

**POTENCIAL DE HÍBRIDOS ENTRE CLONES
ELITE DE EUCALIPTO POR MEIO DE
MARCADORES MICROSSATÉLITES E
CAPACIDADES DE COMBINAÇÃO**

MARCELO SFEIR DE AGUIAR

2007

MARCELO SFEIR DE AGUIAR

**POTENCIAL DE HÍBRIDOS ENTRE CLONES ELITE DE EUCALIPTO
POR MEIO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES E
CAPACIDADES DE COMBINAÇÃO**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Agronomia, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de “Doutor”.

Orientador

Prof. Dr. Daniel Furtado Ferreira

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL
2007

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

Aguiar, Marcelo Sfeir de

Potencial de híbridos entre clones elite de eucalipto por meio de marcadores microssatélites e capacidades de combinação / Marcelo Sfeir de Aguiar. – Lavras: UFLA, 2007.

116 p. : il.

Orientador: Daniel Furtado Ferreira
Tese (Doutorado) – UFLA.
Bibliografia.

1. Eucalipto. 2. Marcadores microssatélite. 3. Divergência genética. 4. Correlação. 5. Capacidades de combinação. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD-634.97342

MARCELO SFEIR DE AGUIAR

**POTENCIAL DE HÍBRIDOS ENTRE CLONES ELITE DE EUCALIPTO
POR MEIO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES E
CAPACIDADES DE COMBINAÇÃO**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Agronomia, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de “Doutor”.

Aprovada em 16 de fevereiro de 2007

Prof. Dr. João Bosco dos Santos UFLA/DBI

Profª. Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves UFLA/DBI

Dr. Odair Bison Sementes Adriana

Dr. Aurélio Mendes Aguiar Aracruz Celulose S. A.

Prof. Dr. Daniel Furtado Ferreira
UFLA/DEX - Orientador

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL

*Aos meus pais, Milton e Demarice;
Aos meus irmãos, Ricardo e Renata;
À minha avó, Dorácia;
E toda a minha família.*

OFEREÇO

No meio do caminho

*No meio do caminho tinha uma pedra
tinha uma pedra no meio do caminho*

...

*Nunca me esquecerei que no meio do caminho tinha uma pedra
tinha uma pedra no meio do caminho
no meio do caminho tinha uma pedra*

Carlos Drummond de Andrade

*“Aos meus pais e aos meus irmãos que, ao longo do tempo,
sempre estiveram ao meu lado em todas às horas de alegria e
de tristeza, sempre me dando apoio, amor, compreensão e
força, fazendo acreditar que eu posso vencer todas as
barreiras que forem colocadas em meu caminho.”*

DEDICO

AGRADECIMENTOS

À Deus por toda a força para ultrapassar todas as etapas encontradas.

À Universidade Federal de Lavras, pela oportunidade de realizar o curso de Doutorado e ao CNPq, pela concessão da bolsa durante a realização do curso.

À Aracruz Celulose S. A., pela oportunidade de realizar esse trabalho, em especial ao pesquisador Aurélio Mendes Aguiar, pela atenção durante o desenvolvimento da tese.

Aos meus pais, Milton e Demarice, e aos meus irmãos, Ricardo e Renata, por serem uma família que motiva, protege e incentiva o meu crescimento como homem (amo vocês).

Ao professor, orientador e amigo Daniel Furtado Ferreira, pela oportunidade, paciência, confiança e pelos ensinamentos transmitidos, desempenhando o verdadeiro sentido da palavra “orientador” durante o curso.

Aos professores do curso de Genética e Melhoramento de Plantas da UFLA pelos ensinamentos transmitidos e pela boa convivência durante o curso.

Aos professores e pesquisadores João Bosco dos Santos, Flávia M. A. Gonçalves, Aurélio M. Aguiar e Odair Bison pela participação na banca de defesa e pelas valiosas sugestões.

Aos funcionários do Departamento de Biologia pela boa vontade e ajuda na realização do trabalho, especialmente à Elaine, Erundina, Zélia, Rafaela e Léo.

Ao pesquisador Dário Grattaplagia pela ajuda na realização desse trabalho.

À todos os colegas do curso de Genética e Melhoramento de Plantas, dos demais cursos de Pós-graduação e graduação da UFLA, pelo apoio.

Às amigas Paula, Quélen, Vivian, Francine, Nara e Tathi pela amizade sincera, amor e apoio durante todo curso, sabendo se um dia eu precisar, poderei contar com vocês sempre.

Aos amigos, que tenho como irmãos, companheiros em todas as horas, Emerson (Fininho), Daniel, Léo Bhering, Rodrigo Kelson, Adriano Bruzi, Sidney, Welcimar (Wel), Odair Bison, Reginaldo Luders, Marcus, Kaesel e Márcio, pela sincera amizade demonstrada durante o curso que, com certeza, com o apoio de vocês, conferiu uma maior qualidade na minha vida em Lavras.

Aos demais colegas do curso de Genética e Melhoramento de Plantas que, de alguma maneira, ajudaram-me a vencer mais essa etapa.

Aos amigos Helton e Xande o meu agradecimento especial. Vocês tornaram-se extensão da minha família, foram e serão sempre meus irmãos de coração de todas as horas. Essa tese também é dedicada a vocês meus amigos.

A todos que, embora não citados, contribuíram para o sucesso desse trabalho.

Poema de Despedida: “Aos meus amigos”

**“O tempo passa e as pessoas mudam, é a ordem natural das coisas.
Mas existem momentos e pessoas que por mais modificações que ocorram,
serão sempre lembradas com muito carinho, porque fizeram parte das
nossas vidas, dando a ela uma nova forma e cor.
E são esses momentos e essas pessoas que fazem mais bonita a arte de viver
e é isso que a gente leva da vida, o carinho das outras pessoas.”**

SUMÁRIO

RESUMO.....	I
ABSTRACT	II
1 INTRODUÇÃO	1
2 REFERENCIAL TEÓRICO	3
2.1 Gênero <i>Eucalyptus</i> : <i>E. saligna</i> , <i>E. grandis</i> e <i>E. urophylla</i>	3
2.2 Biologia floral.....	5
2.3 Melhoramento genético do eucalipto no Brasil	7
2.4 Heterose no gênero <i>Eucalyptus</i>	10
2.5 Dialelo.....	12
2.6 Análise multivariada	15
2.7 Marcadores moleculares	18
2.8 Marcadores microsatélites.....	20
2.9 Estimativa da diversidade genética.....	22
2.10 Predição do desempenho de híbridos por meio de marcadores moleculares	25
3 MATERIAL E MÉTODOS	28
3.1 Descrição dos locais.....	28
3.2 Obtenção dos híbridos	28
3.2.1 Cruzamentos entre clones elite e delineamento experimental	30
3.3 Análise estatística	31
3.3.1 Análise de variância.....	31
3.3.2 Análise dialélica.....	33
3.3.3 Análise multivariada.....	35
3.4 Genotipagem dos genitores.....	36
3.4.1 Extração e quantificação do DNA	36
3.4.2 Amplificação dos locos microsatélites via PCR.....	36

3.4.3 Triagem e seleção de locos microssatélites	37
3.4.4 Geração dos dados genotípicos	37
3.5 Dissimilaridade genética	38
3.6 Correlação entre os híbridos e marcadores microssatélites	40
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	43
4.1 Análises de variância: individual, conjunta e multivariada	43
4.2 Análise dialélica.....	49
4.3 Estimativa das dissimilaridades genéticas	60
4.4 Correlações entre a divergência genética e parâmetros do dialeto	65
5 CONCLUSÕES	73
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	74
ANEXOS	85

RESUMO

AGUIAR, Marcelo Sfeir de. **Potencial de híbridos entre clones elite de eucalipto por meio de marcadores microssatélites e capacidades de combinação.** 2007. 116 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG. *

Os marcadores moleculares apresentam grande potencial para auxiliar os melhoristas em programas de melhoramento genético. Entretanto, um dos questionamentos é a possibilidade de os marcadores predizerem com precisão o desempenho das progênies, baseando-se apenas em estimativas de distâncias genéticas entre os genitores obtidas a partir de dados de marcadores moleculares. Com isso, o objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial dos marcadores microssatélites em prever o comportamento dos híbridos entre clones elite de eucalipto da Aracruz Celulose S. A. Foram utilizados 21 clones elite, híbridos naturais ou de polinização controlada envolvendo *E. saligna*, *E. grandis* e *E. urophilla*, que foram cruzados seguindo o esquema de dialelo balanceado com apenas a presença dos F₁'s. Os 137 híbridos obtidos com os 21 pais foram avaliados em 3 locais, Aracruz, ES; São Mateus, ES e Caravelas, BA. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos incompletos 13 x 13, com 40 repetições. Os 169 tratamentos foram compostos a partir dos 158 tratamentos adicionados de 11 híbridos repetidos. Este artifício foi utilizado para a obtenção de um delineamento subótimo em blocos incompletos. As parcelas foram constituídas de uma planta, com o espaçamento entre plantas de 3 x 3m. Os caracteres circunferência à altura do peito e densidade básica da madeira foram avaliados aos dois anos após o plantio. Os dados foram submetidos à análise dialélica e, posteriormente, foi obtida a correlação entre a divergência genética dos genitores obtida por meio dos marcadores microssatélites e as estimativas dos parâmetros do dialelo. Levando-se em consideração as correlações de Pearson, verifica-se que a divergência genética apresentou coeficientes não nulos ($P \leq 0,01$) com a capacidade específica de combinação para CAP e com a média dos híbridos para a circunferência à altura do peito. Os demais coeficientes de correlação com divergência foram todos não significativamente diferentes de zero. Embora esses resultados significativos tenham sido observados, deve-se enfatizar que esta predição, por meio de marcadores microssatélites, foi considerada de baixa acurácia para poder ser utilizada em substituição aos cruzamentos dialélicos. Talvez, para uma seleção de genitores candidatos a serem cruzados posteriormente em um dialelo, que não seja aplicada uma intensidade de seleção alta, esta predição possa ser utilizada.

*Orientador: Daniel Furtado Ferreira – UFLA/DEX

ABSTRACT

AGUIAR, Marcelo Sfeir de. **Potential of hybrids among elite clones of eucalyptus by microsatellite markers and combining ability.** 2007. 116 p. Thesis (Plant Genetics and Breeding Program) – Federal University of Lavras, Lavras, Minas Gerais, Brazil.*

Molecular markers show great potential to help breeders in the breeding programs. However, one of the main concerns is the predictability precision of hybrid performance based on estimates of genetic distance obtained from molecular markers. The objective of this study was to evaluate the potential of microsatellite markers in predicting the performance of hybrids among elite clones of eucalyptus from Aracruz Celulose S. A. Twenty-one elite clones were crossed in a full-diallel mating scheme. The 137 hybrids and the 21 parents were evaluated in three sites, Aracruz and São Mateus, Espírito Santo State, and Caravelas, Bahia State. The experimental design was a 13 x 13 incomplete blocks with single plant plots and 40 replications. The 169 treatments were compounded by 158 treatments plus 11 repeated hybrids. This strategy was used to obtain a sub-optimal incomplete block design. The characters evaluated were circumference at breast height and wood basic density taken two years after planting. Data were submitted to diallel analysis and, then, the correlation between parents' genetic divergence by microsatellite markers and parameter estimates of the diallel were obtained. Pearson's correlation coefficients between genetic divergence and specific combining ability, and hybrids means for circumference at breast height were significantly different from zero ($P \leq 0,01$). The other correlation coefficients with the genetic divergence were not significantly different from zero. Despite these significant results we must emphasize that prediction of hybrid performance by microsatellite markers, is of small accuracy to be used instead of the diallel estimates. Maybe, the genetic distance could be used for selecting parents for the diallel, through low selection intensity.

*Advisor: Daniel Furtado Ferreira - UFLA

1 INTRODUÇÃO

No Brasil, o melhoramento genético do eucalipto teve enorme sucesso, contribuindo para o expressivo aumento da produtividade de celulose e carvão. Entretanto, para continuar tendo resultados adicionais no melhoramento genético, há a necessidade de lançar mão de novas estratégias (Gonçalves et al., 2001). Uma delas é a utilização de marcadores moleculares para auxiliar o melhorista na escolha dos melhores cruzamentos a serem realizados.

Em programas de melhoramento florestal, independente da espécie, os cruzamentos controlados são geralmente caros, levam tempo e demandam pessoal treinado e área para a realização (Grattapaglia, 2001). Apesar dos recentes desenvolvimentos de técnicas mais rápidas e baratas para a realização dos cruzamentos, a obtenção de um grande número de cruzamentos controlados em *Eucalyptus* ainda é um fator limitante, em vários programas de melhoramento. Devido a isso, com o uso dos marcadores moleculares, vislumbra-se a possibilidade de prever com precisão o desempenho das progênies, baseando-se em estimativas de divergência genética entre os genitores.

Vários trabalhos têm sido feitos com o objetivo de prever o desempenho dos híbridos por meio da genotipagem dos seus genitores. De maneira geral, os resultados encontrados na literatura ainda são bastante inconsistentes quanto à eficiência da predição do desempenho dos híbridos por meio de marcadores moleculares (Souza Jr., 2004).

Em culturas anuais, estudos para estimar a correlação entre a heterose dos híbridos F_1 para a produtividade e as distâncias genéticas entre os genitores correspondentes, para a utilização como preditores do comportamento híbrido, têm sido realizados para diversas culturas anuais, como tomate (Maluf e

Ferreira, 1983), milho (Ajmone Marsan et al. 1998; Amorim, 2005), feijão (Abreu, 1997; Duarte et al., 1999), arroz (Lorencetti et al., 2006) e milheto (Chowdari et al., 1998), entre outras.

Em culturas perenes, informações a esse respeito ainda são escassas na literatura (Vaillancourt et al., 1995b; Barril et al., 1997). Com relação à predição do desempenho de híbridos utilizando-se de marcadores do tipo microssatélite, não foi encontrado nenhum estudo a esse respeito na cultura do eucalipto.

Em razão disso, o objetivo principal do trabalho foi avaliar o potencial dos marcadores do tipo microssatélite em predizer o comportamento dos híbridos entre clones elite de eucalipto da Aracruz Celulose S. A. e, também, estudar a capacidade de combinação desses clones por meio de cruzamentos dialélicos.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Gênero *Eucalyptus*: *E. saligna*, *E. grandis* e *E. urophylla*

O gênero *Eucalyptus*, pertencente à família Myrtaceae, inclui mais de 700 denominações diferentes, incluindo espécies, variedades e híbridos. Esse gênero ocorre em uma gama de condições ambientais que vão desde áreas pantanosas, até muito secas, solos de baixada, de alta fertilidade, até solos arenosos muito pobres. Além disso, ocupa ambientes altamente variáveis, tanto em termos de precipitação quanto de temperatura. Toda essa diversidade concentra-se, principalmente, no continente australiano, apresentando ocorrência também na Indonésia e ilhas adjacentes (Assis, 1996).

Dentre as espécies no gênero *Eucalyptus*, destacam-se, como sendo as mais plantadas mundialmente, *E. grandis*, *E. camaldulensis*, *E. tereticornis*, *E. globulus*, *E. urophylla*, *E. viminalis*, *E. saligna*, *E. deglupta*, *E. enxerta* e *E. citriodora*. As cinco primeiras são as mais importantes em termos de incremento anual de madeira (Eldridge et al., 1993).

No Brasil, as espécies mais utilizadas são *E. grandis* e *E. urophylla*, bem como o híbrido entre elas, destacando-se por apresentarem ampla adaptação às condições edafoclimáticas do país (Bertolucci et al., 1993). Além dessas, o *E. saligna* também merece destaque na produção de híbridos com *E. grandis* e *E. urophylla* (Aguiar, 2007. Comunicação pessoal).

O *Eucalyptus saligna* apresenta sua área natural na Austrália, ocupando uma faixa costeira extensa, porém, descontínua e fragmentada, desde 36°S de latitude, ao sul de Sydney, até 21°S, ao oeste de Mackay, Queensland. Os povoamentos que, no Sul, ocorrem a partir do nível do mar, vão subindo gradativamente até atingir a região Norte, a mais de 1.000m de altitude. O clima

da área é temperado (ao sul) e subtropical (ao norte) e o regime de distribuição de chuvas varia desde o tipo uniforme ao tipo periódico. A espécie não tolera temperaturas elevadas, nem condições de seca pronunciadas. Por isso, na região subtropical norte, os povoamentos naturais ocorrem apenas nas montanhas, em razão de não suportarem o clima quente e a seca dos locais de baixa altitude. No Brasil, as regiões onde se desenvolve melhor estão localizadas nos estados do Rio Grande do Sul, Minas Gerais e São Paulo (Trugilho et al., 2005).

A espécie *Eucalyptus grandis* é originária da Austrália, apresentando distribuição natural entre 16^o e 33^o de latitude Sul, sendo a maior ocorrência entre 26^o e 33^o Sul. No sul de Queensland e ao norte de New South Wales é que ocorre a maioria das florestas naturais dessa espécie, com altitude em torno de 600m, não se estendendo mais do que 100 km do mar. Essa espécie é encontrada em vários tipos de solos, mas, geralmente, se adaptam melhor em solos profundos e bem drenados, com moderada fertilidade, não tolerando ambientes alagados (Eldridge et al., 1993).

Segundo Assis (1996), o *E. grandis* não é resistente à seca, mas, precipitações médias anuais de 900 mm são, geralmente, adequadas se bem distribuídas; não suporta geadas fortes, limitando o seu plantio em áreas com altas altitudes e possui um crescimento rápido e grande adaptação no Brasil. Suas árvores são retas e fornecem excelente madeira para serraria, escoras e para a produção de celulose.

O *Eucalyptus urophylla* é uma espécie tropical originária da Indonésia e é uma das duas espécies que não ocorrem naturalmente na Austrália; a outra é o *E. deglupta*. Nas áreas de distribuição natural, essa espécie forma densas florestas relativamente puras, típicas de áreas montanhosas, em latitudes que variam de 7^o a 10^o Sul e altitudes de 300 a 3.000 m (Pryor & Johnson, 1971; Lopez, 1992). A precipitação média nestas regiões varia de 1.000 a 1.500 mm/ano, com maior concentração de chuvas no verão, variando a estação

chuvosa de três a seis meses (Pereira, 2001). É uma espécie de grande potencial para as regiões de clima quente e de elevado déficit hídrico, sendo bastante utilizada em programas de melhoramento, devido ao seu bom desenvolvimento em regiões tropicais, à boa qualidade de madeira para carvão, celulose, serraria e, principalmente, pela sua resistência ao fungo *Cryphonectria cubensis*, responsável pelo cancro (Tonaco, 2002).

Devido à boa capacidade de combinação entre essas duas espécies, a Aracruz Celulose S.A. tem trabalhado com populações de *E. grandis* e *E. urophylla* para a produção de híbridos interespecíficos, associando as características de crescimento e bom formato de tronco do *E. grandis* com a boa capacidade de brotação, resistência ao cancro e resistência à seca do *E. urophylla* (Bertolucci et al., 1993).

2.2 Biologia floral

Uma completa descrição da biologia floral do gênero *Eucalyptus* foi feita, de forma detalhada, por Eldridge et al. (1993) da seguinte forma:

“A biologia floral do eucalipto segue o padrão da maioria das espécies pertencentes à família Myrtaceae, na qual o gênero Eucalyptus se encontra. Esse gênero possui flores hermafroditas (parte masculina e feminina na mesma flor) agrupadas em forma de inflorescência. As inflorescências do eucalipto surgem nas axilas das folhas ou na parte terminal dos ramos e são formadas por várias flores. Esse número de flores por inflorescência pode variar de 1, 3, 7, 9 ou 11; sendo variável de acordo com a espécie. A inflorescência é do tipo umbela, sendo que cada umbela é presa na axila da folha por um órgão denominado pedúnculo. O botão floral desenvolve-se inicialmente envolvido por uma bráctea, sendo este bastante uniforme dentro das espécies e variável entre elas, podendo ser peciolado ou séssil. As pétalas e sépalas são fundidas

formando o opérculo, que tem como função a proteção das partes masculina e feminina até a antese. O estágio de botão compreende, portanto, a presença do opérculo. A parte masculina da flor é composta pelos estames. Na maioria das espécies, cada estame consiste de um filete que suporta a antera. As espécies como E. sideroxylon e algumas do gênero *Symphyomyrtus* possuem estames externos estéreis. Geralmente, os estames possuem comprimentos diferentes em uma flor dependendo da espécie. Diferenças no formato da antera, assim como no local onde o filete se conecta, ocorrem com frequências no eucalipto, sendo também estes elementos utilizados na diferenciação entre espécies. A parte feminina é composta pelo estilete, estigma e ovário. O estilete apresenta diferenças em comprimento, espessura e rigidez de acordo com a espécie. O ovário é multilocular e possui três tipos de estruturas: estruturas estéreis chamadas ovulóides, óvulos viáveis e óvulos não viáveis. Cada ovário contém aproximadamente cerca de 4 ou 5 óvulos potencialmente viáveis. Esse número, contudo, varia de acordo com a espécie, por exemplo: E. camaldulensis (4), E. deglupta (3-5), E. grandis (5), E. urophylla (3-4). Logo após a abertura do opérculo, as anteras deiscetes expõem o pólen, pronto para iniciar a polinização. Os frutos são em forma de cápsulas com válvulas triangulares no topo, sendo que esses frutos possuem uma grande variação no formato e tamanho entre as espécies”.

As flores têm como principais vetores de polinização os insetos, sobretudo himenópteros, dípteros, lepdópteros, coleópteros e hemípteros. Nas áreas de ocorrência natural, pequenos marsupiais e alguns pássaros figuram como polinizadores importantes (Eldridge et al., 1993).

Apesar de o eucalipto apresentar flores hermafroditas, as espécies são, preferencialmente, alógamas, mas, apresentam sistema reprodutivo misto, podendo ocorrer até 30% de autofecundação (Pryor, 1976). Segundo Eldridge (1977), a alogamia é favorecida pela protandria, ou seja, os grãos de pólen são

viáveis antes do estigma se tornar receptivo. Entretanto, esse mecanismo não elimina a possibilidade de ocorrência de autopolinização, pois uma mesma planta apresenta flores com diferentes estádios de maturação.

Além da protandria, Pryor (1976) descreve, ainda, a existência de um sistema de auto-incompatibilidade controlado geneticamente que varia em intensidade, dependendo da espécie e grupos de espécies, mas que, de maneira geral, parece ser característico do gênero. Assim, esse mesmo autor define o gênero *Eucalyptus*, além de preferencialmente alógamo, como tendo suas populações compostas por indivíduos heterozigotos e observando-se uma depressão geral no vigor com a autofecundação.

2.3 Melhoramento genético do eucalipto no Brasil

As primeiras introduções de espécies e procedências de eucalipto e, conseqüentes estudos, tiveram início no Brasil logo nos primeiros anos do século XX, em 1904, por Edmundo Navarro de Andrade, na Companhia Paulista de Estrada de Ferro, no Horto de Jundiaí, São Paulo (Ferreira, 2001). O plantio dessa cultura também foi estimulado por fornecer, em menor tempo, combustível para a ferrovia e madeira para postes e dormentes (Ferreira e Santos, 1997; Vencovsky e Ramalho, 2000).

Durante o período de 1905-1915, Edmundo Navarro de Andrade realizou a introdução e avaliação de 144 espécies do gênero *Eucalyptus* oriundas da Austrália, visando à identificação das espécies mais promissoras (Andrade, 1991). Entretanto, os plantios se apresentavam de baixa qualidade. Devido a essa baixa qualidade da madeira, Carlos Arnaldo Krug, em 1941, iniciou, no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), um programa de melhoramento genético do eucalipto para a Companhia Paulista de Estrada de Ferro, com os seguintes objetivos:

- a) melhorar a uniformidade das plantações;
- b) reduzir o número de falhas nas plantações;
- c) melhorar a forma do tronco, as características dos ramos, o crescimento em altura e diâmetro das árvores;
- d) melhorar a capacidade de brotação e;
- e) aumentar a produtividade.

Com a finalidade de atingir esses objetivos, o programa de melhoramento genético do eucalipto do IAC previu a seleção de árvores superiores, a seleção de áreas de produção de sementes, a hibridação interespecífica e a seleção de mudas nos viveiros (Ferreira e Santos, 1997). Contudo, apesar do programa de Krug, ter sido considerado como um dos mais avançados para a época, as sementes de eucaliptos de melhor qualidade genética disponíveis para plantio até a década de 1960 eram provenientes de parcelas experimentais ou talhões desbastados, mas sem isolamento contra pólenes não desejáveis (Ferreira e Santos, 1997).

Por meio de incentivos fiscais de algumas empresas privadas, como, por exemplo, Aracruz Celulose, e de empresas públicas, na década de 1960, a cultura do eucalipto recebeu uma maior atenção e o melhoramento começou a ser praticado mais intensamente (Vencovsky e Ramalho, 2000). A primeira etapa do programa foi proceder à avaliação de espécies e procedências visando à identificação de materiais superiores aos já existentes. Posteriormente, o programa foi baseado na seleção massal de indivíduos superiores nas áreas de coleta de sementes. Também foi dada ênfase à seleção recorrente intrapopulacional, com famílias de meios-irmãos em várias espécies (Andrade, 1991; Marques Júnior, 1995; Rezende, 2001).

No final da década de 1960, ocorreu um grande avanço na cultura do eucalipto, quando pesquisadores da empresa Aracruz Celulose S/A vislumbraram a possibilidade de se proceder à seleção massal seguida da

propagação de indivíduos superiores de diferentes espécies de eucalipto (Rezende, 2001). Esse procedimento não só permitiu um aumento expressivo na produtividade de madeira por unidade de área, como também possibilitou a obtenção de povoamentos florestais mais homogêneos, tornando muito mais eficiente e econômica a produção de celulose e de outros produtos madeireiros no país (Bertolucci et al., 1993).

Em 1973, o programa de melhoramento genético iniciado pela Aracruz procurou estabelecer estratégias combinadas de processos sexuais e assexuais (Ikemori, 1990). A primeira plantação comercial de clones de eucalipto no Brasil foi estabelecida em 1979, pela empresa Aracruz Celulose S. A., em aproximadamente 1.000 ha. Para isso, o processo envolvia a seleção dos melhores indivíduos nos povoamentos das empresas florestais, os quais eram clonados e recomendados para novos plantios (Ferreira e Santos, 1997).

Esse fato fez com que as empresas de eucalipto, nos últimos anos, vislumbrassem a necessidade de conduzir programas de seleção recorrente, visando à melhoria não só do volume de madeira, como também da qualidade, especialmente no que se refere à densidade básica, ao rendimento em celulose e ao teor de lignina. Tanto é assim que a produtividade de madeira passou de 20m³/ha/ano, em 1960 para 40m³/ha/ano em 1998 (Vencovsky e Ramalho, 2000).

A melhoria da qualidade da madeira afeta a quantidade do produto comercial a ser obtida por unidade de área e também permite a diferenciação de produtos, de forma a melhorar a competitividade das empresas no mercado mundial.

2.4 Heterose no gênero *Eucalyptus*

A definição de heterose é dada como sendo a superioridade do F₁ em relação à média dos pais. Ela está associada à capacidade específica de combinação entre os genitores, sendo função das diferenças alélicas entre esses e da dominância alélica nos locos que controlam o caráter de interesse (Falconer & Mackay, 1996).

O termo heterose (h) ou vigor híbrido foi proposto por Shull (1948) e representa a superioridade da geração F₁ em relação à média dos genitores da seguinte forma:

$$h = \bar{F}_1 - \frac{(\bar{P}_1 + \bar{P}_2)}{2}$$

em que:

\bar{F}_1 : média do híbrido;

\bar{P}_1 : média do genitor 1;

\bar{P}_2 : média do genitor 2.

No gênero *Eucalyptus* existe pouca informação consistente a respeito da ocorrência de heterose. Alguns resultados encontrados na literatura têm mostrado a existência da heterose para caracteres associados ao crescimento das plantas, evidenciando a ocorrência de dominância no controle genético do volume de madeira (Bouvet & Vigneron, 1996; Rezende & Resende, 2000). Contudo, não tem sido detectada heterose para densidade de madeira (Bison, 2004), rendimento de celulose e teor de lignina (Assis, 2000).

Em um estudo mais recente conduzido por Bison (2004) foi estimada a heterose para caracteres de crescimento e para a qualidade de madeira em cruzamentos entre *E. grandis* x *E. urophylla*. Esse autor observou alta heterose para a característica circunferência à altura do peito, indicando divergência genética entre as famílias e também a presença de dominância no controle desse caráter. Para a característica densidade da madeira, a heterose foi praticamente nula, devido à ausência de dominância na expressão desse caráter.

Suspeita-se que os efeitos de dominância existam e apresentam baixa magnitude para os caracteres de crescimento em *Eucalyptus* (Hardner & Potts, 1995; Borralho, 1997; Rezende & Resende, 2000). A ocorrência de dominância na expressão de caracteres na cultura do eucalipto tem sido relatada em algumas oportunidades. A estimativa da relação entre a variância de dominância e a variância aditiva obtida no híbrido entre *E. grandis* x *E. urophylla*, para o caracter volume de madeira, aos três anos de idade, foi de 0,2 (Rezende & Resende, 2000). Para o híbrido *E. urophylla* x *E. pellita*, a relação entre a variância de dominância e a variância aditiva mostrou-se mais elevada (Bouvet & Vigneron, 1996). Já para a densidade básica da madeira, os resultados encontrados na literatura indicam que a variância de dominância tem menor importância na manifestação dessa característica (Assis, 2000).

Quanto à heterose, foi verificado que esta é de alta magnitude apenas em sítios marginais para ambas as espécies genitoras. Em sítios favoráveis a essas espécies, a superioridade do híbrido não tem sido confirmada (Eldridge et al., 1993). Assim, segundo Martin (1989), o vigor híbrido em *Eucalyptus* pode ser classificado como ambientalmente dependente.

Apesar de aparentemente baixa, a existência de dominância já é suficiente para propiciar uma ligeira vantagem da propagação clonal sobre a sexuada e permitir a exploração da capacidade específica de combinação (CEC)

entre genitores, principalmente no âmbito interespecífico. Dessa forma, híbridos de *Eucalyptus* têm sido utilizados em vários países (Resende, 2002).

2.5 Dialelo

Uma parcela importante do melhoramento de plantas é representada pela hibridação de materiais, possibilitando a recombinação da variabilidade existente para produzir novas combinações adaptadas às diversas finalidades. Diante do grande número de genitores disponíveis, torna-se necessária a utilização de critérios de escolha daqueles promissores a serem utilizados em um programa de hibridação (Ramalho et al., 1993).

Na identificação dos melhores cruzamentos, uma técnica biométrica muito utilizada é a análise dialélica. Essa metodologia permite a seleção de genitores para a hibridação, além de fornecer informações sobre os efeitos gênicos envolvidos na determinação dos caracteres, orientando na escolha do método de melhoramento mais apropriado para a condução das populações segregantes e no processo seletivo a ser adotado (Ramalho et al., 1993; Cruz & Regazzi, 2001).

Um sistema de cruzamentos dialélicos corresponde ao intercruzamento de n materiais, dois a dois, produzindo n^2 combinações possíveis, que correspondem aos n materiais, $n(n-1)/2$ híbrido simples e $n(n-1)/2$ recíprocos dos híbridos simples (Ramalho et al., 1993), totalizando uma tabela dialélica completa (Tabela 1).

TABELA 1. Tabela dialélica proveniente do inter cruzamento de n materiais, dois a dois, em todas as combinações possíveis.

Parental i	Parental j						
	1	2	3	...	j	...	n
1	Y_{11}	C_{12}	C_{13}	...	C_{1j}	...	C_{1n}
2	C_{21}	Y_{22}	C_{23}	...	C_{2j}	...	C_{2n}
3	C_{31}	C_{32}	Y_{33}	...	C_{3j}	...	C_{3n}
.
.
.
i	C_{i1}	C_{i2}	C_{i3}	...	Y_{ij}	...	C_{in}
.
.
.
n	C_{n1}	C_{n2}	C_{n3}	...	C_{nj}	...	Y_{nn}

Vários são os métodos empregados para análise e interpretação de cruzamentos dialélicos, conforme mostrado por Cruz & Regazzi (2001). Cada uma dessas técnicas tem suas peculiaridades e explora de forma diferenciada os dados, sendo preferida de acordo com os objetivos do pesquisador. Dentre os principais métodos, podem-se destacar o de Gardner & Eberhart (1966), estudando em detalhes a heterose e o de Griffing (1956), fornecendo informações sobre a capacidade geral e específica de combinação dos genitores em cruzamentos artificiais.

O termo capacidade geral de combinação (CGC) refere-se ao desempenho médio das progênies de um indivíduo quando cruzado com outros indivíduos da população, e a capacidade específica de combinação (CEC) refere-se ao comportamento particular de um determinado cruzamento (Falconer & Mackay, 1996). A CGC de um genitor é uma medida que reflete, principalmente, o seu valor genético aditivo que, por sua vez, também indica a porção do valor genético para uma determinada característica que pode ser transmitida à progênie, independentemente do outro genitor envolvido no

cruzamento. Por outro lado, a CEC de dois genitores reflete a interação de dominância entre alelos em alguns dos locos (efeito de dominância) ou entre alelos, em diferentes locos, que influenciam uma determinada característica (efeito de epistasia) (Falconer & Mackay, 1996). A CGC está associada, principalmente, aos efeitos aditivos, além de parte dos efeitos dominantes e epistáticos, enquanto que a CEC depende, basicamente, dos efeitos de dominância e das interações epistáticas (Souza, 1999).

Uma estratégia que vem chamando a atenção dos melhoristas na utilização dos dialelos é o cruzamento entre clones elite de eucalipto. Como o melhoramento é resultado de uma acumulação de vantagens, seria muito importante que os cruzamentos se restringissem a clones elite (Rasmusson & Phillips, 1997). Os clones a serem utilizados nos cruzamentos devem ser selecionados de forma que as populações geradas tenham genótipos superiores àqueles em uso comercial. Para isso, as estratégias são:

a) cruzar clones comerciais que apresentam um elevado nível de produtividade, além de outras características favoráveis, tais como resistência às doenças e precocidade, visando aproveitar os efeitos da seleção já praticados para produzi-los;

b) cruzar clones que possuem complementariedade de caracteres, visando concentrar fenótipos favoráveis no híbrido duplo;

c) cruzar clones que apresentam bom desempenho em um conjunto de ambientes, pois isso indica alta concentração de alelos favoráveis e interações genótipos x ambientes favoráveis (Souza Jr., 2001).

Bison (2004) estudou a capacidade de combinação entre clones elite de eucalipto com clones de *E. camaldulensis* e *E. globulus* para melhoria do volume e qualidade da madeira. Para isso, esse autor utilizou seis clones elite da empresa Aracruz Celulose S. A., cruzados com dez clones de *E. camaldulensis* e com dez clones de *E. globulus*, adotando um esquema dialélico parcial.

Constatou-se que os cruzamentos dialélicos mostraram-se promissores tanto para a obtenção de ganhos em volume de madeira como na qualidade da madeira e que a capacidade geral de combinação explicou a maior parte da variação entre os híbridos.

Infelizmente, os dialelos ainda vêm sendo pouco utilizados no melhoramento florestal.

2.6 Análise multivariada

A análise estatística multivariada constitui um conjunto de técnicas que permitem o manuseio simultâneo de dezenas e até centenas de variáveis, de modo a extrair o conteúdo de informação, mesmos nos casos em que não se dispõe, de antemão, de um modelo teórico rigorosamente estruturado a respeito das relações entre essas variáveis. A mesma tem sido difundida e utilizada nas mais diversas áreas de conhecimento (Regazzi, 1998).

Por meio da análise de variância multivariada, é possível testar a hipótese de que o material apresenta divergência genética, considerando a variabilidade total existente nos múltiplos caracteres. Essa técnica tem sido utilizada por alguns pesquisadores, visando à avaliação preliminar da variabilidade genética existente entre os materiais (Ledo, 2002).

Nas análises multivariadas de variância, os principais critérios para testes de significância de nulidade dos efeitos de tratamentos são dados pelos testes de Wilks, o teste da raiz máxima de Roy, o traço de Hotelling-Lawley e o teste de Pillai (Tabela 2) (Mardia et al., 1979; Ledo, 2002).

Na Tabela 2, as matrizes de somas de quadrado e produtos E e H correspondem ao resíduo com v_E graus de liberdade e os tratamentos com v_H graus de liberdade, respectivamente. Essas matrizes são obtidas em uma análise conjunta de p variáveis. O critério de Wilks, por se tratar da razão de

verossimilhança, é utilizado, preferencialmente, para testar a hipótese de interesse.

Rao (1952) fez uma breve revisão sobre os trabalhos que envolviam análises multivariadas. Segundo esse autor, o ponto de partida das pesquisas, que tentavam generalizar as análises univariadas de variâncias para o caso de variáveis múltiplas, foi dado por Wishart, em 1928, estudando a distribuição amostral simultânea de variâncias e covariâncias em amostras de uma população normal multivariada. Posteriormente, Hotelling (1931) obteve a distribuição T, que é uma extensão natural da distribuição t de Student para uma população normal multivariada. Seguindo o teste da razão da verossimilhança, Wilks (1932) obteve generalizações apropriadas na análise de variância, aplicáveis às diversas variáveis. Seu teste tem sido útil em uma variedade de problemas, sendo, inclusive, um dos testes multivariados mais utilizados (Sakaguti, 1994).

Em alguns estudos, como em milho (Cruz, 1990), arroz (Rao et al., 1981), cana (Viana, 1991) e em feijão (Abreu, 1997), a análise de variância multivariada vem sendo utilizada. O critério de Wilks, citado por Johnson e Wichern (1988), é o mais utilizado entre os testes existentes para verificar diferenças significativas entre os materiais avaliados. Segundo Harris (1975), o critério de Wilks é o mais em função da sua relativa simplicidade, apresentando resultados apropriados com boas aproximações às distribuições de χ^2 e F. A análise de variância multivariada pode ser aplicada a todos os modelos, inclusive aos dialelos. Nesse último caso, Ledo (2002) propôs o uso da análise de variância multivariada ao modelo de Gardner e Eberhart (1966) e Griffing (1956).

TABELA 2. Principais critérios para testes de significância de nulidade dos efeitos de tratamentos.

Critério	Estatística	Aproximações F	Graus de liberdade
Wilks	$\Lambda = \begin{cases} \frac{ E }{ E+H } \\ \frac{s}{\prod_{i=1}^s \frac{1}{1+\lambda_i}} \end{cases}$	$F = \frac{1-\Lambda^{1/t}}{\Lambda^{1/t}} \times \frac{rt-2f}{pv_H}$	$\begin{cases} v_1 = pv_H \\ v_2 = rt-2f \end{cases}$
Pillai	$V = \begin{cases} \text{tr}[H(H+E)^{-1}] \\ \sum_{i=1}^s \frac{\lambda_i}{1+\lambda_i} \end{cases}$	$F = \begin{cases} \left(\frac{V}{s-V}\right) \left(\frac{2N+s+1}{2m+s+1}\right) \\ \left(\frac{V}{s-V}\right) \left[\frac{s(v_E-v_H+s)}{pv_H}\right] \end{cases}$	$\begin{cases} v_1 = s(2m+s+1) \\ v_2 = s(2N+s+1) \\ e \\ v_1 = s(2m+s+1) \\ v_2 = s(2N+s+1) \end{cases}$
Hotelling Lawley	$U = \begin{cases} \text{tr}(E^{-1}H) \\ \sum_{i=1}^s \lambda_i \end{cases}$	$F = \begin{cases} \frac{U}{c} \\ \frac{2(sN+1)U}{s^2(2m+s+1)} \end{cases}$	$\begin{cases} v_1 = a \\ v_2 = b \\ e \\ v_1 = s(2m+s+1) \\ v_2 = s(sN+1) \end{cases}$
Roy	$\theta = \frac{\lambda_1}{1+\lambda_1}$	$F = \frac{(v_E-d+v_H)\lambda_1}{d}$	$\begin{cases} v_1 = d \\ v_2 = v_E - dv_H \end{cases}$
	$c = a(b-2)/[b(v_E-p-1)]$	$f = (p \cdot v_H - 2)/4$	$r = v_E - (p - v_H + 1)/2$
	$\Upsilon = \frac{(v_E + v_H - p - 1)(v_E - 1)}{(v_E - p - 3)(v_E - p)}$	$N = (v_E - p - 1)/2$	
		$b = 4 + (a + 2)/(\Upsilon - 1)$	$m = (p - v_H - 1)/2$
	$t = \begin{cases} \sqrt{\frac{pv_H-4}{p^2+v_H^2-5}} \text{ se } p^2+v_H^2-5 > 0 \\ 1 \text{ caso contrário} \end{cases}$	$d = \max(p \cdot v_H)$	$a = p \cdot v_H$
			$s = \min(p \cdot v_H)$

2.7 Marcadores moleculares

Um marcador molecular pode ser definido como qualquer genótipo molecular derivado de um polimorfismo específico da seqüência de DNA, conhecido ou anônimo, que pode corresponder ou não a um gene expresso (Grattapaglia, 2001). O termo marcador tem sido utilizado para designar fatores morfológicos, fisiológicos, bioquímicos ou genéticos passíveis de serem identificados e que permitem o estudo comparativo de genótipos e de suas progênies (Sakiyama, 1993).

Diversas tecnologias para a detecção de marcadores moleculares têm sido desenvolvidas nos últimos anos, particularmente após a descoberta da PCR no final dos anos 1980. Como resultado, vários tipos de marcadores, tais como RFLP (sigla em inglês para fragmento polimórfico amplificado ao acaso), RAPD (sigla em inglês para DNA polimórfico amplificado ao acaso), AFLP (sigla em inglês para polimorfismo de comprimento de fragmentos Amplificados), SSR (sigla em inglês para seqüências simples repetitivas, também chamados de microssatélites) e muitos outros encontram-se disponíveis hoje para análise genética em organismos vivos (Caetano-Anolles, 1996). Os marcadores moleculares vêm sendo utilizados com diversas finalidades, como na construção de mapas genéticos, na seleção de germoplasma em programas de melhoramento, caracterização de diferentes genótipos (fingerprinting), estabelecimento de filogenias, clonagem de genes baseadas em mapas, seleção assistida por marcadores, proteção de cultivares, entre outras (Grattapaglia et al., 1992).

No início dos anos 1970 surgiu o primeiro marcador molecular que permitiu detectar as diferenças entre indivíduos, diretamente no DNA (Grodzicker et al., 1974). Esses marcadores, denominados RFLP, apresentavam como principal vantagem a expressão codominante, possibilitando distinguir os

homozigotos dos heterozigotos, gerando um maior volume de informações para estudos genéticos e aplicações no melhoramento. Como limitação, destaca-se que o desenvolvimento de marcadores RFLP é um processo caro e trabalhoso, envolvendo muitas etapas, requerendo investimentos em pessoal e equipamentos. Essa técnica não permite a automatização de suas etapas, tornando difícil a geração de grande volume de dados (Borém e Caixeta, 2006).

Os marcadores RAPD têm contribuído para o desenvolvimento rápido de mapas genômicos e análise de variabilidade e *fingerprinting* em *Eucalyptus* e em árvores em geral (Grattapaglia et al., 1992; O'Malley et al., 1996). É uma técnica simples quanto à análise de segregação, à ligação genética, às construções de mapas e *fingerprinting* de indivíduos, dispensando a necessidade de sondas específicas, demonstrando que, quando se tomam os devidos cuidados, podem ser obtidos mapas e genotipagem de alta qualidade. Segundo Borém e Caixeta (2006), a principal limitação dos marcadores RAPD é o seu baixo conteúdo informativo por loco, uma vez que esses marcadores exibem uma herança dominante e detectam apenas um alelo por loco, sendo as demais variações alélicas classificadas conjuntamente como um alelo nulo. Outra desvantagem dos marcadores RAPD, é sua baixa reprodutibilidade, que, geralmente, ocorre entre laboratórios, diminuindo a confiabilidade de outros pesquisadores nos marcadores detectados pela técnica (Borém e Caixeta, 2006).

Já os marcadores AFLP eliminam a maior parte das limitações técnicas do RAPD, apesar de serem um pouco mais trabalhosos e apresentam uma vantagem, que é o número de locos genéticos que podem ser analisados simultaneamente em cada ensaio, sendo, freqüentemente, de 5 a 10 vezes maior (Gaiotto et al., 1997; Marques et al., 1998a). Esses tipos de marcadores foram utilizados na avaliação da variabilidade genética e da taxa de fecundação cruzada em populações de melhoramento de *Eucalyptus* e na construção de mapas genéticos (Gaiotto et al., 1997). Porém, essa classe de marcadores

também apresenta limitações relacionadas ao padrão de segregação dominante dos marcadores RAPD, restringindo o seu uso para a discriminação de indivíduos.

Dentre os marcadores moleculares, os microssatélites ou SSR vem sendo amplamente utilizados no melhoramento vegetal. Esses marcadores destacam-se por apresentar um maior conteúdo informativo. Os marcadores microssatélites distinguem-se dos demais por serem de natureza multialélica, herança codominante, abundantes e de ampla distribuição no genoma, possibilitando a detecção de variações nas seqüências por meio de um ensaio simples de PCR, tal como RAPD e AFLP (Grattapaglia et al., 1992). A principal desvantagem dos marcadores baseados em microssatélites é o custo inicial relativamente alto e a necessidade de conhecimento e infra-estrutura de biologia molecular para o desenvolvimento de seqüências específicas de *primers* (Grattapaglia, 2001). Apesar do alto custo, esse é facilmente compensado pela ampla potencialidade que este marcador apresenta, quando existe essa tecnologia para uma determinada espécie.

Segundo Brondoni et al. (1998), na análise genética de alta resolução e no mapeamento de espécies altamente heterozigotas, como no caso do *Eucalyptus*, o uso de marcadores multialélicos codominantes baseados em PCR se tornou absolutamente fundamental.

2.8 Marcadores microssatélites

Os microssatélites, também conhecidos como SSR, são marcadores moleculares baseados na amplificação de seqüências repetitivas em *tandem*, com 2 a 6 pares de bases de comprimento, abundantemente encontradas no genoma de eucariotos (Hamada & Kakunaga, 1982; Litt e Luty, 1989).

Dentre as classes de DNA, a do DNA repetitivo é a que apresenta distribuição mais uniforme no genoma. Em plantas, um microsatélite ocorre, em média, a cada 20 a 23 Kb, sendo AA/TT e AT/TA as unidades de repetição mais freqüentes (Wang et al., 1994).

Os marcadores microsatélites possuem as seguintes características: são abundantes, estando distribuídos por todo o genoma; apresentam polimorfismo do tipo codominante; são altamente multialélicos, possuindo um maior conteúdo informativo por loco entre todas as classes de marcadores moleculares; são automatizáveis em sistema multiplex, permitindo avaliar um grande número de indivíduos para um grande número de locos; necessitam de pequenas quantidades de DNA e podem ser transferíveis entre espécies de um mesmo gênero e compartilhados entre diferentes laboratórios (Ferreira e Grattapaglia, 1998).

Segundo esses mesmos autores, a maior limitação do uso de microsatélites é o desenvolvimento dos marcadores, pois se trata de um procedimento muito trabalhoso que exige uma equipe especializada, além de equipamentos para o seqüenciamento, tornando o desenvolvimento dos marcadores SSR um processo de elevado custo.

Locos de microsatélites têm sido descritos em uma grande quantidade de culturas, como cevada (Weising et al., 1989), arroz (Wu e Tanksley, 1993) e milho (Aguiar, 2003).

Recentemente, a identificação de locos de microsatélites se estendeu às espécies florestais de interesse comercial, como *Pinus* (Smith e Devey, 1994; Kostia et al., 1995) e *Eucalyptus* (Brondani et al., 1998), assim como o mogno (White e Powell, 1997).

Devido à abundância e à distribuição regular no genoma de eucariotos, associadas ao multialelismo e ao alto nível de polimorfismo com padrão de segregação codominante, os microsatélites têm tido ampla aplicação em caso

em que há a necessidade de discriminação de indivíduos e de identificação de parentesco. Esses marcadores têm sido empregados em estudos de genética de populações, na genotipagem de indivíduos para discriminação de genótipos (Marklund et al., 1994) e em proteção de variedades de plantas (Diwan e Cregan, 1997).

2.9 Estimativa da diversidade genética

A diversidade genética entre um grupo de genitores tem sido avaliada com o objetivo de identificar as combinações híbridas de maior efeito heterótico e maior heterozigose, de forma que, em suas gerações segregantes, tenha maior possibilidade de recuperação de genótipos superiores (Cruz & Regazzi, 2001).

No melhoramento genético, a diversidade genética tem proporcionado importantes contribuições, enfatizando a predição de híbridos heteróticos, a partir do cruzamento de populações com maior grau de divergência genética relativa (Dudley et al., 1992). Tais populações são estabelecidas pelo cruzamento de materiais superiores, objetivando-se, freqüentemente, a maximização da distância genética com a finalidade de recombinar alelos ou complexos alélicos em novas combinações gênicas favoráveis (Morais, 1992).

Falconer & Mackay (1996) afirmam que a amplitude da variabilidade genética, em uma população segregante, é função da divergência genética entre os pais envolvidos nos cruzamentos, correspondendo essa divergência à diferença nas freqüências alélicas das populações.

A divergência genética pode ser avaliada por meio de métodos preditivos ou quantificada por meio da realização dos cruzamentos. Os métodos preditivos, se eficientes, são preferíveis em relação aos métodos quantitativos, uma vez que os primeiros evitam a realização de cruzamentos entre inúmeros genitores disponíveis em um programa de melhoramento (Cruz & Regazzi,

2001). Os métodos preditivos tomam por base as diferenças morfológicas, agronômicas e moleculares, quantificando-as por alguma medida de dissimilaridade que expressa o grau de diversidade genética entre os genótipos (Oliveira, 2005).

Os métodos preditivos da diversidade genética obtida por meio de marcadores moleculares apresentam algumas vantagens sobre outros métodos, pois esses, além de identificar grande polimorfismo, não apresentam interações entre caracteres, podendo, ainda, ser avaliados em qualquer estágio de desenvolvimento (Williams et al., 1990). Outro ponto importante a ser considerado é que a utilidade de marcadores para o melhoramento genético será tanto maior quanto maior for sua capacidade de prever o comportamento dos cruzamentos no campo.

Segundo Cruz & Carneiro (2003), esses métodos podem ser preditos por meio de três medidas de dissimilaridade, que se diferenciam com o tipo de variável obtida, podendo ser quantitativas, binárias ou multicategóricas. Porém, independente da variável, essas medidas são freqüentemente analisadas e interpretadas por técnicas multivariadas. Os métodos empregados com freqüência na identificação e interpretação da diversidade em plantas perenes têm sido análises de componentes principais e análises de agrupamentos (Alves, 2002; Martel et al., 2003; Sousa, 2003).

A análise de componentes principais baseia-se no estudo simultâneo de inúmeras variáveis, as quais são condensadas em poucas variáveis sem a perda de informação (Dias, 1994). Basicamente, a análise de componentes principais opera condensando as variâncias de um conjunto de dados em poucos eixos, de modo que se torna possível visualizar a maior parte da variabilidade dos dados originais em duas ou três novas dimensões (componentes). De acordo com Cruz e Regazzi (2001), quando os dois primeiros componentes principais explicam,

pelo menos, 80% da variação total entre os indivíduos, tem-se uma boa aproximação do comportamento dos mesmos.

Já a análise de agrupamento, também denominada de “cluster analysis”, tem por finalidade separar um grupo original de observações em vários subgrupos, de forma a existir homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os subgrupos (Cruz, 1990). Esses agrupamentos dependem de uma medida de dissimilaridade que, para variáveis quantitativas, as mais empregadas são as distâncias euclidiana e a de Mahalanobis (Cruz & Regazzi, 2001). Para dados moleculares, em que se obtém uma matriz composta por dados binários, representados pelos números 0 (ausência) e 1 (presença de bandas), aplicam-se vários índices de similaridades que variam de 0 a 1, sendo as dissimilaridades obtidas de seus complementos (Cruz & Carneiro, 2003; Cruz et al., 2004).

As propriedades matemáticas e genéticas dos coeficientes de dissimilaridades obtidos de frequências alélicas e das similaridades, gerados de dados binários, empregados em marcadores moleculares, foram amplamente discutidos por Reif et al. (2005). Segundo esses autores, quando os dados são obtidos por marcadores que geram alelos não informativos ou são organizados em uma matriz binária, eles permitem a análise apenas pelo uso de coeficientes de similaridade e destacam três deles como os mais importantes: o de coincidência simples (S_{SM}), o de Jaccard (S_j) e o de Sorensen-Dice (S_D), sendo que os dois últimos não contabilizam valores nulos (00). Relatam, ainda, que complementos aritméticos desses coeficientes representam dissimilaridades ($d = 1 - S$), as quais têm propriedades de distâncias e que a dissimilaridade pelo complemento aritmético do coeficiente de Sorensen-Dice (d_D) também pode ser denominada de distância de Nei-Li.

2.10 Predição do desempenho de híbridos por meio de marcadores moleculares

As estimativas de diversidade genética obtidas pela análise das informações fornecidas por marcadores moleculares são as mais freqüentes na literatura atual. Dentre os usos dos marcadores de DNA, um que chama a atenção dos melhoristas moleculares, tem sido apregoada a possibilidade de prever com precisão o desempenho da progênie, baseando-se em estimativas de distância genética entre os genitores obtidos a partir de dados de marcadores moleculares, trazendo uma economia significativa de tempo e recursos. Isso porque a realização de todos os cruzamentos controlados possíveis entre indivíduos selecionados não seria necessário, tornando os cruzamentos mais eficientes e promissores (Grattapaglia, 2001).

Vários trabalhos têm sido feitos com o objetivo de prever o desempenho dos híbridos por meio da genotipagem dos seus genitores. De maneira geral, os resultados encontrados na literatura ainda são bastante inconsistentes quanto à eficiência da predição do desempenho dos híbridos por meio de marcadores moleculares (Souza Jr., 2004).

Em culturas anuais, estudos para estimar a correlação entre heterose dos híbridos F_1 para a produtividade e as distâncias genéticas entre os genitores correspondentes, para a utilização como preditores do comportamento híbrido, têm sido realizados para diversas culturas, como tomate (Maluf e Ferreira, 1983), milho (Amorim, 2005), feijão (Abreu, 1997; Duarte et al., 1999), arroz (Lorençetti et al., 2006) e milheto (Chowdari et al., 1998), entre outros.

Duarte et al. (1999) observaram que a heterose e a CEC de populações F_4 não foi correlacionada com a distância genética baseada em marcadores RAPD na cultura do feijoeiro. Segundo os autores, a correlação é uma estimativa que depende da variabilidade nos dois parâmetros envolvidos, o que não foi

verificado para a heterose e CEC. Em outro estudo, Liu et al. (1999) observaram que a heterose e o desempenho de híbridos de trigo não apresentavam correlações com a distância genética baseada em marcadores RAPD.

Na cultura do milho, resultados semelhantes foram encontrados por Drinic et al. (2002). Esses autores genotiparam 12 linhagens de diferentes origens, agrupadas em 2 grupos, utilizando-se de marcadores microssatélites. As linhagens foram cruzadas em um esquema de dialelo inter e intragrupos e seus híbridos avaliados em dois locais, por dois anos consecutivos. Observaram que não houve uma associação entre produtividade de grãos e distância genética baseada em marcadores microssatélites. Chowdari et al. (1998) estudaram a relação entre o desempenho do híbrido e a distância genética revelada pelos marcadores microssatélites e RAPD, em milheto. Os mesmos autores concluíram que os marcadores podem ser úteis no agrupamento de parentais, mas não para a predição de combinações heteróticas.

Por outro lado, Ajmone Marsan et al. (1998) observaram que as correlações foram positivas entre a diversidade genética utilizando marcadores RFLP e AFLP e a produção de grãos em híbridos de milho. Resultados similares foram obtidos por Melchinger (1999), reportando correlações positivas entre a distância genética dos parentais com a heterose nos híbridos em milho.

Em culturas perenes, informações a esse respeito ainda são escassas na literatura. Vaillancourt et al. (1995) utilizaram distâncias genéticas baseadas em marcadores moleculares RAPD para prever a heterose em progênies de *E. globulus*. A capacidade da distância genética em prever a heterose foi significativa, mas explicou somente 5% da variação na capacidade específica de combinação.

Barril et al. (1997) utilizaram a estrutura da diversidade genética estimada com marcadores RAPD dentro e entre *E. grandis* e *E. urophylla* para determinar equações de predição para crescimento volumétrico de híbridos com

38 meses. Esse estudo mostrou que a distância genética baseada em marcadores moleculares do tipo RAPD, com frequências semelhantes nas duas espécies, previu com sucesso o valor de um cruzamento. Por esse modelo, a distância genética estimada entre indivíduos das duas espécies explicou a capacidade geral de combinação e a capacidade específica de combinação para crescimento volumétrico, com um coeficiente global de determinação de 81,6%.

Com relação à predição do desempenho de híbridos utilizando-se marcadores do tipo microssatélite em *Eucalyptus*, não foi encontrado nenhum estudo na literatura.

3 MATERIAL E MÉTODOS

Os trabalhos desenvolvidos fazem parte de uma parceria entre a Aracruz Celulose S.A. e o programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da Universidade Federal de Lavras (UFLA), com a finalidade fornecer informações úteis ao programa de melhoramento de eucalipto da empresa e gerar informações científicas para a Universidade.

3.1 Descrição dos locais

Os experimentos foram conduzidos em três áreas de plantios comerciais da empresa Aracruz Celulose S.A., com as seguintes coordenadas geográficas:

- Aracruz: cidade situada no estado do Espírito Santo, na latitude $19^{\circ}50'19''$ S e $40^{\circ}12'43''$ de longitude W;
- São Mateus: cidade situada no estado do Espírito Santo, na latitude $18^{\circ}36'13''$ S e $40^{\circ}01'32''$ de longitude W;
- Caravelas: cidade situada do estado da Bahia, na latitude $17^{\circ}47'17''$ S e $39^{\circ}33'57''$ de longitude W;

3.2 Obtenção dos híbridos

A obtenção dos híbridos envolveu o cruzamento entre 22 clones elite da empresa Aracruz Celulose S. A., dispostos na Tabela 3. Entretanto, o presente estudo considerou apenas 21 clones.

TABELA 3. Relação dos 22 clones elite utilizados nos cruzamento dialélicos.

Clones	Híbridos espontâneos (mãe)	Procedência
1	<i>E. grandis</i>	Rio Claro
2	<i>E. grandis</i>	Rio Claro
3	<i>E. grandis</i>	Rio Claro
4	<i>E. grandis</i>	Rio Claro
5	<i>E. saligna</i>	Rio Claro
6	<i>E. grandis</i>	Rio Claro
7	<i>E. grandis</i>	Rio Claro
8	<i>E. grandis</i>	Rio Claro
9	<i>E. saligna</i>	Rio Claro
10	<i>E. saligna</i>	Rio Claro
11	<i>E. urophylla</i>	Rio Claro
12	<i>E. grandis</i>	Rio Claro
13	<i>E. grandis</i>	Rio Claro
14	<i>E. grandis</i>	Rio Claro
15	<i>E. saligna</i>	Rio Claro
16	<i>E. grandis</i>	Rio Claro
17	<i>E. urophylla</i>	Rio Claro
18	<i>E. grandis</i>	----
19	<i>E. grandis</i>	----
20	<i>E. urophylla</i>	----
21	<i>E. grandis</i>	Rio Claro
22	<i>E. grandis</i>	Rio Claro

Na Tabela 3 podem ser observados 22 clones, em vez de 21, devido a um problema ocorrido na hora da identificação dos clones 21 e 22. Esses clones, a princípio, foram considerados diferentes geneticamente. Entretanto, esses clones correspondem ao mesmo clone original. Com isso, para fins de análise, foram considerados apenas 21 clones, exceto na genotipagem, quando se levaram em conta os 22 clones, para que fosse comprovada a correspondência genética entre os clones 21 e 22.

3.2.1 Cruzamentos entre clones elite e delineamento experimental

Os 21 clones elite, híbridos naturais ou de polinização controlada envolvendo *E. saligna*, *E. grandis* e ou *E. urophylla*, foram cruzados seguindo o esquema de dialelo balanceado com apenas a presença dos híbridos F₁, seguindo a metodologia proposta por Griffing (1956), classificada como método 4. O número de combinações possíveis é dado como:

$$p(p - 1)/2 = 21(21 - 1)/2 = 210$$

em que p é o número de genitores.

Foram obtidos 137 híbridos, dos 210 híbridos possíveis. Esse menor número de híbridos foi devido às dificuldades de obtenção dos cruzamentos por causa da diferença no momento do florescimento. Os 137 híbridos, juntamente com os 21 pais, foram avaliados no delineamento experimental de blocos incompletos. Para isso, foi utilizado um sorteio de látice 13 x 13, com 40 repetições. Os 169 tratamentos foram compostos pelos 158 tratamentos, adicionados de 11 híbridos repetidos. Este artifício foi utilizado para a obtenção de um delineamento subótimo, em blocos incompletos, com 158 tratamentos. As parcelas foram constituídas de uma planta, com o espaçamento entre plantas de 3 x 3 m.

Os experimentos foram instalados no campo em agosto/setembro de 2001 e seguiram todas as recomendações sobre adubações e tratos culturais normalmente adotadas pela empresa Aracruz Celulose S.A.

Dois anos após a implantação dos experimentos, foram realizadas as avaliações, levando-se em consideração as características circunferência à altura do peito (cm) e densidade básica da madeira (kg/m³), medida de forma indireta, usando o Pilodyn.

Para estimar a densidade básica da madeira (kg/m^3), foram utilizados os dados obtidos pela leitura do Pilodyn, de acordo com a expressão proposta por Bison (2004):

$$\text{Densidade} = 615 - 11 \times \text{leitura do Pilodyn}$$

Essa expressão foi construída a partir de avaliações de 142 árvores de diferentes espécies de eucalipto, com dois anos de idade, utilizando-se o Pilodyn e, em seguida, determinando-se a densidade básica da madeira no laboratório. Após essas avaliações, foi desenvolvida a equação de regressão entre a leitura do Pilodyn e a densidade básica da madeira.

3.3 Análise estatística

3.3.1 Análise de variância

Os dados obtidos para as características circunferência à altura do peito e densidade básica de madeira foram inicialmente submetidos à análise de variância por experimento, utilizando-se o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = m + t_i + b_{j(k)} + r_k + e_{(ijk)}$$

em que:

Y_{ijk} : valor observado na parcela que recebeu o tratamento i , no bloco j e na repetição k ;

m : média geral do experimento;

t_i : efeito fixo do tratamento i ($i = 1, 2, 3, \dots, 158$);

$b_{j(k)}$: efeito aleatório do bloco j, dentro da repetição k (j = 1, 2, 3, ..., 13);

r_k : efeito aleatório da repetição k (k = 1, 2, 3, ..., 40);

$e_{(ijk)}$: erro experimental associado à observação Y_{ijk} , tendo $e_{(ijk)} \sqcup N(0, \sigma^2)$.

Posteriormente, foi realizada a análise conjunta envolvendo os três locais, para as mesmas características, adotando-se o seguinte modelo:

$$Y_{ijk\ell} = m + t_i + b_{j(k\ell)} + r_{k(\ell)} + l_\ell + tl_{i\ell} + e_{(ijk\ell)}$$

em que:

$Y_{ijk\ell}$: valor observado na parcela que recebeu o tratamento i, no bloco j, na repetição k e no local ℓ ;

m : média comum a todas as observações;

t_i : efeito fixo do tratamento i (i = 1, 2, 3, ..., 158);

$b_{j(k\ell)}$: efeito aleatório do bloco j, dentro da repetição k e do local ℓ (j = 1, 2, 3, ..., 13);

$r_{k(\ell)}$: efeito aleatório da repetição k, dentro do local ℓ (k = 1, 2, 3, ..., 40);

l_ℓ : efeito fixo do local ℓ ($\ell = 1, 2, 3$);

$tl_{i\ell}$: efeito fixo da interação entre o tratamento i e o local ℓ ;

$e_{(ijk\ell)}$: erro experimental associado à observação $Y_{ijk\ell}$, tendo $e_{(ijk\ell)} \sqcup N(0, \sigma^2)$.

As análises estatísticas foram realizadas utilizando-se o *Procedure for Linear Mixed Models* (PROC MIXED) do SAS[®] (SAS, 2000). As rotinas computacionais utilizadas estão descritas no Anexo B.

As médias da análise conjunta foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

3.3.2 Análise dialélica

Após a realização das análises de variância individuais, as médias de cada local foram utilizadas para estimar a capacidade geral e específica de combinação entre os clones elite, por meio da análise dialélica completa, seguindo o método 4, proposto por Griffing (1956):

$$y_{ij} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + \bar{e}_{ij}$$

em que:

y_{ij} : valor médio da combinação híbrida ($i \neq j$);

μ : média geral do dialelo;

g_i e g_j : efeito da capacidade geral de combinação do i -ésimo e do j -ésimo genitores, respectivamente;

s_{ij} : efeito da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre os genitores i e j ;

\bar{e}_{ij} : erro experimental médio.

Posteriormente, foram utilizadas as médias conjuntas dos três locais para estimar a capacidade geral e específica de combinação entre clones elite, por meio da análise dialélica conjunta, de acordo com a expressão:

$$y_{ij\ell} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + l_\ell + g_{i\ell}^l + g_{j\ell}^l + s_{ij\ell}^l + \bar{e}_{ij\ell}$$

em que:

$y_{ij\ell}$: valor médio da combinação híbrida ($i \neq j$) no local ℓ ;

μ : média geral do dialelo;

g_i e g_j : efeito da capacidade geral de combinação do i-ésimo e do j-ésimo genitores, respectivamente;

s_{ij} : efeito da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre os genitores i e j;

l_ℓ : efeito do local ℓ ($\ell = 1, 2$ e 3);

$gl_{i\ell}$: efeito da interação da capacidade geral de combinação do i-ésimo genitor no local ℓ ;

$gl_{j\ell}$: efeito da interação da capacidade geral de combinação do j-ésimo genitor no local ℓ ;

$sl_{ij\ell}$: efeito da interação da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre os genitores i e j no local ℓ ;

$\bar{e}_{ij\ell}$: erro experimental médio.

Como as parcelas foram constituídas de apenas uma planta e houve morte de algumas árvores no experimento, houve diferenças no número de repetições. Com isso, o professor Eduardo Bearzoti, do Departamento de Ciências Exatas da Universidade Federal de Lavras, construiu uma rotina computacional (Anexo B), utilizando o *Procedure for Interactive Matrix Language* (PROC IML) do SAS[®] (SAS, 2000) para que as análises dialéticas fossem realizadas pelo método dos quadrados mínimos, utilizando restrições paramétricas e somas de quadrados do tipo II (parciais).

3.3.3 Análise multivariada

Os dados experimentais foram também submetidos à análise de variância multivariada (MANOVA) para os modelos de análise conjunta e dialética. Foram adotados para o teste da hipótese de igualdade, os vetores de médias dos tratamentos de acordo com o critério de Wilks, citado por Johnson & Wichern (1992), conforme descrito a seguir:

Critério	Estatística	Aproximações F	Graus de liberdade
Wilks	$\Lambda = \frac{ E }{ E + H }$	$F = \frac{1 - \Lambda^{1/t}}{\Lambda^{1/t}} \times \frac{rt - 2f}{pv_H}$	$v_1 = pv_H$ $v_2 = rt - 2f$

em que:

p : número de variáveis;

v_H : graus de liberdade do modelo para o qual se deseja realizar o teste de hipótese;

v_E : graus de liberdade de resíduo do modelo;

$|E|$: é a matriz de soma de quadrados e de produtos do resíduo;

$|H|$: é a matriz de soma de quadrados de produtos;

$$r = v_E - (p - v_H + 1) / 2$$

$$f = (pv_H - 2) / 4$$

$$t = \begin{cases} \sqrt{\frac{pv_H - 4}{p^2 + v_H^2 - 5}} & \text{se } p^2 + v_H^2 - 5 > 0 \\ 1 & \text{caso contrário} \end{cases}$$

Para a análise multivariada, foram consideradas as variáveis circunferência à altura do peito (CAP) e densidade básica da madeira (DEN) e os modelos das análises dialéticas individuais e conjunta.

3.4 Genotipagem dos genitores

3.4.1 Extração e quantificação do DNA

Para a extração do DNA total, foi utilizado tecido foliar dos 22 indivíduos (genitores) e mais o clone G44, utilizado como padrão. A extração foi feita pelo método CTAB 2% (Doyle & Doyle, 1990). A maceração das folhas foi realizada utilizando-se nitrogênio líquido. A quantificação do DNA extraído foi feita em gel de agarose 1%, corado com brometo de etídeo utilizando DNA de fago lambda de concentração conhecida como padrão de comparação.

3.4.2 Amplificação dos locos microssatélites via PCR

A amplificação dos marcadores microssatélites via PCR foi feita utilizando-se 1 μ L de tampão de PCR (50 mM de Tris-HCl pH 8,3, 20 mM de KCl), 2,0 mM $MgCl_2$, 0,19 μ M de dNTP, 10 μ g de BSA (albumina de soro bovino), 1,0 unidade da enzima Taq polimerase (Phoneutria), 0,3 μ M de cada iniciador de PCR (direto e reverso), 2 a 6,0 ng de DNA, e 5,375 μ L de água Milli-Q autoclavada para um total de 13 μ L de reação final.

A PCR foi realizada utilizando-se um programa que apresenta uma etapa inicial de desnaturação, a 94^oC, por 5 minutos, 29 ciclos com etapas de desnaturação (1 minuto a 94^oC), anelamento (1 minuto a 59^oC) e extensão (1 minuto a 72^oC). No final dos ciclos, foi utilizada uma etapa de extensão final por mais 30 minutos a 72^oC.

3.4.3 Triagem e seleção de locos microssatélites

Foram analisados 109 marcadores, após uma triagem de 185 marcadores microssatélites, entre os 300 desenvolvidos por Brondani et al. (2006) (números EMBRA001 a EMBRA400), os 40 marcadores desenvolvidos pela CSIRO (<http://www.ffp.csiro.au/tigr/molecular/eucmsps.html>) (acrônimo Eg, Es e En) e 90 gerados a partir de clones genômicos “shot-gun” por Lourenço et al. (2004) (EMBRA 600 a 700). Buscaram-se aqueles que forneciam dados mais robustos de marcadores relativamente bem distribuídos ao longo do genoma, fácil interpretação de alelos e ausência de duplicação de loco.

Dos 109 marcadores, foram encontrados 12 com mais de 20% de dados faltantes, sendo os demais 97 marcadores completos com apenas 3,4% de dados faltantes. Dados faltantes correspondem àqueles picos que não atingiram o mínimo de 200 RFU (*relative fluorescence units*) considerados necessários para a devida declaração de alelos.

3.4.4 Geração dos dados genotípicos

Para a detecção automatizada via fluorescência, um dos iniciadores de cada um dos marcadores microssatélites testados foi marcado, no seu terminal 5', com um dos fluorocromos 6-FAM, HEX ou NED (*Applied Biosystems*). O fluorocromo 6-FAM emite uma fluorescência azul, o fluorocromo HEX emite uma fluorescência verde e o fluorocromo NED emite uma fluorescência amarela no filtro D da *Applied Biosystems*. A PCR e a eletroforese foram realizadas em sistema dúplex ou tríplex na plataforma capilar ABI 3700 ou de gel ABI377 da *Applied Biosystems*.

Os dados genotípicos foram coletados automaticamente pela detecção das diferentes fluorescências e, posteriormente, interpretados com os softwares

GeneScan/Genotyper (Applied Biosystems). Os alelos visualizados como picos no eletroferograma foram declarados em pares de bases com precisão de duas casas decimais pela análise automatizada, tendo como referência um padrão de fragmentos de tamanho conhecido marcado com o fluorocromo ROX (Brondani et al. 2001).

Para a análise, foi sempre incluído como controle experimental o DNA de um clone de *Eucalyptus* padrão da própria empresa Aracruz Celulose S. A., o que permite a comparação de estimativas de tamanhos de alelos em pares de bases entre laboratórios ou entre experimentos distintos no mesmo laboratório.

3.5 Dissimilaridade genética

Dos 22 genitores utilizados, apenas 21 foram genotipados, em função de problemas exógenos à condução do experimento. O genitor não genotipado foi o clone 7. Para a obtenção da similaridade genética entre os 21 genitores remanescentes, os tamanhos de fragmentos em pares de bases dos marcadores do tipo microssatélite foram padronizados utilizando-se o software *Allelobin* (Idury & Cardon, 1997). Esse software utiliza um procedimento de categorização de alelos em classes, definidos com base em quadrados mínimos, para eliminar o problema de padronização utilizando critérios pessoais.

A similaridade genética foi estimada por meio do coeficiente de Jaccard (1908), utilizando-se a expressão:

$$sg_{ij} = \frac{a}{a + b + c}$$

em que:

a : corresponde à presença de uma determinada banda nos indivíduos i e j ;

b : corresponde à presença de uma determinada banda no indivíduo i e ausência no indivíduo j ;

c : corresponde à ausência de uma determinada banda no indivíduo i e presença no indivíduo j ;

A dissimilaridade genética (d_{ij}) foi estimada utilizando o procedimento baseado em medidas de compartilhamento de alelos por meio do software “*Shared Allele Distance*” (Jin and Chakraborty, 1993; Bowcock et al., 1994) (<http://www2.biology.ualberta.ca/jbrzusto/sharedst.php>).

Nesse procedimento, cada alelo dos marcadores microssatélites era considerado separadamente e transformado em uma variável binária. O indivíduo que possuía o alelo considerado na sua constituição genotípica recebia o valor 1, caso contrário, recebia o valor 0. Este procedimento foi repetido para todos os indivíduos e para todos os alelos de todos os locos marcadores. O coeficiente de Jaccard (sg_{ij}) foi estimado para todos os pares de indivíduos e transformado no coeficiente de dissimilaridade, por:

$$d_{ij} = 1 - sg_{ij}$$

O erro padrão (s_{ij}) associado a cada coeficiente de dissimilaridade genética foi estimado de acordo com a expressão desenvolvida por Skroch, Tivang e Nienhuis (1992):

$$s_{ij} = \sqrt{\frac{d_{ij}(1-d_{ij})}{n-1}}$$

em que:

n : número total de combinações a , b e c utilizadas na estimativa da dissimilaridade genética (d_{ij}).

O agrupamento dos híbridos elite foi realizado por meio de um dendrograma, obtido por meio do método hierárquico aglomerativo da média aritmética entre pares não ponderados (UPGMA), utilizando-se o programa NTSYS – PC 2.0 (Rohlf, 1992) e os coeficientes de dissimilaridades obtidos.

Os pais geneticamente diferentes foram identificados no dendrograma a partir da estimativa do valor mínimo de dissimilaridade, acima do qual, os híbridos elite são considerados diferentes. Por meio da distribuição t de Student, considerando um valor de significância de 1%, o ponto de corte do dendrograma foi dado por:

$$d_m = t_{\alpha/2} \times \bar{s}_d$$

em que:

$t_{\alpha/2}$: é o quantil superior $\alpha/2$ da distribuição t de Student, com $n-2$ graus de liberdade;

α : 1% de significância;

\bar{s}_d : média dos erros padrões considerando todas as combinações dos pais, tomados dois a dois.

3.6 Correlação entre os híbridos e marcadores microssatélites

As correlações entre as distâncias genéticas estimadas pelos marcadores microssatélites e de algumas estimativas de parâmetros do dialeto foram obtidas por meio das correlações de Pearson e de Spearman. Seja X a variável que representa os coeficientes de dissimilaridades e Y a variável que representa um

dos estimadores dos parâmetros de interesse no dialelo (CEC, CGC, média, etc.), então, a correlação de Pearson foi estimada por:

$$r = \frac{\sum_{i=1}^n X_i Y_i - \frac{\left(\sum_{i=1}^n X_i\right)\left(\sum_{i=1}^n Y_i\right)}{n}}{\sqrt{\sum_{i=1}^n X_i^2 - \frac{\left(\sum_{i=1}^n X_i\right)^2}{n}} \sqrt{\sum_{i=1}^n Y_i^2 - \frac{\left(\sum_{i=1}^n Y_i\right)^2}{n}}}$$

em que n é o número de combinações híbridas (tamanho da amostra) considerado.

A correlação de Spearman foi estimada de acordo com Ferreira (2005), por:

$$r_s = \frac{\sum_{i=1}^n R_i S_i - \frac{\left(\sum_{i=1}^n R_i\right)\left(\sum_{i=1}^n S_i\right)}{n}}{\sqrt{\sum_{i=1}^n R_i^2 - \frac{\left(\sum_{i=1}^n R_i\right)^2}{n}} \sqrt{\sum_{i=1}^n S_i^2 - \frac{\left(\sum_{i=1}^n S_i\right)^2}{n}}}$$

em que R_i e S_i são postos de X_i e Y_i , respectivamente. Esta expressão é válida considerando empates ou não na determinação dos postos.

Em ambos os casos, aplicou-se o teste de t para a hipótese de ausência de correlação ($H_0: \rho=0$) entre as variáveis consideradas, sendo obtidos os valores-p de acordo com a descrição apresentada em Ferreira (2005).

Tais procedimentos foram utilizados para avaliar a eficiência dos marcadores moleculares microssatélites em prever o comportamento dos híbridos a partir de um cruzamento entre clones elite no esquema dialélico. As análises foram realizadas por meio do software SAS[®] (SAS, 2000).

Também foram consideradas as proporções dos híbridos selecionados com base nos maiores ou menores coeficientes de dissimilaridades com aqueles que possuíam maiores ou menores capacidade específica de combinação, capacidade geral de combinação e média para as características circunferência à altura do peito e densidade básica da madeira, considerando intensidades de seleção de 20%, 10%, 5%, 1% e 0,9%.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análises de variância: individual, conjunta e multivariada

Os resumos das análises de variância individuais para os experimentos conduzidos em Aracruz, Caravelas e São Mateus, em relação às características circunferência à altura do peito (CAP) e densidade básica da madeira (DEN), estão apresentados nas Tabelas 1A, 2A e 3A.

Foram observadas diferenças significativas ($P \leq 0,01$) para as fontes de variação tratamentos, clones e híbridos para todos os locais de avaliação. Isso indica que os híbridos e clones diferem entre si, como consequência de diferenças nas capacidades geral e específica de combinação. Essa variabilidade nas médias de híbridos e de clones já era esperada em função da origem dos clones elite considerados e de sua ampla e variada adaptação. Na maioria das condições ambientais (locais), a hipótese de variâncias nulas para repetições e blocos/repetição foi rejeitada. Em São Mateus (Tabela 2A), foi aceita a hipótese de nulidade para o componente de variância atribuído ao efeito de repetições para as duas características. O mesmo ocorreu para blocos/repetição, para a característica CAP, em Aracruz (Tabela 1A). Em todos os casos em que a variância de blocos foi não-nula ($P \leq 0,01$), houve uma eficiência do látice superior a 100%, conforme já é preconizado pela teoria.

A análise de variância conjunta dos cruzamentos dialélicos entre clones elite para as características CAP e DEN, envolvendo os três locais, está apresentada na Tabela 4. Em qualquer programa de melhoramento, é fundamental que os experimentos sejam bem conduzidos, a fim que se possa obter maior precisão nas estimativas dos parâmetros de interesse. Uma das medidas mais utilizadas pelos pesquisadores, como indicativo da precisão

experimental, é o coeficiente de variação experimental (CV). Nesse sentido, considerando apenas a análise conjunta, a estimativa do CV foi de pequena magnitude para DEN (maior precisão experimental) e de média magnitude para CAP (Tabela 4).

Esses resultados foram semelhantes aos encontrados por Bison (2004) ao avaliar a capacidade de combinação entre clones elite de eucalipto com clones de *E. camaldulensis* e *E. globulus*. Esse autor observou uma estimativa do coeficiente de variação de 24,86% para circunferência à altura do peito e de 4,39% para densidade básica da madeira. Na literatura, para a cultura do eucalipto, comparações de coeficientes de variação são escassos. A maioria dos estudos envolve mais do que uma planta por parcela e, muitas das vezes, avalia-se somente o volume de madeira. Um trabalho envolvendo a avaliação do volume de madeira utilizando uma planta por parcela foi realizado por Andrade (2002) avaliando clones de *E. camaldulensis* na região noroeste de Minas Gerais. Os coeficientes de variação obtidos por esse autor variaram de 27% a 37%, aos 27 meses de idade. Os resultados obtidos neste trabalho indicam uma boa precisão experimental.

Quando comparada à eficiência relativa do delineamento em látice em relação ao delineamento de blocos casualizados, pode-se observar que o látice superou em média, no máximo, em 3,67% o delineamento de blocos para a característica CAP (Tabela 3A).

Como podem ser observadas, as fontes de variação locais, tratamentos e da interação tratamentos x locais foram significativas, a 1%, pelo teste F, para as características avaliadas. Na decomposição da fonte de variação tratamento, constatarem-se diferenças significativas ($P \leq 0,01$) para híbridos, clones e híbridos vs. clones. O mesmo comportamento foi observado quando se fez a decomposição da fonte de variação tratamentos x locais (híbridos x locais, clones x locais, híbridos vs. clones x locais).

TABELA 4. Resumo das análises de variância conjunta para as características circunferência à altura do peito (CAP) e densidade básica da madeira (DEN), obtido na avaliação dos cruzamentos dialélicos entre clones elite, aos dois anos de idade.

FV Efeito fixo	GL	CAP (cm)		DEN (kg/m ³)	
		F	Valor-p	F	Valor-p
Locais (L)	2	65,52	0,00	63,13	0,00
Tratamentos Ajustados	157	25,31	0,00	76,16	0,00
Híbridos (H)	136	25,43	0,00	65,23	0,00
Clones (C)	20	15,74	0,00	150,1	0,00
H vs C	1	237,48	0,00	49,5	0,00
Tratamento x Locais	314	2,00	0,00	2,08	0,00
H x L ^{1/}	272	1,93	0,00	3,23	0,00
C x L ^{1/}	40	1,44	0,04	4,71	0,00
H vs C x L	2	28,12	0,00	31,26	0,00
Efeito aleatório		σ^2	P	σ^2	P
Repetição / Locais		0,72	0,00	32,96	0,00
Bloco /Repetição/Locais		1,32	0,00	8,15	0,00
Erro		33,25	0,00	307,98	0,00
CV(%)		18,75		4,22	
Eficiência Látice (%)		103,67		102,44	
Média híbridos		30,46		415,42	
Média clones		32,58		418,37	

Eficiência Látice = $QMErro_{\text{Blocos}} / \text{Var Erro}$

^{1/} Valores de F obtidos utilizando o Proc GLM.

Em função de o efeito de clones ter sido significativamente diferente de zero ($P \leq 0,01$), em todas as situações, verifica-se que os clones são diferentes, apresentando variabilidade entre si, condição essa importante para a realização

deste trabalho. Comparando-se a média dos híbridos com as dos clones, foi observado que os híbridos apresentaram médias significativamente ($P \leq 0,01$) inferiores às dos clones para as características avaliadas.

Em relação ao contraste família vs. clones (F vs. C) é possível concluir que houve comportamento diferenciado dos tratamentos para ambas as características. Como a média dos clones foi superior à média dos híbridos, a significância desse contraste indica, a princípio, que há uma superioridade dos clones em relação à média de seus híbridos, que pode ser atribuída a segregação que ocorre dentro dos híbridos.

Embora as interações tratamentos x locais tenham sido significativas, constata-se grande homogeneidade do comportamento genotípico entre os ambientes por meio das correlações fenotípicas entre o desempenho médio dos tratamentos, clones e híbridos nos locais, dois a dois (Tabela 5). Observa-se que todas as correlações foram significativamente diferentes de zero, a 1% de probabilidade, pelo teste t de Student, para todas as características avaliadas. Para característica CAP, destaca-se a correlação entre a média dos clones para São Mateus e Caravelas. Já a maior correlação observada para DEN foi de 0,98 entre as médias dos clones em Aracruz e São Mateus. Valores de correlações fenotípicas semelhantes para os mesmos locais foram apresentadas por Bison (2004).

Esses resultados podem ser explicados pela contribuição de cada parte da interação. Os resultados indicam que a parte simples foi a mais importante, pois o comportamento dos tratamentos foi semelhante nos pares de locais. Com isso, a princípio, as avaliações poderiam ser realizadas em um menor número de locais, contribuindo para a redução de custos de implantação dos experimentos e uma expressiva redução no tempo do melhorista.

A interação entre clones de eucalipto e ambientes tem sido verificada em outros estudos (Rezende et al., 1990; Silveira, 1999; Bison, 2004). Rezende et

al. (1990), trabalhando com clones oriundos do cruzamento entre *E. grandis* e *E. urophylla*, observaram interações dos tratamentos com locais aos 2 e 5 anos de idade. Resultados semelhantes foram obtidos por Bison (2004), avaliando a capacidade de combinação entre clones elite com clones de *E. camaldulensis* e *E. globulus*. Essas interações evidenciam que o comportamento dos híbridos e dos clones foi diferenciado nos três diferentes locais de avaliação, embora no último caso, essa interação tenha sido de pequena magnitude.

TABELA 5. Estimativa das correlações fenotípicas (r) entre a média dos tratamentos, clones e híbridos, para as características circunferência à altura do peito (CAP) e densidade básica da madeira (DEN) ao longo dos locais de avaliação, no experimento envolvendo os cruzamentos de clones elite.

Cruzamentos de clones elite				
Tratamentos	CAP	Valor-p	DEN	Valor-p
r_{12}	0,77	0,00	0,94	0,00
r_{13}	0,79	0,00	0,92	0,00
r_{23}	0,88	0,00	0,91	0,00
Clones	CAP	Valor-p	DEN	Valor-p
r_{12}	0,76	0,00	0,98	0,00
r_{13}	0,79	0,00	0,94	0,00
r_{23}	0,91	0,00	0,92	0,00
Híbridos	CAP	Valor-p	DEN	Valor-p
r_{12}	0,78	0,00	0,93	0,00
r_{13}	0,80	0,00	0,93	0,00
r_{23}	0,87	0,00	0,92	0,00

¹Aracruz; ² São Mateus ; ³ Caravelas.

A análise de variância bivariada está apresentada na Tabela 6. Observa-se, pelo critério de Wilks, utilizando-se a aproximação F, que a hipótese de igualdade dos vetores de tratamentos foi rejeitada ($P < 0,01$). Desdobrando-se o efeito de tratamento, observa-se que as fontes de variação híbridos e clones foram significativas, a 1% de probabilidade. O mesmo resultado foi evidenciado para os contrastes híbridos vs clones (F vs.C) e tratamento vs. locais (T vs. L). De maneira geral, comparando-se os resultados obtidos nas análises de variância individual e conjunta com a análise de variância multivariada, observa-se que a extensão multivariada propiciou resultados semelhantes àqueles apresentados nas análises individual e conjunta. Esse resultado reforça a discussão apresentada anteriormente e corrobora a variabilidade existente entre híbridos e clones.

TABELA 6. Resumo da análise de variância multivariada para as características circunferência à altura do peito (CAP) e densidade básica da madeira (DEN) das combinações híbridas resultantes dos cruzamentos dialélicos entre clones elite, aos dois anos de idade.

F.V.	GL	Λ	F	V1	V2	Valor-p
Locais (L)	2	0,978	83,70	4	14999	0,00
Tratamento (T)	157	0,390	21548,22	314	1535	0,00
Híbridos (H)	136	0,480	2746,62	272	1679	0,00
Clones (C)	20	0,763	164,39	40	4489	0,00
H vs C	1	0,773	2201,07	2	14999	0,00
T vs.L	314	0,906	3,51	628	893	0,00
Erro	12246			30000		

4.2 Análise dialélica

O resumo da decomposição dos quadrados médios dos tratamentos em capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) das análises de variância individuais e conjunta para as características circunferência à altura do peito (CAP) e densidade básica da madeira (DEN) das combinações híbridas resultantes dos cruzamentos entre clones elite, aos dois anos de idade, pode ser observado na Tabela 7.

Segundo Cruz & Regazzi (2001), os cruzamentos dialélicos têm como vantagem a possibilidade de identificar boas combinações híbridas, bem como inferir sobre a capacidade de combinação dos genitores envolvidos.

Os resultados da análise de variância dos dialelos mostram que, em todos os casos, o teste F foi significativo, a 1% de probabilidade, para todas as fontes de variação, evidenciando a existência de efeitos genéticos aditivos e não-aditivos no controle dos caracteres avaliados. Essa significância implica também que o desempenho dos híbridos dependeu tanto da CGC como da CEC dos genitores. Considerando a análise conjunta, verifica-se que, para a DEN, a contribuição da CGC foi de 86% da soma de quadrados atribuído aos híbridos e apenas 14% para a CEC. Já para a característica CAP, a contribuição da CGC e CEC foi de, aproximadamente, 57% e 43%, respectivamente (Tabela 7).

Esses resultados são semelhantes aos observados por Bison (2004), envolvendo um dialelo parcial entre clones elite com *E. globulus*. Esse autor observou que 81% da soma de quadrados atribuída aos híbridos foi explicada pela capacidade geral de combinação e 19% pela capacidade específica de combinação para densidade básica da madeira. Para circunferência à altura do peito, a contribuição foi de 43% e 57% para a capacidade geral de combinação e capacidade específica de combinação, respectivamente. As interações CGC x locais e CEC x locais foram significativas, indicando que os clones elite

apresentam capacidade geral e específica de combinação diferenciada nos vários locais. Realmente, esse fato pode ser constatado, se forem observadas as Tabelas 4A, 6A e 8A, para CAP e 5A, 7A e 9A, para DEN.

De acordo com esses resultados, o componente genético quadrático da CGC, na análise conjunta, é cerca de 1,4 vez superior ao componente da CEC para a circunferência à altura do peito e cerca de 6,3 vezes superior para a característica densidade básica da madeira (Tabela 7). A superioridade da contribuição, associada à CGC quando comparada à CEC, tanto nas análises individuais quanto na conjunta, a princípio, evidencia que, para os caracteres avaliados, há predominância da ação gênica aditiva no controle dos caracteres. Segundo alguns autores, suspeita-se que os efeitos de dominância existam e apresentam baixa magnitude para os caracteres de crescimento (Hardner & Potts, 1995; Borralho, 1997; Rezende & Resende, 2000). Rezende e Resende (2000) estimaram a relação entre a variância de dominância e a variância aditiva para o caráter volume de madeira, aos três anos de idade, que foi de 0,2. Já Bouvet & Vigneron (1996) observaram que a variância de dominância foi mais elevada do que a variância aditiva na decomposição da variância genética para o volume de madeira.

TABELA 7. Resumo da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) para as características circunferência à altura do peito (CAP) e densidade básica da madeira (DEN) no dialeto entre clones elite, aos dois anos de idade, em Aracruz, São Mateus, Caravelas e na análise conjunta.

		Aracruz-ES			
FV	GL	CAP (cm)		DEN (kg/m³)	
		QM	Valor-p	QM	Valor-p
CGC	20	841,80	0,00	41196,15	0,00
CEC	101	187,22	0,00	1351,75	0,00
Erro	5515	24,73	----	250,89	----
		São Mateus-ES			
FV	GL	CAP (cm)		DEN (kg/m³)	
		QM	Valor-p	QM	Valor-p
CGC	20	1186,58	0,00	40180,00	0,00
CEC	101	176,73	0,00	1417,31	0,00
Erro	3584	40,98	----	310,78	----
		Caravelas - BA			
FV	GL	CAP (cm)		DEN (kg/m³)	
		QM	Valor-p	QM	Valor-p
CGC	20	1347,86	0,00	44939,77	0,00
CEC	101	227,34	0,00	1808,10	0,00
Erro	5424	36,77	----	364,00	----
		Análise Conjunta			
FV	GL	CAP (cm)		DEN (kg/m³)	
		QM	Valor-p	QM	Valor-p
CGC	20	3559,71	0,00	111307,57	0,00
CEC	101	530,19	0,00	3522,50	0,00
CGC x Locais	40	211,02	0,00	7504,17	0,00
CEC x Locais	202	60,03	0,00	527,33	0,00
Erro	15000	33,25	----	307,98	----

Resende (2002) observou que, apesar de aparentemente baixa, a existência de dominância já é suficiente para propiciar uma ligeira vantagem na propagação clonal sobre a sexuada, permitindo a exploração da capacidade específica de combinação (CEC) entre os genitores. Assim, como a CEC é dependente da divergência genética entre os genitores e da ocorrência de dominância, infere-se que a CEC foi de menor magnitude devido à pequena contribuição da dominância na expressão dos caracteres, em especial densidade básica da madeira. Em relação aos resultados desse estudo, pôde ser observado que houve suficiente dominância para diferenciar significativamente ($P \leq 0,01$) as capacidades específicas entre os clones elite (Tabela 7). Esse resultado ratifica, a princípio, a existência de divergência genética entre os clones.

As estimativas dos efeitos da CGC (\hat{g}_i) e CEC (\hat{s}_{ij}) são apresentadas nas Tabelas 4A a 9A, 8 e 9. Considerando apenas a análise conjunta (Tabela 8), os genitores 21, 1, 7 e 20 apresentam, em média, maiores estimativas de \hat{g}_i e os genitores 10, 8, 17 e 16 as menores estimativas de \hat{g}_i para a característica CAP. Já em relação aos efeitos da CEC, estimados como desvio do comportamento em relação ao que seria esperado com base na capacidade geral de combinação, os cruzamentos que se destacaram, em média, foram 6 x 8, 16 x 21, 4 x 14 e 6 x 17, para a CAP. Para a DEN, os genitores 18, 14, 10 e 2; e 4, 3, 1 e 12 apresentaram, em média, as maiores e menores estimativas de \hat{g}_i , respectivamente. As melhores combinações híbridas em relação à CEC para a DEN foram os cruzamentos 9 x 21, 5 x 8, 11 x 16 e 4 x 9 (Tabela 9).

Segundo Griffing (1956), a CGC está associada aos efeitos aditivos dos genes e corresponde ao comportamento médio dos genitores em combinações híbridas. Sendo assim, pode-se afirmar que os genitores que apresentaram as mais altas estimativas de CGC deverão gerar populações com maiores médias. Contudo, apenas a maior média da população não é suficiente para a obtenção de

ganhos, uma vez que se os genitores forem geneticamente semelhantes, a população apresentará uma variabilidade restrita, reduzindo a chance de seleção de materiais geneticamente superiores. A CEC, por sua vez, está associada aos efeitos não aditivos dos genes, como dominância e as interações epistáticas, e refere-se ao comportamento da população, sendo proveniente do cruzamento de dois genitores e não explicada pela CGC dos mesmos, ou seja, ela mede o grau de complementação alélica.

Diante do exposto, fica evidente que, no caso de uma espécie em que as informações são obtidas por indivíduo, como no eucalipto, uma grande vantagem do dialelo é que, ao mesmo tempo em que se identifica o cruzamento com maior média, pode-se ter, sem esforço adicional, a estimativa da variabilidade dentro do cruzamento, podendo-se identificar a população segregante que associe média e variância altas. Com isso, para o melhoramento, o ideal é selecionar materiais com alto desempenho *per se* e alto potencial heterótico. Os cruzamentos que chamaram mais a atenção foram aqueles que apresentaram um maior valor final, levando em consideração a CEC somada a CGC de cada genitor, para aquele respectivo cruzamento. Com isso, os cruzamentos que se destacaram, em média, foram 11 x 21, 16 x 21, 13 x 20 e 7 x 11, para a CAP (Tabela 8) e, para a DEN, foram os cruzamentos 2 x 14, 14 x 16, 2 x 10 e 2 x 16 (Tabela 9).

TABELA 8. Estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) e da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}), para a circunferência à altura do peito (CAP), aos dois anos de idade, envolvendo os três locais.

Pais	\hat{s}_{ij}																		\hat{g}_i
	3	4	5	6	7	8	9	10	11	13	14	15	16	17	18	19	20	21	
1	----	----	----	1,63	----	----	-1,92	----	-0,89	----	----	----	1,18	----	----	----	----	----	2,39
2	0,52	1,97	----	-1,42	1,13	-0,76	0,63	0,29	-1,32	-1,99	0,58	-1,33	-0,52	-0,12	0,04	0,43	-0,07	1,92	-0,65
3	----	----	----	0,06	----	----	----	----	-0,22	----	----	----	0,82	-0,13	-0,13	----	----	----	1,14
4	----	----	-2,51	0,84	-0,77	2,42	-0,83	----	1,01	-3,39	3,71	0,26	----	-0,55	0,31	-1,18	-0,37	-0,92	1,49
5	----	----	----	----	----	-3,55	1,53	----	1,08	----	0,25	----	1,50	----	0,51	1,18	----	----	0,42
6	----	----	----	----	0,49	4,61	2,10	----	-3,93	----	-2,83	----	-6,84	3,44	----	1,37	0,28	0,18	-0,68
7	----	----	----	----	----	-0,30	0,88	----	0,98	-1,32	2,77	0,70	0,73	-1,63	-0,06	-1,12	-2,47	----	2,26
8	----	----	----	----	----	----	----	----	-0,36	0,13	----	-0,43	0,60	-1,63	0,60	-0,70	-0,60	----	-2,56
9	----	----	----	----	----	----	----	-0,86	1,61	0,71	----	0,36	1,14	-0,88	0,94	0,54	2,86	-8,83	-0,52
10	----	----	----	----	----	----	----	----	-0,93	----	----	----	----	0,37	1,12	----	----	----	-3,71
11	----	----	----	----	----	----	----	----	----	1,24	-3,09	2,33	-2,34	1,81	-0,96	2,47	----	1,50	1,43
12	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-0,27	----	----	----	0,27	----	----	----	0,86
13	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	2,18	----	-0,77	0,88	2,33	----	0,64
14	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-1,35	-2,72	----	0,70	----	2,25	-1,38
15	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	2,08	----	-0,90	-1,71	----	----	-0,03
16	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-0,92	-1,76	0,47	----	4,38	-1,89
17	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	1,36	-3,11	2,01	----	-2,39
18	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0,24	----	0,09	0,92
19	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-1,93	1,43
20	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-2,02	1,63
21	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	2,81

* valores em negrito significativos, a 1% de probabilidade, pelo teste t de Student.

TABELA 9. Estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) e da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}), para a densidade básica da madeira (DEN), aos dois anos de idade, envolvendo os três locais.

Pais	\hat{s}_{ij}																		\hat{g}_i
	3	4	5	6	7	8	9	10	11	13	14	15	16	17	18	19	20	21	
1	----	----	----	-2,92	----	----	1,91	----	-0,37	----	----	1,38	----	----	----	----	----	----	-12,64
2	-5,79	-2,34	----	-1,85	-1,62	5,24	-4,40	3,64	2,50	3,86	3,30	-5,63	4,18	-0,72	-2,02	0,28	-0,51	1,86	9,16
3	----	----	----	4,43	----	----	----	----	1,28	----	----	----	4,57	-10,41	5,91	----	----	----	-17,33
4	----	----	1,22	3,11	-2,01	1,29	9,26	----	-3,19	2,09	-0,45	-3,10	----	-1,36	2,97	-1,32	-0,71	-5,45	-23,02
5	----	----	----	----	----	17,08	-6,55	----	-4,31	----	-1,35	----	-5,29	----	-0,38	-0,39	----	----	-9,22
6	----	----	----	----	5,51	-4,19	0,56	----	6,53	----	-1,38	----	5,25	2,40	----	-1,01	-4,98	-11,46	6,64
7	----	----	----	----	----	-6,64	-3,16	----	-5,95	-1,27	-3,66	4,09	0,64	2,11	4,00	1,33	6,63	----	-2,23
8	----	----	----	----	----	----	----	----	1,55	-1,09	----	-0,81	-21,44	7,07	-2,48	4,14	0,26	----	6,35
9	----	----	----	----	----	----	----	0,02	0,12	1,39	----	-3,28	0,10	-0,74	-3,78	-7,33	-5,07	20,94	4,52
10	----	----	----	----	----	----	----	----	3,00	----	----	----	----	-1,60	-5,06	----	----	----	11,00
11	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-1,26	0,42	-2,10	9,46	-3,19	2,43	-3,80	----	-3,11	0,59
12	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	1,36	----	----	----	-1,36	----	----	----	-12,12
13	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-0,29	----	1,71	-4,41	-0,73	----	-10,36
14	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	1,73	2,17	----	----	2,36	----	-4,51	11,14
15	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-1,44	----	1,60	8,96	----	----	-5,79
16	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	4,45	-6,44	-0,11	----	2,79	8,75
17	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-3,29	-0,52	5,83	----	-3,97
18	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	3,57	----	2,63	11,17
19	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0,61	-2,36	0,16
20	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-1,32	3,74
21	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-10,85

* valores em negrito significativos, a 1% de probabilidade, pelo teste t de Student.

Nas Tabelas 10A a 15A, 10 e 11 estão apresentadas as médias dos híbridos e dos clones, para CAP e DEN, em Aracruz, São Mateus, Caravelas e envolvendo os três locais. Observa-se que, em média, 31 híbridos se destacaram na análise conjunta para CAP (Tabela 10). Estes híbridos obtiveram desempenho médio equivalente ($P \leq 0,01$) ao dos 11 melhores genitores. Destaca-se o clone 21 que, dos 10 híbridos resultantes, possui 9 entre os 31 de melhores desempenhos, embora seu comportamento *per se* tenha sido estatisticamente inferior ($P \leq 0,05$). Destacam-se também as capacidades específicas dos híbridos que envolvem este clone e sua capacidade geral de combinação para CAP (Tabela 8). Já para DEN, foram os cruzamentos 2 x 8, 2 x 10, 2 x 14, 2 x 16, 5 x 8, 6 x 14, 6 x 16 e 14 x 16 (Tabela 11) que apresentaram os melhores desempenho. Esses cruzamentos foram classificados utilizando-se o teste de Scott & Knott, a 5% de significância, sendo os tratamentos seguidos da mesma letra pertencentes ao mesmo grupo.

Na avaliação dos experimentos, o que interessa na verdade, é saber se algum híbrido apresentou desempenho superior ao da melhor testemunha. Nesse caso, as testemunhas utilizadas foram os próprios genitores. Em Aracruz, pôde ser observado que apenas o híbrido 6 x 8 obteve desempenho superior ao da melhor testemunha, para a característica CAP, pelo teste de Scott & Knott ($P \leq 0,05$) (Tabela 10A). Em Caravelas, 4 híbridos (2 x 21, 9 x 20, 11 x 21 e 13 x 20) apresentaram desempenho igual ao das melhores testemunhas para a mesma característica (Tabela 14A). São Mateus foi o local onde houve uma maior proporção de híbridos que apresentaram desempenho semelhante às testemunhas, ou seja, onde aproximadamente 9,0% dos híbridos, isto é, 11 deles, apresentaram o mesmo desempenho das melhores testemunhas, pelo teste Scott & Knott, para a característica CAP (Tabela 12A).

Para a característica DEN em Aracruz, o híbrido 2 x 14 teve desempenho semelhante ao do melhor genitor (Tabela 11A). Já, em São Mateus, apenas o híbrido 2 x 10 apresentou desempenho igual aos das melhores

testemunhas (Tabela 13A). Em Caravelas, 13 híbridos apresentaram desempenho igual ao das duas melhores testemunhas, genitores 3 e 10 (Tabela 15A). Assim, muitos clones elite tiveram seu desempenho superado por muitos híbridos, o que demonstra a eficácia do dialelo na identificação de híbridos superiores. Resultados semelhantes da superioridade dos híbridos em relação ao desempenho *per se* dos genitores também foram observados por Bison (2004), no cruzamento de clones elite de eucalipto com clones de *E. camaldulensis* e *E. globulus*.

O resumo da análise de variância dialélica bivariada para a CGC, CEC e suas respectivas interações com locais para as características CAP e DEN está apresentado na Tabela 12. Observa-se, pelo critério de Wilks, utilizando-se a aproximação F, que as hipóteses de igualdade dos vetores dos efeitos da CGC e CEC foram rejeitadas ($P \leq 0,01$) e que a fonte de variação CGC x Locais foi altamente significativa a 1% de probabilidade. O mesmo resultado foi evidenciado quando se realizou o desdobramento da interação CEC x Locais. De maneira geral, comparando-se os resultados obtidos nas análises dialélicas individuais e conjunta com o resultado da análise de variância multivariada, observa-se que a extensão multivariada propiciou resultados semelhantes àqueles obtidos nas análises individuais e conjunta.

TABELA 10. Médias conjunta dos híbridos e dos clones genitores, para circunferência à altura do peito (CAP), obtidas na avaliação de cruzamentos dialélicos entre clones elite, aos dois anos de idade, envolvendo os três locais.

Pais	3	4	5	6	7	8	9	10	11	13	14	15	16	17	18	19	20	21	Pais
1	----	----	----	33,5A	----	----	30,1B	----	33,1A	----	----	----	31,9B	----	----	----	----	----	33,8A
2	31,2 B	33,0A	----	27,4C	32,9A	26,2D	29,6C	26,1D	29,6C	28,2C	28,7C	28,2C	27,1C	27,0C	30,5B	29,4F	31,1B	34,3A	35,4A
3	----	----	----	30,7B	----	----	----	----	32,5A	----	----	----	30,3B	28,8C	31,2B	----	----	----	33,2A
4	----	----	29,6C	31,8B	33,2A	31,6B	30,3B	----	34,1A	28,9C	34,0A	31,9B	----	28,7C	32,9A	29,9B	32,9A	33,6A	27,1C
5	----	----	----	----	----	24,4E	31,6B	----	33,1A	----	29,5C	----	30,2B	----	32,0B	31,2B	----	----	32,5A
6	----	----	----	----	32,3B	31,6B	31,1B	----	27,0C	----	25,3D	----	20,8E	30,6B	----	30,3B	31,4B	32,5A	33,4A
7	----	----	----	----	----	29,6C	32,8A	----	34,9A	31,8B	33,8A	33,1A	31,3B	28,4C	33,3A	30,7B	31,6B	----	35,5A
8	----	----	----	----	----	----	----	----	28,7C	28,4C	----	27,2C	26,3D	23,6E	29,2C	26,4D	28,7C	----	32,4B
9	----	----	----	----	----	----	----	25,1D	32,7A	31,0B	----	30,0 B	28,9C	26,4D	31,5B	29,6C	34,2A	23,6E	31,7B
10	----	----	----	----	----	----	----	----	27,0C	----	----	----	----	24,5E	28,5C	----	----	----	31,0B
11	----	----	----	----	----	----	----	----	----	33,5A	27,1C	33,9A	27,4C	31,1B	31,6B	33,5A	----	36,0A	33,7A
12	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	29,4C	----	----	----	32,3B	----	----	----	31,1B
13	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	31,1B	----	31,0 B	31,2B	34,8A	----	34,9A
14	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	27,4C	24,2E	----	28,9C	----	----	33,9A	32,3B
15	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	30,3B	----	30,2B	27,9C	----	----	32,7A
16	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	25,0D	27,5C	28,2C	----	----	35,5A
17	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	30,1B	24,1E	31,4B	----	32,7A
18	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	30,8B	----	----	34,0A	31,2B
19	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	29,3C	33,9A	32,3B
20	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	32,6A
21	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	28,0C

* Tratamentos com a mesma letra pertencem ao mesmo grupo, pelo teste de Scott e Knott (P<0,05).

** As maiores médias em negrito.

TABELA 11. Média conjunta dos híbridos e dos clones genitores, para densidade básica da madeira (DEN), obtidas na avaliação de cruzamentos dialélicos entre clones elite, aos dois anos de idade, envolvendo os três locais.

Pais	3	4	5	6	7	8	9	10	11	13	14	15	16	17	18	19	20	21	Pais
1	----	----	----	410 E	----	----	412 E	----	407 E	----	----	----	414 D	----	----	----	----	----	396G
2	408 E	406 E	----	435 B	422 C	437 A	432 B	443 A	431 B	421 C	441 A	419 D	439 A	426 C	434 B	426 C	429 B	415 D	391G
3	----	----	----	403 F	----	----	----	----	399 F	----	----	----	409 E	390 G	407 E	----	----	----	446A
4	----	----	381 H	404 F	390 G	401 F	402 F	----	393 G	385 G	401 F	389 G	----	393 G	401 F	388 G	396 G	378 H	366I
5	----	----	----	----	----	436 A	408 E	----	404 F	----	417 D	----	411 E	----	418 D	405 F	----	----	390G
6	----	----	----	----	426 C	425 B	428 B	----	434 B	----	437 A	----	442 A	423 C	----	423 C	425 C	398 F	440A
7	----	----	----	----	----	414 D	415 D	----	409 E	397 G	417 D	408 E	423 C	415 D	422 C	415 D	420 C	----	327C
8	----	----	----	----	----	----	----	----	424 C	412 E	----	417 D	421 C	435 B	429 B	427 B	427 B	----	395G
9	----	----	----	----	----	----	----	435 B	426 C	413 E	----	414 D	434 B	420 C	421 C	418 D	420 D	434 B	433B
10	----	----	----	----	----	----	----	----	430 B	----	----	----	----	429 B	434 B	----	----	----	444A
11	----	----	----	----	----	----	----	----	----	402 F	431 B	406 E	432 B	415 D	426 C	415 E	----	403 F	429B
12	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	422 C	----	----	----	414 D	----	----	----	435B
13	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	414 D	----	417 D	402 D	408 D	----	429B
14	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	424 C	441 A	----	----	428 B	----	412 E	432B
15	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	415 D	----	421 C	421 C	----	----	402F
16	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	433 B	434 B	428 B	----	414 D	434B
17	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	420 D	422 C	419 D	----	427B
18	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	426 E	----	412 E	419D
19	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	422 C	402 F	423C
20	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	408 E	431B
21	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	396G

* Tratamentos com a mesma letra pertencem ao mesmo grupo, pelo teste de Scott e Knott (P<0,05).

** As maiores médias estão negrito.

TABELA 12. Resumo da análise de variância dialélica multivariada para as características circunferência à altura do peito (CAP) e densidade básica da madeira (DEN) no dialelo entre clones elite, aos dois anos de idade.

F.V.	GL	Λ	F	V1	V2	Valor-p
CGC	20	0,388	591,08	40	14990	0,00
CEC	101	0,070	$1,9 \times 10^9$	202	1997	0,00
CGC x Locais	40	0,024	$1,1 \times 10^9$	80	3235	0,00
CEC x Locais	202	0,034	$2,1 \times 10^{15}$	404	1294	0,00
Erro	15000			30000		

4.3 Estimativa das dissimilaridades genéticas

Para se estimar a dissimilaridade genética, foram coletados materiais de apenas 21 genitores, devido a problemas na hora da coleta do clone 7. Os 21 genitores foram genotipados utilizando-se 109 marcadores de microssatélite (SSR), após uma triagem de um pouco mais de 200 marcadores, buscando sempre aqueles que apresentavam uma melhor distribuição ao longo do genoma. Na Tabela 16A estão discriminados os 109 marcadores utilizados para a realização da genotipagem.

Dos 109 marcadores utilizados, em 12 ocorreram mais de 25% de dados faltantes e, talvez, esses possam ter contribuído menos para a análise de dissimilaridade genética, embora tenham sido utilizados sem problemas. Os demais 97 marcadores estão com apenas 3,4% de dados faltantes, ou seja, foram observados 71 genótipos faltantes do marcador, totalizando 142 alelos. Os dados faltantes referem-se a locos duplicados, alelos nulos e a aqueles picos que não atingiram o mínimo de 200 RFU (*relative fluorescence units*) necessários para

serem interpretados como alelo presente pelos softwares GeneScan/Genotyper (Applied Biosystems).

O número de alelos obtidos foi de 4.586, com média de 42,08 alelos por *primer*. Kirst et al. (2005) utilizando seis marcadores (EMBRA4, EMBRA5, EMBRA10, EMBRA11, EMBRA15 E EMBRA16) desenvolvidos por Brondani et al. (1998), observaram 119 alelos, variando de 6 a 33 alelos por loco, com uma média de 19,8 alelos por loco, em *E. grandis*. Outros estudos envolvendo a análise e a caracterização de microssatélites na espécie *Eucalyptus* também detectaram locos com um alto número de alelos e, conseqüentemente, um alto polimorfismo (Brondani et al., 1998). Neste trabalho, o polimorfismo observado superou o de todos os demais trabalhos referenciados anteriormente.

A partir da genotipagem dos 21 genitores, por meio dos marcadores microssatélites, foi estimada uma matriz de dissimilaridade genética, que é apresentada da Tabela 13. A dissimilaridade genética média entre todos os genitores foi de 0,742, com uma amplitude de 0,10 a 0,89. Esses resultados indicam a existência de uma alta variabilidade genética entre os genitores avaliados, essencial para o desenvolvimento deste estudo. O menor valor de dissimilaridade (0,10) foi observado entre os genitores 21 e 22 e maior dissimilaridade (0,89) entre os genitores 18 e 20.

Para permitir uma melhor visualização da divergência entre os genitores, foi construído o dendrograma pelo método hierárquico aglomerativo da média aritmética entre pares não ponderados (UPGMA), por meio do programa NTSYS – PC 2.0 (Rohlf, 1992) (Figura 1). É conveniente observar que, entre os 21 clones (1 a 22, exceto o 7) agrupados, foi incorporada a testemunha (clone controle) G44. Neste trabalho, assumiu-se como ponto de corte no dendrograma a dissimilaridade genética média de 0,14 entre todos os clones, acima do qual os clones elite eram considerados diferentes. O que chama a atenção são os genitores 21 e 22, que apresentaram uma estreita relação, ou seja, são

indistinguíveis e, portanto, correspondem ao mesmo clone original. De acordo com o critério adotado para o cálculo das dissimilaridades, os híbridos esperados com maior variabilidade são aqueles provenientes do cruzamento em que um dos genitores é o clone 18 e o outro é o clone 20, isso porque a dissimilaridade entre eles foi de, aproximadamente, 0,89 (Tabela 13). No entanto, esse híbrido não foi obtido devido aos problemas de florescimento não coincidente. Muito embora as capacidades geral de combinação destes clones (18 e 20) sejam positivas, elas não estavam entre as mais elevadas.

TABELA 13. Dissimilaridades genéticas entre 22 clones elite, obtidas pelo software “*Shared Allele Distance*”.

Pais	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	
1	0	0,67	0,56	0,57	0,17	0,78	----	0,77	0,68	0,68	0,72	0,69	0,15	0,79	0,76	0,74	0,73	0,76	0,72	0,83	0,80	0,79	
2	----	0	0,76	0,80	0,73	0,75	----	0,58	0,76	0,76	0,71	0,59	0,68	0,83	0,58	0,66	0,76	0,75	0,78	0,87	0,84	0,85	
3	----	----	0	0,47	0,56	0,78	----	0,80	0,63	0,68	0,78	0,72	0,54	0,80	0,79	0,79	0,76	0,78	0,75	0,85	0,79	0,78	
4	----	----	----	0	0,58	0,75	----	0,80	0,56	0,64	0,74	0,69	0,58	0,80	0,78	0,76	0,77	0,76	0,73	0,83	0,75	0,74	
5	----	----	----	----	0	0,79	----	0,81	0,71	0,72	0,72	0,72	0,15	0,79	0,79	0,72	0,72	0,76	0,68	0,84	0,81	0,81	
6	----	----	----	----	----	0	----	0,61	0,79	0,78	0,62	0,59	0,79	0,82	0,60	0,53	0,74	0,83	0,75	0,81	0,84	0,83	
7	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	
8	----	----	----	----	----	----	----	0	0,77	0,73	0,67	0,58	0,76	0,79	0,50	0,61	0,75	0,76	0,83	0,83	0,85	0,83	
9	----	----	----	----	----	----	----	----	0	0,51	0,69	0,67	0,66	0,80	0,74	0,75	0,72	0,72	0,69	0,85	0,75	0,74	
10	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0	0,64	0,69	0,67	0,81	0,72	0,69	0,71	0,72	0,69	0,82	0,79	0,78	
11	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0	0,59	0,72	0,83	0,62	0,55	0,79	0,81	0,75	0,80	0,78	0,79	
12	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0	0,71	0,81	0,48	0,60	0,74	0,72	0,72	0,83	0,83	0,83	
13	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0	0,77	0,75	0,73	0,72	0,74	0,70	0,86	0,82	0,79	
14	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0	0,79	0,79	0,78	0,78	0,76	0,83	0,64	0,59	
15	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0	0,58	0,70	0,69	0,78	0,85	0,82	0,80	
16	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0	0,69	0,72	0,67	0,80	0,79	0,80	
17	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0	0,69	0,62	0,84	0,81	0,80	
18	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0	0,69	0,89	0,84	0,80	
19	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0	0,82	0,73	0,72	
20	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0	0,78	0,79
21	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0	0,10
22	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0

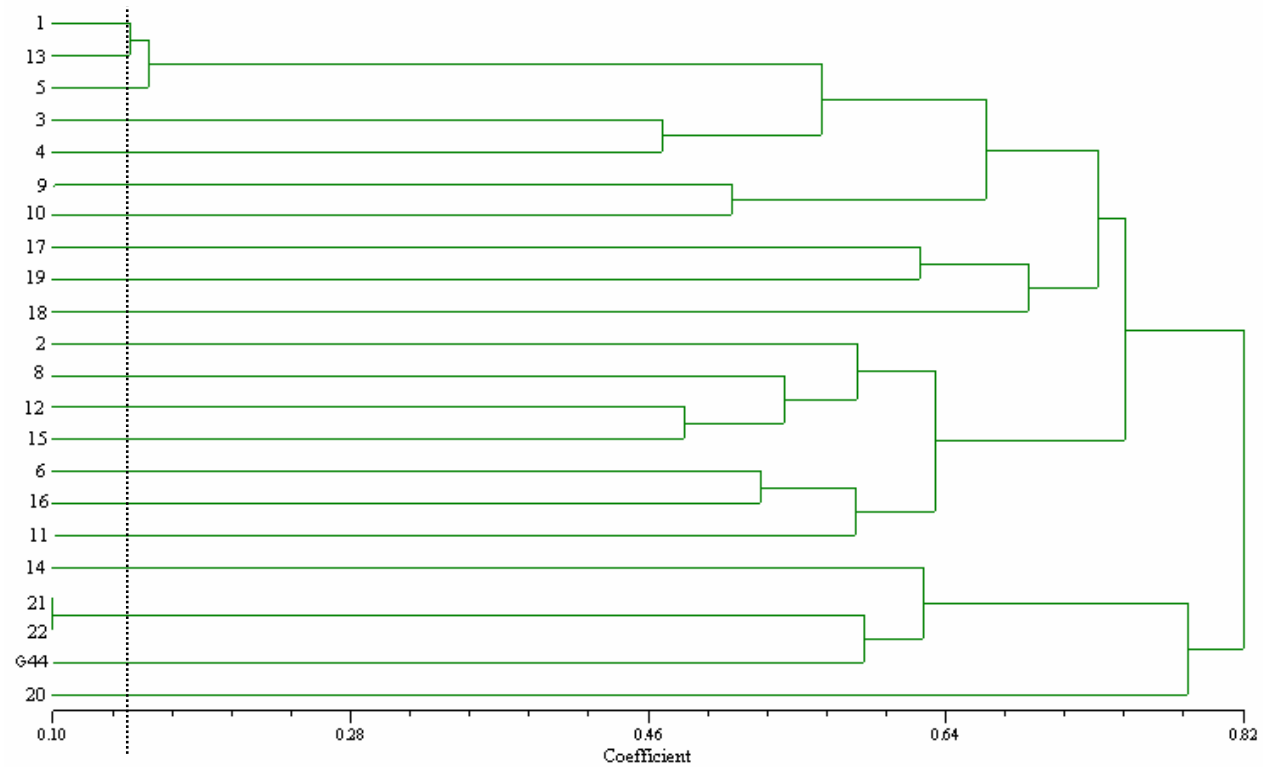


FIGURA 1. Dendrograma das dissimilaridades genéticas entre os 21 clones elite e do clone controle G44, obtido pelo método UPGMA, baseado em marcadores microssatélites.

4.4 Correlações entre a divergência genética e parâmetros do dialelo

Os coeficientes das correlações de Pearson e Spearman entre divergência genética, estimativa dos efeitos da capacidade geral e específica de combinação e a média dos híbridos para as características circunferência à altura do peito e densidade básica da madeira estão apresentados nas Tabelas 14 e 15.

Levando-se em consideração as correlações de Pearson, verifica-se que a divergência genética (DIV) apresentou coeficientes não nulos ($P \leq 0,01$) com a capacidade específica de combinação para circunferência à altura do peito (CEC_{CAP}) e com a média dos híbridos para circunferência à altura do peito (CAP). Os demais coeficientes de correlação com DIV foram todos não significativamente diferentes de zero. Apesar dessas significâncias, as magnitudes das correlações foram baixas, sendo 0,25 entre CEC_{CAP} e DIV e 0,33 entre CAP e DIV. Essa maior magnitude observada para a correlação entre CAP e DIV assume importância maior, uma vez que o desempenho do híbrido para essa característica é de grande importância para a indústria. Em menor importância ($r_p = 0,25$), destaca-se a possibilidade de predição da CEC_{CAP} . Embora esses resultados significativos tenham sido observados, deve-se enfatizar que esta predição, por meio de marcadores microssatélites, foi considerada de baixa acurácia para poder ser utilizada em substituição aos cruzamentos dialélicos. Talvez para uma seleção de genitores candidatos a serem cruzados posteriormente em um dialelo, em que não seja feita uma intensidade de seleção alta, essa predição possa ser utilizada. Chama a atenção a correlação elevada entre a CEC_{CAP} com a CAP (0,69) e a correlação de 0,92 entre a capacidade específica de combinação para densidade (CEC_{DEN}) com a média dos híbridos para densidade básica de madeira (CEC_{DEN}).

Em milho, vários trabalhos têm indicado a ocorrência de correlações positivas entre a distância genética dos genitores e o desempenho dos seus

híbridos (Benchimol *et al.*, 2000; Barbosa *et al.*, 2003). Reif *et al.* (2003), genotipando sete populações de milho com marcadores SSR, observaram correlação alta e significativa entre a distância genética e a produtividade média de grãos. Para os autores, essa correlação alta pode estar relacionada a efeitos não aditivos (dominância e epistasia) associados a altos valores de capacidade específica de combinação entre essas populações. Esses resultados corroboram com os obtidos por Duarte *et al.* (1999), para a cultura do feijoeiro, correlacionando a distância genética baseada em marcadores RAPD com a CEC. O mesmo resultado foi encontrado por Liu *et al.* (1999) na cultura do trigo. Esses autores concluíram, que o desempenho dos híbridos de trigo não apresentava correlação com a distância genética dos pais baseada em marcadores RAPD.

Em cultura perene, Barril *et al.* (1997) utilizaram a diversidade genética estimada com marcadores RAPD dentro e entre *E. grandis* e *E. urophylla* para determinar a predição para o crescimento volumétrico de híbridos. Esse estudo mostrou que a distância genética baseada em marcadores moleculares do tipo RAPD previu com sucesso o valor do cruzamento. A distância genética estimada entre indivíduos das duas espécies explicou a capacidade geral de combinação e a capacidade específica de combinação para crescimento volumétrico com um coeficiente de determinação de 81,6%. Entretanto, Vaillancourt *et al.* (1995b), utilizando distâncias genéticas baseadas em marcadores moleculares RAPD, para prever a heterose em progênies de *E. globulus*, observaram que a capacidade da distância genética em prever a heterose foi significativa, mas explicou somente 5% da variação na capacidade específica de combinação. Esses resultados são concordantes com os obtidos neste trabalho, que apresenta 6,3% da CEC_{CAP} sendo explicada pela DIV. Já a porcentagem de explicação da CAP pela DIV foi de 10,8% (Tabela 14).

TABELA 14. Coeficiente das correlações de Pearson entre a dissimilaridade genética (DIV), estimativa dos efeitos da capacidade geral (CGC_{CAP}) e específica (CEC_{CAP}) de combinação para circunferência à altura do peito, estimativa dos efeitos da capacidade geral (CGC_{DEN}) e específica (CEC_{DEN}) de combinação para densidade e a média dos híbridos para circunferência à altura do peito (CAP) e densidade (DEN).

	CGC_{CAP}	CEC_{CAP}	CGC_{DEN}	CEC_{DEN}	CAP	DEN
DIV	0,007 ^{NS}	0,252 ^{**}	-0,012 ^{NS}	-0,036 ^{NS}	0,328 ^{**}	-0,053 ^{NS}
CGC_{CAP}	----	-0,053 ^{NS}	0,013 ^{NS}	0,066 ^{NS}	0,013 ^{NS}	0,093 ^{NS}
CEC_{CAP}	----	----	-0,073 ^{NS}	-0,559 ^{**}	0,693 ^{**}	-0,599 ^{**}
CGC_{DEN}	----	----	----	0,018 ^{NS}	-0,255 ^{**}	0,270 ^{**}
CEC_{DEN}	----	----	----	----	-0,426 ^{**}	0,920 ^{**}
CAP	----	----	----	----	----	-0,621 ^{**}
DEN	----	----	----	----	----	----

^{NS} – não significativo; ^{**} - significativo, a 1% de probabilidade, pelo teste t de Student.

Foram observadas correlações, altas e significativas, entre CEC_{CAP} , com a CAP ($r_s < 0,69$). Esses resultados mostram que, a princípio, a CEC tem papel importante na expressão do carácter circunferência. Há alguns relatos em *Eucalyptus* em que tanto a CEC quanto a CGC são importantes para a expressão do carácter CAP (Hardner & Potts, 1995; Borralho, 1997; Rezende & Resende, 2000; Assis, 2000). Essas altas correlações podem ser associadas à magnitude do componente genético quadrático da CGC e da CEC, os quais explicam, aproximadamente, 57% e 43% respectivamente para a CAP (Tabela 7). A participação do componente genético quadrático da CGC foi 5,4 vezes superior ao componente da CEC, para a DEN. Também foram observadas correlações altas e significativas entre a CEC_{DEN} e a DEN ($r_s < 0,92$).

Estimativa de correlação negativa e significativa (-0,62) entre CAP e DEN foi observada (Tabela 14). Bison (2004), estimando a heterose para caracteres de crescimento e para qualidade de madeira em cruzamento entre *E.*

grandis x *E. urophylla*, também observou correlação negativa entre essas duas características. Por outro lado, há alguns relatos em que as correlações entre densidade e a circunferência foram positivas, porém, de baixa magnitude (Paula et al., 2002). Assim, considerando a correlação negativa entre as duas características, bem como a magnitude dessa correlação, árvores com maior circunferência tendem a apresentar menor densidade, o que poderá dificultar a seleção simultânea para ambos os caracteres.

Para a correlação de Spearman (baseado em postos), houve, basicamente, a mesma tendência (Tabela 15), ou seja, a divergência genética apresentou correlações significativamente ($P \leq 0,05$) diferentes de zero com a CEC_{CAP} e CAP , embora todos os valores sejam de menores magnitudes ($r_s < 0,27$) do que os observados na correlação de Pearson (Tabela 14). Os demais coeficientes das correlações de Spearman apresentaram estimativas semelhantes às de Pearson (Tabela 15).

TABELA 15. Coeficiente das correlações de Spearman entre a dissimilaridade genética (DIV), estimativa dos efeitos da capacidade geral (CGC_{CAP}) e específica (CEC_{CAP}) de combinação para circunferência à altura do peito, estimativa dos efeitos da capacidade geral (CGC_{DEN}) e específica (CEC_{DEN}) de combinação para densidade e a média dos híbridos para circunferência à altura do peito (CAP) e densidade (DEN).

	CGC_{CAP}	CEC_{CAP}	CGC_{DEN}	CEC_{DEN}	CAP	DEN
DIV	0,017 ^{NS}	0,208*	0,031 ^{NS}	-0,072 ^{NS}	0,273**	-0,055 ^{NS}
CGC_{CAP}	----	-0,090 ^{NS}	0,021 ^{NS}	0,079 ^{NS}	0,005 ^{NS}	0,072 ^{NS}
CEC_{CAP}	----	----	-0,119 ^{NS}	-0,596**	0,716**	-0,630**
CGC_{DEN}	----	----	----	0,071 ^{NS}	-0,288**	0,290**
CEC_{DEN}	----	----	----	----	-0,495**	0,899**
CAP	----	----	----	----	----	-0,673**
DEN	----	----	----	----	----	----

^{NS} – não significativo; ** - significativo, a 1% de probabilidade, pelo teste t de Student.

Outro resultado que chama a atenção foi à estimativa das correlações fenotípicas entre o desempenho *per se* dos pais com o desempenho médio dos pais em combinações híbridas (Tabela 16). Para a característica CAP, as correlações, em todos os locais e na análise conjunta, foram baixas e não significativas ($P \leq 0,01$), indicando que o desempenho *per se* dos pais não reflete o desempenho médio do mesmo em combinações híbridas. Entretanto, para DEN, todas as correlações foram de alta magnitude e significativas, a 1% de probabilidade. Ao contrário da CAP, para DEN, o desempenho dos pais em combinações híbridas terá comportamento semelhante a aquele apresentado pelo desempenho *per se* dos mesmos. Esses resultados podem ser explicados pela maior dominância no controle do caráter CAP, em relação a DEN, o que pode ser comprovado pela magnitude do componente genético quadrático da CEC para as duas características (Tabela 7).

A maior importância da dominância no controle genético da CAP, constatada no presente trabalho, está de acordo com as estimativas de depressão por endogamia na cultura do eucalipto, utilizando-se clones elite, onde essa foi, em média, de 18% para a CAP e 4% para a DEN (Bison, 2004). Na cultura do milho, para a produtividade de grãos, tem-se verificado que o desempenho *per se* das linhagens não possui correlação significativa com o desempenho dos híbridos obtidos pelo cruzamento entre elas (Bernardo, 2002).

TABELA 16. Estimativa das correlações fenotípicas (r) entre o desempenho *per se* dos pais e seu desempenho em combinações híbridas, no experimento envolvendo os cruzamentos de clones elite para as características circunferência à altura do peito (CAP) e densidade básica da madeira (DEN).

Local	CAP		DEN	
	r	Valor-p	r	Valor-p
Aracruz	0,059	0,80	0,887	0,00
São Mateus	0,221	0,34	0,852	0,00
Caravelas	0,057	0,81	0,926	0,00
Conjunta	0,090	0,70	0,902	0,00

O desempenho dos marcadores microssatélites em prever o comportamento dos híbridos também pôde ser observado quando se fez a proporção de coincidência dos híbridos de maior divergência genética, utilizando-se diferentes intensidades de seleção para os parâmetros do dialelo (Tabela 17). Observa-se que as maiores porcentagens de coincidência, para todas as intensidades de seleção utilizadas, foram para a CAP. Esse resultado indica que, utilizando-se uma intensidade de 20%, ou seja, entre os 22 híbridos mais divergentes relacionados, encontram-se os 7 híbridos com maior média para CAP. Essa porcentagem de coincidência entre os híbridos de maiores divergências genéticas e os parâmetros do dialelo foi diminuindo conforme a intensidade de seleção aumentava, exceto para a CAP em que, utilizando uma intensidade de seleção de 5%, obteve-se uma coincidência de 33,3%. A partir de uma intensidade de seleção de 1%, não foi encontrada mais coincidência entre os híbridos de maior divergência e de maiores estimativas dos parâmetros avaliados.

A mesma análise foi realizada considerando a proporção de coincidência dos híbridos de menores divergências genética (Tabela 18). Pode-se observar que a maior coincidência para intensidade de seleção de 20% ocorreu com a CGC_{CAP} , com 10% com a CGC_{CAP} e CGC_{DEN} , com 5% para a CGC_{CAP} , CGC_{DEN} e DEN e para 1% com a CGC_{CAP} . Esses resultados reforçam aqueles apresentados pelas correlações, principalmente a de Pearson (Tabela 14), mostrando que a predição do desempenho do híbrido pode ser feita pela divergência genética, embora de uma forma não tão acurada. No entanto, novamente, não se recomenda a substituição dos cruzamentos dialélicos pela predição utilizando marcadores moleculares do tipo microssatélites.

TABELA 17. Proporção de coincidência (%) entre os híbridos de maiores divergências genéticas e a estimativa dos efeitos da capacidade específica (CEC_{CAP}) e geral de combinação (CGC_{CAP}) para circunferência à altura do peito, estimativa dos efeitos da capacidade específica (CEC_{DEN}) e geral de combinação (CGC_{DEN}) para densidade e a média dos híbridos para circunferência (CAP) e densidade (DEN), utilizando-se diferentes intensidades de seleção (20, 10, 5, 1 e 0,9).

P (%) selecionados	CEC_{CAP}	CGC_{CAP}	CEC_{DEN}	CGC_{DEN}	CAP	DEN
20	0	22,73	13,64	27,27	31,82	18,18
10	0	27,27	9,09	9,09	27,27	9,09
5	0	16,67	0	0	33,33	0
1	0	0	0	0	0	0
0,9	0	0	0	0	0	0

TABELA 18. Proporção de coincidência (%) entre os híbridos de menores divergências genéticas e a estimativa dos efeitos da capacidade específica (CEC_{CAP}) e geral de combinação (CGC_{CAP}) para circunferência à altura do peito, estimativa dos efeitos da capacidade específica (CEC_{DEN}) e geral de combinação (CGC_{DEN}) para densidade e a média dos híbridos para circunferência (CAP) e densidade (DEN), utilizando-se diferentes intensidades de seleção (20, 10, 5, 1 e 0,9).

P (%) selecionados	CEC_{CAP}	CGC_{CAP}	CEC_{DEN}	CGC_{DEN}	CAP	DEN
20	22,73	40,91	13,64	13,64	31,83	9,09
10	18,18	27,27	9,09	27,27	9,09	9,09
5	0	16,67	0	16,67	0	16,67
1	0	50,00	0	0	0	0
0,9	0	0	0	0	0	0

5 CONCLUSÕES

Os híbridos apresentaram, em média, desempenho inferior aos dos clones para circunferência à altura do peito e densidade básica da madeira.

Constatou-se predominância do comportamento não diferencial dos genótipos ao longo dos ambientes.

A capacidade geral de combinação explicou a maior parte da variação para a característica densidade básica da madeira. Já para a circunferência à altura do peito, a variação foi explicada tanto pela capacidade geral quanto pela capacidade específica de combinação.

O desempenho *per se* dos pais não reflete o desempenho médio dos mesmos em combinações híbridas para circunferência à altura do peito. Entretanto, para densidade básica da madeira, o desempenho dos pais em combinações híbridas terá comportamento semelhante àquele apresentado pelo desempenho *per se* dos mesmos.

Foi observada correlação negativa entre a circunferência à altura do peito e densidade básica da madeira, o que dificulta a seleção simultânea para ambos os caracteres.

Apesar de a divergência genética ter apresentado correlações não nulas ($P \leq 0,01$) com a capacidade específica de combinação e com a média dos híbridos para circunferência à altura do peito, deve-se enfatizar que esta predição, por meio de marcadores moleculares do tipo microssatélite, foi considerada de baixa acurácia para poder substituir os cruzamentos dialélicos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABREU, A. de F. B. **Predição do potencial genético de populações segregantes do feijoeiro utilizando genitores inter-raciais.** 1997. 79 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.
- AGUIAR, A. M. **Uso do delineamento III com marcadores moleculares para a análise genética da produção de grãos e seus componentes em milho.** 2003. 127 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba.
- AJMONE-MARSAN P.; CASTIGLIONI P.; FUSARI F. Genetic diversity and relationship to hybrid performance in maize as revealed by RFLP and AFLP markers. **Theoretical Applied Genetics**, Berlin, v. 96, n. 2, p. 219–227, Feb. 1998.
- ALVES, R. M. **Caracterização genéticas de populações de cupuazeiro, *Theobroma grandiflorum* (Will ex Spreng) Schum., por marcadores microssatélites e descritores botânico-agronômicos.** 2002. 146 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba.
- AMORIN, E. P. **Produtividade de híbrido de milho, derivados de populações S₀, e associação com distância genética baseada em microssatélites.** 2005. 97 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.
- 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, MG.
- ANDRADE, H. B. **Eficiência dos experimentos com clones na cultura do eucalipto.** 2002. 162 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

ASSIS, T. F. de. Melhoramento genético do eucalipto. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 18, n. 185, p. 32-51, 1996.

ASSIS, T. F. de. Production and use of *Eucalyptus* hybrids for industrial purposes. In: DUNGEY, H. S.; DIETERS, M. J.; NIKLES, D. G. Hybrid breeding and genetics of forest trees, 2000, Noosa. **Proceedings...** Brisbane: Department of Primary Industries, 2000. p. 63-74.

BARBOSA, A. M. M.; GERALDI, I. O.; BENCHIMOL, L. L.; GARCIA, A. A. F.; SOUZA Jr., C. L.; SOUZA, A. P. Relationship of intra and interpopulation tropical maize single cross hybrid performance and genetic distance computed from AFLP and SSR markers. **Euphytica**, Wageningen, v. 87, n. 1, p. 87-99, 2003.

BARRIL, C. P.; VERHAEGEN, D.; VIGNERON, P.; BOUVET, J. M.; KREMER, A. Structure of the specific combining ability between two species of *Eucalypts*: 1-RAPD data. **Theoretical Applied Genetics**, Berlin, v. 94, n. 6/7, p. 796-803, May 1997.

BENCHIMOL, L. L.; SOUZA, Jr, C. L.; GARCIA, A. A. F.; KONO, P. M. S.; MANGOLIN, C. A.; BARBOSA, A. M. M.; COELHO, A. S. G.; SOUZA, A. P. Genetic diversity in tropical maize inbreed lines: heterotic group assignment and hybrid performance determined by RFLP markers. **Plant Breeding**, Berlin, v. 119, n. 6, p. 491-496, Dec. 2000.

BERTOLUCCI, F. de L. G.; REZENDE, G. D. S. P.; PENCHEL, R.; Produção e utilização de híbridos de eucalipto. **Silvicultura**, São Paulo, v. 13, n. 51, p. 12-16, set./out. 1993.

BISON, O. **Melhoramento de eucalipto visando à obtenção de clones para a indústria de celulose**. 2004. 169 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. **Marcadores moleculares**. Viçosa: UFV, 2006. 374 p.

BORRALHO, N. M. G. Seed orchards or cuttings: wich is the best? In: IUFRO CONFERENCE. **Silviculture and improvement of eucalyptus**: proceedings. Colombo: EMBRAPA, 1997, v. 1, p. 330-336.

BOUVET, J. M.; VIGNERON, P. Variance structure in *Eucalyptus* hybrid populations. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 45, n. 2/3, p. 171-177, 1996.

BOWCOCK, A. M.; RUIZ-LINARES, A.; TOMFOHRDE, J.; MINCH, E.; KIDD, J. R.; CAVALLI-SFORZA, L. L. High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellite. **Nature**, London, v. 368, n. 6470, p. 455-457, Mar. 1994.

BRONDANI, C.; BRONDANI, R. P. V.; RANGEL, P. H. N.; FERREIRA, M. E. Development and mapping of *Oryza glumaepatula* derived microsatellite markers in the interspecific cross *Oryza glumaepatula* x *O. sativa*. **Hereditas**, LandsKrona, v. 134, n. 1, p. 59-71, 2001.

BRONDANI, R. P. V.; BRONDANI, C.; TARCHINI, R.; GRATTAPAGLIA, D. Development, characterization and mapping of microsatellite markers in *Eucalyptus grandis* and *E. urophylla*. **Theoretical Applied Genetics**, Berlin, v. 97, n. 5/6, p. 816-827, Oct. 1998.

BRONDANI, R. P. V.; TARCHINI, R.; GRATTAPAGLIA, D. Development And Mapping Of Microsatellite Based Markers In *Eucalyptus*. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 97, n. 5/6, p. 816-827, Oct. 1998.

BRONDANI, R. P. V.; WILLIAMS, E.; BRONDANI, C.; GRATTAPAGLIA, D. A microsatellite-based consensus linkage map for species of *Eucalyptus* and a novel set of 230 microsatellite markers for the genus. **BMC Plant Biology (Online)**, v. 6, p. 1-16, 2006.

CAETANO-ANOLLES, G. Scanning of nucleic acids by in vitro amplification: new developments and applications. **Nature Biotechnology**, London, v. 14, p. 1668-1674, 1996.

CHOWDARI, K. V.; VENKATACHALAM, S. R.; DAVIERWALA, A. P.; GUPTA, V. S.; RANJEKAR, P. K.; GOVILA, O. P. Hybrid performance and genetic distance as revealed by the (GATA)₄ microsatellite and RAPD markers in pearl millet **Theoretical Applied Genetics**, Berlin, n. 1, v. 97, p. 163-169, 1998.

CRUZ, C. D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. rev. Viçosa: UFV, 2001. 390 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, J. A.; CARNEIRO, P. C. S. Divergência genética. In: CRUZ, C. D.; REGAZZI, J. A.; CARNEIRO, P. C. S. (Ed.). **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2004. v. 1, cap. 8, p. 377-413.

DIAS, L. A. dos S. **Divergência genética e fenética multivariada da predição de híbridos e preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.)**. 1994. 94 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

DIWAN, N.; CREGAN, P. B. Automated sizing of Fluorescent-labeled simple sequence repeat (SSR) markers to assay genetic variation in soybean. **Theoretical Applied Genetics**, Berlin, v. 95, n. 5/6, p. 723-733, Oct. 1997.

DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, Gaithersburg, v. 12, p. 13-15, 1990.

DRINIC, S. M.; TRIFUNOVIC, S.; DRINIC, G.; KONSTANTINOV, K. Genetic divergence and its correlation to heterosis in maize as revealed by SSR base marker. **Maydica**, Bergamo, v. 47, n. 1, p. 1-8, 2002.

DUARTE, J. M.; SANTOS, J. B. DOS; MELO, L. C. Comparison of similarity coefficients based on RAPD markers in the common bean. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 22, n. 3, 427-432, Sept. 1999.

DUDLEY, J. W.; SAGHAI MAROOF, M. A.; RUFENER, G. K. Molecular marker information and selection of parents in corn breeding programs. **Crop Science**, Madison, v. 32, n. 2, p. 301-304, Mar./Apr. 1992.

ELDRIDGE, K. Genetic improvement of *Eucalyptus*. In: WORLD CONSULTATION ON FOREST TREE BREEDING, 3., 1977. Canberra. **Invited Special Paper...** Canberra, 1977. 12 p. (FO-FTB-77-3/5).

ELDRIDGE, K.; DAVIDSON, I.; HARWOOD, C.; VAN WYK, G. **Eucalypt domestication and breeding**. New York: Oxford University Press, 1993. 288 p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Essex, England: Ed. Longman, 1996. 464 p.

FERREIRA, D. F. **Estatística básica**. Lavras: Editora UFLA, 2005. 664 p.

FERREIRA, M. Histórico da introdução de espécies florestais de interesse econômico e o estado de sua conservação no Brasil. In: **Memórias do “Workshop” sobre Conservação e Uso de Recursos Genéticos Florestais**. Paranaguá. Colombo: Embrapa Florestas, 2001. p. 19-66.

FERREIRA, M.; SANTOS, P. E. T. dos. Melhoramento genético florestal dos *Eucalyptus* no Brasil: breve histórico e perspectivas. In: IUFRO CONFERENCE ON SILVICULTURE AND IMPROVEMENT OF EUCALYPTUS, 1997, Salvador. **Proceedings...** Colombo: EMBRAPA – Centro Nacional de Pesquisa de Florestas, 1997. v. 1, p. 14-34.

GAIOTTO, F. A.; BRAMUCCI, M.; GRATTAPAGLIA, D. Estimation of outcrossing rate in breeding population of *Eucalyptus urophylla* with dominant RAPD and AFLP markers. In: **IUFRO – Conference on silviculture and improvement of eucalyptus**. Salvador, Brazil, 1997. p. 53-59.

GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related population. **Biometrics**, Washington, v. 22, n. 3, p. 439-452, Sept. 1966.

GONÇALVES, F.; REZENDE, G. D. S. P.; BERTOLUCCI, F. L. G.; RAMALHO, M. A. P. Progresso genético por meio de seleção de clones de eucalipto em plantios comerciais. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 25, n. 3, p. 295-301, maio/jun. 2001.

GRATTAPLAGIA, D. Marcadores moleculares em espécies florestais: *Eucalyptus* como modelo. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-ILGLIS, M. C. **Recursos genéticos e melhoramento: plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 967-1010.

GRATTAPLAGIA, D.; CHAPARRO, J.; WILCOX, P.; McCORD, S.; WERNER, D.; AMERSON, H.; McKEAND, S.; BRIDG-WATER, F.; WHETTEN, R.; O’MALLEY, D.; SEDEROFF, R. Mapping in wood plants with RAPD markers: Application to breeding in forestry and horticulture. In: SYMPOSIUM “APPLICATIONS OF RAPD TECHNOLOGY OF PLANT BREEDING”, 1992. **Proceedings...** Crop Science Society of America, 1992. p. 37-40.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal Biological Science**, Melbourne, v. 9, n. 3, p. 463-493, 1956.

GRODZICKER, T.; WILLIAMS, J.; SHARP, P.; SAMBOOK, J. Physical mapping of temperature-sensitive mutations adenoviruses. **Cold Spring Harbour Symposia on Quantitative Biology**, Plainview, v. 39, p. 439-446, 1974.

HAMADA, H.; KAKUNAGA, T. Potential Z-DNA forming sequences are highly dispersed in the human genome. **Nature**, London, v. 298, n. 5872, p. 396-398, July 1982.

HARDNER, C. M.; POTTS, B. M. Inbreeding and depression in variation after selfing in *Eucalyptus globulus* ssp. *Globulus*. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 44, n. 1, p. 46-54, 1995.

HARRIS, R. J. **A primer of multivariate statistics**. New York: Academic Press, 1975. 332 p.

HOTELLING, H. The generalization of student's ratio. **The Annals of Mathematical Statistics**, Baltimore, v. 2, p. 360-378, 1931.

IDURY, R. M.; CARDON, L. R. A simple method for automated allele binning in microsatellite markers. **Genome Research**, Cold Spring Harbor, v. 7, n. 11, p. 1104-1109, Nov. 1997.

IKEMORI, Y. K. **Genetic variation in characteristics of *Eucalyptus grandis* raised from micro-propagation and seed**. 1990. 123 p. Tese (Doutoramento-OFI) – Oxford.

JACCARD, P. Nouvelles recherches sur la distribution florale. **Bulletin de la Société Vaudoise des Sciences Natureles**, Lausanne, v. 44, p. 223-270, 1908.

JIN, L.; CHAKRABORTY, R. Estimation of genetic distance and coefficient of gene diversity from single-probe multilocus DNA finger-printing data. **Molecular Biology Evolution**, Oxford, v. 11, n. 1, p. 120-127, 1993.

JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. W. **Applied multivariate statistical analysis**. New Jersey: Prentice-Hall, 1988. 607 p.

JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. W. **Applied multivariate statistical analysis**. 3. ed. Englewood Cliffs: Prentice Hall, 1992. 642 p.

KIRST, M.; CORDEIRO, C. M.; REZENDE, G. D. S. P.; GRATAPLAGIA, D. Power of microsatellite markers for fingerprinting and parentage analysis in *Eucalyptus grandis* breeding populations. **Journal of Heredity**, Cary, v. 96, n. 2, p. 161-166, Mar. 2005.

KOSTIA, S.; VARVIO, S. L.; VAKKARI, P.; PULKKINEN, P. Microsatellite sequences in a conifer, *Pinus sylvestris*. **Genome**, Ottawa, v. 38, n. 6, p. 1244-1248, Dec. 1995.

LEDO, C. A. da S. **Análise de variância multivariada para os cruzamentos dialélicos**. 2002. 126 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

LITT, M.; LUTY, J. A. A hypervariable microsatellite revealed by *in vitro* amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. **American Journal of Human Genetics**, Chicago, v. 44, n. 3, p. 389-401, mar. 1989.

LIU, Z. Q.; PEI, Y.; PU, Z. J. Relationship between hybrid performance and genetic diversity based on RAPD markers in wheat, *Triticum aestivum* L. **Plant Breeding**, Berlin, v. 118, n. 2, p. 119-123, Apr. 1999.

LOPEZ, C. R. **Variações fenotípicas e genéticas de *Eucalyptus urophylla* ST. Blake da Ilha das Flores (Indonésia)**. 1992. 125 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

LORENCETTI, C.; CARVALHO, F. I. F. de; OLIVEIRA, A. C.; VALÉRIO, I. P.; BENIN, G. ZIMMER, P. D.; VIEIRA, E. A. Distância genética e sua associação com heterose e desempenho de híbridos em aveia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v. 41, n. 4, p. 591-598, abr. 2006.

MALUF, W. R.; FERREIRA, P. E.; MIRANDA, J. E. C. Genetic divergence in tomatoes and relationship with heterosis for yield in F1 hybrids. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 6, n. 3, p. 453-460, set. 1983.

MARDIA, K. L.; KENT, J. T.; BIBBY, J. M. **Multivariate analysis**. London: Academic Press, 1979. 512 p.

MARKLUND, S.; ELLEGREN, H.; ERIKSSON, S.; SANDBERG, K.; ANDERSSON, L. Parentage testing and linkage analysis in the horse using a set of highly polymorphic microsatellites. **Animal Genetics**, Oxford, v. 25, n. 1, p. 19-23, Feb. 1994.

MARQUES JÚNIOR, O. G. **Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos e avaliação da eficiência da seleção precoce em *Eucalyptus cloeziana* F. Muell.** 1995. 69 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

MARQUES, C. M.; ARAUJO, J. A.; FERREIRA, G. J.; WHETTEN, R.; O'MALLEY, D. M.; LIU, B. H.; SEDEROFF, R. AFLP genetic map of *Eucalyptus globulus* and *E. tereticornis*. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 96, n. 6/7, p. 727-737, May 1998.

MARTEL, J. H. I.; FERRAUDO, A. S.; MÔRO, J. R.; PERECIN, D. Estatística multivariada na discriminação de raças amazônicas de pupunheiras (*Bactris gasipaes* Kunth) em Manaus. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 25, n. 1, p. 1-9, abr. 2003.

MORAIS, O. P. **Análise multivariada da divergência genética dos progenitores, índice de seleção combinada numa população de arroz oriunda de intercruzamentos, usando a macho-esterilidade.** 1992. 251 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

OLIVEIRA, M. do S. P. **Caracterização molecular e morfo-agronômica de germoplasma de açaizeiro.** 2005. 171 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

O'MALLEY, D. M.; GRATTAPLAGIA, D.; CHAPARRO, J. X.; WILCOX, L.; AMERSON, H. V.; LIU, B. H.; WHETTEN, R.; MCKEAN, S.; KUHLMAN, E. G.; MCCORD, S.; CRANE, B.; SEDEROFF, R. R. Molecular markers, forests genetics and tree breeding. In: GUSTAFSON, J. P.; FLAVELL, R. B. (Ed.) **Genomes of plants and animals**. New York: Plenum Press, 1996. p. 87-102.

PAULA, R. C. de; PIRES, I. E.; BORGES, R. de C. G.; CRUZ C. D. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 2, p. 159-165, fev. 2002.

PEREIRA, R. C. **Alternativas para melhorar a eficiência dos cruzamentos dos programas de melhoramento de eucalipto**. 2001. 43 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

PRYOR, L. D. **Biology of *Eucalyptus***. Canberra: Edward Arnold, 1976. 78 p. (Studies in Biology).

PRYOR, L. D.; JOHNSON, L. A. S. **Classification of the *Eucalyptus***. Canberra: Australian National University, 1971. 102 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas – aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: Editora UFG, 1993. 271 p.

RASMUSSEN, D. C.; PHILLIPS, R. L. Plant breeding progress and genetic diversity from the new variation and elevated epistasis. **Crop Science**, Madison, v. 37, n. 2, p. 303-308, Mar./Apr. 1997.

RAO, C. R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: Wiley, 1952. 390 p.

RAO, C. R.; PRASSAD, A. S. R.; KRISHNA, T. S. Genetic divergence among some brown planthopper resistant rice varieties. **Indian Journal of Genetic & Plant Breeding**. New Delhi, v. 41, n. 2, p. 179-185, July, 1981.

REIF, J. C.; MELCHINGER, A. E.; FRISCH, M. Genetical and mathematical properties of similarity and dissimilarity coefficients applied in plant breeding and seed bank management. **Crop Science**, Madison, v. 45, n. 1, p. 1-7, Jan./Feb. 2005.

REIF, J. C.; MELCHINGER, A. E.; XIA, X. C.; WARBURTON, M. L.; HOISINGTON, D. A.; VASAL, S. K.; BECK, D; BOHN, M.; FRISH, M. Use of SSRs for establishing heterotic groups in subtropical maize. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 107, n. 5, p. 947-957, Sept. 2003.

REGAZZI, A. Análise multivariada. In: ENCONTRO MINEIRO DE GENETICISTA, 5., 1998, Viçosa, MG. **Anais...** Viçosa: Sociedade Brasileira de Genética Regional Minas Gerais, 1998. p. 55.

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

REZENDE, G. D. S. P. Melhoramento genético do eucalipto. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1., 2001, Goiânia. **Anais...** Goiânia: EMBRAPA Arroz e Feijão, 2001. 1CD-ROM.

REZENDE, G. D. S. P.; BERTOLUCCI, F. de L. G.; RAMALHO, M. A. P. Eficiência de seleção precoce na recomendação de clones de eucalipto avaliados no norte do Espírito Santo e sul da Bahia. **Cerne**, Lavras, v. 1, n. 1, p. 45-50, 1990.

REZENDE, G. D. S. P.; RESENDE, M. D. V. de. Dominance effects in *Eucalyptus grandis*, *Eucalyptus urophylla* and hybrids. In: DUNGEY, H. S.; DIETERS, M. J.; NIKLES, D. G. Hybrid breeding and genetics of forest trees, 2000, Noosa. **Proceedings...** Brisbane: Department of Primary Industries, 2000. p. 93-100.

ROHLF, F. J. **Numerical taxonomy and multivariate analysis system**. New York, 1992., 470 p.

SAGAKUTI, E. S. **Utilização de técnicas de análises multivariadas na avaliação de cruzamentos dialélicos em coelhos**. 1994. 172 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

SAKIYAMA, N. S. Marcadores moleculares e as hortaliças. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 11, n. 2, p. 204-206, Nov. 1993.

SAS INSTITUTE. **SAS language and procedure: Usage**. Version 8. 1. Cary, NC: SAS Institute, 2000. 1CD-ROM.

SHULL, G. H. What is “heterosis”? **Genetics**, Austin, v. 33, n. 5, p. 439-466, 1948.

SILVEIRA, V. **Comportamento de clones de *Eucalyptus* em diversos ambientes definidos pela qualidade de sítio e espaço**. 1999. 124 p. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

SKROCH, P.; TIVANG, J.; NEINHUIS, J. Analysis of genetic relationships using RAPD marker data. In: APPLICATIONS OF RAPD TECHNOLOGY TO PLANT BREEDING. **Proceedings...** Minneapolis: Crop Science Society of America, 1992. p. 26-30.

SMITH, D. N.; DEVEY, M. E. Occurrence and inheritance of microsatellites in *Pinus radiata*. **Genome**, Ottawa, v. 37, n. 6, p. 977-983, Dec. 1994.

SOUSA, N. R. **Variabilidade genética e estimativa de parâmetros genéticos em germoplasma de guaranazeiro**. 2003. 99 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

SOUZA, J. C. de. **Capacidade de combinação e seleção clonal em um dialelo de batata (*Solanum tuberosum* L.)**. 1999. 86 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

SOUZA JÚNIOR, C. L. de. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento – plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 159-199.

SOUZA JÚNIOR, C. L. **Predição de híbridos** [mensagem pessoal]. Mensagem recebida por edson_amorim@ufla.br em 26 de outubro de 2004.

TONACO, I. A. N. **Macho esterilidade em *Eucalyptus urophylla***. 2002. 51 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

TRUGILHO, P. F.; LIMA, J. T.; MENDES, L. M. Influência da idade nas características do eucalipto. **Revista da Madeira**, v. 15, n. 92, p. 82-88, out. 2005.

VAILLANCOURT, R. E.; POTTS, B. M.; WATSIN, M.; VOLKER, P. W.; HODGE, G. R.; REID, J. B.; WEST, A. K. Detection and prediction of heterosis in *Eucalyptus globulus*. **Forest Genetics**, Melbourne, v. 2, n. 1, p. 11-19, 1995.

VENCOVSKY, R.; RAMALHO, M. A. P. Contribuições do melhoramento genético de plantas no Brasil. In: PATERNIANI, E. (Ed.). **Agricultura brasileira e pesquisa agropecuária**. Brasília: EMBRAPA Comunicação para Transferência de Tecnologia, 2000. p. 57-89.

VIANA, J. M. S. **Divergência genética, estabilidade e adaptabilidade de clones de cana-de-açúcar (*Sacharum* spp)**. 1991. 108 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

WEISING, K.; WEIGAND, F.; DRIESEL, A. J.; KAHL, G.; ZISCHLER, H.; EPPLER, J. T. Polymorphic simple GATA/GACA repeats in plant genomes. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 17, n. 23, p. 120-128, Dec. 1989.

WHITE, G.; POWELL, W. Isolation and characterization of microsatellite loci in *Swietenia humilis* (Meliaceae): an endangered tropical hardwood species. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 6, n. 9, p. 851, Sept. 1997.

WILKS, S. S. Certain generalization in the analysis of variance. **Biometrika**, London, v. 24, n. 3/4, p. 471-494, Dec. 1932.

WILLIAMS, J. G.; KUBELIK, A. R.; LIVAK, K. J.; RAFALSAKI, L. A.; TINGEY, S. V. DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful as genetics markers. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 18, n. 22, p. 6531-6535, Nov. 1990.

WU, K.; TANKSLEY, S. D. Abundance, polymorphism and genetic mapping of microsatellites in rice. **Molecular and General Genetics**, Washington, v. 241, n. 1/2, Oct. 1993.

ANEXOS

ANEXO A		Página
TABELA 1A	Resumo das análises de variância para as características circunferência à altura do peito (CAP) e densidade básica da madeira (DEN), obtido na avaliação dos cruzamentos dialélicos entre clones elite, aos dois anos de idade, em Aracruz, ES.....	89
TABELA 2A	Resumo das análises de variância para as características circunferência à altura do peito (CAP) e densidade básica da madeira (DEN), obtido na avaliação dos cruzamentos dialélicos entre clones elite, aos dois anos de idade, em São Mateus, ES.....	90
TABELA 3A	Resumo das análises de variância para as características circunferência à altura do peito (CAP) e densidade básica da madeira (DEN), obtido na avaliação dos cruzamentos dialélicos entre clones elite, aos dois anos de idade, em Caravelas, BA.....	91
TABELA 4A	Estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) e da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}), para a circunferência à altura do peito (CAP), aos dois anos de idade, em Aracruz, ES.....	92
TABELA 5A	Estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) e da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}), para a densidade básica da madeira (DEN), aos dois anos de idade, em Aracruz, ES.....	93

TABELA 6A	Estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) e da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}), para a circunferência à altura do peito (CAP), aos dois anos de idade, em São Mateus, ES.....	94
TABELA 7A	Estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) e da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}), para a densidade básica da madeira (DEN), aos dois anos de idade, em São Mateus, ES.....	95
TABELA 8A	Estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) e da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}), para a circunferência à altura do peito (CAP), aos dois anos de idade, em Caravelas, BA.....	96
TABELA 9A	Estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) e da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}), para a densidade básica da madeira (DEN), aos dois anos de idade, em Caravelas, BA.....	97
TABELA 10A	Média dos híbridos e dos clones utilizados como testemunhas, para circunferência à altura do peito (CAP), obtidas na avaliação de cruzamentos dialélicos entre clones elite, aos dois anos de idade, em Aracruz, ES.....	98
TABELA 11A	Média dos híbridos e dos clones utilizados como testemunhas, para densidade básica de madeira (DEN), obtidas na avaliação de cruzamentos dialélicos entre clones elite, aos dois anos de idade, em Aracruz, ES.....	99

TABELA 12A	Média dos híbridos e dos clones utilizados como testemunhas, para circunferência à altura do peito (CAP), obtidas na avaliação de cruzamentos dialélicos, aos dois anos de idade, em São Mateus, ES.....	100
TABELA 13A	Média dos híbridos e dos clones utilizados como testemunhas, para densidade básica de madeira (DEN), obtidas na avaliação de cruzamentos dialélicos, aos dois anos de idade, em São Mateus, ES.....	101
TABELA 14A	Média dos híbridos e dos clones utilizados como testemunhas, para circunferência à altura do peito (CAP), obtidas na avaliação de cruzamentos dialélicos, aos dois anos de idade, em Caravelas, BA.....	102
TABELA 15A	Média dos híbridos e dos clones utilizados como testemunhas, para densidade básica da madeira (DEN), obtidas na avaliação de cruzamentos dialélicos, aos dois anos de idade, em Caravelas, BA.....	103
TABELA 16A	Relação dos marcadores desenvolvidos por Brondani et al. (2006), CSIRO e por Lourenço et al. (2004) utilizados para a realização da genotipagem dos genitores.....	104

ANEXO B

Página

ANEXO 1B	Rotinas utilizadas para a análise de variância individual nos experimentos envolvendo clones elite ..	105
ANEXO 2B	Rotinas utilizadas para a análise de variância conjunta nos experimentos envolvendo clones elite.....	106
ANEXO 3B	Rotinas utilizadas para a análise dos dialelos completos desbalanceados.....	107

ANEXO A

TABELA 1A. Resumo das análises de variância para as características circunferência à altura do peito (CAP) e densidade básica da madeira (DEN), obtido na avaliação dos cruzamentos dialélicos entre clones elite, aos dois anos de idade, em Aracruz, ES.

FV	CAP (cm)			DEN (kg/m ³)	
Efeito fixo	GL	F	Valor-p	F	Valor-p
Tratamentos Ajustados	157	10,91	0,00	38,03	0,00
Híbridos (H)	136	11,65	0,00	31,31	0,00
Clones (C)	20	5,84	0,00	80,51	0,00
H vs C	1	18,79	0,00	84,76	0,00
Efeito aleatório		σ^2	Valor-p	σ^2	Valor-p
Repetições		0,26	0,00	84,21	0,00
Blocos / Repetições		0,07	0,33	7,65	0,00
Erro		24,73	0,00	250,89	0,00
CV (%)		16,24		3,75	
Eficiência Látice (%)		100,24		102,83	
Média Híbridos		30,34		421,48	
Média Clones		31,15		427,04	

Eficiência Látice = $QMErro_{\text{Blocos}} / \text{Var Erro}$.

TABELA 2A. Resumo das análises de variância para as características circunferência à altura do peito (CAP) e densidade básica da madeira (DEN), obtido na avaliação dos cruzamentos dialélicos entre clones elite, aos dois anos de idade, em São Mateus, ES.

FV	CAP (cm)		DEN (kg/m ³)			
	Efeito fixo	GL	F	Valor-p	F	Valor-p
Tratamentos Ajustados	157	7,43	0,00		0,68	0,00
Híbridos (H)	136	7,58	0,00		16,99	0,00
Clones (C)	20	4,05	0,00		43,76	0,00
H vs C	1	63,20	0,00		33,12	0,00
Efeito aleatório		σ^2	Valor-p		σ^2	Valor-p
Repetições		0,32	0,06		1,53	0,13
Blocos / Repetições		1,31	0,00		10,84	0,00
Erro		40,98	0,00		310,8	0,00
CV(%)		19,67			4,22	
Eficiência Látice (%)		102,90			103,16	
Média Híbridos		31,99			417,49	
Média Clones		34,37			422,23	

Efic. Látice = $QMErro_{\text{Blocos}} / \text{Var Erro}$

TABELA 3A. Resumo das análises de variância para as características circunferência à altura do peito (CAP) e densidade básica da madeira (DEN), obtido na avaliação dos cruzamentos dialélicos entre clones elite, aos dois anos de idade, em Caravelas, BA.

FV	CAP (cm)		DEN (kg/m ³)		
	GL	F	Valor-p	F	Valor-p
Tratamentos Ajustados	157	11,12	0,00	26,85	0,00
Híbridos (H)	136	10,41	0,00	24,72	0,00
Clones (C)	20	8,25	0,00	42,39	0,00
H vs C	1	180,28	0,00	3,93	0,05
Efeito aleatório		σ^2	Valor-p	σ^2	Valor-p
Repetições		1,45	0,00	6,85	0,00
Blocos / Repetições		2,58	0,00	7,39	0,00
Erro		36,77	0,00	363,99	0,00
CV(%)		18,80		4,68	
Eficiência Látice (%)		106,50		101,88	
Média Híbridos		29,08		407,73	
Média Clones		32,24		406,28	

Eficiência Látice = $QMErro_{\text{Blocos}} / \text{Var Erro}$

TABELA 4A. Estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) e da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}), para a circunferência à altura do peito (CAP), aos dois anos de idade, em Aracruz, ES.

Pais	\hat{s}_{ij}																	\hat{g}_i	
	3	4	5	6	7	8	9	10	11	13	14	15	16	17	18	19	20		21
1	----	----	----	1,15	----	----	-0,74	----	-0,28	----	----	----	-0,12	----	----	----	----	----	0,69
2	-1,14	1,36	----	-1,36	1,27	-1,57	0,05	0,80	-1,27	-1,12	-0,37	-1,26	-0,22	-0,31	1,28	1,39	1,24	1,24	-1,10
3	----	----	----	-0,54	----	----	----	----	0,53	----	----	----	0,31	1,09	-0,25	----	----	----	0,94
4	----	----	-2,10	0,71	0,03	2,21	0,50	----	1,23	-3,75	2,86	-2,24	----	0,89	-1,15	-0,92	0,01	0,35	1,02
5	----	----	----	----	----	-3,96	1,05	----	1,83	----	0,50	----	1,40	----	0,03	1,24	----	----	0,67
6	----	----	----	----	-0,59	9,96	1,25	----	-4,06	----	-2,84	----	-6,71	1,93	----	1,20	0,67	-0,77	-0,02
7	----	----	----	----	----	-0,30	0,71	----	0,97	-0,50	2,42	0,08	1,59	-0,94	-0,95	-1,46	-2,34	----	2,67
8	----	----	----	----	----	----	----	----	-1,73	-0,52	----	-0,24	0,40	-2,10	0,04	-0,07	-2,09	----	-0,80
9	----	----	----	----	----	----	----	-0,72	1,23	1,30	----	1,06	1,69	-1,01	-0,25	-0,19	1,84	-7,80	-0,97
10	----	----	----	----	----	----	----	----	-0,99	----	----	----	----	0,99	-0,08	----	----	----	-3,30
11	----	----	----	----	----	----	----	----	----	1,62	-2,89	1,71	-3,43	1,17	0,59	1,84	----	1,91	0,64
12	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-0,25	----	----	----	0,25	----	----	----	0,56
13	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	1,52	----	0,00	0,14	1,29	----	0,16
14	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0,52	-2,17	----	----	0,19	----	2,03	-1,47
15	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	1,28	----	0,16	-1,06	----	----	-0,36
16	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-1,70	0,06	1,22	----	4,85	-0,69
17	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	1,59	-3,09	1,47	----	-1,89
18	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-0,37	----	-0,95	1,08
19	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-0,64	0,58	0,13
20	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-1,44	1,15
21	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	2,54

TABELA 5A. Estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) e da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}), para a densidade básica da madeira (DEN), aos dois anos de idade, em Aracruz, ES.

Pais	\hat{s}_{ij}																		\hat{g}_i
	3	4	5	6	7	8	9	10	11	13	14	15	16	17	18	19	20	21	
1	----	----	----	0,90	----	----	-3,10	----	1,38	----	----	----	0,82	----	----	----	----	----	- 8,26
2	3,96	1,52	----	-1,65	-3,93	1,41	-0,20	-1,89	0,37	6,38	5,23	-0,25	-0,13	-2,93	-1,21	-3,26	-3,83	0,44	12,92
3	----	----	----	-1,06	----	----	----	----	4,56	----	----	----	-0,23	-9,00	1,77	----	----	----	- 21,96
4	----	----	-3,92	5,59	-0,76	-0,40	2,73	----	1,66	0,06	1,38	-4,46	----	1,17	4,46	-5,68	-0,15	-3,20	- 23,55
5	----	----	----	----	----	24,17	-6,77	----	-5,35	----	-1,54	----	-4,72	----	0,31	-2,15	----	----	- 9,53
6	----	----	----	----	11,81	-17,37	-0,30	----	12,26	----	-0,50	----	8,04	-0,89	----	-1,08	-2,70	-13,02	8,33
7	----	----	----	----	----	-1,65	-4,23	----	-2,56	-9,14	-7,98	2,52	4,59	2,18	3,55	3,79	1,81	----	- 5,65
8	----	----	----	----	----	----	----	----	-0,62	0,32	----	-3,28	-9,95	8,25	-3,87	0,52	2,47	----	5,67
9	----	----	----	----	----	----	----	3,35	4,06	0,00	----	-3,54	1,04	-2,28	-5,74	-3,60	-2,36	20,97	4,89
10	----	----	----	----	----	----	----	----	-1,21	----	----	----	----	0,46	-0,70	----	----	----	11,81
11	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-5,42	2,10	-5,42	-4,44	0,17	0,67	-2,93	----	0,70	1,54
12	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0,70	----	----	----	1,82	----	----	----	- 8,14
13	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-0,86	----	7,14	-1,71	3,21	----	- 10,72
14	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	2,72	2,10	----	----	-0,91	----	-4,43
15	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-4,96	----	5,46	11,22	----	----	- 6,29
16	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	6,34	-1,79	1,86	----	2,30	9,65
17	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-6,63	3,70	-0,56	----	1,51
18	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-0,61	----	-0,97	5,15
19	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	2,88	-2,02	- 0,60
20	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-0,77	3,12
21	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	- 10,61

TABELA 6A. Estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) e da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}), para a circunferência à altura do peito (CAP), aos dois anos de idade, em São Mateus-ES.

Pais	\hat{s}_{ij}																			\hat{g}_i
	3	4	5	6	7	8	9	10	11	13	14	15	16	17	18	19	20	21		
1	----	----	----	1,83	----	----	-2,42	----	-1,13	----	----	----	1,72	----	----	----	----	----	3,52	
2	1,33	1,99	----	-1,05	-0,10	-0,75	1,51	0,40	-2,14	-2,55	1,86	-0,85	-1,84	-0,03	0,80	0,24	0,53	0,62	-0,63	
3	----	----	----	0,27	----	----	----	----	-0,87	----	----	----	2,51	-1,80	-1,44	----	----	----	1,51	
4	----	----	-2,52	0,08	-1,72	2,64	-1,50	----	0,11	-3,00	3,69	2,63	----	-2,53	0,99	-1,93	0,59	0,46	2,10	
5	----	----	----	----	----	-3,42	2,88	----	0,32	----	0,50	----	1,10	----	-0,40	1,53	----	----	0,38	
6	----	----	----	----	1,39	0,47	3,80	----	-3,73	----	-2,79	----	-6,82	4,64	----	1,17	0,15	0,57	-1,32	
7	----	----	----	----	----	-0,35	1,61	----	1,94	-1,85	2,31	0,98	-0,41	-2,10	0,91	-0,48	-2,13	----	2,67	
8	----	----	----	----	----	----	----	----	0,59	1,33	----	-0,18	0,56	-1,67	1,35	-1,13	0,55	----	-3,87	
9	----	----	----	----	----	----	----	----	-0,74	0,88	-0,63	----	0,58	0,93	-1,41	1,32	0,82	1,34	-8,99	
10	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-1,99	----	----	----	-0,12	2,46	----	----	----	-4,42	
11	----	----	----	----	----	----	----	----	----	1,27	-3,49	4,04	-2,53	3,17	-2,38	4,66	----	1,24	1,64	
12	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	1,37	----	----	----	-1,37	----	----	----	2,60	
13	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	2,47	----	-0,70	2,07	1,59	----	1,24	
14	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-3,42	-2,26	----	----	0,47	----	1,75	-1,47	
15	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	2,33	----	-2,93	-3,19	----	----	0,01	
16	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0,35	-2,54	-0,33	----	4,77	-1,97	
17	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	1,87	-3,37	3,00	----	-2,86	
18	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	1,36	----	0,66	0,24	
19	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-3,23	1,31	-0,40	
20	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-2,42	2,18	
21	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	2,73	

TABELA 7A. Estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) e da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}), para a densidade básica da madeira (DEN), aos dois anos de idade, em São Mateus, ES.

Pais	\hat{s}_{ij}																		\hat{g}_i
	3	4	5	6	7	8	9	10	11	13	14	15	16	17	18	19	20	21	
1	----	----	----	-1,78	----	----	3,26	----	1,77	----	----	----	-3,25	----	----	----	----	----	-12,84
2	2,21	8,66	----	-0,03	2,68	-2,19	0,53	5,28	4,57	-0,20	-2,95	-5,83	0,89	-3,41	-2,92	-3,37	-3,59	-0,30	11,13
3	----	----	----	-5,14	----	----	----	----	-0,78	----	----	----	-0,26	-0,94	4,92	----	----	----	-19,45
4	----	----	-9,54	2,68	4,98	1,01	-2,95	----	0,49	5,48	-5,34	12,90	----	-0,21	-5,06	-10,68	0,42	-2,84	-23,10
5	----	----	----	----	----	18,56	-1,66	----	-3,38	----	-2,83	----	-7,23	----	11,15	-5,06	----	----	- 8,21
6	----	----	----	----	3,67	3,69	-4,89	----	6,02	----	5,45	----	4,94	-2,66	----	-0,97	3,86	-14,83	5,99
7	----	----	----	----	----	-10,82	0,42	----	-1,70	-3,13	-2,04	-0,80	-0,91	2,07	0,23	1,29	4,05	----	- 4,75
8	----	----	----	----	----	----	----	----	-5,30	-3,14	----	-1,53	-8,31	12,79	-2,39	1,46	-3,81	----	8,21
9	----	----	----	----	----	----	----	-4,59	6,04	6,39	----	-1,97	3,42	-5,89	-13,80	-1,57	-3,53	20,81	6,88
10	----	----	----	----	----	----	----	----	-0,41	----	----	----	----	-0,34	0,07	----	----	----	11,19
11	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-4,97	2,38	-6,55	8,20	-4,99	1,28	0,60	----	-3,27	1,44
12	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	1,67	----	----	----	-1,67	----	----	----	- 4,25
13	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-0,72	----	2,78	-4,69	2,22	----	-13,17
14	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0,40	2,17	----	----	0,47	----	0,61	10,48
15	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-7,91	----	1,70	9,59	----	----	- 5,51
16	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	5,48	5,14	1,00	----	-2,64	9,46
17	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-3,42	7,19	-5,64	----	0,90
18	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	2,39	----	-0,41	6,07
19	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	2,73	-0,39	- 0,29
20	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	3,29	2,38
21	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-12,45

TABELA 8A. Estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) e da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}), para a circunferência à altura do peito (CAP), aos dois anos de idade, em Caravelas - BA.

Pais	\hat{s}_{ij}																	\hat{g}_i	
	3	4	5	6	7	8	9	10	11	13	14	15	16	17	18	19	20		21
1	----	----	----	1,84	----	----	-2,56	----	-1,31	----	----	----	2,03	----	----	----	----	----	2,99
2	1,38	2,53	----	-1,78	2,15	0,15	0,33	-0,26	-0,74	-2,21	0,25	-1,85	0,58	0,02	-2,06	-0,43	-1,90	3,86	-0,21
3	----	----	----	0,43	----	----	----	----	-0,27	----	----	----	-0,42	0,25	-1,37	----	----	----	1,01
4	----	----	-2,72	1,66	-0,61	2,43	-1,48	----	1,55	-3,54	4,53	0,54	----	0,03	1,20	-0,83	-1,71	-3,57	1,37
5	----	----	----	----	----	-3,34	0,74	----	0,97	----	-0,22	----	1,84	----	2,06	0,67	----	----	0,67
6	----	----	----	----	0,69	3,36	1,26	----	-3,92	----	-2,77	----	-6,89	3,81	----	1,71	-0,07	0,66	-0,68
7	----	----	----	----	----	-0,21	0,29	----	0,12	-1,79	3,62	1,05	1,20	-1,84	-0,24	-1,48	-2,94	----	1,48
8	----	----	----	----	----	----	----	----	-0,12	-0,13	----	-0,95	0,74	-1,20	0,33	-0,82	-0,22	----	-3,06
9	----	----	----	----	----	----	----	-1,04	2,70	1,32	----	-0,72	0,80	-0,30	1,89	0,95	5,44	-9,62	-0,46
10	----	----	----	----	----	----	----	----	0,25	----	----	----	----	0,22	0,82	----	----	----	-3,47
11	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0,84	-2,98	1,31	-1,02	1,26	-1,20	1,06	----	1,45	2,00
12	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-1,94	----	----	----	1,94	----	----	----	-0,65
13	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	2,54	----	-1,54	0,50	4,01	----	0,47
14	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-1,10	-3,77	----	----	1,51	----	2,87	-1,19
15	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	2,62	----	0,09	-0,99	----	----	0,28
16	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-1,51	-2,88	0,59	----	3,50	-2,03
17	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0,57	-2,89	1,55	----	-2,42
18	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-0,24	----	0,63	1,45
19	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-1,82	2,52	-1,41
20	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-2,32	1,59
21	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	3,10

TABELA 9A. Estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) e da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}), para a densidade básica da madeira (DEN), aos dois anos de idade, em Caravelas, BA.

Pais	\hat{s}_{ij}																	\hat{g}_i	
	3	4	5	6	7	8	9	10	11	13	14	15	16	17	18	19	20		21
1	----	----	----	-4,76	----	----	4,48	----	0,93	----	----	----	-0,65	----	----	----	----	----	-15,63
2	-7,17	-4,87	----	-0,06	-3,77	5,09	-4,73	3,91	3,24	6,08	3,05	-3,78	3,59	-0,74	0,04	0,72	1,39	-2,00	9,37
3	----	----	----	4,00	----	----	----	----	1,55	----	----	----	5,00	-10,67	7,28	----	----	----	-18,35
4	----	----	3,94	1,45	-1,39	-1,13	10,75	----	-4,75	5,64	-4,98	-3,65	----	-1,40	1,76	-0,48	1,00	-1,88	-24,40
5	----	----	----	----	----	20,42	-7,29	----	-5,29	----	-1,12	----	-7,14	----	-2,44	-1,06	----	----	-9,89
6	----	----	----	----	4,82	-7,56	-0,70	----	10,45	----	1,39	----	12,15	-1,41	----	-2,73	-4,91	-12,12	7,32
7	----	----	----	----	----	-6,42	-3,45	----	-6,08	0,51	-7,28	3,03	-0,56	3,96	4,24	2,81	9,57	----	-3,72
8	----	----	----	----	----	----	----	----	1,67	-0,95	----	0,13	-22,19	8,28	-2,81	4,97	0,48	----	9,41
9	----	----	----	----	----	----	----	1,06	-2,58	0,07	----	-2,56	-0,70	-0,43	-5,67	-8,28	-10,52	30,57	4,98
10	----	----	----	----	----	----	----	----	2,74	----	----	----	----	-1,83	-5,89	----	----	----	14,47
11	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-2,11	3,41	-3,41	10,48	-4,45	3,63	-4,87	----	-4,57	-1,41
12	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	3,30	----	----	----	-3,30	----	----	----	-11,47
13	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-2,83	----	3,25	-4,92	-4,75	----	-10,84
14	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-4,75	2,83	----	----	0,85	----	-7,39	12,34
15	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-4,06	----	1,50	9,95	----	----	-6,07
16	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	5,96	-3,56	-0,70	----	-0,71	10,78
17	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-3,86	2,37	4,27	----	-1,54
18	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	3,81	----	2,00	9,72
19	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	2,43	-4,88	1,58
20	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	1,00	2,14
21	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-13,95

TABELA 10A. Médias dos híbridos e dos clones genitores, para circunferência à altura do peito (CAP), obtidas na avaliação de cruzamentos dialélicos entre clones elite, aos dois anos de idade, em Aracruz, ES.

Pais	3	4	5	6	7	8	9	10	11	13	14	15	16	17	18	19	20	21	Pais
1	----	----	----	31,9D	----	----	29,0E	----	31,1D	----	----	----	28,9E	----	----	----	----	----	31,4D
2	28,7E	31,3D	----	27,6E	32,9C	26,6F	28,0E	26,5F	28,3E	28,0E	27,1E	27,3E	27,0E	26,8F	31,3D	30,5D	31,3D	32,7C	35,3B
3	----	----	----	30,4D	----	----	----	----	32,2C	----	----	----	29,6D	30,2D	31,8D	----	----	----	30,3D
4	----	----	29,1E	31,8D	33,8C	32,5C	30,6D	----	32,9C	27,5E	32,5C	28,5E	----	30,1D	31,0D	30,3D	32,2C	34,0C	26,1F
5	----	----	----	----	----	25,5F	30,3D	----	32,7C	----	29,3E	----	29,9D	----	31,3D	31,6D	----	----	31,0D
6	----	----	----	----	32,1C	39,2A	30,3D	----	26,6F	----	25,7F	----	21,6H	30,1D	----	31,4D	31,8D	31,8D	31,6D
7	----	----	----	----	----	31,6D	32,5C	----	34,3B	32,4C	33,7C	32,4C	32,6C	29,9D	32,9C	31,4D	31,5D	----	33,3C
8	----	----	----	----	----	----	----	----	28,2E	28,9E	----	28,6E	28,0E	25,3F	30,4D	29,3E	28,3E	----	30,8D
9	----	----	----	----	----	----	----	25,0F	30,9D	30,5D	----	29,8D	29,1D	26,2F	29,9D	29,0D	32,1C	23,8G	29,9D
10	----	----	----	----	----	----	----	----	26,4F	----	----	----	----	25,9F	27,7E	----	----	----	30,6D
11	----	----	----	----	----	----	----	----	----	32,5C	26,3F	32,0D	25,6F	30,0D	32,4C	32,7C	----	35,1B	31,3D
12	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	28,9E	----	----	----	32,0D	----	----	----	30,8D
13	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	30,1D	----	31,3D	30,5D	32,7C	----	32,0D
14	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	28,7E	24,7F	----	----	28,9E	----	33,2C	31,6D
15	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	29,3E	----	30,9D	28,8E	----	----	30,5D
16	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	24,8F	29,5E	29,7D	----	35,8B	35,0B
17	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	30,8D	25,2F	30,8D	----	32,4C
18	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	30,9D	----	32,7C	31,1D
19	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	30,7D	33,3C	30,1D
20	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	32,3C	30,2D
21	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	29,3E

*Tratamento com a mesma letra pertencem ao mesmo grupo, pelo teste de Scott e Knott ($P < 0,05$).

TABELA 11A. Médias dos híbridos e dos clones genitores, para densidade básica de madeira (DEN), obtidas na avaliação de cruzamentos dialélicos entre clones elite, aos dois anos de idade, em Aracruz, ES.

Pais	3	4	5	6	7	8	9	10	11	13	14	15	16	17	18	19	20	21	Pais
1	----	----	----	424E	----	----	416 F	----	418 F	----	----	----	425 E	----	----	----	----	----	407G
2	418F	414F	----	442C	426 E	443 C	441 C	446 B	438 C	431 D	451 A	429 D	445 B	434 C	438 C	432 D	435 C	426 E	403H
3	----	----	----	408G	----	----	----	----	407 G	----	----	----	410 G	393 I	408 G	----	----	----	455A
4	----	----	386 J	413F	393 I	405 H	407 G	----	403 H	389 J	411 G	389 J	----	402 H	409 G	393 I	402 H	386 J	367K
5	----	----	----	----	----	443 C	411 G	----	410 G	----	422 E	----	418 F	----	419 F	411 G	----	----	400H
6	----	----	----	----	437C	420 F	436 C	----	445 B	----	441 C	----	449 B	432 D	----	429 D	432 D	408 G	453A
7	----	----	----	----	----	421 E	418 F	----	416 F	397 I	420 F	4135 F	431 D	420 E	426 E	420 E	422 E	----	435D
8	----	----	----	----	----	----	----	----	429 D	418 F	----	419 F	428 D	438 C	430 D	428 D	434 D	----	402H
9	----	----	----	----	----	----	----	443 C	433 D	417 F	----	418 F	438 C	427 D	427 D	424 E	429	438 C	441C
10	----	----	----	----	----	----	----	----	435 C	----	----	----	----	437 C	439 C	----	----	----	452A
11	----	----	----	----	----	----	----	----	----	408 G	437 C	413 F	430 D	426 E	430 D	421 E	----	415 F	441C
12	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	427 D	----	----	----	418 F	----	----	----	445B
13	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	420 E	----	424 E	410 G	419 F	----	438C
14	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	430 D	445 B	----	----	432 D	----	418 F	439C
15	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	421 E	----	427 D	427 D	----	----	409G
16	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	440 C	436 C	434 D	----	424 E	449B
17	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	423 E	428 D	427 D	----	431D
18	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	427 D	----	416 F	428E
19	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	428 D	410 G	432D
20	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	415 F	439C
21	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	400H

* Tratamentos com a mesma letra pertencem ao mesmo grupo, pelo teste de Scott e Knott ($P < 0,05$).

TABELA 12A. Médias dos híbridos e dos clones genitores, para circunferência à altura do peito (CAP), obtidas na avaliação de cruzamentos dialélicos, aos dois anos de idade, em São Mateus, ES.

Pais	3	4	5	6	7	8	9	10	11	13	14	15	16	17	18	19	20	21	Pais
1	----	----	----	35,7B	----	----	32,6C	----	35,7B	----	----	----	35,0B	----	----	----	----	----	36,7A
2	33,9C	35,1B	----	28,7D	33,6C	26,4E	32,4C	27,0E	30,5D	29,7D	31,4C	30,2D	27,2E	28,1D	32,1C	30,9D	33,8C	34,4B	36,8A
3	----	----	----	32,1C	----	----	----	----	34,0C	----	----	----	33,7C	28,5D	32,0C	----	----	----	34,8B
4	----	----	31,6C	32,6C	34,7B	32,6C	32,1C	----	35,5B	32,0C	36,0B	36,4A	----	28,4D	35,0A	31,4C	36,6A	37,0A	29,2D
5	----	----	----	----	----	24,8F	34,8A	----	34,0C	----	31,1C	----	31,2C	----	31,9C	33,2C	----	----	34,3C
6	----	----	----	----	34,4B	27,0E	34,0C	----	28,3D	----	26,1E	----	21,6F	32,1C	----	31,1C	32,7C	33,7C	34,0C
7	----	----	----	----	----	30,1D	35,8B	----	37,9A	33,7C	35,2B	35,4B	32,0C	29,4D	35,5B	33,5C	34,4B	----	37,4A
8	----	----	----	----	----	----	----	----	30,0D	30,4D	----	27,6E	26,4E	23,3F	29,4D	26,3E	30,5D	----	35,0B
9	----	----	----	----	----	----	----	26,4E	34,1C	32,2C	----	32,1C	30,5D	27,3E	33,1C	32,0C	35,1B	25,3F	34,0C
10	----	----	----	----	----	----	----	----	26,9E	----	----	----	----	24,3F	30,0D	----	----	----	31,7C
11	----	----	----	----	----	----	----	----	----	35,8B	28,4D	37,4A	28,8D	33,6C	31,2C	37,6A	----	37,3A	35,5B
12	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	34,2C	----	----	----	33,2C	----	----	----	32,4C
13	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	33,4C	----	32,5C	34,6B	36,7A	----	37,1A
14	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	26,8E	26,0E	----	30,3D	----	34,7B	----	33,8C
15	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	32,1C	----	29,0D	28,1D	----	----	36,0B
16	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	27,2E	27,4E	29,0D	----	37,2A	39,7A
17	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	30,9D	25,0F	34,0C	----	33,5C
18	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	32,93C	----	35,3B	33,0C
19	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	30,2D	35,3B	35,0B
20	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	34,2C	33,9C
21	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	28,1D

* Tratamentos com a mesma letra pertencem ao mesmo grupo, pelo teste de Scott e Knott ($P < 0,05$).

TABELA 13A. Médias dos híbridos e dos clones genitores, para densidade básica de madeira (DEN), obtidas na avaliação de cruzamentos dialélicos, aos dois anos de idade, em São Mateus, ES.

Pais	3	4	5	6	7	8	9	10	11	13	14	15	16	17	18	19	20	21	Pais
1	----	----	----	410 E	----	----	416 D	----	409 E	----	----	----	412 E	----	----	----	----	----	394 G
2	413 E	416 D	----	436 B	428 C	436 B	438 B	447 A	436 B	417 D	438 B	419 D	441 B	428 C	433 B	427 C	429 C	417 D	389H
3	----	----	----	400 F	----	----	----	----	400 F	----	----	----	409 E	400 F	411 E	----	----	----	451A
4	----	----	378 H	405 F	396 G	405 F	400 F	----	398 G	388 G	401 F	403 F	----	397 G	397 G	385 H	399 G	381 H	369I
5	----	----	----	----	----	438 B	416 D	----	409 E	----	418 D	----	413 E	----	428 C	406 F	----	----	405F
6	----	----	----	----	424 C	437 B	427 C	----	432 B	----	441 B	----	439 B	423 C	----	424 C	431 B	398 G	450A
7	----	----	----	----	----	412 E	521 D	----	414 E	398 G	423 C	408 E	422 C	417 D	421 D	415 E	421 D	----	427C
8	----	----	----	----	----	----	----	----	423 B	411 E	----	420 D	428 C	441 B	431 B	428 C	426 C	----	496G
9	----	----	----	----	----	----	----	432 B	433 B	419 D	----	418 D	439 B	421 D	418 D	424 C	425 C	434 B	438B
10	----	----	----	----	----	----	----	----	431 B	----	----	----	431 B	436 B	----	----	----	----	450A
11	----	----	----	----	----	----	----	----	----	402 F	433 B	408 E	438 B	416 D	428 C	421 D	----	405 F	436B
12	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	427 C	----	----	419 D	----	----	----	----	437B
13	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	415 E	----	415 E	401 F	410 E	----	435B
14	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	424 C	441 B	----	----	430 C	----	418 D	435B
15	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	415 E	----	421 D	423 C	----	----	402G
16	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	435 B	440 B	429 C	----	413 E	434B
17	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	423 C	427 C	417 D	----	432B
18	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	427 C	----	412 E	425C
19	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	424 C	406 F	427C
20	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	412 E	437B
21	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	397G

* Tratamentos com a mesma letra pertencem ao mesmo grupo, pelo teste de Scott e Knott (P<0,05).

TABELA 14A. Médias dos híbridos e dos clones genitores, para circunferência à altura do peito (CAP), obtidas na avaliação de cruzamentos dialélicos, aos dois anos de idade, em Caravelas, BA.

Pais	3	4	5	6	7	8	9	10	11	13	14	15	16	17	18	19	20	21	Pais
1	----	----	----	33,0B	----	----	28,8D	----	32,5B	----	----	----	31,8C	----	----	----	----	----	33,6B
2	31,0C	32,5B	----	26,1D	32,2C	25,7D	28,5D	24,9E	29,9C	26,9D	27,7D	27,0D	27,2D	26,2D	28,0D	26,7D	28,3D	35,6A	34,2B
3	----	----	----	29,6C	----	----	----	----	31,6C	----	----	----	27,4D	27,7D	29,9C	----	----	----	34,4A
4	----	----	28,1D	31,2C	31,1C	29,6C	28,2D	----	33,8B	27,1D	33,5B	31,0C	----	27,8D	32,9B	27,9D	30,1C	29,7C	26,1D
5	----	----	----	----	----	23,1E	29,8C	----	32,5B	----	28,1D	----	29,3C	----	33,0B	28,8D	----	----	32,2C
6	----	----	----	----	30,3C	28,5D	28,9D	----	26,2D	----	24,2E	----	19,2F	29,5C	----	28,4D	29,7C	31,9C	34,6A
7	----	----	----	----	----	27,0D	30,1C	----	32,4B	29,0D	32,7B	31,6C	29,5C	26,0D	31,5C	27,4D	28,9D	----	35,6A
8	----	----	----	----	----	----	----	----	27,6D	26,1D	----	25,1E	24,5E	22,1F	27,5D	23,5E	27,1D	----	31,4C
9	----	----	----	----	----	----	----	23,8E	33,1B	30,2C	----	27,9D	27,1D	25,6D	31,7C	27,9D	35,4A	21,8F	31,5C
10	----	----	----	----	----	----	----	----	27,6D	----	----	----	----	23,2E	27,6D	----	----	----	30,9C
11	----	----	----	----	----	----	----	----	----	32,2C	26,7D	32,4B	27,8D	29,7C	31,1C	30,5C	----	35,4A	34,4A
12	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	25,0E	----	----	----	31,6C	----	----	----	30,0C
13	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	29,8C	----	29,2D	28,4D	34,9A	----	35,5A
14	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	26,8D	21,8F	----	27,7D	----	33,6B	----	31,8C
15	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	29,7C	----	30,7C	26,7D	----	----	31,6C
16	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	22,9E	25,4D	26,0D	----	33,4B	38,2A
17	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	28,4D	22,1F	29,6C	----	32,2C
18	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	28,6D	----	34,0B	29,6C
19	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	27,2D	33,0B	31,9C
20	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	31,2C	31,0C
21	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	26,9D

* Tratamentos com a mesma letra pertencem ao mesmo grupo, pelo teste de Scott e Knott (P<0,05).

TABELA 15A. Médias dos híbridos e dos clones genitores, para densidade básica da madeira (DEN), obtidas na avaliação de cruzamentos dialélicos, aos dois anos de idade, em Caravelas, BA.

Pais	3	4	5	6	7	8	9	10	11	13	14	15	16	17	18	19	20	21	Pais
1	----	----	----	396 F	----	----	403 E	----	393 F	----	----	----	404 E	----	----	----	----	----	386 G
2	393 F	389 F	----	426 B	411 D	433 A	419 B	437 A	420 B	414 C	434 A	409 D	433 A	416 C	428 A	421 B	422 B	403 E	382G
3	----	----	----	402 E	----	----	----	----	391 F	----	----	----	407 D	379 G	408 D	----	----	----	432A
4	----	----	379 G	394 F	380 G	393 F	401 E	----	379 G	380 G	392 F	375 G	----	382 G	396 F	386 G	388 F	369 H	362H
5	----	----	----	----	----	429 A	398 F	----	393 F	----	411 D	----	403 E	----	407 D	400E	----	----	365H
6	----	----	----	----	418 C	418 B	421 B	----	426 B	----	430 A	----	440 A	414 C	----	415 C	414 C	390 F	417C
7	----	----	----	----	----	409 D	407 D	----	398 E	395 F	411 D	403 E	415 C	408 D	420 B	410 D	417C	----	419B
8	----	----	----	----	----	----	----	----	419 B	407 D	----	413 C	407 D	425 B	426 B	425 B	421 B	----	388F
9	----	----	----	----	----	----	----	430 A	410 D	403 E	----	406 D	424 B	412 C	418 B	407 D	406 D	431 A	419B
10	----	----	----	----	----	----	----	----	425 B	----	----	----	420 B	428 A	----	----	----	----	430A
11	----	----	----	----	----	----	----	----	----	395 F	424 B	398 E	429 A	402 E	421 B	405 E	----	389 F	409D
12	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	413 C	----	----	404 E	----	----	----	----	424B
13	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	406 D	----	411 C	395 F	396 F	----	415C
14	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	418 B	438 A	----	----	424 B	----	400 E	421B
15	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	410 D	----	414 C	415 C	----	----	395F
16	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	424 B	426 B	421 B	----	405 D	421B
17	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	414 C	412 C	414 C	----	419B
18	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	424 B	----	407 D	404E
19	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	415 C	392 F	411D
20	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	398 E	420B
21	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	392F

* Tratamentos com a mesma letra pertencem ao mesmo grupo, pelo teste de Scott e Knott (P<0,05).

TABELA 16A. Relação dos marcadores desenvolvidos por Brondani et al. (2006), CSIRO e por Lourenço et al. (2004), utilizados para a realização da genotipagem dos genitores.

Locos microssatélite (SSR)				
Embra2	Embra117	Embra1639	Embra16	ES140
Embra28	Embra120	Embra1661	Embra19	EN14
Embra3	Embra105	Embra1845	Embra180	EG86
Embra11	Embra179	Embra1770	Embra186	Embra15
Embra10	Embra117	Embra1507	Embra202	EG-99
Embra63	Embra200	Embra1722	Embra023	EG-91
Embra12	Embra239	Embra1081	Embra21	Embra5
Embra37	Embra176	Embra1793	Embra149	Embra6
Embra27	Embra39	Embra123	Embra69	Embra208
Embra17	Embra127	Embra125	Embra78	Embra105
ES76	Embra157	Embra128	Embra954	Embra112
EG62	Embra38	Embra131	Embra1578	Embra1627
ES65	Embra101	Embra133	Embra1928	Embra47
ES157	Embra196	Embra134	Embra1851	Embra32
Embra51	Embra143	Embra98	Embra1966	Embra08
Embra58	Embra31	Embra171	Embra945	Embra14
Embra72	Embra45	Embra173	Embra57	Embra16
Embra22	Embra26	Embra175	Embra61	Embra18
Embra126	Embra34	Embra136	Embra64	Embra04
Embra1977	Embra44	Embra119	Embra68	Embra50
Embra40	Embra07	Embra121	Embra2014	Embra56
Embra54	Embra53	Embra941	Embra1244	-----

ANEXO B

ANEXO 1B

Análise de variância individual

```
data elitear;
input rep bloco tipo$ trat cap den;
datalines;
1      5      F      1      40      373      41.4
...
;
proc mixed data=elitear method=reml covtest;
class rep bloco tipo trat;
model cap=trat /ddfm=satterth;
random rep bloco(rep);
run; quit;

proc mixed data=elitear method=reml covtest;
class rep bloco tipo trat;
model cap= tipo trat(tipo) /ddfm=satterth;
random rep bloco(rep);
lsmeans trat(tipo)/slice=tipo CL;
lsmeans tipo;
run; quit;

proc mixed data=elitear method=reml covtest;
class rep bloco tipo trat;
model den=trat /ddfm=satterth;
random rep bloco(rep);
run; quit;

proc mixed data=elitear method=reml covtest;
class rep bloco tipo trat;
model den=tipo trat(tipo)/ddfm=satterth;
random rep bloco(rep);
lsmeans trat(tipo)/slice=tipo CL;
lsmeans tipo;
run; quit;
```

ANEXO 2B

Análise de variância conjunta

```
run; quit;
data elitecon;
input rep bloco local tipo$ trat cap den;
datalines;
1      5      1      F      1      40      373      41.4
...
;
proc mixed data=elitecon method=reml covtest;
class rep bloco local trat tipo;
model cap=local trat trat*local;
random rep(local) bloco(rep*local);
run; quit;

proc mixed data=elitecon method=reml covtest;
class rep bloco local trat tipo;
model cap=local tipo trat(tipo) local*tipo local*trat(tipo);
random rep(local) bloco(rep*local);
lsmeans trat(tipo)/slice=tipo CL;
lsmeans local*trat(tipo)/slice=local*tipo CL;
lsmeans tipo;
run; quit;

proc mixed data=elitecon method=reml covtest;
class rep bloco local trat tipo;
model den=local trat trat*local;
random rep(local) bloco(rep*local);
run; quit;

proc mixed data=elitecon method=reml covtest;
class rep bloco local trat tipo;
model den=local tipo trat(tipo) local*tipo local*trat(tipo);
random rep(local) bloco(rep*local);
lsmeans trat(tipo)/slice=tipo CL;
lsmeans local*trat(tipo)/slice=local*tipo CL;
lsmeans tipo;
run; quit;
```

ANEXO 3B

Análise dialélica

```
/*Análise de um modelo dialélico desbalanceado*/  
/*Utilizando restrições paramétricas*/  
/*É interessante notar que esta rotina também serve para dialelos circulantes, os  
quais um caso particular de desbalanceamento*/
```

```
options ps=2000 nodate nonumber;
```

```
proc iml;
```

```
/*entrada de dados vem abaixo na matriz 'Dados'. Note a identificação dos pais  
(1ª coluna) e das mães (2ª coluna)*/
```

```
/*É imprevedível que a identificação dos genitores sejam  
numéricas, consecutivas, e que comecem do valor 1. Por exemplo, a identificação  
de 4 pais como "1, 2, 3, 4" é correta, mas "1, 2, 4, 5" não. A ordem de entrada  
dos dados, contudo, pode ser qualquer*/
```

```
Dados={  
4 22 27.4 ,  
...  
};
```

```
/*Se o usuário quiser atribuir valores para número de repetições (reps),  
quadrados médios e graus de liberdade do erro, entrem com os valores abaixo, e  
atribua um valor diferente de -1 para a variável "checagem" abaixo*/
```

```
checagem=1;
```

```
reps = 37.39;
```

```
QMErro = 76.07;
```

```
GLErro = 5515; /*Estes números são puramente arbitrários*/
```

```
SQErro = QMErro*GLErro;
```

```
n=nrow(Dados);
```

```
do i=1 to n;
```

```
if Dados[i,1]>Dados[i,2] then
```

```
do;
```

```
    x1=Dados[i,1];
```

```
    Dados[i,1]=Dados[i,2];
```

```
    Dados[i,2]=x1;
```

```

        end;
end;
/*Abaixo, as linhas de 'Dados' são ordenadas conforme colunas 1 e 2*/

create DadosD from Dados;
append from Dados;
close DadosD;
sort DadosD out=DadosO by col1 col2;
use DadosO;
read all var _num_ into Dados;
close DadosO;

/*numero de observações e de pais*/

nPais=max(Dados[,1],Dados[,2]);

/*Abaixo, a matriz X é construída (CGC)*/

X=J(n,1+nPais,0);

do i=1 to n;
    X[i,1]=1;
    X[i,1+Dados[i,1]]=X[i,1+Dados[i,1]]+1;
    X[i,1+Dados[i,2]]=X[i,1+Dados[i,2]]+1;
end;

/*Matriz X: colunas da CEC*/

a=Dados[1,1]; b=Dados[1,2];
ColsInt=1;          /*contador do numero de colunas da CEC*/
                   /*(admite-se que haja pelo menos uma)*/

temp=J(n,1,0);
X=X||temp;
X[1,1+nPais+1]=1;

/*A matriz abaixo contem, na terceira coluna, o numero de observações de cada
cruzamento; os pais deste, por sua vez, estão identificados nas duas primeiras
colunas*/

IdentInt=a||b||(0);
do i=1 to n;
    if Dados[i,1]^=a then

```

```

do;
    temp=J(n,1,0);
    X=X||temp;
    ColsInt=ColsInt+1;
    a=Dados[i,1]; b=Dados[i,2];
    temp=J(1,3,0);
    temp[1,1]=a; temp[1,2]=b; temp[1,3]=0;
    IdentInt=IdentInt//temp;
end;
else if Dados[i,2]^=b then
do;
    temp=J(n,1,0);
    X=X||temp;
    ColsInt=ColsInt+1;
    a=Dados[i,1]; b=Dados[i,2];
    temp=J(1,3,0);
    temp[1,1]=a; temp[1,2]=b; temp[1,3]=0;
    IdentInt=IdentInt//temp;
end;
X[i,1+nPais+ColsInt]=1;
IdentInt[ColsInt,3]=IdentInt[ColsInt,3]+1;
end;

Parms=ncol(X);      /*número de parâmetros do modelo*/

/*Abaixo, a matriz de restrições Cr é criada*/

Cr=J(1+nPais,Parms,0);

do i=1 to nPais;
    Cr[1,1+i]=sum(X[,1+i]);
end;

do k=1 to nPais;
    do i=1 to nrow(IdentInt);
        if IdentInt[i,1]=k then Cr[1+k,1+nPais+i]=IdentInt[i,3];
        if IdentInt[i,2]=k then Cr[1+k,1+nPais+i]=IdentInt[i,3];
    end;
end;

/*Em dialelos desbalanceados, é possível que a matriz de restrições,
como construída acima, ainda apresente dependência entre suas linhas.

```


Assim, abaixo procura-se por tais linhas, se existirem, as quais são eliminadas de Cr.*/
Zero = j(nrow(Cr),nrow(Cr),0);
XX = ((x`*x)//Cr)||((Cr`//Zero); /*Esta é a matriz X'X aumentada com a matriz de restrições*/

linhasXX=nrow(XX);

GLp=round(trace(ginv(x`*x)*(x`*x)));
dif1=parms-GLp; /*Esta diferença mede o número de linhas dependentes na matriz X'X. Isto fornece o numero de restrições que são realmente necessárias*/

GLp2=round(trace(ginv(XX)*(XX)));
dif2 = nrow(XX)-GLp2; /*Esta segunda diferença deve ser igual a zero para que não haja restrições linearmente dependentes em Cr*/

if dif2>0 then
do;

 Cr2=Cr;
 rests=nrow(Cr)+1;
 dif3=dif2;
 do while(dif2>0);
 rests=rests-1;
 if rests=nrow(Cr2) then
 do;
 r=1:rests-1;
 end; else
 if rests^=1 then
 do;
 r1=1:rests-1;
 r2=rests+1:nrow(Cr2);
 r=r1||r2;
 end; else
 r=2:nrow(Cr2);
 Cr3=Cr2[r,];

 Zero = j(nrow(Cr3),nrow(Cr3),0);
 XX = ((x`*x)//Cr3)||((Cr3`//Zero);

 linhasXX=nrow(XX);

 GLp2=round(trace(ginv(XX)*(XX)));

```

        dif2 = nrow(XX)-GLp2;

        if dif2<dif3 then
        do;
            Cr2=Cr3;
            dif3=dif2;
        end;
    end;
    Cr=Cr2;
    Zero = j(nrow(Cr),nrow(Cr),0);
    XX = ((x`*x)//Cr)||((Cr`//Zero);
end;
/*Abaixo, estimativas do modelo são geradas, bem como SQModelo*/

y=Dados[,3];
XY = (x`*y)//j(nrow(Cr),1,0);
XX = inv(XX);
beta1=XX*(XY);
beta1=beta1[1:nrow(XX)-nrow(Cr),];
SQP = beta1`*(X`*Y);
if checagem=-1 then
do;
    reps=1;
    SQErro=y`*y-SQP;
    GLErro=nrow(X)-GLp;
    QMErro=SQErro/GLErro;
end;
XX = XX[1:nrow(XX)-nrow(Cr),1:nrow(XX)-nrow(Cr)];
erropadr=sqrt(vecdiag(XX)#QMErro#(1/reps));
t=J(parms,1,0);
do i=1 to parms;
    if erropadr[i,1]>0.0000001 then
        t[i,1]=beta1[i,1]/erropadr[i,1];
    else t[i,1]=.;
end;
probs=J(parms,1,0);
do i=1 to parms;
    if t[i,1]=. then
        probs[i,1]=.; else
        probs[i,1]=1-probf(t[i,1]*t[i,1],1,GLErro);
end;
result=beta1||erropadr||t||probs;

```

```

saidam = result[1:1,];
mattrib saidam colname=({Valor Erro t Prob})
      label='Media Geral' ;

saidag = result[2:1+nPais,];
r=1:nPais; r=r`; saidag=r||saidag;
mattrib saidag colname=({Nivel Valor Erro t Prob})
      label='Efeitos de CGC' ;

saidas = result[1+nPais+1:parms,];
r=IdentInt[,1:2]; saidas=r||saidas;
mattrib saidas colname=({A B Valor Erro t Prob})
      label='Efeitos de CEC' ;

/*Abaixo, a matriz X é alterada, para comportar as restrições*/
/*Primeiro, a matriz de restrições é escalonada*/

lidi=1;
do j=1 to ncol(Cr);
  if lidi<nrow(Cr) then
    do;
      checa=-1;
      if lidi<nrow(Cr) then if Cr[lidi,j]=0 then
        do i=lidi+1 to nrow(Cr);
          if checa=-1 then if Cr[i,j]^=0 then
            do;
              checa=1;
              linlider=i;
            end;
          end;
        end;
      if checa=1 then
        do;
          troca=Cr[linlider,];
          Cr[linlider,]=Cr[lidi,];
          Cr[lidi,]=troca;
        end;
      if Cr[lidi,j]^=0 then if lidi<nrow(Cr) then
        do i=lidi+1 to nrow(Cr);
          Cr[i,]=Cr[i,]-Cr[i,j]/Cr[lidi,j]*Cr[lidi,];
        end;
      if Cr[lidi,j]^=0 then lidi=lidi+1;
    end;
  end;
end;

```

```

        end;
    end;
    i=nrow(Cr)+1;
    if nrow(Cr)>1 then
    do cont1=1 to nrow(Cr)-1;
        i=i-1; checa=-1;
        do j=1 to ncol(Cr);
            if Cr[i,j]^=0 then if checa=-1 then
            do;
                checa=1;
                do k=1 to i-1;
                    x1=Cr[k,j];
                    do l=j to ncol(Cr);
                        Cr[k,l]=Cr[k,l]-x1/Cr[i,j]*Cr[i,l];
                    end;
                end;
            end;
        end;
    end;
end;
do i=1 to nrow(Cr);
    checa=-1;
    do j=1 to ncol(Cr);
        if Cr[i,j]^=0 then if checa=-1 then
        do;
            checa=1;
            Cr[i,]=1/Cr[i,j]*Cr[i,];
        end;
    end;
end;
do i=1 to nrow(Cr);
    checa=-1;
    do j=1 to ncol(Cr);
        if checa=-1 then if Cr[i,j]>0.999 then if Cr[i,j]<1.001 then
        do;
            checa=1;
            do k=1 to nrow(X);
                if X[k,j]^=0 then
                do;
                    x1=X[k,j];
                    X[k,]=X[k,]-x1*Cr[i,];
                    X[k,j]=0;
                end;
            end;
        end;
    end;
end;

```

```

                                end;
                            end;
                    end;
end;

/*E agora finalmente as colunas de X são retiradas e alteradas*/

j=0;
do while(j<ncol(X));
    j=j+1;
    if sum(abs(X[,j]))<1 then
        do;
            if j=ncol(X) then
                do;
                    r=1:j-1;
                end; else
                if j^=1 then
                    do;
                        r1=1:j-1;
                        r2=j+1:ncol(X);
                        r=r1||r2;
                    end; else
                    r=2:ncol(X);
                    X=X[,r];
                    j=j-1;
                end;
            end;
        end;
    end;
end;

/*Agora a ANAVA é feita com base na X modificada*/

XX=x`*x;
XY = x`*y;
XX = inv(XX);
beta1=XX*(XY);
SQP = beta1`*(X`*Y);
if checagem=-1 then
do;
    reps=1;
    SQErro=y`*y-SQP;
    GLErro=nrow(X)-GLp;
    QMErro=SQErro/GLErro;
end;

```

```

* modelo: y = m+e ;
X1 = X[,1];
Media = inv(X1`*x1)*(X1`*y);
SQM = Media`*(X1`*Y);

* modelo: y = m+g+e ;

X2 = X[,1:1+nPais-1];
XX = x2`*x2;
GL2=round(trace(ginv(x2`*x2)*(x2`*x2)));
XY = x2`*y;
beta2=inv(XX)*(XY);
SQ2 = beta2`*(X2`*Y);
SQ2c = SQ2-sqm;

* modelo: y = m+s+e ;

r1=J(1,1,1);
r2=1+nPais-1+1:ncol(X);
r=r1||r2;
X5 = X[,r];
XX = x5`*x5;
GL5=round(trace(ginv(x5`*x5)*(x5`*x5)));
XY = x5`*y;
beta5=inv(XX)*(XY);
SQ5 = beta5`*(X5`*Y);
SQ5c = SQ5-sqm;

* SQ(g|m, s) = SQ(m,g,s) - SQ(m, s) ;

SQA = SQP - SQ5;
GLA = GLP - GL5;

* SQ(s|m,g) = SQ(m,g,s) - SQ(m,g) ;

SQInt = SQP - SQ2;
GLInt = GLp - GL2;

* Quadro da ANAVA ;

Graus = GLA//GLInt//GLErro;

```

```

SQA = SQA*reps; SQInt = SQInt*reps;
SomasQ = SQA//SQInt//SQErro;
Quadrads = SomasQ/Graus;
Efes = Quadrads#(1/Quadrads[3,1]);
probabs=1-probf(Efes,Graus,GLErro);
Efes[3,1] = .;
probabs[3,1] = .;
Anava = (Graus)||(SomasQ)||(Quadrads)||(Efes)||(probabs);
mattrib anava rowname={CGC CEC Erro}
          colname={GL SQ QM F Prob}
          label=' ' ;

print, "Analise de Variancia Tipo II (ao nivel de parcelas)", Anava;
print, "Estimativas dos Efeitos", Saidam;
print Saidag;
print Saidas;
quit;

```