (20-00-20) dividida em 3 operações, aos 15, 45 e 90 dias após o plantio. Na adubação aos 90 dias, foi conduzida também a adubação de 30g de FTE Br-12. Foram mantidos os tratos culturais usuais em plantios comerciais e constituídos de capina química entre as linhas e capina mecânica dentro da linha. Sempre que necessário foi realizado o coroamento das plantas.

Realizaram-se as avaliações do experimento nas idades de seis meses (2008), 16 meses (2009) e 31 meses (2010). Foram coletados dados de diâmetro a altura do colo (cm), e altura (m), no entanto, a última avaliação a medida do diâmetro foi feita à altura do peito (DAP). As avaliações aos 6 e 16 meses foram feitas apenas nas plantas úteis da parcela (quatro plantas centrais). A avaliação aos 31 meses foi conduzida em todas as 16 plantas da parcela. Também foi avaliado o índice de sobrevivência aos 30 e 60 dias após o plantio.



Figura 3 Croqui de campo do teste de procedência/progênie

A avaliação genética do teste de procedência/progênie foi realizada em nível de indivíduos por meio de procedimentos de modelos mistos pelo método REML/BLUP (máxima verossimilhança residual/melhor preditor linear não viesado) via programa estatístico Selegen-REML/BLUP (RESENDE, 2007b). Para análise genética/estatística do experimento em blocos ao acaso, adotou-se o modelo estatístico que se aplica aos testes de progênies com várias plantas por parcela, um local e várias procedências. Essa análise classifica os melhores indivíduos pelos seus valores genéticos preditos, além de fornecer os parâmetros genéticos que serão utilizados para a seleção.

O modelo linear misto para a avaliação genética ao nível de indivíduo, conforme Resende (2002) é dado por:

$$y = Xb + Za + Wc_1 + Qr + e, \text{ em que:}$$

y, b, a, c₁, r e e: em que “y” refere-se aos vetores de dados, “b” efeitos fixos de blocos, “a” efeitos aleatórios genéticos aditivos, “c₁” efeitos aleatórios de parcelas, “r” efeitos aleatórios de procedências e “e” resíduo dentro de parcela, respectivamente.

X, Z, W e Q: matrizes de incidência para b, a, c₁ e r, respectivamente.

3.3.1.1 Distribuição e estruturas de médias e variâncias

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

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

$$c_1 | \sigma_{c_1}^2 \sim N(0, I \sigma_{c_1}^2)$$

$$r | \sigma_r^2 \sim N(0, I \sigma_r^2)$$

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

$$\text{Cov}(a, c_1) = 0; \text{Cov}(a, r) = 0; \text{Cov}(a, e) = 0$$

$$\text{Cov}(c_1, r) = 0; \text{Cov}(c_1, e) = 0; \text{Cov}(r, e) = 0$$

Ou seja:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ c_1 \\ r \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \text{ e } \text{Var} \begin{bmatrix} a \\ c_1 \\ r \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_{c_1}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_r^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

$$\text{Var}(y) = ZA \sigma_a^2 Z' + WI \sigma_{c_1}^2 W' + QI \sigma_r^2 Q' + I \sigma_e^2$$

A e I = matriz de parentesco genético aditivo e matriz identidade de ordem apropriada aos dados, respectivamente.

3.3.1.2 Equações de modelo misto

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'Q \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W & Z'Q \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 & W'Q \\ Q'X & Q'Z & Q'W & Q'Q + I\lambda_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{\alpha} \\ \hat{c}_1 \\ \hat{r} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ Q'y \end{bmatrix};$$

em que:

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_{\alpha}^2}{\sigma_{\alpha}^2} = \frac{1 - h^2 - c_1^2 - r^2}{h^2};$$

$$\lambda_2 = \frac{\sigma_c^2}{\sigma_{c_1}^2} = \frac{1 - h^2 - c_1^2 - r^2}{c_1^2};$$

$$\lambda_3 = \frac{\sigma_{\beta}^2}{\sigma_r^2} = \frac{1 - h^2 - c_1^2 - r^2}{r^2};$$

$$h^2 = \frac{\sigma_{\alpha}^2}{\sigma_{\alpha}^2 + \sigma_{c_1}^2 + \sigma_r^2 + \sigma_{\beta}^2} : \text{herdabilidade individual no sentido restrito};$$

$c_1^2 = \sigma_{c_1}^2 / (\sigma_{\alpha}^2 + \sigma_{c_1}^2 + \sigma_r^2 + \sigma_{\beta}^2)$: correlação entre indivíduos devida ao ambiente comum da parcela referente a progênie;

$r^2 = \sigma_r^2 / (\sigma_{\alpha}^2 + \sigma_{c_1}^2 + \sigma_r^2 + \sigma_{\beta}^2)$: correlação fenotípica intraclasses entre indivíduos de uma mesma procedência, em diferentes blocos;

3.3.1.3 Estimadores iterativos dos componentes de variância por REML via algoritmo EM (*expectation maximization*)

$$\sigma_{\beta}^2 = [y'y - \hat{\beta}'X'y - \hat{\alpha}'Z'y - \hat{c}_1'W'y - \hat{r}'Q'y] / [N - r(x)]$$

$$\sigma_{\alpha}^2 = [\hat{\alpha}'A^{-1}\hat{\alpha} + \sigma_{\beta}^2 \text{tr}(A^{-1}C^{22})] / q$$

$$\sigma_{c_1}^2 = [\hat{c}_1'\hat{c}_1 + \sigma_{\beta}^2 \text{tr}C^{33}] / s_1;$$

$$\sigma_{\sigma^2}^2 = [A^{11} + \sigma_{\sigma^2}^2 \text{tr } C^{44}] / t, \text{ em que:}$$

S_1 e t = número de parcelas referentes a progênies e números de procedências.

C^{22}, C^{33} e C^{44} advém de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} & C_{14} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} & C_{24} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} & C_{34} \\ C_{41} & C_{42} & C_{43} & C_{44} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} & C^{14} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} & C^{24} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} & C^{34} \\ C^{41} & C^{42} & C^{43} & C^{44} \end{bmatrix}$$

C: matriz dos coeficientes das equações de modelo misto;

tr: operador traço matricial;

r(x): posto da matriz X

N e q: número total de dados e número de indivíduos.

As estimativas dos parâmetros genéticos foram realizadas pelo método REML, sob modelo individual, para atender às condições do desbalanceamento do teste.

3.3.1.4 Estimativas de herdabilidade ao nível de média de progênies

As estimativas de herdabilidade em nível de médias de progênies foram obtidas pela seguinte expressão, conforme Resende (2002):

$$h_{m1}^2 = \frac{[1 + (n - 1)\rho_{\sigma^2}]h_{\sigma^2}^2}{1 + (n - 1)(\rho_{\sigma^2} h_{\sigma^2}^2)}$$

em que ρ_n é a correlação genética entre os indivíduos do tipo de progênie considerada ($\rho_n = 1/4$ para meios-irmãos), h_a^2 é a herdabilidade individual no sentido restrito e n é o número total de indivíduos por progênie (n máximo igual a 15 no presente trabalho).

Calcularam-se, ainda, as acurácias seletivas para seleção de progênies, conforme Oliveira et al. (2004).

$$r_{sm}^2 = \left[\frac{[1 + (n-1)\rho_n]h_a^2}{1 + (n-1)(\rho_n h_a^2)} \right]^{1/2}$$

3.3.2 Teste clonal

O teste clonal foi implantado em janeiro de 2010 em área da empresa Bela Vista Florestal no município de Campo Belo, MG no delineamento látice. Os tratamentos foram compostos por 40 clones com 30 repetições e parcelas compostas por uma planta e espaçamento de 3 x 2 metros. O experimento foi conduzido pelo plantio de duas linhas de bordadura.

Os clones foram selecionados dentro de parcelas das melhores progênies do teste de procedência/progênie aos 16 meses. O número de clones avaliados nesse ensaio foi devido ao número de clones com mudas suficientes para constituir 30 repetições. Dessa maneira o número de procedências avaliadas no teste clonal foi menor, como pode ser observado na Tabela 2.

Tabela 2 Procedências avaliadas no teste clonal em Campo Belo, MG

<i>Indivíduo</i>	<i>Clone</i>	<i>Origem</i>
1	MG	Atherton
2	HB	Iron Range
3	XC	Shipton Flat
4	MI	Pascoe River
5	PC	Dorrigo
6	HF	Shipton Flat
7	HL	Coledale Wollongong
8	CD	Baldy Mountain
9	BR	Viçosa

Para obtenção dos clones experimentais foram realizados alguns procedimentos na ocasião da implantação do teste de procedência/progênie, ainda no ano de 2008. As sementes adquiridas foram semeadas para obtenção das plantas experimentais e aquelas destinadas para constituírem o bloco 1 tiveram seus ápices decepados para serem propagados assexualmente por miniestaquia e constituição das cepas, conforme metodologia descrita por Xavier et al. (2009). As mudas assim produzidas foram replicadas para o minijardim clonal, constituindo os clones experimentais cujos rametes foram devidamente identificados para posterior instalação do teste clonal.

Tanto as mudas seminais decepadas, constituintes do bloco 1, quanto aquelas não decepadas, constituintes dos blocos 2 e 3 foram manejadas no viveiro para produzir somente uma haste por muda.

As operações de plantio, adubação e tratamentos culturais do teste clonal foram iguais as praticadas para o teste de procedência e progênie, anteriormente descrito. Aos 30 e 60 dias após o plantio foi avaliada a sobrevivência.

Aos dois e nove meses após o plantio, coletaram-se os dados de altura e diâmetro do colo das plantas, os quais foram analisados por meio do programa computacional Selegen-REML/BLUP. Utilizou-se rotina que considera a

avaliação de clones em várias repetições no delineamento látice, com uma planta por parcela.

Esse teste foi instalado em um único local (Campo Belo/MG), sendo as análises realizadas de acordo com o modelo estatístico proposto por Resende, 2007b:

$$y = Xr + Zg + Wb + e,$$

em que:

y: vetor de dados;

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

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

b: vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios);

e: vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

X, Z e W: matrizes de incidência para os referidos efeitos.

As correlações genéticas e fenotípicas foram obtidas por meio do programa Selegen-REML/BLUP (Resende, 2007b).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Serão descritos a seguir todo os procedimentos de implantação e condução dos experimentos.

4.1 Teste de procedência/progênie de meio-irmãos

A sobrevivência observada em todo o experimento foi alta, alcançando 92%, fato que contribuiu para manter o teste balanceado quanto ao número de progênies nos blocos. Não se observou, portanto, padrão na distribuição da mortalidade, esta ocorrência se deu de forma aleatória e natural.

Os resultados das análises de deviances para o caráter diâmetro são apresentados na Tabela 3. Pode-se observar a existência de efeitos significativos ($P < 0,01$) de progênies e procedências nas três avaliações, exceto para procedência na 1ª avaliação conduzida aos 6 meses de idade. A significância foi avaliada pelo teste da razão da verossimilhança (LRT). Por meio desses resultados observa-se a presença de grande variabilidade entre as procedências e entre as progênies, confirmando a possibilidade de obtenção de ganhos com a seleção dos genótipos superiores.

Sabe-se que a *T. ciliata* tem grande distribuição na Austrália, um país, tal como o Brasil, com dimensões continentais. Devido às condições geográficas, as diferenças de latitude, temperatura, precipitação e seleção natural, há formação de subpopulações dentro de uma mesma espécie. Essa variação pode ser decorrente da variação clinal ou ecotípica.

O experimento é composto por progênies advindas de diferentes nichos ecológicos existentes na Austrália, assim, a intenção é explorar a variabilidade genética existente, selecionando-se aqueles genótipos com melhor adaptação as condições ecológicas brasileiras. Por essa razão a avaliação de diferentes

procedências e progênes é fundamental para se iniciar um programa de melhoramento genético em uma nova região, principalmente quando se planeja seleções recorrentes.

Como há o interesse de cultivo da espécie em diferentes regiões do Estado de Minas Gerais e do país e, diante da grande variabilidade genética observada nos genótipos avaliados, deve-se realizar um planejamento para a realização de testes experimentais em diferentes regiões. Essa avaliação possibilitará a identificação das progênes e procedências com maior potencial para condição ecológica de cada região avaliada, bem como possibilitará a avaliação de interações dos genótipos com os ambientes nos futuros sítios experimentais.

As estimativas dos parâmetros genéticos obtidos na avaliação de progênes de meio-irmãos de cedro australiano nas idades de 6, 16 e 31 meses para os caracteres diâmetro e altura são apresentadas na Tabela 4.

Tabela 3 Análise de deviance (ANADEV) para o caráter diâmetro obtido na avaliação de progênies de meio-irmãos de *Toona ciliata* em Campo Belo, MG

Efeito	6 meses		16 meses		31 meses	
	Deviance	LRT Qui-quadrado	Deviance	LRT Qui-quadrado	Deviance	LRT Qui-quadrado
Progênies	-192,77 ⁺	9,9**	1615,64 ⁺	9,94**	8437,12 ⁺	54,95**
Procedência	-199,27 ⁺	3,4 ^{ns}	1633,22 ⁺	27,52**	8423,40 ⁺	41,23**
Modelo completo	-202,67	-	1605,7	-	8382,17	-

Qui-quadrado tabelado: 3,84 e 6,63, para níveis de significância de 5%^(*) e 1%^(**), respectivamente. +Deviance do modelo ajustado sem os referidos efeitos. ns: Não significativo

Tabela 4 Estimativas dos parâmetros genéticos para as características diâmetro e altura em progênies obtidas na avaliação de meio-irmãos de *Toona ciliata* aos 6, 16 e 31 meses de idade

Parâmetros	Meses					
	Diâmetro (cm)			Altura (m)		
	6	16	31	6	16	31
σ_a^2	0,128H ²	1,072	3,499	0,023	0,376	1,257
σ_{parc}^2	0,028	0,439	0,357	0,009	0,114	0,173
σ_{proc}^2	0,013	0,574	1,757	0,00007	0,079	0,568
σ_e^2	0,147	0,803	1,896	0,032	0,041	0,495
σ_f^2	0,317	2,889	7,51	0,065	0,611	2,494
\hat{h}_a^2	0,40	0,371	0,465	0,353	0,615	0,504
$S(\hat{h}_a^2)$	0,119	0,113	0,068	0,112	0,146	0,07
\hat{h}_m^2	0,714	0,688	0,917	0,671	0,856	0,928
r_{am}^2	0,845	0,829	0,957	0,819	0,925	0,963
C_{parc}^2	0,088	0,152	0,047	0,142	0,186	0,069
C_{proc}^2	0,043	0,198	0,233	0,001	0,13	0,227
CV _{gi} (%)	17,232	16,936	29,686	18,885	17,74	23,97
CV _{gp} (%)	8,616	8,468	14,843	9,442	8,873	11,985
CV _e (%)	10,797	12,01	12,695	14,623	10,597	10,978
CV _r	1,595	1,41	2,338	1,291	1,674	2,18
PEV	0,0092	0,0838	0,0736	0,0019	0,0136	0,0228
SEP	0,0957	0,2895	0,2713	0,0435	0,1165	0,1511
Média geral	2,07	6,11	6,301	0,804	3,457	4,67

σ_a^2 = variância genética aditiva; σ_{parc}^2 = variância ambiental entre progênies; σ_{proc}^2 = variância genética entre procedências; σ_e^2 = variância residual dentro de parcelas; σ_f^2 = variância fenotípica; \hat{h}_a^2 = herdabilidade individual no sentido restrito; $S(\hat{h}_a^2)$ = desvio padrão das estimativas de herdabilidade; \hat{h}_m^2 = herdabilidade em nível de médias de progênies; r_{am}^2 = acurácia para seleção de progênies; C_{parc}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos de progênies; C_{proc}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos de procedência; CV_{gi} = coeficiente de variação genética aditiva individual; CV_{gp} = coeficiente de variação genotípica entre progênies; CV_e = coeficiente de variação residual; CV_r = razão entre CV_{gi}/CV_e ; PEV = variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênie, assumindo sobrevivência completa; SEP = desvio padrão do valor genotípico predito de progênie, assumindo sobrevivência completa

Observam-se pelas estimativas de variância genética aditiva (σ_a^2) valores mais altos nas idades mais avançadas, aumentando seu valor com o tempo de avaliação. Esse comportamento também foi observado em outras espécies especialmente do gênero *Eucalyptus* (BOUVET; VIGNERON, 1995; GREAVES et al., 1997; WEI; BORRALHO, 1998; LOPEZ et al., 2002).

Constata-se essa tendência para os parâmetros variância fenotípica (σ_p^2) e variância genética entre procedências (σ_{proc}^2). O aumento dessas variâncias ao longo do tempo é normal, visto que há um aumento no valor do crescimento em função do tempo. No entanto, quando são analisados os coeficientes de variação (CV_{gi}, CV_{gp}) nota-se que os valores desses coeficientes também aumentaram em função da idade.

Assim, pode-se inferir sobre a ocorrência de liberação da variabilidade genética com o crescimento das árvores e consequentes variações nas propriedades de arquitetura de copa, eficiências no uso de fatores do meio (luz, água e nutrientes), bem como da resistência/tolerâncias aos estresses bióticos e abióticos. Essas variações são amplamente divulgadas pela literatura e na maioria das vezes são vinculadas as diferenciadas expressões gênicas (ALLARD, 1999; FEHR, 1991), que ocorrem principalmente quando se trata de materiais genéticos ainda não melhorados (PIRES, 2006). Essa liberação da variabilidade genética também pode estar vinculada as diferentes trajetórias de crescimento dos materiais genéticos em teste, que segundo Wu et al. (2002) é geneticamente controlado por um conjunto gênico específico.

Em análises futuras, após a tomada de dados em um período de tempo maior, essas trajetórias de crescimento poderão ser obtidas por material genético testado, utilizando a função logística conforme Calegario et al. (2005) aplicada em espécies do gênero *Eucalyptus*.

Sabe-se que a variância genética aditiva (σ_a^2) entre progênies de meio-irmãos é composta por $\frac{1}{4}$ da variância genética aditiva (σ_a^2), livre da variância de

dominância. Com isso tem assumido grande importância no melhoramento genético quando se emprega a seleção recorrente (FALCONER; MACKAY, 1996). Observa-se ainda que o parâmetro σ^2_{ϵ} foi superior a variância residual (σ^2_{ϵ}), exceto na primeira avaliação, evidenciando uma boa precisão experimental.

Visualiza-se uma tendência ligeiramente semelhante de aumento dos valores com o passar do tempo para o coeficiente de variação genética aditiva individual (CVgi), que apresentou valores semelhantes nas duas primeiras avaliações e um aumento de grande magnitude na última avaliação. Aumentos semelhantes também foram observados para coeficiente de variação genotípica entre progênies (CVgp).

Esses referidos coeficientes de variação são importantes parâmetros nos estudos de genética quantitativa, uma vez que permitem inferir sobre a magnitude da variabilidade presente nas populações e em diferentes caracteres (RESENDE, 2002). Pode-se verificar, por meio dos coeficientes de variação, que existe grande variabilidade entre os genótipos. Isso pode ser confirmado pelo parâmetro CVr (razão entre CVgi/CVe) que apresentaram valores superiores a 1,0 em todas as avaliações, indicando a viabilidade de seleção para obtenção de ganhos genéticos expressivos.

Outro parâmetro que evidencia as perspectivas favoráveis de melhoramento genético são as estimativas de herdabilidade individual no sentido restrito (h^2_{re}), as quais apresentaram de grande magnitude, variando para o caráter DAP de 0,40 a 0,465 e para altura variando de 0,353 a 0,615 (Tabela 4).

Portanto, em ambos os caracteres estudados, os erros associados as estimativas das herdabilidades (σ^2_{ϵ}) indicam que os valores de herdabilidade são bastantes semelhantes nas idades estudadas. As estimativas dos referidos erros associados são menores na última avaliação (31 meses) devido ao fato de que nesta idade utilizou-se parcelas com 16 plantas, enquanto que nas idades

anteriores as estimativas foram realizadas em parcelas constituídas por 4 plantas. Essa confiança na estimativa da herdabilidade na idade de 31 meses pode ser conferida para os outros parâmetros genéticos avaliados na mesma idade. Contudo, inferências considerando as idades anteriores podem ser feitas, porém, consciente de que essas podem ser menos precisas, uma vez que a interpretação dos resultados gerados por maior o número de repetições são mais fidedignas (RAMALHO et al., 2005).

Verifica-se também valores expressivos para herdabilidade em nível de médias de famílias (h_m^2), variando para o caráter DAP de 0,688 a 0,917 e para altura variando de 0,671 a 0,928. Observando os valores da acurácia para estas estimativas (Tabela 4), nota-se também que as maiores acurácias foram obtidas na idade de 31 meses, atingindo valores de 0,957 para DAP e 0,963 para altura.

Vencovsky e Barriga (1992) destacam que a estimativa da herdabilidade, baseada em média de progênie, assume maior grau de precisão e, por consequência em uma maior acurácia. Segundo esses autores isso é devido a uma diminuição da influência dos erros experimentais quando se utiliza médias.

Na literatura há relatos de estimativas de herdabilidade, são apresentadas somente estimativas de repetibilidade, as quais assumiram valores de 0,24 para DAP (FERREIRA, 2009), sendo, portanto, bem inferiores aos aqui estimados. Nesse mencionado caso, a repetibilidade está diretamente associada à correlação fenotípica nos diferentes indivíduos avaliados. Esse parâmetro leva em consideração a variância genética total, ou seja, o valor máximo que a herdabilidade no sentido amplo pode assumir (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Os maiores valores de herdabilidades apresentados na Tabela 4, podem estar associados ao fato de que as progênies avaliadas são oriundas de materiais genéticos ainda em estado não domesticado (selvagens), colhidos na origem sem nenhum ciclo de seleção antecedente, bem como à boa precisão experimental em que as famílias foram avaliadas.

Os valores dos coeficientes de determinação dos efeitos de parcela (C_{parcela}^2) para os caracteres diâmetro e altura são baixos, principalmente na última avaliação (31 meses). Essa informação é importante para determinar o quanto que a variação nas parcelas contribuiu para a variação total. Depreende-se assim que houve baixa variação ambiental dentro das parcelas e que o delineamento experimental pode ser considerado eficiente.

No que concerne aos valores dos coeficientes de determinação dos efeitos de procedências (C_{proc}^2) observou-se comportamento crescente, atribuindo também valores mais altos na última avaliação. Isso indica que a contribuição do efeito procedências está sendo mais evidente com o passar do tempo, o que, provavelmente é devido a liberação de variabilidade genética, como anteriormente mencionado, observada com o avançar da idade e, conseqüentemente, com o crescimento das árvores.

Esse comportamento é favorável para a seleção de procedências promissoras, uma vez que pelos resultados constatou-se grande variabilidade genética entre as procedências avaliadas. Tal constatação evidencia a eficiência na amostragem realizada na coleta das sementes, tendo em vista que se obteve genótipos de diferentes regiões e condições edafoclimáticas.

Mediante esses resultados, perspectivas promissoras surgem com a possibilidade de se obter uma população com grande variabilidade genética e média alta. Apesar do programa de melhoramento ainda está em fase inicial, observa-se perspectivas de sucesso na instalação de novos campos experimentais com uso de procedências e progênies aqui avaliadas no intuito de selecionar genótipos para as diversas condições ecológicas do Brasil, tal como já é realizado para outras espécies florestais, como as do gênero *Pinus* (MORA, GARCIA, 2000) e *Eucalyptus* (ASSIS, 1996; ANDRADE, 1991 MORA; GARCIA, 2000).

Observam-se baixos valores para variância do erro de predição (PEV) e de seus respectivos desvios padrões (SEP). Esses resultados estão diretamente relacionados à precisão e maximização da acurácia e, por conseguinte, na eficiência da seleção, tal como mencionado por Resende e Duarte (2007).

Na tabela 1^a encontram-se as médias genótípicas, valores genéticos, genotípicos e de dominância para o caráter diâmetro avaliado aos 31 meses, respectivamente. Pela Tabela 2A indica-se a procedência referente a cada progênie e pela Tabela 3A é indicado o número correspondente de cada procedência. O ordenamento das melhores progênies, com base na sua média genotípica predita, além de suas acurácias e respectivos intervalos de confiança aos 31 meses são evidenciados na Tabela 4A. Na figura 4 verifica-se a distribuição dos valores genéticos para o diâmetro aos 16 e 31 meses.

As acurácias apresentaram valores medianos nas duas avaliações iniciais, com valores inferiores a 0,70, sendo classificada, de acordo com Resende e Duarte (2007), como moderada. Contudo, na última avaliação, por meio dos valores da acurácia encontram-se, na maioria, acima de 0,80, sendo assim classificada como alta. Pode-se argumentar que a otimização dos valores da acurácias foi em função do maior número de repetições, tal como anteriormente mencionado.

Com esse parâmetro considera-se as proporções entre as variações de natureza genética e residual associadas ao caráter em avaliação. Interessante ressaltar que este parâmetro não tem a propriedade de informar se o genótipo é bom ou não, mas sim de inferir sobre a precisão e qualidade dos experimentos por perspectiva estatística e genética. E mais; apresenta a confiabilidade dos parâmetros estimados e da avaliação, ou seja, indica o risco no uso de cada indivíduo (RESENDE, 2002).

Assim, essa estimativa de acurácia é importante por auxiliar o melhorista na tomada de decisões, especialmente no momento da seleção.

Embora na literatura sugerir acurácias classificadas como muito alta, ou seja, acima de 0,90 na fase final de avaliação, para processos de seleção, especialmente, em fases iniciais do programa de melhoramento são aceitáveis acurácias a partir de 0,70 (RESENDE, 2007a).

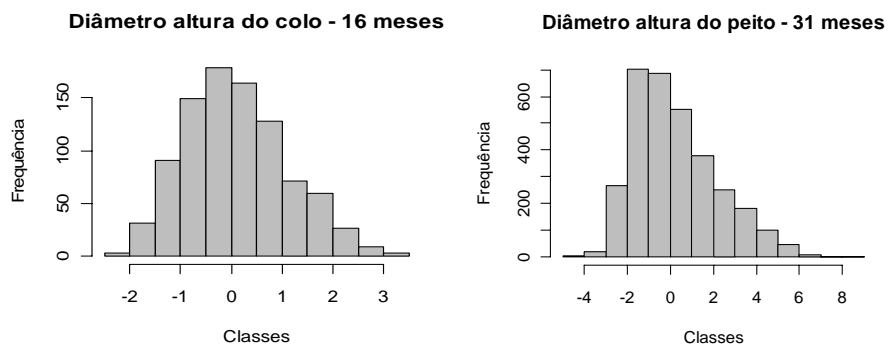


Figura 4 Distribuição de frequência dos valores genéticos aditivos para o caráter diâmetro em *Toona ciliata* aos 16 e 31 meses.

Na Tabela 5 são apresentados os valores de correlação idade-idade e entre as características analisadas. As correlações genótípicas variaram de 0,5325 a 0,9296, sendo que a menor estimativa foi obtida aos 16 meses e a maior aos 31 meses. Observa-se correlação alta e positiva nas diferentes idades para altura e diâmetro. Nesse caso, o fato de não existirem correlações genótípicas desfavoráveis torna o processo seletivo mais simples, visto que modificações em uma característica tendem a ser acompanhadas de modificações, no mesmo sentido. Isso sugere que a seleção em uma das características promoverá ganhos indiretos em outra e que os mesmos genes que estão influenciando os caracteres nas diferentes idades. Esse comportamento evidencia a presença de genes pleiotrópicos ou a ocorrência de genes ligados, atuando no controle dessas duas características avaliadas.

Salienta-se que houve tendência de os coeficientes de correlação genotípica superarem os de correlação fenotípica, o que evidencia que os fatores genéticos são mais importantes que os de ambiente na expressão fenotípica desses caracteres. O conhecimento da magnitude da correlação genotípica é de fundamental importância para orientar os programas de melhoramento, pois indica a porção genética da correlação fenotípica (FALCONER; MACKAY, 1996).

Diante dos altos valores de herdabilidade no sentido restrito e das magnitudes das correlações genotípicas nas diferentes idades, depreende-se que haverá uma eficiência na seleção precoce dos indivíduos em teste. Essa informação é de grande utilidade prática, especialmente, em plantas perenes, uma vez que no melhoramento florestal o principal entrave é o tempo demandado para selecionar os genótipos mais promissores. Esse processo de seleção é demorado, em função do número de avaliações e do tempo demandado para aferir os melhores genótipos. O fato da presença de correlação genotípica nas diferentes idades, bem como altas estimativas de herdabilidade, favorecem vantagens adicionais tais como experimentos menos duradouros e maior facilidade para tomada de dados (REZENDE et al., 1994)

Já por meio das correlações fenotípicas, observou-se altos valores somente quando comparados entre os caracteres na mesma idade. Nota-se que esses valores foram todos superiores a 0,9, indicando uma relação direta entre altura e diâmetro. Com essa relação intrínseca, a seleção indireta consistirá numa eficiente estratégia. Contudo, pelas correlações ao longo do tempo, verifica-se baixas estimativas. Esse comportamento é observado em outras espécies florestais, tais como o *Pinus*, *Eucalyptus* e *Dipteryx alata* (SANTOS, 2008; PALUDZYSZYN FILHO et al., 2002; PAULA et al., 2002).

Tabela 5 Correlação entre as características DAP e altura. Acima e abaixo da diagonal encontram-se, respectivamente, os valores de correlação genotípica e fenotípica

<i>Variáveis</i>	<i>6 meses</i>		<i>16 meses</i>		<i>31 meses</i>	
	DAC	ALT	DAC	ALT	DAP	ALT
DAC 6	-	0,81	0,72	0,63	0,61	0,56
ALT 6	0,98	-	0,53	0,59	0,45	0,47
DAC 16	0,77	0,76	-	0,84	0,84	0,80
ALT 16	0,77	0,75	0,98	-	0,74	0,80
DAP 31	0,18	0,18	0,24	0,22	-	0,93
ALT 31	0,18	0,18	0,23	0,23	0,93	-

4.2 Teste clonal

Pela Tabela 6 observa-se os resultados das análises de devianças para o caráter diâmetro no teste clonal nas duas idades avaliadas.

Nota-se que há grande variabilidade genética no teste, indicando que os clones são estatisticamente diferentes entre si. É sabido que o sucesso de qualquer programa de melhoramento depende, essencialmente, da quantidade de variabilidade genética existente na população, da herdabilidade do caráter e da extensão do ganho genético possível para este caráter (FALCONER; MACKAY, 1996). Dessa maneira, pela Tabela 6A constata-se que haverá grandes ganhos com a seleção de clones elites para compor os experimentos de competição. Outro fator favorável é a quantidade de clones superiores no teste, fato que propiciará o cultivo com um maior número de clones, menor risco para o silvicultor, além de alta produtividade para os caracteres comerciais.

Sabe-se que dentre os aspectos genéticos a clonagem é conhecida como uma técnica “fim de linha”. Isso se deve a capitalização do ganho obtido numa única geração (ASSIS, 1996). Assim, a variabilidade observada no teste clonal, credencia o teste de procedência e progênie como uma importante fonte para o desenvolvimento de clones superiores.

Esses resultados são bastante promissores do ponto de vista da silvicultural clonal, uma vez que o sucesso do programa de melhoramento é dependente da obtenção de clones com características desejáveis ao processo produtivo.

Atualmente no Brasil e demais regiões tropicais o *Eucalyptus* constitui-se uma das espécies mais explorada, especialmente com uso de técnicas proveniente da silvicultura clonal. O aumento na exploração dessa técnica é, sem dúvida, devido aos atuais avanços obtidos por meio da pesquisa na área florestal. Fato que possibilitou uma série de vantagens, dentre elas a uniformidade nos plantios e aumento na produtividade (XAVIER, WENDLING e SILVA, 2009).

Nesse cenário promissor, a exploração dos processos já disponíveis e o desenvolvimento de novas técnicas aplicadas em espécies, tal como a *T. ciliata*, constitui-se uma estratégia promissora e de grande relevância para multiplicação rápida e eficiente de genótipos selecionados e, conseqüentemente, ampliação do potencial da silvicultura clonal.

Tabela 6 Análise de deviance (ANADEV) para o caráter diâmetro em clones de *Toona ciliata* avaliado em Campo Belo, MG

Efeito	2 meses		9 meses	
	Deviance	LRT Qui-quadrado	Deviance	LRT Qui-quadrado
Clones	-2349,76 ⁺	480,73 ^{**}	328,57 ⁺	325,37 ^{**}
Parcela	-2825,19 ⁺	5,3 [*]	3,99 ⁺	0,79 ^{ns}
Modelo	-2830,49	-	3,20	-
Completo				

Qui-quadrado tabelado: 3,84 e 6,63, para níveis de significância de 5%^(*) e 1%^(**), respectivamente. +Deviance do modelo ajustado sem os referidos efeitos. ns: Não significativo

Os resultados referentes aos componentes de variância e parâmetros genéticos envolvendo os 40 clones para o caráter diâmetro a altura do colo (DAC) e altura constata-se na Tabela 7.

Tabela 7 Estimativas de parâmetros genéticos para as características diâmetro e altura em teste clonal de *T. ciliata* avaliada aos 2 e 9 meses de idade

Parâmetros	DAC (cm)		Altura (m)	
	2 meses	9 meses	2meses	9 meses
σ_g^2	0,016	0,161	0,005	0,04
σ_{bloc}^2	0,010	0,051	0,001	0,002
σ_e^2	0,018	0,298	0,005	0,076
σ_f^2	0,045	0,511	0,012	0,119
\hat{h}_g^2	0,349	0,315	0,443	0,337
$s(\hat{h}_g^2)$	0,048	0,048	0,054	0,047
$\hat{h}_{m,g}^2$	0,240	0,101	0,136	0,021
AC_{clon}	0,996	0,994	0,997	0,993
CV _{gi} (%)	16,68	12,63	25,81	11,11
CV _e (%)	18,05	17,18	25,10	15,33
CV _r	0,923	0,734	1,02	0,725
PEV	0,0001	0,001	0,00002	0,0004
SEP	0,010	0,043	0,005	0,021
Média geral	0,758	3,17	0,288	1,804

σ_g^2 = variância genotípica; σ_{bloc}^2 = variância ambiental entre blocos; σ_e^2 = variância residual; σ_f^2 = variância fenotípica; \hat{h}_g^2 = herdabilidade no sentido amplo; $s(\hat{h}_g^2)$ = desvio padrão das estimativas de herdabilidade; $\hat{h}_{m,g}^2$ = herdabilidade ajustada a média do genótipos; AC_{clon} = acurácia para seleção de clones; CV_{gi} = coeficiente de variação genotípica; CV_e = coeficiente de variação residual; CV_r = razão entre CV_{gi}/CV_e; PEV = variância do erro de predição dos valores genotípicos de clones; SEP = desvio padrão do valor genotípico predito de clone, assumindo sobrevivência completa

Pelas estimativas das herdabilidades no sentido amplo (\hat{h}_g^2), também denominada por herdabilidade clonal, (PÁDUA, et al., 2004), observaram-se valores variando de 0,31 a 0,44 para as duas características avaliadas. Avaliando os erros associados a essas estimativas ($s(\hat{h}_g^2)$) esses valores são praticamente idênticos, com exceção para altura aos 2 meses, que apresentou a maior estimativa de herdabilidade. Apesar desses valores constituírem valores de magnitude relativamente médios, as estimativas de herdabilidade ajustada da média de genótipo ($\hat{h}_{m,g}^2$), assumindo sobrevivência completa alcançaram valores de alta magnitude, com valores superiores a 99%. Por essas altas

estimativas evidencia-se a condição favorável para a seleção. Apesar das medidas terem sido feitas em idades iniciais, já indicam o comportamento dos clones. Esse comportamento inicial é de fundamental importância, pois a *T. ciliata* muitas vezes é cultivada em consórcios com outras culturas, como o café, milho e pastagens em geral. Nesse caso, há necessidade de genótipos que apresentem desenvolvimento inicial relativamente lento e arranque no crescimento a partir do 2º ano de cultivo.

Existem muitos estudos relacionados às trajetórias de crescimento, especialmente para o *Eucalyptus* e *Populus* (WU et al., 2002; WU et al., 2003). Esses estudos estão relacionados a estudos de evolução genética, especificamente na modelagem de QTL's que afetam as trajetórias de crescimento. Como as avaliações no presente experimento iniciaram desde a fase de viveiro (resultados não apresentados) observou-se grande variabilidade genética, principalmente no teste de procedência e progênie, revela-se, portanto, a necessidade de avaliações futuras desses materiais genéticos relacionados a esses aspectos de crescimento e da seleção de genótipos conforme o objetivo da pesquisa.

Ainda com relação aos dados apresentados na Tabela 7, observa-se que a variância genotípica (σ_g^2) e variância residual (σ_f^2) apresentaram baixas estimativas aos dois meses com tendência de aumento com o tempo. Veja que a variância fenotípica (σ_f^2) também apresentou baixos valores. Esse comportamento foi influenciado, provavelmente, devido as medições terem sido realizadas em fase muito precoce, momento que os clones se diferenciam muito pouco. Como pode ser observado pela σ_g^2 , a variabilidade genética está sendo liberada com o passar do tempo.

Pode-se verificar que a variância ambiental entre blocos (σ_{Bloco}^2) apresentou valores inexpressíveis, indicando que as condições do ambiente nos blocos são semelhantes.

Observa-se que os valores da PEV foram muito baixos e acurácias admitindo sobrevivência completa (Ac_{clon}) por volta de 99% para DAC e altura. As acurácias para cada média genotípica para DAC são dispostas na Tabela 5A, os quais apresentaram valores variando de 0,94 a 0,96. A avaliação e seleção de genótipos requerem grande precisão experimental e utilização de metodologias estatísticas adequadas. Assim, mediante esses resultados embora iniciais, demonstram-se que os clones estão sendo avaliados em condições experimentais apropriadas, fato que sugere alta confiabilidade dos parâmetros populacionais avaliados no teste clonal.

Como já discutido, a acurácia é de fundamental importância na inferência sobre a confiabilidade dos valores genotípicos e, conseqüentemente, na predição de ganhos. Os valores genotípicos são variáveis preditas pelos melhoristas a partir de valores fenotípicos. Assim, o uso de técnicas de avaliação genética com base em modelos mistos do tipo REML/BLUP é fundamental para a predição fidedigna de valores genéticos aditivos e genotípicos (WHITE; HODGE, 1989; RESENDE, 2002). Isso devido a eficiência do estimador para a seleção de genótipos pelo desempenho individual e também por possibilitar prever os melhores genótipos para formar novas populações (BERNARDO, 1996).

De acordo com Falconer e Mackay (1996), valores genéticos preditos referem-se à avaliação do somatório dos efeitos médios dos alelos dos genótipos em avaliação, mas para clones, os valores genotípicos captam tanto os efeitos aditivos como os epistáticos e de dominância. De maneira geral, os valores genéticos preditos não são iguais aos valores genéticos verdadeiros dos indivíduos. Van Vleck et al. (1987) destacam que a proximidade entre esses dois valores pode ser avaliada pela acurácia, a qual se refere à correlação entre os valores genéticos preditos e os valores genéticos verdadeiros dos indivíduos, em

que, quanto maior a exatidão na avaliação, maior é a acurácia do valor genético predito.

Pode-se verificar pela Tabela 5A, o ordenamento da seleção dos melhores clones, considerando, portanto, em cada idade os 10 melhores clones ordenados. Observa-se que praticamente não há mudança, com exceção para o clone testemunha BR (procedente de Viçosa/MG) que na 1ª avaliação estava ranqueado na 7ª posição, aparece em 16ª na 2ª avaliação. Essa mudança de classificação ocorreu em apenas 7 meses decorrentes entre as duas avaliações. Neste caso, a 7ª posição, anteriormente ocupada pelo clone “BR” passou a ser ocupada pelo clone “XC”.

Pelos intervalos de confiança apresentados na Tabela 5A pode-se observar quais clones são estatisticamente distintos. Por exemplo, constata-se na 2ª avaliação que a média dos 6 primeiros clones não apresenta diferenças estatísticas significativas, uma vez que as estimativas estavam dentro de um mesmo intervalo. Fundamentado nos princípios estatísticos, não se pode afirmar que os clones são iguais e, sim, que não há evidências que são diferentes. Nesse caso, é interessante ressaltar que com o teste usado não foi possível detectar diferenças entre os seis primeiros clones.

Na Tabela 6A constam os valores genotípicos em nível de clone, média genotípica e ganhos. Tomando-se os 10 melhores clones na Tabela 6A, observa-se que com a seleção destes promoverá um ganho de 15%. Verifica-se que os melhores clones são provenientes das procedências de Shipton Flat, Iron Range e Pascoe River. Essas três procedências foram as melhores procedências observadas no teste de procedência/progênie aos 31 meses. Visualiza-se uma sincronia entre os dois experimentos, e a que tudo indica a seleção de procedências no teste de procedência/progênie será eficiente para obtenção de ganhos nos testes clonais.

Como na análise de deviance, apresentada na Tabela 3, constatou-se o efeito procedência aos 31 meses significativo, vê-se que as procedências são estatisticamente distintas, demonstrando situação favorável à seleção.

As correlações genóticas entre as variáveis diâmetro e altura e entre as idades avaliadas constam na Tabela 9.

Observam-se que os coeficientes de correlações são de alta magnitude tanto para correlação genotípica quanto para correlação fenotípica. Esses altos valores provavelmente são devido ao intervalo de tempo entre as duas avaliações que foram apenas de 7 meses. A correlação é uma medida do grau com que duas variáveis variam juntas ou da intensidade de associação entre essas variáveis (STEEL; TORRIE, 1960).

Apesar de serem medidas iniciais, já apresentam as tendências de comportamento das estimativas para os clones em teste. E o conhecimento da associação entre caracteres pode ser primordial quando da necessidade de ser feita seleção simultânea de caracteres. Além disso, ao selecionar caracteres de alta herdabilidade e de fácil aferição, e que evidenciem alta correlação com o caráter desejado, o melhorista poderá obter progressos mais rápidos em relação ao uso de seleção direta (SANTOS; VENCOVSKY, 1986).

Tabela 9 Correlação entre as características diâmetro e altura. Acima e abaixo da diagonal encontram-se, respectivamente, os valores de correlação genotípica e fenotípica

Variáveis	2 meses		9 meses	
	DAC	ALT	DAC	ALT
DAC 2	-	0,84	0,84	0,73
ALT 2	0,86	-	0,61	0,71
DAC 9	0,64	0,86	-	0,84
ALT 9	0,57	0,54	0,90	-

4.3 Avaliação do desempenho silvicultural dos clones em relação às árvores matrizes

Como já discutido anteriormente, observou-se coincidência entre as procedências selecionadas no teste clonal com as progênes selecionadas no teste de procedência/progênie. O teste clonal foi realizado somente com aqueles indivíduos que tinham repetições suficientes para compor o teste, ou seja, 30 repetições. Dessa maneira, na ocasião da implantação, somente 40 clones foram plantados nesse experimento.

Na Tabela 10 pode-se observar a relação entre os clones selecionados com o ordenamento da sua respectiva matriz no teste de procedência/progênie. Confrontando indivíduos selecionados, tendo o DAP como referência aos nove meses no teste clonal (Tabela 6A) e 31 meses no teste de procedência/progênie pode-se verificar que a coincidência de indivíduos selecionados é bastante elevada em ambas as idades.

Visualiza-se pelas matrizes que originaram os clones com melhor desempenho no teste clonal aos 9 meses o bom desempenho no teste de procedência/progênie. Levando em consideração que na avaliação do teste de procedência/progênie nessa idade havia mais de 3200 indivíduos, os 10 clones selecionados ocuparam ordenamento entre 128 e 416, exceto para o clone HG, proveniente da procedência de Shipton Flat, que foi posicionado em 929º lugar na classificação geral.

Na literatura é bem relatado alguns inconvenientes ao utilizar a propagação vegetativa. Dentre eles, as variações causadas por fatores relacionados aos propágulos, tais como tamanho da estaca e, principalmente o estado de maturação do material a ser propagado (HIGASHI et al., 2000).

Normalmente, o processo de seleção dos genótipos superiores é realizado na fase adulta e, posteriormente, procede-se com a propagação clonal

em massa. Contudo, nessa fase há certa dificuldade do enraizamento dos propágulos e da formação de mudas, pois devido a maturação do material vegetal, decorrente da transição da fase juvenil para adulta, os propágulos sofrem grandes alterações morfológicas, bioquímicas e fisiológicas (WENDLING; XAVIER, 2003).

Essas alterações determinam as respostas dos propágulos vegetativos às condições do ambiente, havendo necessidade de reduzir ao máximo a juvenilidade do material. A propagação vegetativa de árvores adultas requer material fisiologicamente juvenil ou com rejuvenescimento da habilidade de formar raízes em material adulto (HARTNEY, 1980). Assim, há necessidade de técnicas especiais de rejuvenescimento de árvores adultas para resgatar condições favoráveis para o enraizamento e crescimento.

Para evitar esse tipo de problema, utilizou-se a estratégia de clonagem de todo o material genético ainda em fase juvenil. Assim, como já relatado, as sementes adquiridas foram semeadas para a produção de plantas que posteriormente foram decepadas e tiveram seus ápices (ramete) estaqueados. As mudas obtidas desse processo representam as matrizes do minijardim clonal, que posteriormente forneceram as minicepas (ortetes) para os testes clonais. A parte inferior da muda foi conduzida antes do plantio para recuperar sua dominância apical.

Há a necessidade de estudos relacionados a essa estratégia com um número maior de clones, bem como com o uso de clones provenientes de plantas já adultas. Isso possibilitará verificar se a juvenilidade das estacas interfere de maneira significativa no desempenho silvicultural dos clones.

Ainda observando o ordenamento dos clones no teste procedência/progênie, por esses resultados sugere-se a possibilidade de ganhos superiores aos já verificados no teste clonal. Tendo em vista que muitos dos indivíduos que apresentaram desempenho superior no teste de

procedência/progênie não foram avaliados no teste clonal, indicando boas perspectivas de ganho para a avaliação desses indivíduos em ensaios clonais.

Outro aspecto positivo que é interessante destacar é a possibilidade de implantação do teste clonal a partir das primeiras avaliações. Dessa maneira não houve a necessidade de aguardar até a fase adulta para a seleção daqueles indivíduos que iriam compor experimento clonal. Sabendo que o ganho com a seleção é diretamente relacionado ao tempo (BERNARDO, 2002), essa estratégia indica a obtenção de um maior ganho num menor intervalo de tempo. Assim, constitui-se numa importante estratégia para o melhoramento de espécies florestais, as quais são caracterizadas pelo longo intervalo entre as gerações de seleção.

Tabela 10 Clones selecionados aos nove meses de idade e respectivo indivíduo selecionado no teste de procedência e progênie aos 31 meses

Ordem Clone	Clone Selecionado	Procedência	Progênie	Ordem no Teste Proc/prog
1	HF	Shipton Flat	23	411
2	XD	Iron Range	78	128
3	XB	Shipton Flat	24	323
4	HG	Shipton Flat	23	929
5	MI	Pascoe River	99	416
6	XE	Iron Range	79	267
7	XC	Shipton Flat	24	112
8	HB	Iron Range	78	131
9	MB	Pascoe River	100	189
10	FC	Iron Range	88	217
11	XF	Iron Range	79	561
12	FE	Iron Range	90	2432
13	FA	Coledale	41	2354
14	XA	Wollongong Shipton Flat	23	299
15	XH	Iron Range	88	282

5 CONCLUSÃO

- a) Há grande variabilidade genética entre e dentro das procedências, o que permitirá obter ganhos significativos com o melhoramento da espécie.

REFERENCIAS

- ALLARD, R. W. **Principles of plant breeding**. 2nd. ed. New York: J. Wiley, 1999. 245 p.
- ANDRADE, H. B. **Avaliação de espécies e progênies de *Eucalyptus L'Heritier* (Myrtaceae) nas regiões norte e noroeste do Estado de Minas Gerais**. 1991. 105 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1991.
- ASSIS, T. F. de. Melhoramento genético do eucalipto. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 18, n. 185, p. 32-51, 1996.
- BERNARDO, R. Best linear unbiased prediction of maize single-cross performance. **Crop Science**, Madison, v. 36, n. 1, p. 50-56, Jan./Feb. 1996.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Minnesota: Stemma, 2002. 368 p.
- BOUVET J. M.; VIGNERON, P. Age trends in variances and heritabilities in *Eucalyptus* factorial mating designs. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 44, n. 4, p. 206-216, 1995.
- BRISTOW, M.; ANNANDALE, M.; BRAGG, A. **Growing rainforest timber trees: a farm forestry manual for north Queensland**. Barton: Rirdc, 2005. 77 p.
- BYGRAVE, F.; BYGRAVE, P. **Growing australian red cedar: and other Meliaceae species in plantation**. Barton: Rirdc, 2005. 60 p. Disponível em: <http://findarticles.com/p/articles/mi_7252/is_2_69/ai_n31677 196/>. Acesso em: 22 jul. 2010.
- CALEGARIO, N. et al. Modeling dominant height growth based on nonlinear mixed-effects model: a clonal *Eucalyptus* plantation case study. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 204, n. 1, p. 11-20, Jan. 2005.
- CARDOSO, I. M. et al. Experimentação participativa com sistemas agroflorestais por agricultores familiares: espécies arbóreas utilizadas. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE EXTENSÃO UNIVERSITÁRIA, 2., 2004, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: UFMG, 2004. 1 CD-ROM.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. S. C. **Modelos biométricos aplicados ao Melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 2006. v. 2, 586 p.

CUNNINGHAM, S. A; FLOYD, R.B. *Toona ciliata* that suffer frequent height-reducing herbivore damage by a shoot-boring moth (*Hypsipyla robusta*) are taller. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 225, n. 1, p. 400–403, Apr. 2006.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. London: Longman Malaysia, 1996. 464 p.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development: theory and technique**. Iowa: Iowa State University, 1991. 536 p.

FERREIRA, R. T. **Seleção de genótipos de cedro australiano (*Toona ciliata*) via metodologia REML/BLUP e marcadores de DNA**. 2009. 88 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes, 2009.

GREAVES, B. L.; BORRALHO, N. M. G.; RAYMOND, C. A. Age-age correlations in and relationship between basic density and growth in *Eucalyptus nitens*. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 46, p. 264–270, 1997.

GRIFFITHS, M. W. The biology and host relations of the red cedar tip moth, *Hypsipyla robusta* in Australia. In: AUSTRALIAN FOREST GROWERS 2000 CONFERENCE, 9., 2000, Australia. **Proceedings...** Australia: ACIAR, 2000. p. 135-140.

GRIJPMA, P. Immunity of *Toona ciliata* M. Roem. var. *australis* (F. v. M.) C. D. C. and *Khaya ivorensis* A. Chev. to attacks of *Hypsipyla grandella* (Zeller) in Turrialba, Costa Rica. In: GRIJPMA, P. (Ed.). **Studies on the shootborer *Hypsipyla grandella* (Zeller) Lep. Pyralidae**. Turrialba: Zeller, 1973. v. 1, p. 18-25.

GRIJPMA, P. Resistance of Meliaceae against the shoot borer *Hypsipyla* with particular reference to *Toona ciliata* M. J. Roem., var. *australis* (F. V. Muell.) C. D. C. In: BURLEY, J.; STYLES, B. T. (Ed.). **Tropical trees: variation, breeding and conservation**. London: Linnean Society, 1976. p. 69-78.

HARTNEY, V. J. Vegetative propagation of the *Eucalyptus*. **Australian Forest Research**, Canberra, v. 10, n. 3, p. 191-211, 1980.

- HIGASHI, E. N.; SILVEIRA, R. L. V. de A.; GONÇALVES, A. N.
Propagação vegetativa de *Eucalyptus*: princípios básicos e a sua evolução no Brasil. Piracicaba: IPEF, 2000. 10 p. (Circular Técnica IPEF, 192).
- LOPEZ, G. A. et al. Genetic variation and inter-trait correlations in *Eucalyptus globulus* base population trials in Argentina. **Forest Genetics**, Zvolen, v. 9, n. 3, p. 223-237, 2002.
- MORA, A. L.; GARCIA, C. H. **A cultura do eucalipto no Brasil**. São Paulo: SBS, 2000. 111 p.
- MURAKAMI, C. H. G. Cedro australiano valorização de espécies nobres.
Boletim Florestal: informativo Florestal do Norte Pioneiro, Santo Antônio da Platina, v. 2, n. 7, p. 1-4, fev. 2008.
- NEWTON, A. C. et al. Genetic variation in apical dominance of *Cedrela odorata* seedlings in response to decapitation. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 44, n. 2/3, p. 146-150, 1995.
- OLIVEIRA, V. R. et al. Variabilidade genética de procedências e progênes de umbuzeiro via metodologia de modelos lineares mistos (REML/BLUP). **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 26, n. 1, p. 53-56, abr. 2004.
- PADUA, F. A. et al. Estimativa de parâmetros genéticos das tensões de crescimento em clones de *Eucalyptus*. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 66, p. 152-160, dez. 2004.
- PALUDZYSZYN FILHO, E.; FERNANDES, J. S. C.; RESENDE, M. D. V. Avaliação e seleção precoce para crescimento de *Pinus taeda*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 12, p. 1719-1726, dez. 2002.
- PAULA, R. C. et al. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 2, p. 159-165, fev. 2002.
- PINHEIRO, A. L.; LANI, L. L.; COUTO, L. **Cultura do cedro australiano para produção de madeira serrada**. Viçosa, MG: UFV, 2003. 42 p.
- PIRES, I. E. **Eficiência da seleção combinada no melhoramento genético de *Eucalyptus spp.*** 1996. 116 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1996.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 2. ed. Lavras: UFLA, 2005. 322 p.

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

RESENDE, M.D.V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 703 p.

RESENDE, M. D. V. **O software Selegen Reml/Blup**. Campo Grande: Embrapa Informação Tecnológica, 2007b. 299 p.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**. Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, set. 2007.

REZENDE, G. D. S. P.; BERTOLUCCI, L. G.; RAMALHO, M. A. P. Eficiência da seleção precoce na recomendação de clones de eucaliptos avaliados no norte do Espírito Santo e sul da Bahia. **Cerne**, Lavras, v. 1, n. 1, p. 45-50, 1994.

SANTOS, A. M. **Estimativas de parâmetros genéticos e avaliação da eficiência da seleção precoce em baru (*Dipteryx alata* Vog.)** 2008. 90 p. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2008.

SANTOS, J.; VENCOVSKY, R. Correlação fenotípica e genética entre alguns caracteres agronômicos do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*, L.). **Ciência e Prática**, Lavras, v. 10, n. 3, p. 265-272, 1986.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. L. **Principles and procedures of statistics**. New York : McGraw Hill. 1960. 481 p.

STREETS, R. J. **Exotic forest trees in the British Commonwealth**. Oxford: Clarendon. 1962. 765 p.

VAN VLECK, L. D.; POLLAK, E. J.; OLTENACU, E. A. B. **Genetics for the animal science**. New York: W.H. Freeman, 1987. 391 p.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.

- VENSON, I. et al. Biological, physical and mechanical wood properties of paraíso (*Melia azedarach*) from a roadside planting at huaxtla. **Journal of Tropical Forest Science**, Jalisco, v. 1, n. 1, p. 38-47, Dec. 2008.
- WALTERS, G. A.; FRANCIS, J. K. ***Toona ciliata* Roemer**: australian toon. Disponível em: <<http://www.nsl.fs.fed.us/wpsm/Toona.pdf>>. Acesso em: 12 ago. 2010.
- WEI, X.; BORRALHO, N. M. G. Genetic control of wood basic density and bark thickness and their relationship with growth traits of *Eucalyptus urophylla* in South East China. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 46, n. 4, p. 245–249, 1997.
- WENDLING, I; XAVIER, A. Miniestaquia seriada no rejuvenescimento de clones de *Eucalyptus*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 4, p. 475-480, abr. 2003.
- WHITE, T.; HODGE, G. **Predicting breeding values with applications in forest tree improvement**. Dordrecht: Kluwer Academic, 1989. 367 p.
- WU, R. L. et al. A logistic mixture model for detecting major genes governing growth trajectories, **Genetical Research**. Cambridge, v. 79, p. 235–245, July. 2002.
- WU, R. L. et al. Quantitative trait loci for growth trajectories in *Populus*. **Genetical Research**, Cambridge, v. 81, p. 51–64, Mar. 2003.
- XAVIER, A.; WENDLING, I.; SILVA, R. L. **Silvicultura clonal**: princípios e técnicas. Viçosa, MG: UFV, 2009. 272 p.
- ZIECH, R. Q. S. **Características tecnológicas da madeira de cedro australiano (*Toona ciliata* M. Roem) produzida no sul do estado de Minas Gerais**. 2008. 91 p. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2008.

ANEXOS

Tabela 1A Valor genotípico ao nível de indivíduo, média genotípica, ganho, média dos indivíduos selecionados e percentual de ganho para o caráter DAC aos 31 meses de idade

Ordem	Bloco	Familia	Proc	Árvore	a	u+a	GD%	d	g
1	3	79	15	16	8.9054	15.2071	141.33	3.0794	11.9848
2	3	79	15	6	7.512	13.8137	130.28	2.1505	9.6625
3	3	80	15	9	6.8087	13.1104	122.87	2.0421	8.8508
4	2	12	3	6	6.6586	12.9603	118.57	2.0202	8.6788
5	2	80	15	7	6.3904	12.6921	115.14	1.7632	8.1536
6	3	98	3	1	6.3349	12.6365	112.71	2.5526	8.8874
7	2	79	15	10	6.1409	12.4426	110.53	1.2364	7.3774
8	3	24	5	12	6.1405	12.4422	108.89	1.7497	7.8902
9	3	13	3	1	6.0652	12.3669	107.49	1.8961	7.9613
10	3	24	5	3	6.0244	12.326	106.30	1.6723	7.6967
11	3	24	5	11	5.9663	12.268	105.25	1.6336	7.5999
12	2	79	15	14	5.9087	12.2104	104.29	1.0816	6.9903
13	3	12	3	10	5.8409	12.1426	103.40	1.4751	7.316
14	2	88	15	9	5.799	12.1007	102.59	1.8886	7.6876
15	2	79	15	3	5.7926	12.0943	101.88	1.0042	6.7968

Tabela 2A Indicação da procedência de cada progênie

Progênie	Origem	Progênie	Origem	Progênie	Origem
1	Atherton	35	Kangaroo Valley	66	Dairy Flat
2	Atherton	36	Kangaroo Valley	67	Baldy Mountain
4	Atherton	37	Kangaroo Valley	68	Baldy Mountain
5	Atherton	38	Kangaroo Valley	69	Baldy Mountain
8	Ubobo (20km W)	39	Kangaroo Valley	70	Baldy Mountain
9	Ubobo (20km W)	40	Kangaroo Valley	72	Kenilworth S.F.
11	Pascoe River	41	Coledale Wollongong	73	Kenilworth S.F.
12	Pascoe River	42	Coledale Wollongong	75	Kenilworth S.F.
13	Pascoe River	43	Coledale Wollongong	76	Kenilworth S.F.
14	(R)Allyn River	44	Coledale Wollongong	77	Kenilworth S.F.
15	(R)Allyn River	45	Marshall Mount Woll/G	78	Iron Range
16	(R)Allyn River	46	Marshall Mount Woll/G	79	Iron Range
17	(R)Allyn River	47	Marshall Mount Woll/G	80	Iron Range
18	(R)Allyn River	48	Teviot Brook	82	Atherton
19	(R)Allyn River	49	Teviot Brook	85	Atherton
20	(R)Allyn River	50	Teviot Brook	87	Atherton
21	Shipton Flat	51	Dorrigo	88	Iron Range
22	Shipton Flat	53	Dorrigo	89	Iron Range
23	Shipton Flat	54	Dorrigo	90	Iron Range
24	Shipton Flat	55	Atherton	92	Eungella

Tabela 2A, continuação

Progênes	Origem	Progênes	Origem	Progênes	Origem
25	Shipton Flat	56	Atherton	98	Pascoe River
26	Ubobo (20km W)	59	Atherton	99	Pascoe River
30	Ubobo (20km W)	61	Dairy Flat	100	Pascoe River
31	Blue Mountains	62	Dairy Flat	10a	Ubobo (20km W)
32	Blue Mountains	63	Dairy Flat	10b	–
33	Kangaroo Valley	64	Dairy Flat	Br	–
34	Kangaroo Valley	65	Dairy Flat	Brcl	–

Tabela 3A Número correspondente de cada procedência

Procedência	Número
Atherton	1
Ubobo	2
Pascoe River	3
R Allyn River	4
Shipton Flat	5
Blue Mountains	6
Kangaroo Valley	7
Coledale Wollongong	8
Marshall Mount Woll G	9
Teviot Brook	10
Dorrigo	11
Dairy Flat	13
Kenilworth SF	14
Iron Range	15
Eungella	16
Brasil	17
Baldy Mountain	18

Tabela 4A Médias genotípicas previstas $\hat{\mu} + \hat{g}$ e seus intervalos de confiança (95%) para o caráter DAC, em 80 progênies de *Toona ciliata*, aos 31 meses de idade

Ordem	Genótipo	VG	Acurácia	LIIC	LSIC
1	24	8.6045	0.812	7.53	9.68
2	79	8.0808	0.824	7.04	9.12
3	66	7.776	0.851	6.81	8.74
4	49	7.6484	0.685	6.31	8.98
5	54	7.5986	0.710	6.31	8.89
6	80	7.5402	0.824	6.50	8.58
7	23	7.259	0.808	6.18	8.34
8	12	7.2284	0.822	6.19	8.27
9	42	7.1925	0.788	6.06	8.32
10	46	7.1142	0.755	5.91	8.32
11	26	7.0767	0.802	5.98	8.17
12	2	7.0758	0.841	6.08	8.07
13	59	7.0305	0.847	6.06	8.00
14	37	6.9726	0.842	5.98	7.96
15	31	6.9622	0.697	5.65	8.28
16	72	6.9469	0.807	5.87	8.03
17	44	6.938	0.787	5.81	8.07
18	76	6.9315	0.804	5.84	8.02
19	13	6.8213	0.822	5.78	7.86
20	11	6.7607	0.823	5.72	7.80
21	88	6.7607	0.821	5.71	7.81
22	5	6.6767	0.845	5.70	7.66
23	77	6.6684	0.809	5.59	7.75
24	34	6.6499	0.841	5.66	7.64
25	4	6.638	0.842	5.65	7.63
26	64	6.6208	0.850	5.65	7.59
27	50	6.5878	0.699	5.28	7.90
28	62	6.5483	0.848	5.58	7.52
29	33	6.5355	0.840	5.54	7.53
30	20	6.5242	0.833	5.51	7.54

Tabela 5A Médias genotípicas previstas $\hat{\mu} + \hat{\sigma}$ e seus intervalos de confiança (95%) para o caráter DAC, em 40 clones de *Toona ciliata*, aos 9 meses de idade

Ordem	Genótipo	VG	Acurácia	LIIC	LSIC
1	HF	4.0187	0.9581	3.7932	4.2442
2	XD	3.9757	0.9581	3.7502	4.2012
3	XB	3.8937	0.9581	3.6682	4.1192
4	HG	3.8878	0.9581	3.6623	4.1134
5	MI	3.7461	0.9571	3.5181	3.9741
6	XE	3.5973	0.9581	3.3717	3.8228
7	XC	3.4281	0.9571	3.2001	3.6562
8	HB	3.4076	0.9581	3.1821	3.6331
9	MB	3.3969	0.9581	3.1713	3.6224
10	FC	3.3899	0.955	3.1565	3.6233
11	XF	3.3732	0.9581	3.1477	3.5988
12	FE	3.3634	0.9561	3.1328	3.594
13	FA	3.3399	0.9581	3.1144	3.5654
14	XA	3.2607	0.9581	3.0352	3.4863
15	XH	3.2606	0.9581	3.0351	3.4861

Tabela 6A Valor genotípico, média genotípica, ganho, média dos clones e percentual de ganho para o caráter DAC aos 9 meses de idade

Ordem	Clone	procedência	Progênie	Planta no Teste progênie	g	u + g	ganho	Média	GD%
1	HF	Sipton Flat	23	6	0.8403	4.0187	0.8403	4.0187	26.44
2	XD	Iron Range	78	6	0.7973	3.9757	0.8188	3.9972	25.76
3	XB	Sipton Flat	24	8	0.7153	3.8937	0.7843	3.9627	24.68
4	HG	Sipton Flat	23	8	0.7095	3.8878	0.7656	3.944	24.09
5	MI	Pascoe River	99	3	0.5678	3.7461	0.726	3.9044	22.84
6	XE	Iron Range	79	3	0.4189	3.5973	0.6749	3.8532	21.23
7	XC	Sipton Flat	24	3	0.2497	3.4281	0.6141	3.7925	19.32
8	HB	Iron Range	78	3	0.2292	3.4076	0.566	3.7444	17.81
9	MB	Pascoe River	100	8	0.2185	3.3969	0.5274	3.7058	16.59
10	FC	Iron Range	88	8	0.2115	3.3899	0.4958	3.6742	15.60
11	XF	Iron Range	79	8	0.1949	3.3732	0.4685	3.6468	14.74
12	FE	Iron Range	90	6	0.185	3.3634	0.4448	3.6232	13.99
13	FA	Coledale Wollongong	41	5	0.1615	3.3399	0.423	3.6014	13.31
14	XA	Sipton Flat	23	4	0.0824	3.2607	0.3987	3.5771	12.54
15	XH	Iron Range	88	3	0.0822	3.2606	0.3776	3.556	11.88