

**ESTRATÉGIAS DE ANÁLISES DE
EXPERIMENTOS DE TESTES CLONAIIS DE
Eucalyptus spp.**

PAULO EDUARDO RODRIGUES PRADO

2010

PAULO EDUARDO RODRIGUES PRADO

**ESTRATÉGIAS DE ANÁLISES DE EXPERIMENTOS DE TESTES
CLONAIS DE *Eucalyptus* spp.**

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

Orientadora

Profa. Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves

LAVRAS
MINAS GERAIS – BRASIL
2010

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

Prado, Paulo Eduardo Rodrigues.

Estratégias de análise de experimentos de testes clonais de
Eucalyptus spp. / Paulo Eduardo Rodrigues Prado. – Lavras : UFLA,
2010.

48 p. : il.

Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Lavras, 2010.

Orientador: Flávia Maria Avelar Gonçalves.

Bibliografia.

1. Eucalipto. 2. Melhoramento genético. 3. Blocos aumentados.
I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 631.523

PAULO EDUARDO RODRIGUES PRADO

**ESTRATÉGIAS DE ANÁLISES DE EXPERIMENTOS DE TESTES
CLONAIIS DE *Eucalyptus* spp.**

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

APROVADA em 16 de março de 2010

Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho UFLA

Prof. Dr. José Airton Rodrigues Nunes UFLA

Prof. Dr. Natalino Calegário UFLA

Profª. Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves

UFLA

(Orientadora)

LAVRAS

MINAS GERAIS – BRASIL

A Deus,

LOUVO E AGRADEÇO

**Aos meus familiares, em especial aos meus avós, Antônio e Lúcia, exemplos
de amor e trabalho que tenho em minha vida**

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela oportunidade de contínua evolução espiritual, moral e intelectual.

À Universidade Federal de Lavras e ao CNPq, pela oportunidade concedida.

À V&M Florestal, em especial aos pesquisadores José Luis Lima e Hélder Bolognani Andrade, por conceder os dados para realização desse trabalho.

À estimada orientadora e amiga Profa. Flávia Maria Avelar Gonçalves, pelos ensinamentos, paciência, estímulo e confiança depositada.

Ao Prof. Magno Antonio Patto Ramalho, pela idealização e colaboração na realização desse trabalho e também pelo exemplo de dedicação à pesquisa.

Ao Prof. José Airton Rodrigues Nunes, pelo fundamental auxílio na execução desse trabalho.

Ao Prof. Natalino Calegário, pela disponibilidade em participar da banca de defesa e pelas contribuições apresentadas.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pelos ensinamentos transmitidos.

Aos meus familiares, pelo amor e fundamental apoio em todas as etapas de minha vida.

À minha namorada, Patricia, pelo amor, companherismo e compreensão.

Aos amigos da equipe de melhoramento de plantas perenes, Kaio, Bráulio, Cris, Alex e Davi, pela amizade e companherismo.

Aos amigos de república, Denys (Barão de Boa Esperança), Emiliano e Breguete, pelo prazer da convivência e momentos de descontração.

Aos queridos amigos do curso de Pós-Graduação, pelos prazerosos momentos de estudos e comemorações. Guardarei ótimas recordações.

Aos amigos de longa data, Sancho, Tiago, Gustavo, Fabrício, Samanta, Goiano, Alex, Marcia, Marcelo e Maurílio pela fraternal amizade.

Aos funcionários do Departamento de Biologia e do Setor de Cafeicultura, especialmente ao Sr. José Maurício, pela prestatividade e auxílio.

A todos que, direta ou indiretamente, deram sua parcela de contribuição para que este trabalho se realizasse.

MUITO OBRIGADO!

“Coloque a lealdade e a confiança acima de qualquer coisa; não te alies aos moralmente inferiores; não receies corrigir teus erros.”

Confúcio

SUMÁRIO

RESUMO.....	Erro! Indicador não definido.
ABSTRACT	Erro! Indicador não definido.
1 INTRODUÇÃO.....	Erro! Indicador não definido.
2 REFERENCIAL TEÓRICO	Erro! Indicador não definido.
2.1 Demanda de carvão vegetal	Erro! Indicador não definido.
2.2 Obtenção de clones superiores.....	Erro! Indicador não definido.
2.3 Experimentação no melhoramento do eucalipto.....	Erro! Indicador não definido.
2.4 Delineamentos aumentados	Erro! Indicador não definido.
3 MATERIAL E MÉTODOS	13
3.1 Localização e caracterização das áreas experimentais.....	13
3.2 Testes clonais.....	13
3.3 Análises estatísticas	14
3.4 Estimativa de parâmetros genéticos.....	2Erro! Indicador não definido.
3.5. Correlação de Spearman e índice de coincidência.....	Erro! Indicador não definido.
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	Erro! Indicador não definido.
5 CONCLUSÃO.....	Erro! Indicador não definido.
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	Erro! Indicador não definido.
ANEXOS.....	44

RESUMO

PRADO, Paulo Eduardo Rodrigues. **Estratégias de análise de experimentos de testes clonais de *Eucalyptus* spp.** 2010. 48p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.*

O presente trabalho foi realizado com o objetivo de comparar estratégias de análises de experimentos quando se tem um grande número de clones e número reduzido de mudas para serem avaliadas. Foram analisados dados da circunferência à altura do peito de duas épocas de avaliação, aos 30 e 90 meses, de um teste clonal de eucalipto em três locais. Os experimentos foram conduzidos no delineamento de blocos aumentados com 400 clones regulares distribuídos em 20 blocos e com quatro clones comuns (testemunhas). A parcela foi constituída de cinco plantas no espaçamento 3,0 x 3,0 metros. Foram realizadas as análises estatísticas individuais por local e época, conjunta de locais por época e conjunta envolvendo os três locais e as duas épocas. Cada uma das análises foi realizada de acordo com dois modelos: blocos aumentados (DBA) e entre e dentro (ED). Foram estimados os componentes de variância, as herdabilidades, a correlação de Spearman na classificação dos clones e os índices de coincidência na seleção dos clones. Constatou-se que as análises em delineamento em blocos aumentados e as análises entre e dentro fornecem resultados semelhantes na avaliação de clones de eucalipto. Os índices de coincidência entre os dois modelos na seleção dos clones, de maneira geral, foram altos, apresentando valores de 100% nas análises conjuntas de locais aos 90 meses. As estimativas das correlações de Spearman foram concordantes aos índices de coincidência. Verificou-se, também, que a interação clones x épocas foi expressiva e que os índices de coincidência na seleção dos clones aos 30 meses com a seleção aos 90 meses, nas análises conjuntas de locais, foram da ordem de 42% no ED e 47% no DBA, aplicando uma intensidade de seleção de 5%.

* Comitê Orientador: Flávia Maria Avelar Gonçalves – UFLA (Orientadora), Magno Antonio Patto Ramalho – UFLA e José Airton Nunes Rodrigues – UFLA.

ABSTRACT

PRADO, Paulo Eduardo Rodrigues. **Strategies for analysis of *Eucalyptus* spp. clonal testing experiments.** 2010. 48p. Dissertation (Master's degree in Genetics and plant breeding) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.[†]

The objective of this work was to compare analyzes of experiments strategies when there is a large number of clones and a reduced number of seedlings to be evaluated. Data from girth at breast height of two seasons of evaluation, 30 and 90 months, from a clonal test of *Eucalyptus* were analysed at three places. The experiments were carried out in the augmented block design with 400 regular clones distributed in 20 blocks and with 4 common clones (controls). Each plot consisted of 5 plants spaced 3 x 3 meters. The individual statistic analyses were carried out by season and local, a combined one by local at each season and a combined one involving the three locals and the two seasons. Each analysis was carried out according to two models: augmented design (AD) and one way classification (OWC). The variance components, the heritabilities, the Spearman's rank correlation and the coincidence indexes in the clones selection at the two models were estimated. It was found that the augmented block design and the one way classification provide similar results in *Eucalyptus* clones evaluation. The coincidence indexes between the two models in clones selection, in general, were high, showing values of 100% in the local combined analyses at 90 months. The Spearman's rank correlation showed estimatives with similar trends with the coincidence indexes. It was also checked that the clones by seasons interaction was expressive and the coincidence indexes in clones selection at 30 months with selection at 90 months in the combined by local analyses were from 42% in the OWC and 47% in AD, when a selection intensity of 5% was applied.

[†] Guidance Committee: Flávia Maria Avelar Gonçalves - UFLA (Major Professor),
Mango Antonio Patto RamalhoRenê - UFLA and José Airton Rodrigues
Nunes – UFLA.

1 INTRODUÇÃO

O Estado de Minas Gerais é o maior consumidor de carvão vegetal do país, e apesar de possuir a maior área de floresta plantada do Brasil (1,2 milhão ha), grande parte do carvão consumido no Estado ainda é oriundo de florestas nativas. Estima-se que o déficit na produção de carvão vegetal oriundo de florestas plantadas ainda deve permanecer por, no mínimo, 10 anos (Associação Mineira De Silvicultura - AMS, 2009).

Com a intensificação dos debates sobre as questões ambientais, a exploração de florestas nativas para a produção de carvão tem sido cada vez mais questionada e desestimulada. Prova disso é a mudança na legislação mineira, que estabelece a redução gradual de produtos e subprodutos oriundos de florestas nativas, situação que gera uma demanda crescente de carvão vegetal originado de florestas plantadas.

Para atender essa demanda será necessário aumentar as áreas de florestas e, principalmente, a produtividade nessas áreas. No caso da cultura do eucalipto, o aumento de produtividade passa pela utilização de clones mais produtivos e com fenótipos favoráveis para caracteres associados à produção de carvão.

Nos programas de melhoramento genético do eucalipto uma etapa essencial para recomendação de um clone para plantio em escala comercial é o teste clonal. Este teste, via de regra, é realizado em duas etapas; na primeira são avaliados um grande número de clones com menor número de repetições e na segunda etapa os clones selecionados na primeira etapa são avaliados com maior número de repetições (Costa, 2008).

Muitas vezes as árvores selecionadas não produzem mudas clonais suficientes para instalar experimentos com repetições. Em uma situação como essa, visando ao aproveitamento do clone, a opção é utilizar o delineamento de blocos aumentados. Esse delineamento tem como vantagem a exigência de uma

menor área experimental e permitir a utilização de uma menor quantidade de mudas. Porém, na literatura encontram-se resultados que mostram que esse delineamento pode não ser uma boa opção (Souza et al., 2003; Bearzoti et al., 1997). É importante procurar outras alternativas de análises para tornar mais eficientes as informações obtidas nestes testes clonais.

Diante do exposto, o objetivo desse trabalho foi comparar estratégias de análises de experimentos quando se tem um grande número de clones e número reduzido de mudas para serem avaliadas.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Demanda de Carvão Vegetal

O carvão vegetal é obtido pela redução química parcial da madeira em condições controladas (Earl, 1974). Utilizado desde a antiguidade para os mais diversos fins, é por suas aplicações energéticas que o carvão vegetal ganha destaque. Ainda hoje, mais de 90% do carvão vegetal produzido no mundo é utilizado como combustível (Pinheiro et al., 2008).

No Brasil, o setor da siderurgia se destaca como maior consumidor de carvão vegetal. O país é o maior produtor mundial de aço produzido com o emprego desse produto para fins de redução do minério de ferro (Brito, 2007). O carvão vegetal é utilizado na produção nacional em 33% do total de ferro-gusa e em 98% de ferro-liga (Pinheiro et al., 2008). Na última década, o consumo de carvão vegetal atingiu seu ponto máximo no ano de 2005, quando foram produzidos e consumidos mais de 38 milhões de metros de carvão (mdc). Nos últimos cinco anos, a variação no consumo tem sido relativamente pequena, sendo que no ano de 2008, o consumo foi de 33 milhões de mdc. Apesar dos altos rendimentos da silvicultura brasileira, as florestas plantadas não são capazes de suprir toda demanda de carvão, gerando assim, um déficit anual médio de quase 50%, que é suprido pelas florestas nativas (AMS, 2009).

O Estado de Minas Gerais se destaca como o maior consumidor nacional de carvão vegetal. Consome 60% de todo carvão produzido no país. Apesar de ser o Estado com a maior área de florestas plantadas (1.219.000 ha), as estatísticas apontam que essa área não é suficiente para suprir a demanda e que esse déficit na produção de carvão vegetal oriundo de florestas plantadas irá permanecer, pelo menos, nos próximos 10 anos (AMS, 2009).

Com o crescimento das preocupações ambientais por parte da sociedade, as restrições para a exploração de florestas nativas tem se tornado cada vez maiores. Exemplo disso é o artigo 17 da lei estadual 18.365 de 2009, que altera o artigo 47 da lei estadual 14.309 de 2002 e estabelece, no Estado de Minas Gerais, que as empresas devem reduzir gradualmente o consumo de produtos e subprodutos florestais provenientes das matas nativas, incluindo o carvão.

O cronograma de redução estabelece que entre os anos de 2009 e 2013 as atividades consideradas grandes consumidoras desses produtos poderão utilizar, no máximo, 15% de seu consumo anual total de procedentes de florestas nativas. Entre 2014 e 2017, o percentual máximo será de 10%. E a partir de 2018 esse consumo não deve exceder 5%. As novas empresas que se instalarem no Estado terão de comprovar que seu consumo é de 95% de matéria-prima proveniente de florestas plantadas.

Essa mudança na legislação aumenta a pressão, a curto prazo, para o plantio de novas florestas destinadas ao consumo energético e torna necessário, a médio e longo prazo, o incremento na produtividade do setor florestal, o qual só poderá ser alcançado com a adoção de técnicas mais eficientes de manejo e com a utilização de clones mais produtivos.

2.2 Obtenção de Clones Superiores

A partir da década de sessenta do século XX o governo estimulou, por meio de incentivos fiscais, a expansão da cultura do eucalipto para diversas regiões do país. Diante dessa expansão, houve necessidade de se intensificar os esforços em pesquisa e melhoramento genético da cultura. Visando a suprir a necessidade de germoplasmas mais adaptados às diferentes condições edafoclimáticas do país, foram realizadas introduções maciças de genótipos, principalmente da Austrália, por empresas dos setores privado e público,

fazendo com que o Brasil detenha hoje o maior acervo genético de eucaliptos fora da Austrália e Indonésia (Ferreira, 1992).

Os germoplasmas introduzidos foram avaliados buscando identificar os mais promissores e adaptados (Andrade et al., 1994). Posteriormente, os trabalhos foram concentrados na seleção massal de indivíduos superiores e seleção com famílias de meios-irmãos, objetivando produzir sementes melhoradas com algumas espécies (Rezende, 2001).

Porém, o grande avanço no melhoramento do eucalipto ocorreu com a clonagem. Pesquisadores da empresa Aracruz Celulose, por meio da propagação vegetativa de estacas, implantaram, em 1979, a primeira plantação clonal comercial de eucalipto no Brasil (Ferreira & Santos, 1997). Desde então, o desenvolvimento de técnicas de propagação vegetativa tornou viável a obtenção de milhões de indivíduos de uma mesma planta (Wendling et al., 2000). Atualmente, a maioria das áreas reflorestadas pelas principais empresas produtoras de carvão e celulose são plantios clonais (Moura, 2009).

Pode-se considerar cada clone como um híbrido simples, uma vez que é formado pela união ao acaso de dois gametas. Além disso, a técnica permite o aproveitamento, no processo seletivo, de toda a variância genética aditiva e de dominância, além dos efeitos epistáticos, resultando em maiores ganhos (Bison, 2004). Os plantios clonais também apresentam a vantagem de serem mais homogêneos.

Inicialmente a seleção das plantas para clonagem era realizada em plantios comerciais, utilizando a variabilidade natural e aplicando forte intensidade de seleção. Esta estratégia proporcionou excelentes resultados (Andrade, 2002; Reis, 2009). Com o decorrer do tempo, foi necessário que o número de plantas selecionadas para clonagem, nesses povoamentos, fosse cada vez maior para que houvesse o progresso genético. Este fato é demonstrado no trabalho de Gonçalves et al. (2001). Os autores estimaram o progresso genético

com a seleção de clones de eucalipto em plantios comerciais da empresa Aracruz Celulose. Constataram que o progresso genético foi de 2,5% ao ano e que esse ocorreu devido à estratégia de avaliar um número crescente de clones no decorrer dos anos.

A seleção clonal é uma técnica em que o ganho máximo é atingido em uma única geração e, posteriormente, nenhum ganho adicional é obtido (Bison, 2004). Com o avanço dos plantios clonais, a possibilidade de explorar a variância natural dos plantios comerciais vem reduzindo (Andrade, 2002). Dessa forma, torna-se necessário a condução de programas de melhoramento sexuado visando a obter novas combinações híbridas. Uma das alternativas utilizadas é a seleção recorrente recíproca (Souvannavong, 1992; Denison & Kietzka, 1993; Andrade et al., 2001) que, com os avanços dos estudos de fenologia e das técnicas de polinização controlada, tem proporcionado bons resultados na cultura do eucalipto (Pereira, 2001).

Independentemente se as árvores selecionadas para clonagem são oriundas de um programa de melhoramento ou se elas foram selecionadas em áreas de plantios comerciais, elas devem ser multiplicadas e avaliadas em experimentos com repetições nos locais representativos das áreas de plantio. Nestes testes é que se definem os clones que serão multiplicados em escala comercial (Bison, 2004). Para essa definição são levados em consideração aspectos silviculturais (enraizamento, resistência a doenças, produtividade) e aspectos tecnológicos para determinação da qualidade da madeira (Gomide et al., 2004). Geralmente os testes clonais são divididos em duas etapas. Na primeira, são avaliados um grande número de clones, visando a aumentar a chance de sucesso com a seleção, conforme já comentado e demonstrado no trabalho de Gonçalves et al. (2001). Na segunda etapa, os melhores clones são avaliados com um número maior de repetições e de ambientes e com parcelas

maiores. Porém, a metodologia do teste clonal apresenta variação entre as empresas (Costa, 2008).

A necessidade de avaliação de um número cada vez maior de clones no teste clonal e o fato das diferenças detectadas serem cada vez menores trazem algumas dificuldades a serem superadas nesse tipo de experimento.

2.3 Experimentação no melhoramento do Eucalipto

Uma das condições básicas para alcançar o sucesso nos programas de melhoramento genético é a eficiência na experimentação. Fisher estabeleceu, no início do século XX, os princípios básicos da experimentação: repetição, casualização e controle local (Ramalho et al., 2005).

A repetição dos tratamentos permite estimar o erro experimental, e assim, realizar os testes de hipótese. A utilização de um número apropriado de repetições contribui para aumentar a precisão das estimativas. No entanto, no melhoramento florestal, devido ao grande número de tratamentos a serem avaliados, trabalhar com um maior número de repetições é uma dificuldade a ser contornada. Outra dificuldade em instalar experimentos com elevado número de repetições é a disponibilidade de material experimental. Isso ocorre, especialmente, na primeira fase dos testes clonais (Andrade, 2002).

Já a casualização dos tratamentos busca assegurar a independência dos erros, ou seja, que os erros não sejam correlacionados. Isto é uma das pressuposições da análise de variância.

No melhoramento florestal é comum a utilização de extensas áreas para experimentação. Fato que dificulta encontrar uma área experimental homogênea em toda sua extensão. Essa situação é contornada utilizando delineamentos que impõem algum controle local. Andrade (2002) apresenta um levantamento dos delineamentos utilizados na avaliação de clones pelas empresas florestais brasileiras. Além do delineamento em blocos completos casualizados, que é o

mais utilizado, alguns delineamentos em blocos incompletos também são utilizados, como o látice e o delineamento em blocos aumentados; este último será comentado posteriormente.

Outra questão de grande relevância na experimentação é a precisão experimental. No melhoramento do eucalipto são muitos os fatores que podem influenciar a precisão de experimentos, como: a heterogeneidade do solo, heterogeneidade do material experimental, tamanho e forma da parcela e desuniformidade de estande (Andrade, 2002).

Um parâmetro estatístico recomendado para avaliar a precisão e a qualidade dos experimentos é o coeficiente de variação experimental (CVE) (Pimentel Gomes, 1987). Garcia (1989) apresenta classificações do CVE considerando a experimentação florestal. Outro parâmetro utilizado para avaliar a qualidade da experimentação no melhoramento de plantas é a acurácia seletiva (r_{gs}), que refere-se à correlação entre o valor genotípico verdadeiro (μ) e aquele estimado ou predito ($\hat{\mu}$) a partir das informações dos experimentos de campo (Resende & Duarte, 2007).

A metodologia de análise é outro ponto importante na experimentação florestal. Pode-se afirmar que a análise de variância, fundamentada no método dos quadrados mínimos, foi o procedimento estatístico de maior repercussão na experimentação agrícola (Reis, 2009). No entanto, no melhoramento do eucalipto, a utilização dos modelos mistos tem se intensificado, devido à vantagem ao lidar com desbalanceamentos em experimentos e pela possibilidade de selecionar indivíduos com maior acurácia nos testes de progênies, com base nos seus valores genéticos preditos, proporcionando maior eficiência no processo seletivo (Resende, 2002).

2.4 Delineamentos Aumentados

Os delineamentos aumentados foram propostos por Walter T. Federer em meados do século XX, para solucionar problemas experimentais inerentes ao melhoramento de plantas. O objetivo era contornar o problema da impossibilidade de repetições dos genótipos nas fases iniciais do programa de melhoramento de cana-de-açúcar na estação experimental de Hawaiian Sugar Planter's Association.

Estes delineamentos resultam da inclusão de tratamentos não repetidos a alguns delineamentos já conhecidos, denominados aqui de delineamentos tradicionais (blocos completos casualizados, blocos incompletos, quadrado latino) (Federer, 1956; 1961a; Federer & Raghavarao, 1975). Assim, o delineamento passa a apresentar dois conjuntos de tratamentos: comuns e regulares. Os comuns ou testemunhas constituem os tratamentos repetidos e aleatorizados de acordo com o delineamento experimental empregado. Já os tratamentos regulares são alocados no experimento em uma única parcela, adicionada em um dos blocos. Federer (1961b) menciona que quando for possível a repetição dos diferentes tratamentos regulares, estes devem ser alocados em blocos distintos, o que trará maior eficiência.

Além da menor exigência de área e de sementes e/ou mudas, outra característica dos delineamentos aumentados é a flexibilidade em relação ao tamanho dos blocos, que podem conter números variáveis de tratamentos (Federer, 1961a; 1961b), embora blocos de tamanhos iguais ou similares sejam preferíveis (Federer, 1956).

Dentre os delineamentos aumentados, o mais utilizado, segundo Santos et al. (2002), é o bloco aumentado e com suas inferências realizadas por meio de análise intrabloco, ou seja, com os efeitos dos blocos e dos tratamentos considerados fixos. Este delineamento também possibilita a recuperação de outros tipos de informações como a interblocos e a intergenotípica. A primeira é

possível considerando o efeito de bloco como aleatório, o que em síntese vem a ser uma análise estatística baseada num modelo linear misto (Duarte, 2000). Já a recuperação de informação intergenotípica é realizada considerando o efeito dos genótipos em teste como aleatório (Duarte, 2000; Federer & Wolfinger, 1998). As vantagens desse tipo de análise (interbloco e intergenotípicas) estão relacionadas ao aumento da acurácia seletiva (Duarte, 2000).

Na análise estatística dos blocos completos aumentados, o quadrado médio do erro é estimado baseado somente nos tratamentos comuns. Os tratamentos regulares não exercem influência sobre esta estimativa. Posteriormente, as médias dos tratamentos regulares são ajustadas em função dos blocos (Federer, 1956). Dessa forma, Ramalho et al. (2005) comentam que quanto maior o número de tratamentos comuns, mais eficiente é o delineamento. Porém, menciona que um número excessivo de tratamentos comuns irá consumir grande parte do trabalho de avaliação, podendo prejudicar o objetivo principal, que é avaliar os tratamentos regulares.

Em relação à qualidade das estimativas dos componentes de variância, Duarte et al. (2001) apresentam um estudo, por simulação, de diferentes métodos de estimação num modelo de blocos aumentados. Foram estudados os métodos da análise de variância (ANOVA), estimador quadrático não viesado de variância mínima (MIVQUE(0)), máxima verossimilhança (ML) e máxima verossimilhança restrita (REML). Segundo eles, para ensaios com um número de observações superior a 200 e com 12 ou mais blocos, todos os métodos, exceto ML, apresentaram estimativas de boa qualidade. Em relação ao método ANOVA, os autores afirmaram que, apesar do método apresentar os maiores valores de erro quadrático médio da variância genética dentre os métodos estudados, em experimentos relativamente grandes, o método pode ser utilizado sem receio na análise do presente modelo.

Na literatura são encontrados alguns trabalhos sobre a eficiência dos blocos aumentados. Em eucalipto, Souza et al. (2003) compararam os delineamentos em blocos aumentados, blocos completos casualizados e látice. Verificaram que as estimativas das herdabilidades no delineamento em blocos aumentados não apresentaram concordância com as estimadas pelos outros delineamentos. Já as estimativas das correlações de Spearman na classificação das médias entre o delineamento em blocos aumentados e o látice ficaram em torno de 0,65 e o índice de coincidência para as melhores e piores médias em uma intensidade de seleção de 16,5% , variaram de 32% a 50% para as melhores e para as piores de 25% a 50%. Os autores concluíram que o delineamento em blocos aumentados é viável para seleção nas etapas iniciais dos programas de melhoramento, principalmente quando for aplicada uma intensidade de seleção moderada. No entanto, esse delineamento não se mostrou apropriado para estimar parâmetros genéticos e fenotípicos, em razão da baixa precisão dessas estimativas.

Sahagun & Frey (1991), avaliando linhagens de cevada, compararam os delineamentos látice, blocos casualizados e blocos aumentados e consideraram todos três bem sucedidos para fins de seleção. Já Bearzoti et al. (1997), com o objetivo de comparar métodos estatísticos na avaliação de clones de batata, em estágios iniciais de um programa de melhoramento, estudaram o emprego do látice e do bloco aumentado por meio de ensaios em dois locais. Eles verificaram que em um dos locais, as estimativas das herdabilidades e dos coeficientes de variação apresentaram, de forma geral, resultados semelhantes entre os dois delineamentos, além de uma concordância com relação ao ordenamento das médias dos clones (acima de 70%). Já no outro local, as estimativas foram mais discrepantes e, de maneira geral, o bloco aumentado apresentou menores estimativas das herdabilidades. A conclusão dos autores foi que o bloco aumentado pode ser utilizado como alternativa satisfatória ao látice

nas fases iniciais dos programas de melhoramento, quando a pressão de seleção não é muito forte.

Com o intuito de comparar os delineamentos em blocos aumentados e látice, Aguiar et al. (2000), utilizando famílias $F_{2:3}$ de feijoeiro, constataram que o bloco aumentado permitiu avaliar um maior número de famílias, explorando melhor a variância genética liberada no cruzamento. Esse fato, juntamente com uma maior intensidade de seleção, contribuiu para que a estimativa do ganho esperado seja superior, o que pode compensar ou até mesmo trazer alguma vantagem adicional para esse delineamento

Peternelli et al. (2009), por meio de simulação, estimaram o índice de coincidência entre as médias ajustadas dos tratamentos regulares do delineamento em blocos aumentados e os valores genotípicos reais. Os autores detectaram que o índice de coincidência na seleção de genótipos, por meio do delineamento em blocos aumentados e os valores reais, ficaram em torno de 50%, em um cenário com herdabilidade de 70% e intensidade de seleção de 10%. Quando a herdabilidade foi reduzida para 30% , com intensidade de seleção de 5%, o índice de coincidência caiu para próximo de 30%.

3 MATERIAL E MÉTODOS

Os dados experimentais utilizados nesse trabalho foram oriundos de testes clonais implantados pela Empresa V&M Florestal no Estado de Minas Gerais.

3.1 Localização e caracterização das áreas experimentais

Os testes clonais foram implantados nas fazendas Corredor, localizada no município de Bocaiúva, Itapoã, localizada em Paraopeba e Campo Alegre, em João Pinheiro, todas pertencentes à empresa V&M Florestal. As características de localização geográfica e a precipitação dessas localidades estão apresentadas na TABELA 1.

TABELA 1 Características de localização geográfica e precipitação dos locais de instalação dos experimentos.

Características	Locais		
	Bocaiúva	Paraopeba	João Pinheiro
Latitude (S)	19°17'	17°20'	17°40'
Longitude (W)	44°29'	43°20'	46°32'
Altitude (m)	850	700	500
Precipitação (mm)	850	1350	1346

3.2 Testes Clonais

Os testes clonais foram instalados nos três locais no delineamento de blocos aumentados, utilizando quatro clones como tratamentos comuns (MN467, MN07, RB69 e VM01). Foram avaliados 400 clones de *Eucalyptus* (tratamentos regulares) divididos em 20 blocos (20 tratamentos regulares por bloco). A

parcela experimental foi constituída de cinco plantas e o espaçamento utilizado foi 3 x 3 metros. O plantio dos clones ocorreu no mês de dezembro de 2000. Foram tomados dados da circunferência à altura do peito (CAP), em centímetros, aos 30 e 90 meses.

Os cuidados na produção dos clones, instalação e condução dos experimentos foram os preconizados pela empresa (Andrade, 2002).

3.3 Análises estatísticas

A partir da estrutura de delineamento empregada nos testes clonais, procedeu-se às análises de acordo com os seguintes modelos estatísticos: modelo DBA – modelo de blocos aumentados com base na média das parcelas (Federer, 1956) e modelo ED – modelo estatístico do tipo entre e dentro (One Way Classification) (Steel et al., 1997) em que foram considerados apenas os tratamentos regulares (clones sob teste). Para cada modelo realizou-se as seguintes análises:

a) Análise individual por local e por época

a₁) Modelo em blocos aumentados:

$$y_{ij} = \mu + g_i + b_j + e_{ij}$$

em que:

y_{ij} : observação da parcela recebeu o clone i dentro do bloco j ;

μ : constante;

g_i : efeito do clone i , que foi decomposto em:

$c_{i(j)}$: efeito aleatório do clone regular i no bloco j , sendo $c_{i(j)} \sim N(0, \sigma_c^2)$;

t_i : efeito fixo do clone comum ou clone testemunha i ;

b_j : efeito aleatório do bloco j , sendo $b_j \sim N(0, \sigma_b^2)$;

e_{ij} : erro experimental, sendo $e_{ij} \sim N(0, \sigma_e^2)$;

TABELA 2 Esquema da análise de variância individual por local e por época e as esperanças do quadrado médio de acordo com o modelo em blocos aumentados.

FV	QM	F	E(QM)
Bloco	Q ₁		
Clones			
Clones Regulares (CR)	Q ₂	Q ₂ / Q ₅	$\sigma_e^2 + k_1^* \sigma_c^2$
Clones Comuns (CC)	Q ₃		
CR vs CC	Q ₄		
Erro	Q ₅		σ_e^2

k_1^* : função de certos atributos de tamanho do experimento. Fornecido numericamente pelo SAS

a₂) Modelo entre e dentro:

$$y_{ij} = \mu + c_i + d_{ij}$$

em que:

y_{ij} : observação da j -ésima planta do clone regular i ;

μ : constante;

c_i : efeito aleatório do clone i , sendo $c_i \sim N(0, \sigma_c^2)$;

d_{ij} : efeito da planta j dentro do clone i , sendo $d_{ij} \sim N(0, \sigma_d^2)$;

TABELA 3 Esquema da análise de variância individual por local e por época e as esperanças dos quadrados médios de acordo com o modelo entre e dentro.

FV	QM	F	E(QM)
Entre Clones	Q ₆	Q ₆ /Q ₇	$\sigma_d^2 + n_h \sigma_c^2$
Dentro de clones	Q ₇		σ_d^2

n_h : média harmônica do número de plantas.

b) Análise conjunta dos locais dentro de cada época

b₁) Modelo em blocos aumentados

$$y_{ijk} = \mu + l_k + b_{j(k)} + g_i + lg_{ik} + e_{ijk}$$

em que:

y_{ijk} : observação na parcela que recebeu o clone i no bloco j dentro do local k;

μ : constante;

l_k : efeito fixo do local k;

$b_{j(k)}$: efeito aleatório do bloco j dentro do local k, sendo $b_{j(k)} \sim N(0, \sigma_b^2)$;

g_i : efeito do clone i, que foi decomposto em:

$c_{i(j)}$: efeito aleatório do clone regular i no bloco j, sendo $c_{i(j)} \sim N(0, \sigma_c^2)$;

t_i : efeito fixo do clone comum i;

lg_{ik} : efeito da interação entre o clone regular i e o local k, que foi decomposto em:

lc_{ik} : efeito aleatório da interação entre o clone regular i e o local k, sendo

$$lc_{ik} \sim N(0, \sigma_{cl}^2);$$

lt_{ik} : efeito fixo da interação entre o clone comum i e o local k;

e_{ijk} : erro médio, sendo $e_{ijk} \sim N(0, \sigma_e^2)$;

TABELA 4 Esquema da análise de variância conjunta dos três locais em cada época e as esperanças do quadrado médio de acordo com o modelo em blocos aumentados.

FV	QM	F	E(QM)
Locais (L)	Q ₈		
Blocos/Local	Q ₉		
Clones (C)	Q ₁₀		
Clones regulares (CR)	Q ₁₁	Q ₁₁ /Q ₁₆	$\sigma_e^2 + k_3^* \sigma_{cl}^2 + k_4^* \sigma_c^2$
Clones comuns (CC)	Q ₁₂		
CC vs CR	Q ₁₃		
L x C	Q ₁₄		
L x CC	Q ₁₅		
L x CR	Q ₁₆	Q ₁₆ /Q ₁₈	$\sigma_e^2 + k_2^* \sigma_{cl}^2$
L x (CR vs CC)	Q ₁₇		
Erro médio	Q ₁₈		σ_e^2

*K₂, k₃, k₄: coeficientes fornecidos numericamente pelo SAS

b₂) Modelo entre e dentro:

$$y_{ijk} = \mu + l_k + c_i + (cl)_{ik} + e_{ijk}$$

em que:

y_{ijk}: observação da j-ésima planta do clone regular i dentro do local k;

μ: constante;

l_k: efeito fixo do local k;

c_i: efeito aleatório do clone i, sendo $c_i \sim N(0, \sigma_c^2)$;

cl_{ik}: efeito aleatório da interação do clone i com o local k, sendo $cl_{ik} \sim N(0, \sigma_{cl}^2)$;

d_{ijk}: efeito da planta j dentro da parcela i e dentro do local k, sendo $d_{ijk} \sim N(0, \sigma_d^2)$;

TABELA 5 Esquema da análise de variância conjunta dos três locais em cada época e as esperanças dos quadrados médios de acordo com o modelo entre e dentro.

FV	QM	F	E(QM)
Locais (L)	Q ₁₉		
Entre clones (EC)	Q ₂₀	Q ₂₀ / Q ₂₁	$\sigma_d^2 + n_h \sigma_{lc}^2 + mn_h \sigma_c^2$
L x EC	Q ₂₁	Q ₂₁ / Q ₂₂	$\sigma_d^2 + n_h \sigma_{cl}^2$
Dentro de clones	Q ₂₂		σ_d^2

m: número de locais; n_h: média harmônica do número de plantas.

c) Análise conjunta envolvendo os três locais e as duas épocas de avaliação

c₁) Modelo em blocos aumentados

$$y_{ijkl} = \mu + l_k + b_{j(k)} + g_i + p_l + lg_{ik} + bt_{ij(k)} + pb_{jl(k)} + pl_{kl} + pg_{il} + plg_{ikl} + e_{ijkl}$$

em que:

y_{ijkl}: observação na parcela que recebeu o clone i no bloco j dentro do local k e na época l;

μ: constante;

l_k: efeito fixo do local k;

b_{j(k)}: efeito aleatório do bloco j dentro do local k, sendo $b_{j(k)} \sim N(0, \sigma_b^2)$;

g_i: efeito do clone i, que foi decomposto em:

c_{i(j)}: efeito aleatório do clone regular i no bloco j, sendo $c_{i(j)} \sim N(0, \sigma_c^2)$;

t_i: efeito fixo do clone comum i;

p_l: efeito fixo da época l;

lg_{ik}: efeito da interação entre o local k e o clone i, que foi decomposto em:

lc_{ik} : efeito aleatório da interação entre o clone regular i e o local k, sendo

$$lc_{ik} \sim N(0, \sigma_{cl}^2);$$

lt_{ik} : efeito fixo da interação entre o clone comum i e o local k;

$bg_{ij(k)}$: efeito da interação entre o clone i e o bloco j dentro do local k, sendo

$$bg_{ij(k)} \sim N(0, \sigma_{bg}^2);$$

$pb_{jl(k)}$: efeito aleatório da interação época l com o bloco j dentro do local k, sendo

$$pb_{jl(k)} \sim N(0, \sigma_{pb}^2);$$

pl_{kl} : efeito fixo da época l com o local k;

pg_{il} : efeito da época l com o clone i, que pode ser decomposto em:

pc_{il} : efeito aleatório da interação entre o clone regular i e a época l, sendo

$$pc_{il} \sim N(0, \sigma_{pc}^2);$$

pt_{il} : efeito fixo da interação entre o clone comum i e a época l;

plg_{ikl} : efeito da interação entre o clone i com o local k e a época l, que pode ser

decomposto em:

plc_{ikl} : efeito aleatório da interação entre o clone regular i com o local k e a época l, sendo $plc_{ikl} \sim N(0, \sigma_{pcl}^2)$;

plt_{ikl} : efeito fixo da interação entre o clone comum i com o local k e a época l.

e_{ijkl} : erro médio, sendo $e_{ijkl} \sim N(0, \sigma_e^2)$;

TABELA 6 Esquema da análise conjunta dos três locais e das duas épocas e as esperanças do quadrado médio de acordo com o modelo em blocos aumentados.

FV	QM	F	E(QM)
Local (L)	Q ₂₃		
Bloco/Local	Q ₂₄		
Clones (C)	Q ₂₅		
Clones regulares (CR)	Q ₂₆	$(Q_{26}+Q_{42})/(Q_{30}+Q_{38})$	$\sigma_e^2 + k_{11}^* \sigma_{plc}^2 + k_{12}^* \sigma_{pc}^2 + k_{13}^* \sigma_{bc}^2 + k_{14}^* \sigma_{lc}^2 + k_{15}^* \sigma_c^2$
Clones comuns (CC)	Q ₂₇		
CC vs CR	Q ₂₈		
L x C	Q ₂₉		
L x CR	Q ₃₀	$(Q_{30}+ Q_{45})/ (Q_{33}+ Q_{42})$	$\sigma_e^2 + k_8^* \sigma_{plc}^2 + k_9^* \sigma_{bc}^2 + k_{10}^* \sigma_{lc}^2$
L x CC	Q ₃₁		
L x (CR vs CC)	Q ₃₂		
B x T (Local)	Q ₃₃		
Época (E)	Q ₃₄		
E x B (L)	Q ₃₅		
E x L	Q ₃₆		
E x C	Q ₃₇		
E x CR	Q ₃₈	Q_{38}/ Q_{42}	$\sigma_e^2 + k_6^* \sigma_{plc}^2 + k_7^* \sigma_{pc}^2$
E x CC	Q ₃₉		
E x (CR vs CC)	Q ₄₀		
E x L x C	Q ₄₁		
E x L x CR	Q ₄₂	Q_{42}/ Q_{45}	$\sigma_e^2 + k_5^* \sigma_{plc}^2$
E x L x CC	Q ₄₃		
E x L x (CR vs CC)	Q ₄₄		
Erro médio	Q ₄₅		σ_e^2

$k_5, k_6, k_7, k_8, k_9, k_{10}, k_{11}, k_{12}, k_{13}, k_{14}, k_{15}$: coeficientes fornecidos numericamente pelo SAS

c₂) Modelo entre e dentro:

$$y_{ijkl} = \mu + c_i + l_k + p_l + (cl)_{ik} + (pc)_{il} + (lp)_{ik} + lcp_{ikl} + e_{ijkl}$$

em que:

y_{ijkl} : observação da j-ésima planta do clone regular i, dentro do local k e na época l;

μ : constante;

c_i : efeito aleatório do clone i, sendo $c_i \sim N(0, \sigma_c^2)$;

l_k : efeito fixo do local k;

p_l : efeito fixo da época l;

cl_{ik} : efeito aleatório da interação do clone i com o local k, sendo $cl_{ik} \sim N(0, \sigma_{cl}^2)$;

$(pc)_{il}$: efeito aleatório da interação do clone i com a época l, sendo $pc_{il} \sim N(0, \sigma_{pc}^2)$;

$(lp)_{ik}$: efeito fixo da interação entre o local k com a época l;

lcp_{kil} : efeito aleatório da interação do clone i com o local k e a época l, sendo $lpc_{ilk} \sim N(0, \sigma_{pcl}^2)$;

d_{ijkl} : efeito da j planta dentro do clone i dentro do local k e na época l, sendo $d_{ijkl} \sim N(0, \sigma_d^2)$;

TABELA 7 Esquema da análise conjunta dos três locais e das duas épocas de avaliação e as esperanças do quadrado médio de acordo com o modelo entre e dentro.

FV	QM	F	E(QM)
Local (L)	Q ₄₆		
Epoca (E)	Q ₄₇		
Entre clones (EC)	Q ₄₈	$(Q_{48} + Q_{51}) / (Q_{49} + Q_{50})$	$\sigma_d^2 + n_h \sigma_{plc}^2 + n_h q \sigma_{lc}^2 + n_h m \sigma_{pc}^2 + n_h m q \sigma_c^2$
L x EC	Q ₄₉	Q ₄₆ / Q ₄₈	$\sigma_d^2 + n_h \sigma_{plc}^2 + n_h q \sigma_{lc}^2$
E x EC	Q ₅₀	Q ₄₇ / Q ₄₈	$\sigma_d^2 + n_h \sigma_{plc}^2 + n_h m \sigma_{pc}^2$
E x L x EC	Q ₅₁	Q ₄₈ / Q ₄₉	$\sigma_d^2 + n_h \sigma_{plc}^2$
Dentro de clones	Q ₅₂		σ_d^2

q: épocas de avaliação; m: número de locais; n_h: média harmônica do número de plantas.

As análises estatísticas foram realizadas nos softwares SAS 8.1 (SAS Institute, 2000) e R 2.10.0 (R Development Core Team, 2009).

3.4 Estimativas de parâmetros genéticos

Para cada análise realizada em ambos os modelos, estimou-se por meio do método dos momentos, as variâncias associadas aos efeitos aleatórios.

A partir dos componentes de variância associados ao efeito dos clones regulares (σ_c^2) estimou-se a herdabilidade (h^2) com os limites de confiança de 95% determinados pela expressão apresentada por Knapp et al. (1985).

Também foi estimado o coeficiente de variação relativo (Vencovsky, 1987), pela seguinte expressão:

$$CV_r = \frac{CV_g}{CV_e}$$

em que:

CV_g: Coeficiente de variação genética;

CV_e: Coeficiente de variação ambiental.

3.5 Correlação de Spearman e Índice de Coincidência

Para cada uma das análises das letras a e b do item 3.3, mencionadas anteriormente, estimou-se as correlações de Spearman e o índice de coincidência com intensidades de seleção de 5% e 10% entre as médias ajustadas dos clones regulares obtidos nos dois modelos de análises, DBA e ED. Para estimar o índice de coincidência utilizou-se a expressão de Hamblin & Zimmermann (1986):

$$IC = \frac{A-c}{M-c} \times 100$$

em que:

A: número de árvores ou clones selecionados comuns nos dois modelos;

C: número de clones selecionados nos dois modelos, devido ao acaso. Assume-se que, entre o número de clones selecionados, uma proporção igual à intensidade de seleção coincida por acaso;

M: número de clones selecionados.

A partir das análises realizadas de acordo com os modelos descritos no item 3.3 (b), obteve-se também as estimativas das correlações de Spearman e os índices de coincidências com uma intensidade de seleção de 5%, entre as médias ajustadas dos clones regulares aos 30 meses e aos 90 meses.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

O resumo das análises de variância, por local e por época, para os dados de CAP é apresentado nas tabelas 1A e 2A. Veja que a fonte de variação, clones regulares, ou seja, os novos clones sob teste, apresentou teste de F significativo ($P \leq 0,01$) em todas as condições, exceto João Pinheiro aos 30 meses de acordo com o modelo DBA (TABELA 1A).

A precisão experimental nas diferentes análises de variância realizadas é de difícil comparação. Normalmente tem sido utilizado o coeficiente de variação experimental (CVe) para inferir a respeito da precisão (Garcia, 1989). Observa-se que os valores de CVe não foram elevados; a maior estimativa foi obtida em João Pinheiro aos 30 meses quando a análise foi realizada pelo modelo ED (20%) (TABELAS 1A, 2A, 8 e 9). Porém, a utilização do CVe como medida de precisão é frequentemente questionada tanto em plantas anuais (Bruzi, 2008; Silva, 2008) como em perenes (Resende, 2007). Além disso, nesse caso, o emprego do CVe para comparar a precisão nos dois tipos de análises, blocos aumentados (DBA) e entre e dentro (ED), apresenta um complicador adicional, que é a diferença na forma que o erro experimental é estimado nos dois tipos de análises. No DBA, o erro experimental é proveniente da variação entre plantas dentro da parcela que receberam os clones comuns e a variação dos clones comuns ou testemunhas nas diferentes repetições, isolando o efeito de bloco (Steel et al., 1997). Já no ED, a variância do erro é a média da variância entre plantas dentro da parcela dos clones sob teste.

Resende (2007) menciona que o interesse em termos de precisão é ter a maior acurácia (r^2_{gg}) possível, ou seja, a variação fenotípica como melhor preditor da variação genotípica. Comenta ainda que o teste de F é um bom indicador da precisão, pois $F = 1/(1 - r^2_{gg})$. Pelas estimativas de F, todos os

experimentos, exceto em João Pinheiro aos 30 meses, apresentaram boa precisão experimental, na maioria dos casos, com um valor de F superior a 1,96 (TABELAS 1A e 2A), ou seja, alta acurácia.

Deve ser enfatizado, contudo, que a magnitude dessa estimativa de F, nos dois delineamentos, não são comparáveis pelas razões já mencionadas anteriormente no que se refere à estimativa do erro experimental, que é o denominador da estimativa de F.

Outra estimativa que possibilita fazer inferências sobre a acurácia experimental é o CV_r, ou seja, a relação entre o coeficiente de variação genética (CV_g) e o residual (CV_e) (Resende & Duarte, 2007). Resende & Duarte (2007) mostram que para tomar esta estimativa como medida de acurácia, é necessário levar em consideração o número de repetições do experimento. Quanto maior o número de repetições, menor é o valor de CV_r para se atingir um dado valor de acurácia. Dessa forma, no DBA, é necessário um maior valor de CV_r para atingir um determinado valor de acurácia, pois os clones regulares apresentam apenas uma repetição. Pelos valores apresentados nas TABELAS 1A e 2A nota-se, nos resultados das análises individuais por época e por local, que esta estimativa, de forma geral, apresenta valores de maior magnitude na segunda época de avaliação (90 meses) nos dois modelos de análises.

Verificou-se nas análises de DBA que o efeito de bloco não foi significativo ($P > 0,05$) na maioria dos casos (TABELAS 1A e 2A). Em uma situação como essa pode-se inferir, em função do desempenho dos clones comuns, que a área experimental era relativamente homogênea, embora não se possa afirmar que não existia variação dentro do bloco. Nessa condição, o ajuste em função das testemunhas é pouco expressivo. Desse modo, a magnitude do QM entre clones sob testes no DBA e ED deve ser semelhante, como ocorreu na maioria dos casos (TABELAS 1A e 2A). Em princípio, uma vez que o

experimento foi implantado no delineamento de blocos aumentados e o efeito de blocos não foi expressivo, a análise entre e dentro seria a melhor opção.

Observa-se, nas análises conjuntas dos locais (TABELAS 8 e 9), que a significância da fonte de variação clones regulares se mantém nos dois tipos de análises (DBA e ED) nas avaliações aos 30 e 90 meses (TABELAS 8 e 9). Nota-se, também, que os valores de F, para essa fonte de variação, apresentaram magnitudes superiores a 2,4 em todas as análises, podendo assim inferir que a precisão experimental foi alta (Resende, 2007). Os valores do CV_r, da mesma forma que nas análises por época e por local, foram superiores na segunda época de avaliação (TABELAS 8 e 9). Os clones comuns e o contraste entre clones comuns e clones regulares apresentaram valores de F significativos e de elevada magnitude (TABELAS 8 e 9). Essas duas últimas fontes de variação foram avaliadas apenas no DBA, pois as análises ED foram realizadas apenas com os clones regulares. Em relação à interação locais x clones regulares, observa-se que, apenas aos 30 meses na análise em DBA, essa fonte de variação não foi significativa (TABELA 8). Este fato pode estar relacionado com o resultado da análise realizada aos 30 meses em João Pinheiro, onde a fonte de variação clones regulares não foi significativa (TABELA 1A). Pode-se afirmar também, com base nas análises em DBA, que as testemunhas não apresentam comportamentos coincidentes nos diferentes locais (TABELA 8 e 9).

TABELA 8 Resumo das análises de variância conjuntas de locais aos 30 meses de testes clonais de eucalipto no delineamento de blocos aumentados (DBA) e pelo delineamento entre e dentro considerando os tratamentos como aleatórios (ED).

FV	DBA			ED		
	GL	QM	F	GL	QM	F
Locais (L)	2	19812,93	559,84**	2	19457,07	506,69**
Blocos/Locais (B)	57	63,11	1,78**			
Clones (C)	403	179,63	5,07**			
C. Regulares (CR) ¹	399	85,07	2,40**	399	94,31	2,45**
C. Comuns (CC)	3	1545,73	43,68**			
CR vs CC	1	33437,79	944,84**			
L x C	805	35,39	1,14 ^{ns}			
L x CR	797	34,85	1,12 ^{ns}	797	38,40	2,96**
L x CC	6	91,80	2,96**			
L x CR vs CC	2	80,37	2,59 ^{ns}			
Erro médio ²	171	31,03		4443	12,99	
Média Geral	23,90					
Média dos CR	23,84			23,84		
Média dos CC	29,85					
CVe ³	10,88			15,12		
CVg ⁴	8,39			8,38		
CVr ⁵	0,77			0,55		

**Significativo pelo teste de F à 1%.

¹No modelo ED: Entre clones; ²No modelo ED: Dentro de clones.

³Ceficiente de variação experimental; ⁴Coefficiente de variação genético; ⁵Coefficiente de variação relativo.

TABELA 9 Resumo das análises de variância conjuntas de locais aos 90 meses de testes clonais de eucalipto no delineamento de blocos aumentados (DBA) e pelo delineamento entre e dentro considerando os tratamentos como aleatórios (ED).

FV	DBA			ED		
	GL	QM	F	GL	QM	F
Locais (L)	2	34316,97	334,32**	2	33294,71	318,21**
Blocos/Locais (B)	57	67,58	0,65 ^{ns}			
Clones (C)	403	835,94	8,14**			
C. Regulares (CR) ¹	399	467,42	4,55**	399	517,5848	4,95**
C. Comuns (CC)	3	6130,98	59,73**			
CR vs CR	1	132111,44	1287,00**			
L x C	794	102,65	1,33**			
L x CR	786	99,14	1,28**	786	104,63	2,44**
L x CC	6	228,34	2,96**			
L x CC vs CR	2	309,37	4,00 ^{ns}			
Erro médio ²	171	77,23		4355	42,94	
Média Geral	41,35					
Média dos CR	41,23			41,20		
Média dos CC	53,33					
CVe ³	10,02			15,90		
CVg ⁴	13,35			13,39		
CVr ⁵	1,33			0,84		

**Significativo pelo teste de F à 1%.

¹No modelo ED: Entre clones; ²No modelo ED: Dentro de clones.

³coeficiente de variação experimental; ⁴Coeficiente de variação genético; ⁵Coeficiente de variação relativo.

A variabilidade entre os clones pode ser constatada por meio das distribuições de freqüências de suas médias, obtidas a partir das análises conjuntas dos três locais para os dois modelos de análise (FIGURAS 1A e 2A). Verifica-se que, para a análise no modelo DBA, os clones sob avaliação apresentaram médias de CAP, variando de 14,80 cm a 31,70 cm aos 30 meses e

de 20,10 cm a 60,10 cm aos 90 meses. Observa-se que apenas 1,5% do clones sob avaliação aos 30 meses e 3,5% aos 90 meses apresentaram desempenho superior à média dos clones testemunhas (tratamentos comuns). Para o modelo ED, os clones sob avaliação apresentaram médias variando de 14,78 cm a 30,33 cm aos 30 meses e de 20,33 cm a 57,83 cm aos 90 meses. As médias foram muito semelhantes no ED e no DBA porque não houve efeito significativo de blocos na análise de DBA. Assim, o ajuste em função das testemunhas foi pequeno.

As variâncias genéticas entre clones apresentaram, de modo geral, magnitudes semelhantes no delineamento ED quando comparadas com o DBA (TABELA 10) . Esse fato é comprovado por meio das estimativas obtidas nas análises conjuntas (TABELAS 11 e 12). Como era esperado a variância genética entre os clones aumentou com a idade de avaliação (TABELAS 10 e 11). Fato semelhante foi observado por Griffin & Cotterill (1988) em relação à variância genética aditiva para altura, diâmetro e volume. Os autores estimaram as referidas variâncias na média de progênies autofecundadas, de polinização aberta e de cruzamento de *Eucalyptus regans*, avaliadas em idades variando de 3 a 45 meses e observaram que as estimativas das variâncias genéticas aumentaram com a idade.

Em relação aos valores das estimativas das variâncias da interação clones regulares x locais, com exceção da análise aos 30 meses no DBA, todas diferem de zero (TABELAS 11 e 12). No DBA, a razão entre a variância da interação clones regulares x locais e a variância de clones regulares foi de 22% e 17% aos 30 e 90 meses, respectivamente. Já no ED essa razão foi de aproximadamente 136% aos 30 meses e 22% aos 90 meses. Observa-se que na primeira avaliação a interação teve maior participação na variância fenotípica. Resultados concordantes foram obtidos por Nunes et al. (2002), trabalhando com clones de eucalipto.

Na análise conjunta, envolvendo os três locais e as duas épocas de avaliação, o que chama atenção é a variância da interação clones regulares x épocas que apresentaram valores de elevada magnitude (TABELA 11).

As magnitudes das estimativas das herdabilidades (h^2) de CAP variaram de 21,50% a 86,70% (TABELA 10). Na literatura as estimativas de herdabilidades para CAP na seleção entre clones variaram de 80% a 95% (Costa, 2008). Observa-se, de forma geral, que os valores encontrados no presente trabalho são inferiores.

Verificou-se que as estimativas de h^2 foram superiores quando a análise foi efetuada utilizando o modelo entre e dentro. Como as estimativas das variâncias genéticas foram semelhantes nos dois métodos de análises, a diferenças nas estimativas das herdabilidades devem ser atribuídas às variâncias do erro.

A qualidade das estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos obtidos por meio do DBA foi questionada em algumas oportunidades (Bearzoti et al., 1997; Souza et al., 2003). A principal restrição está relacionada à estimativa da variância do erro. Pois nesse delineamento o erro é estimado a partir dos tratamentos comuns e não dos clones que serão selecionados. Além disso, no DBA, o número de repetições dos tratamentos comuns é bem superior ao que ocorre normalmente nos demais delineamentos. No caso da análise ED, a estimativa da herdabilidade está inflacionada porque o desvio padrão fenotípico não contempla a variância ambiental entre parcelas do mesmo tratamento. Na variância fenotípica só esta incluída a variância do erro dentro das parcelas.

Observa-se que, considerando o mesmo local e o mesmo modelo de análise, de forma geral, ocorreu sobreposição dos intervalos de confiança das estimativas das herdabilidades. Na literatura são frequentes resultados que mostram não ocorrer variação expressiva na herdabilidade nas diferentes idades de avaliação (Nunes et al., 2002; Lima, 2009).

TABELA10 Estimativas das variâncias de clones regulares (σ_c^2), variâncias do erro (σ_e^2) e herdabilidades (h^2) com seus respectivos intervalos de confiança de testes clonais de eucaliptos conduzidos em três locais e avaliados em duas épocas, considerando os delineamentos de blocos aumentados (DBA) e o delineamento entre e dentro (ED).

João Pinheiro		
Parâmetros genéticos	30 meses	
	DBA	ED
σ_c^2	5,32 (-0,97; 11,62) ¹	
σ_e^2	2,83 (-1,16; 6,82)	10,66 (8,58;12,75)
* σ_d^2	9,93 (7,09; 14,88)	19,30 (17,98;20,77)
$h^2(\%)$	21,49(-17,18;46,89)	72,12 (67,30; 76,10)
90 meses		
σ_c^2	-0,67(-1,00; -0,331)	
σ_e^2	28,50 (20,35; 36,64)	39,20 (32,11;46,28)
σ_d^2	20,18 (14,42; 30,24)	51,59 (48,23; 55,79)
$h^2(\%)$	57,56(38,78;72,26)	77,91 (74,06; 81,10)
Bocaiúva		
Parâmetros genéticos	30 meses	
	DBA	ED
σ_c^2	0,17 (-0,15; 0,48)	
σ_e^2	4,65 (2,61; 6,69)	7,47 (6,20;8,75)
σ_d^2	4,78 (3,41; 7,16)	8,09 (7,53;8,71)
$h^2(\%)$	48,33(25,44;66,21)	80,96 (77,69; 83,70)
90 meses		
σ_c^2	0,27 (-0,98; 1,51)	
σ_e^2	32,73 (25,42; 40,04)	37,02 (30,99;43,04)
σ_d^2	10,48 (7,49; 15,70)	26,10 (24,28; 28,13)
$h^2(\%)$	72,00(63,94;83,65)	86,68 (84,35; 88,59)
Paraopeba		
Parâmetros genéticos	30 meses	
	DBA	ED
σ_c^2	-0,26 (-0,35; -0,17)	
σ_e^2	7,40 (5,19; 9,61)	10,04 (8,31;11,78)
σ_d^2	5,54 (3,96; 8,30)	11,56 (24,28;28,13)
$h^2(\%)$	56,19(36,84;71,37)	80,64 (77,37; 83,43)
90 meses		
σ_c^2	-1,21 (-1,90; -0,51)	
σ_e^2	51,37 (39,93; 62,81)	55,80 (46,60;65,00)
σ_d^2	20,84 (14,89; 31,24)	50,38 (46,94;54,21)
$h^2(\%)$	73,08(57,14;80,57)	83,74 (81,22; 86,28)

¹Intervalo de confiança à 95% de probabilidade. * No modelo ED: σ_d^2 .

TABELA 11 Estimativas das variâncias de clones regulares (σ_c^2), variâncias da interação clones regulares x locais (σ_{cl}^2), variâncias do erro (σ_e^2), e herdabilidades (h^2) com seus respectivos intervalos de confiança das análises conjuntas por época nos teste clonais de eucaliptos conduzidos em três locais, considerando os delineamentos de blocos aumentados (DBA) e o delineamento entre e dentro (ED)

Parâmetros genéticos	30 meses	
	DBA	ED
σ_c^2	1,74(0,58;2,90)	
σ_{cl}^2	4,00(3,05;4,96)	4,00(3,23;5,27)
σ_e^2	0,87(-0,66;2,42)	5,43(4,61;6,25)
* σ_{cl}^2	6,76 (5,52;8,44)	12,99(12,47;13,55)
$h^2(\%)$	59,19 (50,57;64,81)	59,00 (51,59;65,58)
	90 meses	
σ_c^2	-0,53(-0,67;-0,39)	
σ_{cl}^2	30,32(25,34;35,29)	30,46(25,25;35,67)
σ_e^2	5,15(1,86;8,44)	13,33(11,05;15,60)
σ_{cl}^2	17,16 (14,03;21,47)	42,94(41,19;44,80)
$h^2(\%)$	78,96 (53,89;81,43)	80,18 (75,96;82,91)

* No modelo ED: σ_d^2 .

TABELA 12 Estimativas das variâncias dos clones regulares (σ_c^2), variâncias da interação clones regulares x locais (σ_{cl}^2), variâncias da interação clones regulares x épocas (σ_{pc}^2) e variâncias dos erros (σ_e^2) com seus respectivos intervalos de confiança das análises conjuntas envolvendo os três locais e as duas épocas de avaliação, considerando os delineamentos de blocos aumentados (DBA) e considerando o delineamento entre e dentro (ED)

Parâmetros genéticos	DBA	ED
σ_c^2	10,00 (0,17;20,85)	10,30 (6,20; 22,11)
σ_{cl}^2	4,00 (0,54;14,69)	9,87 (5,95; 21,90)
σ_{pc}^2	8,42 (0,21;18,75)	7,51 (4,10; 18,00)
* σ_e^2	3,77 (1,61;13,01)	27,53 (19,60; 41,66)

* No modelo ED: σ_d^2

Em relação às herdabilidades nas análises conjuntas de locais, as mesmas apresentaram resultados semelhantes nos dois tipos de análises, com valores médios em torno de 59% e 79% para a primeira e segunda época de avaliação, respectivamente. Porém, nessas análises não ocorreu sobreposição dos intervalos de confiança ao se comparar as épocas de avaliação dentro do mesmo tipo de análise (TABELA 11). Conforme comentado anteriormente, a variância da interação teve uma maior participação na variância fenotípica na primeira avaliação quando comparada com a segunda avaliação, fato que pode ter contribuído para a diferença nos valores dessas estimativas.

Estimativas das correlações de Spearman entre a classificação dos clones nas duas análises estão apresentadas na TABELA 13. A correlação foi de 1,00 em Paraopeba nas duas épocas avaliadas e na segunda época em João Pinheiro. A razão dessas estimativas terem apresentado valores tão elevados está no fato das médias no DBA não terem sido ajustadas pelo efeito do bloco, uma vez que este efeito não foi significativo (TABELAS 1A e 2A). As estimativas

das correlações nas análises conjuntas, entre os dois tipos de análises também foram altas (0,98 aos 30 meses e 1,00 aos 90 meses).

TABELA 13 Estimativas das correlações de Spearman entre a classificação de clones de eucalipto obtidas pelas análises estatísticas considerando o delineamento de blocos aumentados (DBA) e entre e dentro (ED) em três locais, duas épocas de avaliação e na análise conjunta de locais.

		João Pinheiro	
		30 meses	90 meses
DBA/ED		0,890	1,000
		Bocaiúva	
		30 meses	90 meses
DBA/ED		0,999	0,99
		Paraopeba	
		30 meses	90 meses
DBA/ED		1,000	1,000
		Conjunta	
		30 meses	90 meses
DBA/ED		0,980	1,000

Esses resultados também são confirmados pelos índices de coincidência na seleção dos clones quando se aplicou intensidades de seleção de 5% e 10%. Observa-se que apenas em João Pinheiro, aos 30 meses, os índices de coincidência apresentaram valores baixos, 42% e 58% para uma intensidade de seleção de 5% e 10%, respectivamente. Nos outros locais e nas outras épocas os valores foram superiores a 90%, chegando até a 100% em Paraopeba. Nas análises conjuntas, de maneira geral, os índices também apresentaram altos valores, sendo que o menor ocorreu aos 30 meses quando se aplicou uma intensidade de seleção de 5% (68%). Isso se deve, provavelmente, à influência do local João Pinheiro, que nas análises individuais, apresentou menores índices de coincidência nessa época (TABELA 14).

TABELA 14 Estimativas dos índices de coincidências (IC) na seleção de clones de eucalipto realizada pelas análises estatísticas considerando o delineamento de blocos aumentados (DBA) e entre e dentro (ED) nos três locais, nas duas épocas de avaliação e na análise conjunta de locais, em duas intensidades de seleção, 5 e 10%..

		João Pinheiro			
		30 meses		90 meses	
		IC (5%)	IC (10%)	IC (5%)	IC (10%)
DBA/ED		42	58	100	100
		Bocaiúva			
		30 meses		90 meses	
		IC (5%)	IC (10%)	IC (5%)	IC (10%)
DBA/ED		95	97	90	97
		Paraopeba			
		30 meses		90 meses	
		IC (5%)	IC (10%)	IC (5%)	IC (10%)
DBA/ED		100	100	100	100
		Conjunta			
		30 meses		90 meses	
		IC (5%)	IC (10%)	IC (5%)	IC (10%)
DBA/ED		68	88	100	100

As estimativas das correlações de Spearman entre a análise em DBA e ED são muito superiores aos obtidos por Souza et al. (2003), que encontraram correlação em torno de 0,65 quando relacionaram as análises em DBA e em látice, na seleção de famílias de meio-irmãos de eucalipto. Quando os autores verificaram o índice de coincidência para as melhores e piores famílias em uma intensidade de seleção de 16,5% para ambas, notaram que para a seleção das melhores famílias os índices variaram de 32% a 50% e para os piores de 25% a 50%.

Um outro trabalho que estimou o índice de coincidência, dos DBA, mas agora em relação aos valores reais, foi realizado por Peternelli et al. (2009), por meio de simulação. Os autores detectaram que o índice de coincidência na seleção de genótipos, classificados por meio da análise em DBA e os valores

reais, ficam em torno de 50%, em um cenário com herdabilidade de 70% e intensidade de seleção de 10%. Se a herdabilidade reduzir para 30% e a intensidade de seleção passar para 5% o índice de coincidência cai para próximo de 30%.

Estimou-se também, por meio das médias obtidas nas análises conjuntas, os índices de coincidência na seleção dos clones dentro de cada tipo de análise nas difentes épocas. Os resultados mostram um cenário desfavorável à seleção precoce quando se aplica uma intensidade de seleção de 5%, pois as coincidências dos clones selecionados aos 30 meses com os clones que seriam selecionados aos 90 meses não foram altas. Na análise ED foi de 42% e na DBA, 47%. Quando se estimou a correlação de Spearman, o modelo ED apresentou um valor de 0,79 e o modelo DBA um valor de 0,80.

O presente trabalho mostra a equivalência desses dois tipos de análises. Também vem corroborar com trabalhos anteriores (Bearzoti et al., 1997; Souza et al., 2000; 2003), que afirmam que o DBA prejudica a estimativa de parâmetros genéticos. Esses autores sugerem que este delineamento seja empregado em etapas iniciais de programas de melhoramento e com uma intensidade de seleção moderada. Aguiar et al. (2000) justificam o uso do DBA em uma situação de limitação de área, mesmo com uma precisão experimental inferior, alegando que este delineamento, por permitir avaliar um número maior de tratamentos, possibilita explorar melhor a variância genética e proporciona maiores estimativas de ganho.

Porém, no setor florestal, os ciclos de seleção são longos e as etapas de avaliação demandam alguns anos. Dessa forma, a utilização de delineamentos que permitem estimar parâmetros genéticos com maior precisão e assim lançar mão de uma alta intensidade de seleção, tornaria o processo mais dinâmico e aumentaria os ganhos com a seleção. Além disso, a precisão nas estimativas proporciona segurança para realizar a seleção precoce.

5 CONCLUSÃO

A análise em delineamento em blocos aumentados e as análises entre e dentro fornecem resultados semelhantes na avaliação de clones de eucalipto.

A interação clones x épocas foi expressiva, o que torna a eficiência da seleção precoce questionável.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGUIAR, A. M.; RAMALHO, M. A. P., SOUZA, E. A. de. Comparação entre látice e bloco aumentados na avaliação de famílias segregantes em um programa de melhoramento do feijoeiro. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 24, n. 4, p. 857-860, out./dez. 2000.

ANDRADE, H. B. **Eficiência dos experimentos com clones na cultura do eucalipto**. 2002. 162p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

ANDRADE, H. B.; ALTHOFF, P.; OLIVEIRA, A. C.; RAMALHO, M. A. P. Contribuição da área de pesquisa e desenvolvimento no aumento da produção de biomassa na V&M Florestal. In: CONGRESSO INTERNACIONAL DE USO DA BIOMASSA PLANTADA PARA PRODUÇÃO DE METAIS E GERAÇÃO DE ELETRICIDADE, 1., 2001, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: UFMG, 2001.

ANDRADE, H. B.; SOARES, A. R.; RAMALHO, M. A. P.; DAVID, A. C. Avaliação de espécies e procedências de *Eucalyptus* L' Héritier (Myrtaceae) nas regiões norte e noroeste do Estado de Minas Gerais. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 18, n. 3, p. 215-229, set./dez. 1994.

ASSOCIAÇÃO MINEIRA DE SILVICULTURA. **Florestas energéticas no Brasil: deamanda e disponibilidade**, 2009. 23p.

BEARZOTI, E.; PINTO, C. A. B. P.; OLIVEIRA, M. S. de. Comparação entre métodos estatísticos de avaliação de clones de batata em um programa de melhoramento de batata. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 9, p. 877-884. set. 1997.

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

BRITO, J. O. O uso energético da madeira. **Estudos Avançados**, v. 21, n. 59. 2007.

BRUZI, A. T. **Aplicações da análise de modelos mistos em programas de seleção recorrente do feijoeiro comum**. 2008. 73p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

COSTA, R. R. G. F. **Performance dos indivíduos nos testes de progênes e os respectivos clones de eucalipto**. 2008. 66p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

DENISON, N. P.; KIETZKA, J. E. The use and importance of hybrid intensive forestry in South Africa. **South Africa Forestry Journal**, Pretória, n. 165, p. 55-60, 1993.

DUARTE, J. B. **Sobre o emprego e a análise estatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal**. 2000. 293p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R.; DIAS, C. T. dos S. Estimadores de componentes de variância em delineamentos de blocos aumentados com tratamentos novos de uma ou mais populações. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v. 36, n. 9, p. 1155-1167, set. 2001.

EARL, D. E. A report on chacoal. In: FOOD AGRICULTURE ORGANIZATION OF UNITED NATIONS. Rome, 1974. 97p.

FEDERER, W. T. Augmented (hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planters' Record**, Aiea, v.55, p. 191-208, 1956.

FEDERER, W. T. Augmented designs with one-way elimination of heterogeneity. **Biometrics**, Washington, v. 17, n. 2, p. 447 – 473, June 1961.

FEDERER, W. T. Augmented designs with two, three and higher-way elimination of heterogeneity. **Biometrics**, Washington, v. 17, n. 1, p. 166, 1961.

FEDERER, W. T.; RAGHAVARAO, D. On augmented designs. **Biometrics**, Washington, v. 31, n. 1, p. 29-35, 1975.

FEDERER, W. T.; WOLFINGER, R. D. SAS code for recovering intereffect information in experiments with incomplete block and lattice rectangle designs. **Agronomy Journal**, Madison, v. 90, n. 4, p. 545-551, July/Aug. 1998.

- FERREIRA, M. Melhoramento e a silvicultura intensiva clonal. **Instituto Pesquisa e Estudos Florestais**, Piracicaba, v. 45, p. 22-30, dez. 1992.
- FERREIRA, M.; SANTOS, P. E. T. dos. Melhoramento genético florestal dos *Eucalyptus* no Brasil: breve histórico e perspectivas. In: CONFERENCE ON SILVICULTURE AND IMPROVEMENT OF EUCALYPT, 1997, Salvador. **Proceedings...** Salvador: IUFRO, 1997. p. 14-34.
- GARCIA, C. H. Tabelas para classificação do coeficiente de variação. **Circular Técnica IPEF**, Piracicaba, n. 171, 1989.
- GOMIDE, J. L.; FANTUZZI NETO, H.; LEITE, H. G. Estratégias de análise da qualidade de madeira de *Eucalyptus sp.* para produção de celulose. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 28, n. 3, p. 443-450, jul./set. 2004.
- GONÇALVES, F. M. A.; REZENDE, G. D. S. P.; BERTOLUCCI, F. de L. G.; RAMALHO, M. A. P. Progresso genético por meio da seleção de clones de eucalipto em plantios comerciais. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 25, n. 3, p. 295-301, jul./set. 2001.
- GRIFFIN, A. R.; COTTERILL, P. P. Genetic variation in growth of outcrossed, selfed and open-pollinated progenies of *Eucalyptus regnans* and some implications for breeding strategy. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 37, n. 3/4, p. 124-131, 1988.
- HAMBLIN, J. E.; ZIMMERMANN, M. J. de O. Breeding common bean for yield in mixtures. **Plant Breeding Reviews**, New York, v. 4, n. 8, p. 245-272, Aug. 1986.
- KNAPP, R. J.; STROUP, W. W.; ROSS, W. M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. **Crop Science**, Madison, v. 25, n. 1, p. 192-194, Jan./Feb. 1985.
- LIMA, J. L. **Estratégias de seleção em um programa de melhoramento de eucalipto visando à produção de carvão**. 2009. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.
- MOURA, G. P. L. de. **Estimação de parâmetros de competição entre clones de eucalipto**. 2009. 71p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

NUNES, G. H. S.; REZENDE, G. D. S. P.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos. Implicações da interação genótipos x ambientes na seleção de clones de eucalipto. **Cerne**, Lavras, v. 8, n. 1, p. 49-58, 2002.

PEREIRA, A. B. **Avaliação da eficiência dos cruzamentos em programas de melhoramento de Eucalyptus**. 2001. 41p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

PETERNELLI, L. A.; SOUZA, E. F. M. de; BARBOSA, M. H. P.; CARVALHO, M. P. de. Delineamentos aumentados no melhoramento de plantas em condições de restrições de recursos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 9, p. 2425-2430, out. 2009.

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 12. ed. São Paulo: Nobel, 1987. 466p.

PINHEIRO, P. C. da C.; SAMPAIO, R. S.; REZENDE, M. E. A. **A produção de carvão vegetal: teoria e prática**. 2. ed. Belo Horizonte: Edição do Autor, 2008. 120p.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2009.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. de. **Experimetnação em genética e melhoramento de plantas**. 2. ed. Lavras: UFLA, 2005. v. 1, 322 p.

REIS, C. A. F. **Correspondência no desempenho entre árvores selecionadas em teste de progênies e seus clones em *Eucalyptus* spp.** 2009. 47p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Fereral de Lavras, Lavras.

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

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e o melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 561p.

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

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

SAHAGUN, C. J.; FREY, K. J. Efficiency of three experimental designs for genotype evaluation. **Revista Chapingo**, Mexico, v. 15, p. 114 – 122, 1991.

SANTOS, A. H.; BEARZOTI, E.; FERREIRA, D. F.; FILHO, J. L. da S. Simulation of mixed models in augmented block design. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 59, n. 3, p. 483-489, jul./set. 2002.

SAS INSTITUTE. **SAS/STAT User's guide**: version 8. Cary, 2000.

SILVA, F. B. **Multilinhas visando atenuação dos estresses bióticos e maior estabilidade fenotípica no feijoeiro**. 2008. 86p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

SOUVANNAVONG, O. Development of high-yielding clonal plantations of eucalyptus hybrids in the Congo. In: BAKER, F. W. G. (Ed.). **Rapid propagation of fast-growing wood species**. Wallingford: CAB International, 1992. p. 109-113.

SOUZA, E. A. de; GERALDI, I. O.; RAMALHO, M. A. P. Alternativas experimentais na avaliação de famílias em programas de melhoramento genético de feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 9, p. 1765-1771, set. 2000.

SOUZA, E. A. de; GERALDI, I. O.; RAMALHO, M. A. P.; BERTOLUCCI, F. de L. G. Experimental alternatives for evaluation of progenies and clones in eucalyptus breeding programs. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 27, n. 4, p. 427-434, out./dez. 2003.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H.; DICKEY, D. A. **Principles and procedures of statistics**: a biometrical approach. 3. ed. New York: Mc Graw-Hill Book, 1997. 666 p.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (Ed.). Melhoramento e produção de milho. 2. ed. Campinas: Fundação Cargil, 1987. v.1, 795 p.

WENDLING, I.; XAVIER, A.; GOMES, J. M.; PIRES, I. E.; ANDRADE, H. B.
Propagação clonal de híbridos de *Eucalyptus spp* por miniestaquia. **Revista
Árvore**, Viçosa, MG, v. 24, n. 2, p. 181-186, mar./abr. 2000.

ANEXOS

ANEXO A		Página
TABELA 1A	Resumo das análises de variância dos dados de CAP, em cm, em testes clonais de eucalipto no delineamento de blocos aumentos (DBA) e pelo delineamento entre e dentro (ED) nos três locais aos 30 meses.....	45
TABELA 2A	Resumo das análises de variância dos dados de CAP, em cm, em testes clonais de eucalipto no delineamento de blocos aumentos (DBA) e pelo delineamento entre e dentro (ED) nos três locais aos 90 meses.....	46
ANEXO B		Página
FIGURA 1B	Distribuições de frequências das estimativas das médias dos clones regulares de eucalipto para o caráter CAP, em cm/planta, obtidas na avaliação de clones de <i>Eucalyptus</i> spp. pela análise conjunta de três locais pelo modelo de blocos aumentados, aos 30 meses (a) e aos 90 meses (b).....	47
FIGURA 2B	Distribuições de frequências das estimativas das médias dos clones regulares de eucalipto para o caráter CAP, em cm/planta, obtidas na avaliação de clones de <i>Eucalyptus</i> spp. pela análise conjunta de três locais pelo modelo entre e dentro, aos 30 meses (a) e aos 90 meses (b).....	48

TABELA 1A Resumo das análises de variância dos dados de CAP, em cm, em testes clonais de eucalipto no delineamento de blocos aumentados (DBA) e pelo delineamento entre e dentro (ED) nos três locais aos 30 meses.

FV	João Pinheiro					
	DBA			ED		
	GL	QM	F	GL	QM	F
Blocos	19	140,48	3,14**			
Clones	402	19,82	1,99**			
C. Regulares (CR) ¹	398	56,91	1,27 ^{ns}	398	69,30	3,59**
C. Comuns (CC)	3	832,19	18,63**			
CR vs CC	1	10704,13	239,68**			
Erro ²	57	44,66		1472	19,30	
Média Geral	22,21					
Média CR	21,26			21,26		
Média CC	27,23					
Cve ³	14,19			20,66		
CVg ⁴	7,57			15,35		
CVr ⁵	0,53			0,74		
FV	Bocaiúva					
	DBA			ED		
	GL	QM	F	GL	QM	F
			Bocaiúva			
Blocos	19	25,50	1,16 ^{ns}			
Clones	403	15,12	3,16**			
C. Regulares (CR) ¹	399	42,50	1,93**	399	42,60	5,26**
C. Comuns (CC)	3	558,06	25,40**			
CR vs CC	1	9406,68	428,16**			
Erro ²	57	21,97		1447	8,09	
Média Geral	23,61					
Média CR	22,74			22,74		
Média CC	28,26					
Cve ³	9,26			12,50		
CVg ⁴	9,13			12,02		
CVr ⁵	0,98			0,96		
FV	Paraopeba					
	DBA			ED		
	GL	QM	F	GL	QM	F
Blocos	19	21,14	0,81 ^{ns}			
Clones	403	20,16	3,64**			
C. Regulares (CR) ¹	399	59,42	2,28**	399	59,88	5,18**
C. Comuns (CC)	3	327,57	12,59**			
CR vs CC	1	13485,81	518,27**			
Erro ²	57	26,02		1524	11,55	
Média Geral	29,94					
Média CR	27,46			27,46		
Média CC	34,02					
Cve ³	7,86			12,38		
CVg ⁴	9,08			11,54		
CVr ⁵	1,15			0,93		

**Significativo pelo teste de F à 1%.

¹No modelo ED: Entre clones; ²No modelo ED: Dentro de clones.

³Coefficiente de variação experimental; ⁴Coefficiente de variação genético; ⁵Coefficiente de variação relativo.

TABELA 2A Resumo das análises de variância dos dados de CAP, em cm, em testes clonais de eucalipto no delineamento de blocos aumentados (DBA) e pelo delineamento entre e dentro (ED) nos três locais aos 90 meses.

FV	João Pinheiro					
	DBA			ED		
	GL	QM	F	GL	QM	F
Blocos	19	78,76	0,87 ^{ns}			
Clones	399	76,92	3,81**			
C. Regulares (CR) ¹	395	213,90	2,35**	395	234,51	4,53**
C. Comuns (CC)	3	3120,36	34,37**			
CR vs CC	1	44400,98	489,05**			
Erro ²	57	90,79		1450	51,80	
Média Geral	40,23					
Média CR	38,28			38,29		
Média CC	50,46					
Cve ³	11,16			18,76		
CVg ³	13,27			14,11		
CVr ⁴	1,19			0,75		
FV	Bocaiúva					
	DBA			ED		
	GL	QM	F	GL	QM	F
Blocos	19	49,65	1,10 ^{ns}			
Clones	398	64,37	6,14**			
C. Regulares (CR) ¹	394	180,14	4,00**	394	196,09	7,51**
C. Comuns (CC)	3	1262,71	28,03**			
CR vs CC	1	35411,65	1008,25**			
Erro ²	57	45,04		1419	26,10	
Média Geral	40,83					
Média CR	39,06			39,05		
Média CC	50,18					
Cve ³	7,93			13,08		
CVg ⁴	14,01			15,58		
CVr ⁵	1,77			1,19		
FV	Paraopeba					
	DBA			ED		
	GL	QM	F	GL	QM	F
Blocos	19	73,64	0,77 ^{ns}			
Clones	400	101,57	4,87**			
C. Regulares (CR) ¹	396	322,72	3,36**	396	315,04	6,25**
C. Comuns (CC)	3	2193,54	22,87**			
CR vs CC	1	52329,54	545,72**			
Erro ²	57	95,89		1486	50,38	
Média Geral	48,34					
Média CR	46,26			46,26		
Média CC	59,35					
Cve ³	9,44			15,34		
CVg ⁴	14,83			16,15		
CVr ⁵	1,57			1,05		

**Significativo pelo teste de F à 1%.

¹No modelo ED: Entre clones; ²No modelo ED: Dentro de clones.

³Coefficiente de variação experimental; ⁴Coefficiente de variação genético; ⁵Coefficiente de variação relativo.

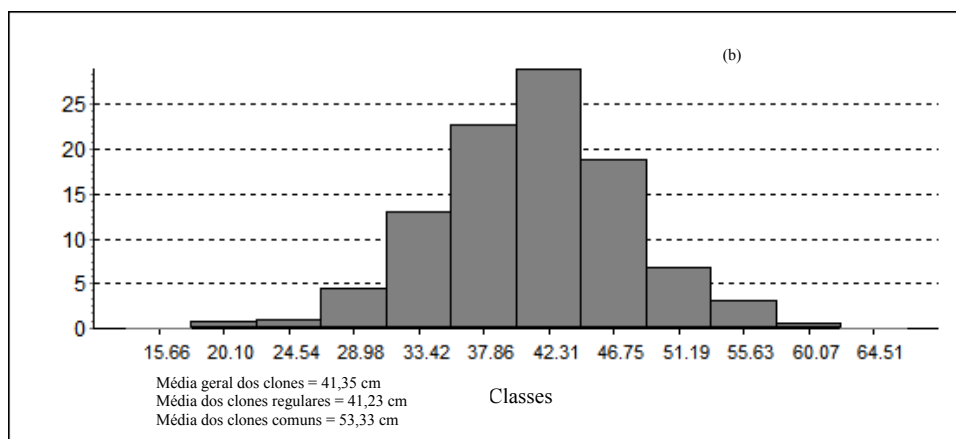
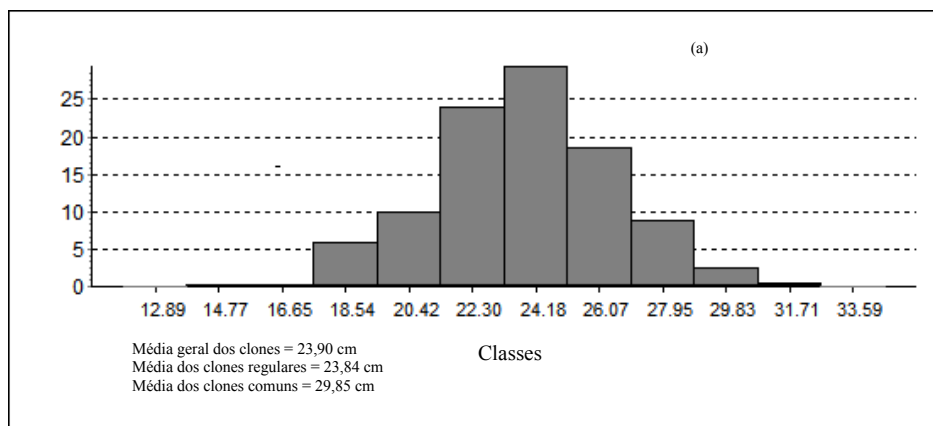


FIGURA 1B Distribuições de frequências das estimativas das médias dos clones regulares de eucalipto para o caráter CAP, em cm/planta, obtidas na avaliação de clones de *Eucalyptus* spp. pela análise conjunta de três locais pelo modelo de blocos aumentados, aos 30 meses (a) e aos 90 meses (b).

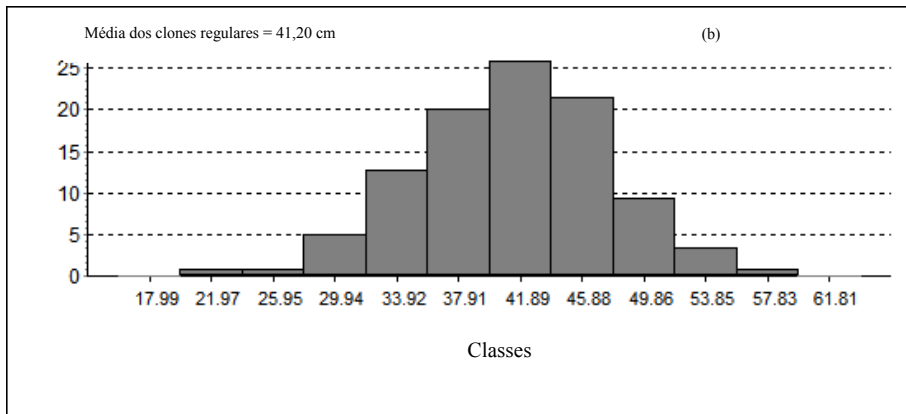
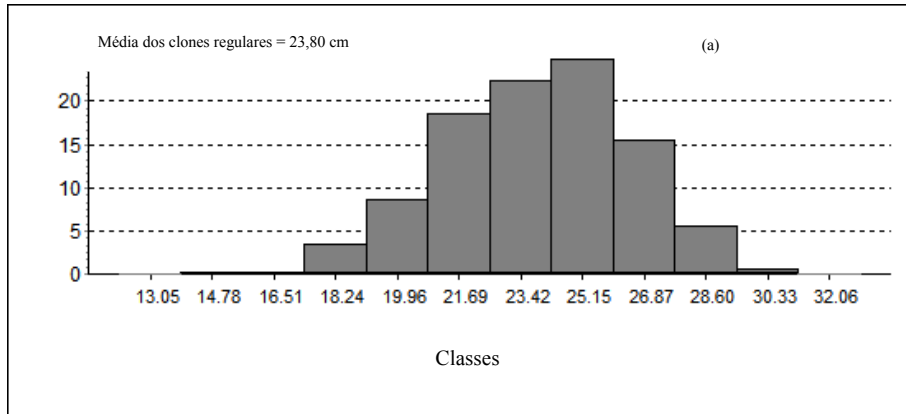


FIGURA 2B Distribuições de frequências das estimativas das médias dos clones regulares de eucalipto para o caráter CAP, em cm/planta, obtidas na avaliação de clones de *Eucalyptus* spp. pela análise conjunta dos três locais pelo modelo entre e dentro, aos 30 meses (a) e aos 90 meses (b).