

VITOR AUGUSTO JATZEK

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR AMBIENTES E SELEÇÃO EM PROGÊNIES DE
Corymbia citriodora (Hook.) K.D. Hill & L.A.S. Johnson**

Botucatu

2026

VITOR AUGUSTO JATZEK

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR AMBIENTES E SELEÇÃO EM PROGÊNIES DE
Corymbia citriodora (Hook.) K.D. Hill & L.A.S. Johnson**

Dissertação apresentada à Faculdade de
Ciências Agronômicas da Unesp Câmpus
de Botucatu, para obtenção do título de
Mestre em Ciências Florestais.

Orientador(a): Evandro Vagner
Tambarussi

Coorientador(a): Paulo Henrique Muller da
Silva

Botucatu

2026

J39i	Jatzek, Vitor Augusto Interação genótipos por ambientes e seleção em progênes de <i>Corymbia citriodora</i> (Hook.) K.D. Hill & L.A.S. Johnson / Vitor Augusto Jatzek. -- Botucatu, 2026 92 p. : il., tabs., mapas Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrônômicas, Botucatu Orientador: Evandro Vagner Tambarussi Coorientador: Paulo Henrique Muller da Silva 1. Melhoramento genético. 2. Interação genótipo-ambiente. 3. Genética quantitativa. 4. Bioestatística. I. Título.
------	---

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Dados fornecidos pelo autor(a).

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

**TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR AMBIENTES E SELEÇÃO EM
PROGÊNIES DE *Corymbia citriodora* (Hook.) K.D. Hill & L.A.S. Johnson**

AUTOR: VITOR AUGUSTO JATZEK

ORIENTADOR: EVANDRO VAGNER TAMBARUSSI

COORIENTADOR: PAULO HENRIQUE MÜLLER DA SILVA

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Mestre em Ciência Florestal, pela Comissão Examinadora:

 Documento assinado digitalmente
EVANDRO VAGNER TAMBARUSSI
Data: 10/08/2026 20:29:50-0300
Verifique em <https://validar.i6.gov.br>

Prof. Dr. EVANDRO VAGNER TAMBARUSSI (Participação Virtual)
Produção Vegetal / UNESP / Câmpus de Botucatu - FCA

 Documento assinado digitalmente
ADELSON LEMES DA SILVA JUNIOR
Data: 10/08/2026 18:46:41-0300
Verifique em <https://validar.i6.gov.br>

Prof. Dr. ADELSON LEMES DA SILVA JUNIOR (Participação Virtual)
Ciências Florestais / Universidade Federal de Lavras

 Documento assinado digitalmente
MARIA PAULA BARON NUNES TECCHIO
Data: 10/08/2026 20:21:54-0300
Verifique em <https://validar.i6.gov.br>

Prof.^a Dr.^a MARIA PAULA B NUNES TECCHIO (Participação Virtual)
Produção Vegetal / UNESP / Câmpus de Botucatu - FCA

Botucatu, 10 de agosto de 2026.

AGRADECIMENTOS

À minha esposa, Francielli, minha companheira de vida e melhor amiga. Obrigado por caminhar ao meu lado, por todo o apoio emocional e pela paciência em todos os momentos, especialmente nos de maior desafio, não importando a distância. Esta conquista é nossa.

Aos meus pais, Márcia e Joselito, e à minha irmã, Bruna, pelo amor e apoio incondicional. Vocês são a base de tudo o que sou e a motivação para seguir buscando meus objetivos.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Evandro Vagner Tambarussi, pela parceria que se estende desde 2018, na graduação. Obrigado pela confiança, pelos ensinamentos valiosos e por acreditar no meu potencial ao longo de toda essa jornada acadêmica e profissional.

Ao meu coorientador, Paulo Henrique Muller da Silva, pela amizade e parceria, pela orientação precisa e pelo exemplo de liderança e conhecimento técnico que me acompanham desde quando trabalhamos juntos.

À Universidade Estadual Paulista (UNESP), em especial à Faculdade de Ciências Agrônômicas (FCA) de Botucatu, pela formação de excelência e por todo o suporte institucional durante o mestrado.

Ao Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais (IPEF), local onde tive a honra de trabalhar e que viabilizou este trabalho por meio da disponibilização de dados. Agradeço também às empresas filiadas ao PCMF (Programa Cooperativo sobre Melhoramento Florestal) pela cessão dos dados e pela confiança na pesquisa aplicada.

Aos amigos de Botucatu e Piracicaba, que tornaram o cotidiano mais leve. Um agradecimento especial aos colegas que o IPEF me proporcionou; as discussões técnicas e os momentos de descontração foram fundamentais para o meu crescimento.

Por fim, e acima de tudo, agradeço a Deus que, direta ou indiretamente, fez com que este ciclo se encerrasse com sucesso, transformando desafios em aprendizado e iluminando meu caminho com a força e a sabedoria necessárias para concluir esta etapa.

RESUMO

A espécie *Corymbia citriodora* destaca-se no setor florestal brasileiro pela qualidade de sua madeira e produção de óleos essenciais, porém, ainda carece de programas de melhoramento genético consolidados que explorem sua interação com diferentes ambientes. O presente trabalho teve como objetivo avaliar a adaptabilidade, estabilidade e produtividade de progênies de *C. citriodora*, visando a seleção de genótipos superiores em uma rede experimental multiambientes. Foram avaliadas 167 progênies de polinização aberta em 19 locais distribuídos pelos estados da Bahia, Espírito Santo, Minas Gerais, Mato Grosso do Sul, São Paulo e Rio Grande do Sul. Os experimentos foram implantados em DBC, com blocos variando entre 3 a 8 repetições, com 5 plantas por parcela. Os controles experimentais foram os materiais comerciais de cada empresa. Foram avaliados os caracteres de Incremento Médio Anual (IMA), diâmetro à altura do peito (DAP) e altura, mensurado entre 2 e 3 anos de idade. As estimativas de parâmetros genéticos foram obtidas via metodologia de modelos mistos (REML/BLUP), comparando-se a eficiência de seleção com o método de Eberhart & Russell e utilizando o índice MHPRVG para seleção simultânea. A análise da interação genótipos x ambientes (GxE) foi aprofundada via GGE Biplot. Os resultados indicaram alta sobrevivência (>80%) na maioria dos ambientes, exceto na região Sul (RS), onde a ocorrência de geadas atuou como fator limitante. A herdabilidade individual no sentido restrito (h_a^2) foi moderada (0,24), enquanto a herdabilidade média de progênies (h_{mp}^2) foi alta (0,95). A correlação genotípica entre ambientes ($r_{gloc} = 0,59$) revelou a predominância de interação complexa. A metodologia REML/BLUP mostrou-se superior à regressão linear na predição de ganhos, identificando as famílias CC-148, CC-162 e CC-39 como as mais produtivas e estáveis. A análise GGE Biplot estratificou a rede em dois mega-ambientes distintos, isolando os experimentos do Sul e um da Bahia. Estimou-se um ganho genético entre 10,86% e 18,24% para o caráter IMA, confirmando o potencial da população base para futuros ciclos de melhoramento e a eficácia da seleção simultânea para ambientes contrastantes.

Palavras-chave: interação GxE; REML/BLUP; GGE Biplot; seleção simultânea.

ABSTRACT

Corymbia citriodora species stands out in the Brazilian forestry sector due to its wood quality and essential oil production; however, it still lacks consolidated breeding programs that explore its interaction with different environments. This study aimed to evaluate the adaptability, stability, and productivity of *C. citriodora* progenies, targeting the selection of superior genotypes within a multi-environment experimental network. A total of 167 open-pollinated progenies were evaluated across 19 sites distributed in the states of Bahia, Espírito Santo, Minas Gerais, Mato Grosso do Sul, São Paulo, and Rio Grande do Sul. The experiments were established in RCBD, with blocks varying from 3 to 8 replications, and 5 plants per plot. The experimental controls were the commercial materials from each company. The evaluated traits were the Mean Annual Increment (MAI), diameter at breast height (DBH) and height, measured between 2 and 3 years of age. Genetic parameter estimates were obtained via mixed models (REML/BLUP), comparing selection efficiency with the Eberhart & Russell method and using the MHPRVG index for simultaneous selection. Genotype x Environment (GxE) interaction was further analyzed via GGE Biplot. Results indicated high survival rates (>80%) in most environments, except in the Southern region (RS), where frost occurrence acted as a limiting factor. Narrow-sense individual heritability (h_a^2) was moderate (0.24), while mean progeny heritability (h_{mp}^2) was high (0.95). Genotypic correlation across environments ($r_{gloc} = 0.59$) revealed a predominance of complex interaction. The REML/BLUP methodology proved superior to linear regression in predicting gains, identifying families CC-148, CC-162, and CC-39 as the most productive and stable. GGE Biplot analysis stratified the network into two distinct mega-environments, isolating the experiments in the South and one in Bahia. Genetic gain for MAI was estimated between 10.86% and 18.24%, confirming the base population's potential for future breeding cycles and the efficacy of simultaneous selection for contrasting environments.

Keywords: GxE interaction; REML/BLUP; GGE Biplot; simultaneous selection.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 - Área de ocorrência natural de <i>Corymbia citriodora</i> na Austrália	23
Figura 2 - Comportamento de dois genótipos em dois diferentes ambientes. A) Ausência de interação; B) Interação Simples; C) Interação Complexa	29
Figura 3 - Localização dos experimentos implantados e zoneamento climático de acordo com a classificação climática sugerida por Alvares et al. (2013)	35
Figura 4 - Sobrevivência das progênes de <i>C. citriodora</i> ao longo da Rede Experimental.....	45
Figura 5 - Produtividade média por ambiente, considerando o caráter IMA (m ³ /ha/ano) para a rede experimental de <i>C. citriodora</i> em 19 locais.....	47
Figura 6 - Comparação entre as metodologias de seleção de Eberhart e Russell (1966) e o ranqueamento por REML/BLUP de progênes de <i>C. citriodora</i> em 19 locais	50
Figura 7 - Ordenamento dos genótipos considerando o valor genotípico aditivo predito ($\mu+a$) para o caráter IMA para todas as progênes de <i>C. citriodora</i> ao longo de 19 locais na rede experimental	54
Figura 8 - Ordenamento dos genótipos considerando o índice de seleção simultânea de produtividade, estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG) para o caráter IMA para todas as progênes de <i>C. citriodora</i> ao longo de 19 locais na rede experimental	58
Figura 9 - GGE Biplot "Quem-Ganhou-Onde" para a rede experimental de <i>C. citriodora</i> em 19 ambientes. (<i>Scaling</i> = 1, <i>Centering</i> = 2, <i>SVP</i> = 3).	60
Figura 10 - GGE Biplot "Quem-Ganhou-Onde" para a estratificação da rede experimental de <i>C. citriodora</i> em dois "Mega-Ambientes". A) Mega-Ambiente 1; B) Mega-Ambiente 2. (<i>Scaling</i> = 1, <i>Centering</i> = 2, <i>SVP</i> = 3).....	61
Figura 11 - GGE Biplot "Média vs. Estabilidade" para a rede experimental de <i>C. citriodora</i> em 19 locais. (<i>Scaling</i> = 1, <i>Centering</i> = 2, <i>SVP</i> = 1).....	63
Figura 12 - GGE Biplot "Média vs. Estabilidade" para a estratificação da rede experimental de <i>C. citriodora</i> em dois "Mega-Ambientes". A) Mega-Ambiente 1; B) Mega-Ambiente 2. (<i>Scaling</i> = 1, <i>Centering</i> = 2, <i>SVP</i> = 1).....	64
Figura 13 - Curva de ganho genético esperado em função da intensidade de seleção para o caráter IMA, na rede experimental de <i>C. citriodora</i>	69

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Rede Experimental de <i>Corymbia citriodora</i> e sua respectiva localização, idade, clima, e progênies implantadas.....	36
Tabela 2 - Componentes de variância e parâmetros genéticos estimados, considerando os 19 locais da Rede Experimental de <i>C. citriodora</i>	48
Tabela 3 - Ordenamento dos valores genotípicos aditivos preditos ($\mu+a$) referentes ao caráter IMA das 20 melhores progênies de <i>C. citriodora</i> ao longo de 19 locais da Rede Experimental	52
Tabela 4 - Índices de seleção considerando Produtividade, Estabilidade e Adaptabilidade para as 20 melhores progênies de <i>C. citriodora</i> ao longo da rede experimental.....	56
Tabela 5 - Componentes de variância e parâmetros genéticos estimados, considerando a estratificação da Rede Experimental de <i>C. citriodora</i>	66
Tabela 6 - Cenários de ganho genético predito com a seleção de diferentes números de famílias de <i>C. citriodora</i> na rede experimental ao longo de 19 locais.....	67

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	17
2	REVISÃO DE LITERATURA.....	20
2.1	Histórico da introdução do <i>Eucalyptus</i> e reclassificação do gênero <i>Corymbia</i>	20
2.2	A espécie <i>Corymbia citriodora</i>	22
2.3	Melhoramento e genética florestal	25
2.4	Interação genótipo x ambiente	26
2.5	Adaptabilidade e estabilidade	30
3	MATERIAL E MÉTODOS.....	34
3.1	Histórico e descrição dos experimentos	34
3.2	Local de estudo	34
3.3	Estimativa dos parâmetros genéticos	37
3.4	Regressão pelo método de Eberhart e Russell (1966)	39
3.5	Estabilidade e Adaptabilidade	40
3.6	Análise GGE Biplot.....	41
3.7	Estimativa do ganho genético de seleção e tamanho efetivo	42
4	RESULTADOS	44
4.1	Sobrevivência e desempenho geral dos genótipos.....	44
4.2	Parâmetros genéticos da análise conjunta	48
4.3	Concordância entre metodologias de seleção.....	49
4.4	Índices de Estabilidade, Adaptabilidade e Produtividade dos Genótipos	51
4.4.1	Ranking dos valores genéticos aditivos	51
4.4.2	Seleção simultânea: Produtividade, Estabilidade e Adaptabilidade (MHPRVG)	55
4.5	Decomposição da Interação GxE via GGE Biplot	59
4.5.1	Gráfico “Quem-Ganhou-Onde” e a Formação de Mega-Ambientes	59
4.5.2	Performance Média vs. Estabilidade Fenotípica.....	62
4.6	Parâmetros Genéticos para a estratificação ambiental.....	65
4.7	Estimativas de ganho genético e cenários de seleção	67

5	DISCUSSÃO.....	70
5.1	Sobrevivência e produtividade	70
5.2	Estimativas das variâncias, parâmetros genéticos e interação GxE...	71
5.3	Complexidade da interação.....	74
5.4	Índices de Produtividade, Estabilidade e Adaptabilidade dos genótipos	76
5.5	Decomposição da interação GxE via GGE Biplot.....	77
5.6	Estimativas de ganho genético e cenários de seleção.....	81
6	CONCLUSÕES.....	84
	REFERÊNCIAS.....	85

1 INTRODUÇÃO

O Brasil, hoje, se destaca como um dos principais produtores florestais do mundo, em grande parte devido à sua extensa área territorial, e condições edafoclimáticas favoráveis para o plantio de espécies florestais. Segundo o Relatório Anual do IBÁ (2025), no ano de 2024, a área total de florestas plantadas ultrapassou, pela primeira vez, os 10,5 milhões de hectares, com um crescimento de 2,8% em relação ao ano anterior. De acordo com o relatório, o setor planta 1,8 milhões de árvores por dia, destinadas principalmente à produção de papel e celulose, painéis de madeira, energia, carvão e diversos produtos de fonte renovável.

Neste cenário, o gênero *Eucalyptus* L'Hér. é o que corresponde à maior parte da área plantada no país, abrangendo 8,1 milhões de hectares, o equivalente a 76% do total de florestas plantadas no país (IBÁ, 2025). Os Estados em que as florestas se distribuem são principalmente Minas Gerais, Mato Grosso do Sul, São Paulo, Paraná e Santa Catarina (IBÁ, 2025).

Grande parte do sucesso do setor florestal brasileiro está relacionado à capacidade de adaptação das espécies às diferentes condições ambientais e edáficas do país (Beltrame *et al.*, 2012). Quando se observa as espécies mais atentamente, pode-se observar uma considerável variabilidade genética e distintas características morfológicas, o que permite a modificação dos indivíduos de acordo com os avanços nos programas de melhoramento genético (Alfenas *et al.*, 2009).

Em razão do crescimento contínuo da demanda por madeira no mercado, buscou-se ampliar os cultivos para outras áreas do país e utilizar diferentes espécies do gênero, capazes de apresentar produtividade igual ou superior à das espécies tradicionalmente utilizadas. Nesse contexto, espécies anteriormente pertencentes ao gênero *Corymbia* foram introduzidas como alternativa, por apresentarem elevado potencial produtivo e boa adaptação às condições climáticas brasileiras (Reis *et al.*, 2014; Silva *et al.*, 2022; Miranda *et al.*, 2023).

Dentre essas espécies, destacam-se aquelas conhecidas como spotted gums em sua região de origem, incluindo *Corymbia citriodora* subsp. *citriodora* (Hook.) K. D. Hill & L. A. S. Johnson, *Corymbia citriodora* subsp. *variegata* (F. Muell.) K. D. Hill & L.

A. S. Johnson, *Corymbia maculata* (Hook.) K. D. Hill & L. A. S. Johnson, *Corymbia henryi* (S. T. Blake) K. D. Hill & L. A. S. Johnson e híbridos envolvendo *Corymbia torelliana* (F. Muell.) K. D. Hill & L. A. S. Johnson (Assis, 2014). Essas espécies são consideradas de grande interesse para o setor florestal em razão da elevada qualidade da madeira, da alta densidade, da boa adaptação às condições de cultivo e da versatilidade de uso, atendendo a diferentes finalidades produtivas (Reis et al., 2013).

Entre as espécies de *Corymbia* que mais se destacam em estudos realizados no Brasil, o *Corymbia citriodora* subsp. *citriodora* é a mais difundida, especialmente entre pequenos produtores, sendo utilizada para a produção de lenha, madeira serrada, postes, mourões e outros produtos madeireiros. Atualmente, é a única espécie do gênero *Corymbia* cultivada em escala comercial no país (Silva et al., 2023). Além disso, estudos indicam seu potencial para a produção de celulose (Brawner et al., 2012).

A espécie *Corymbia citriodora* é nativa da Austrália, onde é popularmente conhecida como “lemon-scented gum”, enquanto no Brasil é denominada eucalipto-cheiroso. Taxonomicamente, pertence ao gênero *Corymbia*, subgênero *Blakella* e seção *Maculatae* (Nicolle, 2024).

Na Austrália, as espécies conhecidas como “spotted gums”, grupo ao qual *C. citriodora* pertence, são amplamente utilizadas para a produção de madeira serrada, papel e celulose, painéis de madeira e carvão vegetal (McMahon; George; Hean, 2010), se mostrando assim uma espécie promissora para o setor florestal brasileiro, onde a espécie se adaptou muito bem devido à sua similaridade climática no país com a região de ocorrência natural, e pela semelhança latitudinal das regiões de origem. Na África Sul, a espécie apresentou valores altos de densidade básica aos sete anos de idade, de 637 e 672 kg m⁻³, em dois locais (Gardner; Litle; Arbutnot, 2007).

Diante desse potencial, a introdução de uma nova espécie com perspectiva de cultivo em escala comercial requer a avaliação de seus materiais genéticos em diferentes ambientes, visando determinar sua adaptação, estabilidade e produtividade. Isso se deve ao fato de que o desempenho dos genótipos pode variar em função das condições edafoclimáticas, da ocorrência de patógenos e de outros

fatores ambientais, caracterizando a interação entre genótipos e ambientes (Nunes *et al.*, 2002; Rocha *et al.*, 2005; Rosado *et al.*, 2012).

A importância dessa avaliação decorre do fato de que o fenótipo de um determinado caráter resulta da ação conjunta do genótipo e do ambiente, podendo a magnitude da resposta dos genótipos variar conforme as condições de cultivo. Dessa forma, a interação genótipos $\times$ ambientes constitui um dos principais desafios dos programas de melhoramento, pois influencia a eficiência da seleção e a recomendação de materiais genéticos para diferentes regiões (Vencovsky; Barriga, 1992; Araujo *et al.*, 2019).

Embora *Corymbia citriodora* apresente ampla base genética distribuída pelo país, ainda existe potencial para avanços em seu melhoramento genético (Miranda *et al.*, 2023). Além disso, a escassez de programas estruturados de melhoramento limita o conhecimento sobre a variabilidade genética da espécie e sua adaptação a diferentes condições ambientais, informações essenciais para subsidiar sua expansão em plantios comerciais.

Neste contexto, o presente trabalho teve como objetivo avaliar o potencial produtivo, a adaptabilidade e a estabilidade de genótipos de *Corymbia citriodora* provenientes de uma população melhorada, em uma rede experimental estabelecida em diferentes estados brasileiros. Adicionalmente, buscou-se selecionar os genótipos superiores com base nos valores genotípicos preditos e avaliar a interação genótipos $\times$ ambientes, gerando informações para subsidiar programas de melhoramento genético e a recomendação de materiais para diferentes condições de cultivo.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Histórico da introdução do *Eucalyptus* e reclassificação do gênero *Corymbia*

Atualmente, o *Eucalyptus* L'Hér. é o gênero florestal mais plantado no mundo todo, totalizando 840 espécies botânicas reconhecidas (Nicolle, 2024). É caracterizado como uma planta de porte arbóreo variando de 30 a 50 metros, porém contando com algumas espécies de porte mediano e às vezes arbustivas (Brooker; Kleinig, 2004). Originárias principalmente da Austrália, com ocorrência também em ilhas da Indonésia e regiões adjacentes, essas espécies são amplamente utilizadas para a produção de madeira e biomassa, gerando produtos florestais madeireiros e não madeireiros (Grattapaglia; Kirst, 2008). Estima-se que o gênero ocupe mais de 20 milhões de hectares de área plantada no mundo (Booth, 2013).

No Brasil, as primeiras espécies e procedências do gênero foram introduzidas pelo pesquisador e engenheiro agrônomo Edmundo Navarro de Andrade, que iniciou seus estudos e implantou os primeiros experimentos a partir de 1904, quando foi contratado pela Companhia Paulista das Estradas de Ferro. Seus estudos tinham como objetivo avaliar a viabilidade do uso da madeira para suprir a demanda de lenha e combustível das ferrovias, além da produção de postes e dormentes para a linha férrea na época (Ferreira, 2016).

Assim, o rápido sucesso e a ampla utilização do gênero em alguns estados do Brasil, como São Paulo, Paraná, Minas Gerais e Mato Grosso do Sul, podem ser atribuídos à elevada capacidade de adaptação das espécies a diferentes condições edafoclimáticas, com bom desempenho em diferentes tipos de clima e solo. Além disso, destacam-se pelo rápido crescimento, qualidade da madeira e elevada produtividade volumétrica (Santarosa *et al.*, 2014; Araújo, 2020).

As florestas plantadas de *Eucalyptus* fornecem uma variedade de produtos para o setor florestal, incluindo papel e celulose, lenha, carvão e energia, móveis, painéis e uso na construção civil, além de produtos não madeireiros, como óleos essenciais e produtos alimentícios. No entanto, a celulose permanece como o principal produto derivado da madeira de eucalipto, sendo responsável por 67% do valor exportado pelo setor de árvores plantadas em 2024 (IBÁ, 2025).

Até meados da década de 1990, as espécies atualmente alocadas no gênero *Corymbia* K.D. Hill & L.A.S. Johnson eram incluídas no gênero *Eucalyptus*. A separação formal ocorreu a partir da proposta de Kenneth D. Hill e Lawrie A.S. Johnson em 1995, que, com base em evidências morfológicas e filogenéticas, reconheceram distinções consistentes entre os grupos, justificando a criação de um novo gênero. Como resultado, 113 espécies foram transferidas para o gênero *Corymbia* (Hill; Johnson, 1995).

Segundo Rozefelds (1996), as espécies reconhecidas como pertencentes ao gênero *Corymbia* não constituíam um agrupamento taxonômico natural dentro de *Eucalyptus*, o que reforçou a necessidade de revisão sistemática. Entre as principais características utilizadas para distinguir esses grupos destacam-se a morfologia da casca, estrutura das inflorescências, frutos e aspectos anatômicos.

Recentemente, a delimitação taxonômica desses grupos voltou a ser objeto de discussão. Nicolle (2024) propôs uma nova classificação botânica, na qual as espécies anteriormente incluídas em *Corymbia* foram redistribuídas em dois gêneros: *Corymbia* e o novo gênero *Blakella* (Crisp *et al.*, 2024). No entanto, em contraposição a essa proposta, o próprio Nicolle (2024) também defendeu uma classificação alternativa baseada na reunificação dessas espécies em um único e amplo gênero *Eucalyptus*. Segundo o autor, essa abordagem resultaria em uma classificação mais estável, melhor delimitada taxonomicamente, de fácil reconhecimento em campo e mais útil para a comunidade científica, além de evitar futuras alterações decorrentes de novas subdivisões do grupo.

Embora essas divergências sejam relevantes sob a perspectiva da taxonomia e da sistemática botânica, elas trazem desafios práticos para outras áreas do conhecimento. Do ponto de vista biológico, alterações na nomenclatura não modificam a compatibilidade genética entre as espécies nem a viabilidade de seus cruzamentos. Entretanto, para os programas de melhoramento genético, a instabilidade nomenclatural pode gerar impactos operacionais e burocráticos, como dificuldades no registro de cultivares, na emissão de licenças para intercâmbio internacional de germoplasma, na atualização de bancos de germoplasma e na identificação e classificação de espécies. Assim, para fins silviculturais e de melhoramento genético no Brasil, e visando manter a padronização adotada pelo setor florestal, neste trabalho

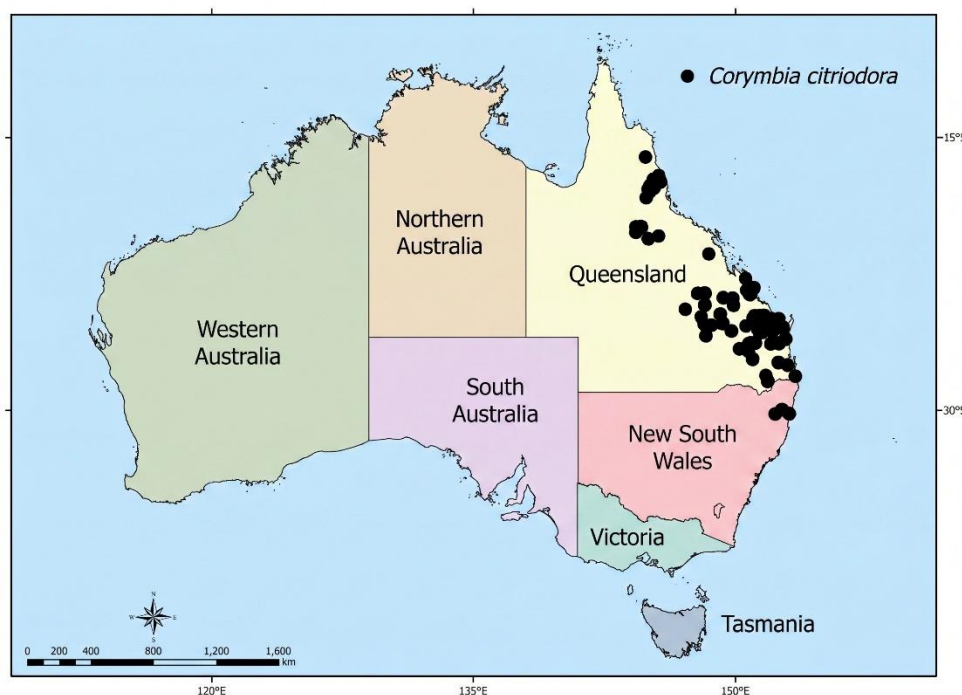
foi utilizada a classificação proposta por Hill e Johnson (1995), que permanece amplamente consolidada no meio acadêmico e produtivo.

2.2 A espécie *Corymbia citriodora*

Corymbia citriodora (Hook.) K. D. Hill & L. A. S. Johnson é uma espécie pertencente à família Myrtaceae e integra a seção *Maculatae* (Nicolle 2024). Em sua região de origem na Austrália, é chamado por “*lemon-scented gum*”, e “eucalipto cheiroso” pelos brasileiros, essa denominação se dá principalmente pela emissão de óleos da planta, que conferem às folhas um aroma cítrico característico da espécie, que pode ser perceptível ao macerar as folhas ou em dias de alta temperatura.

A ocorrência natural da espécie concentra-se principalmente na faixa leste da Austrália, com maior abundância no estado de Queensland (QLD) (Boland *et al.*, 2006; Fonseca *et al.*, 2010). Sua distribuição geográfica estende-se desde Mount Janet e Mackay, passando pelas proximidades de Rockhampton e Bundaberg, avançando para o interior do continente até Springsure, QLD (Figura 1). A distribuição latitudinal da espécie varia de 16°45' a 20°30' S nas populações localizadas ao norte de Queensland e de 22°45' a 26° S nas populações de ocorrência mais ao sul (Silva *et al.*, 2023).

Figura 1 - Área de ocorrência natural de *Corymbia citriodora* na Austrália



Fonte: Adaptado de Reis *et al.* (2013).

Quanto à sua aptidão edafoclimática, a espécie ocorre em variações de altitude de 30 a 1000 metros. O clima em sua região é caracterizado como quente e úmido a subúmido, com temperaturas médias variando de 8 °C a 9 °C nos meses mais frios, e de 29 °C a 30 °C no período mais quente (Reis *et al.*, 2013). Os climas predominantes nas regiões são classificados por Köppen (1936) como Cfa e Cwa, mas também são encontrados os tipos climáticos Cwb, Aw, BSh e As (Flores *et al.*, 2016). Embora possa tolerar geadas leves em altitudes mais elevadas, a espécie ainda é considerada suscetível a danos por frio intenso (Boland *et al.*, 2006; Reis *et al.*, 2013).

A espécie apresenta ampla adaptabilidade, com sua distribuição natural ocorrendo em regiões que recebem de 600 mm a 2.000 mm de precipitação pluviométrica anual, concentrada principalmente no verão (Boland *et al.*, 2006). Para um crescimento e desenvolvimento satisfatórios, a espécie requer um mínimo de 600 mm de chuva por ano, e para um crescimento mais rápido, 900 mm (Ferreira, 1979; Reis *et al.*, 2013).

Corymbia citriodora apresenta proximidade morfológica e botânica com outras espécies do gênero, como *Corymbia citriodora subsp. variegata* (que compõe a mesma espécie, porém com separação a nível de subespécie), *C. maculata* e *C. henryi*. Esse grupo é conhecido como “Spotted Gums” e reúne espécies que apresentam características semelhantes, especialmente quanto às propriedades tecnológicas da madeira (Silva *et al.*, 2023). Entretanto, a distinção de *C. citriodora* pode ser facilmente realizada pela presença de óleos essenciais nas folhas, compostos principalmente por citronelal, substância responsável pelo aroma cítrico característico e pela denominação popular de “eucalipto-cheiroso” (Silva; Brito; Silva Junior, 2006; Vitti; Brito, 1999).

Na Austrália, as espécies deste grupo são utilizadas principalmente para produção de celulose, painéis, carvão e mel (McMahon; George; Hean, 2010). A utilização da espécie no Brasil se deu principalmente visando a produção de madeira e carvão vegetal (Reis *et al.*, 2013). E posteriormente, os plantios foram adaptando-se a produção de madeira para serraria, e para extração dos óleos essenciais que a espécie apresenta (Vitti; Brito, 1999). Sobre as propriedades da madeira, o *C. citriodora* apresenta de 640 a 750 kg/m³ de densidade básica, o que são considerados valores altos (Reis *et al.*, 2013; Silva *et al.*, 2023).

Apesar de existir estudos na literatura sobre o *C. citriodora* e seus diversos relatos de introdução no Brasil, há uma notável carência de programas de melhoramento focados na espécie (Reis *et al.*, 2013; Silva *et al.*, 2023). Essa limitação não decorre apenas de aspectos silviculturais da espécie, e sim de como o mercado florestal brasileiro atua historicamente.

Ao longo do tempo, a maior parte dos investimentos ficou concentrada em pesquisas do gênero *Eucalyptus*, impulsionada pela demanda de papel e celulose. Nesse cenário, o *C. citriodora* teve seu maior foco em menor prioridade industrial, consistindo a mercados específicos como produção de óleos essenciais e de madeira sólida de alta densidade, o que por sua vez exige um ciclo produtivo mais longo, diferentemente da produção de papel e celulose, comparativamente sendo um investido de curto prazo. Contudo, a alta variabilidade genética presente no país oferece oportunidade para maior desenvolvimento da espécie, abrindo caminho para o desenvolvimento de trabalhos de melhoramento genético em escala nacional.

2.3 Melhoramento e genética florestal

O melhoramento florestal consiste na aplicação de princípios da genética quantitativa e da estatística experimental com o objetivo de selecionar e recombinar indivíduos superiores, visando aumentar a produtividade, a qualidade da madeira e a resistência a fatores bióticos e abióticos (Zobel; Talbert, 1984). Trata-se de um processo contínuo e cumulativo, no qual, a cada ciclo de seleção, busca-se elevar a frequência de alelos favoráveis na população, promovendo ganhos genéticos progressivos ao longo das gerações (Oda et al., 1989).

Segundo Zobel e Talbert (1984), os programas de melhoramento genético são conduzidos por meio de ciclos de seleção e recombinação. Esses ciclos são planejados de acordo com os objetivos e as características de cada programa, buscando gerar materiais geneticamente superiores que possam ser utilizados futuramente em plantios comerciais. A seleção dos genitores e o conhecimento dos mecanismos de herança dos caracteres de interesse são fundamentais para a obtenção de ganhos genéticos de forma eficiente, sendo necessário, para isso, um conhecimento detalhado da genética da espécie em avaliação (Bered et al., 1997). Namkoong et al. (1988), afirmam que, para direcionar a população melhorada para um aumento dos alelos favoráveis ao caráter em seleção, a variabilidade genética é um fator crucial que deve ser levado em conta.

Assis (1996), destaca que os métodos utilizados para recombinar indivíduos e formar novas populações de melhoramento são definidos de acordo com a forma como os indivíduos selecionados serão cruzados, com o objetivo de gerar uma população geneticamente superior. Em espécies alógamas, por exemplo, podem ser realizados cruzamentos entre materiais que apresentem complementaridade quanto às características de interesse, seguidos, quando apropriado, da clonagem dos indivíduos superiores, visando à multiplicação e à exploração das combinações genéticas de maior interesse.

A estratégia que pode ser mais adequada para se obter a adaptabilidade e um aumento da produtividade de um determinado material, varia do melhorista, que depende de como manipular os genótipos de forma com que aumente a frequência

dos alelos favoráveis, se utilizando de ciclos de seleção e recombinação, deslocando a média da população (Bespalhok; Guerra; Oliveira, 2024).

Assim, o teste de progênie é o delineamento experimental central para a avaliação genética de matrizes selecionadas, baseando-se no desempenho em campo de seus descendentes. Na genética quantitativa, a principal função do teste de progênie é permitir a decomposição da variância fenotípica total em seus componentes genéticos ambientais. Uma vez que a variabilidade observada entre as famílias reflete a variância genética da população, a estatística possibilita a estimativa da herdabilidade do caráter de interesse. Dessa forma, torna-se possível quantificar a proporção do fenótipo que é efetivamente transmitida à geração seguinte e, conseqüentemente, prever o ganho genético esperado para os próximos ciclos de seleção (Assis, 1996).

2.4 Interação genótipo x ambiente

A utilização de testes de progênies ou clonais para a seleção de genótipos superiores com foco em produtividade e qualidade da madeira não é, por si só, suficiente para a recomendação segura de materiais para plantios comerciais. O ambiente exerce influência significativa sobre a expressão fenotípica dos indivíduos, devendo ser considerado de forma integrada ao componente genético. A interação entre genótipo e ambiente ($G \times A$) altera o desempenho relativo dos materiais genéticos avaliados, impactando diretamente as decisões de seleção.

Fisher (1919) demonstrou que características contínuas são determinadas por um grande número de fatores mendelianos independentes, que se somam, introduzindo assim o conceito de variância, sendo uma medida para analisar a variabilidade dentro de alguns fatores. Pela variância total de uma população, pode-se atribuir em dois componentes: causas genéticas e causas ambientais. Assim, Fisher (1919) descreve que a distribuição de quando duas causas agem em conjunto, se dá um desvio padrão, expresso por:

$$\sqrt{\sigma_1^2 + \sigma_2^2}$$

Onde:

σ_1^2 : representa a variância atribuída às causas genéticas;

σ_2^2 : representa a variância atribuída às causas ambientais.

Portanto, pode-se lidar com o quadrado do desvio padrão como esta variabilidade, e chamar essa quantidade de variância. Assim, é possível atribuir frações ou porcentagens da variância total que cada causa, seja ela genética ou ambiental, produz em conjunto. Esta premissa estabelecida por Fisher (1919), é resultante da ação conjunta do genótipo e do ambiente, onde pode-se dizer que o valor de um indivíduo (fenótipo), é determinado por dois componentes, sendo a genética por si só do material (genótipo) e a contribuição do ambiente em que ele se encontra, traduzindo, e simplificando-se na seguinte expressão:

$$F = G + E$$

Onde, F representa o fenótipo avaliado, G a parte genética, e E, os efeitos ambientais que influenciam a expressão do caráter.

A análise da interação genótipos x ambientes é definida como a variação no desempenho do genótipo quando exposto a diferentes locais, sendo essencial na seleção, pois o comportamento do genótipo varia em resposta a flutuações de solo, clima, presença de patógenos, entre outros fatores (Nunes *et al.*, 2002; Rocha *et al.*, 2005; Rosado *et al.*, 2012). Por esse motivo, a avaliação dos indivíduos em diferentes ambientes é uma etapa crucial para o sucesso da seleção e dos programas silviculturais (Vencovsky; Barriga, 1992).

Na genética quantitativa, a presença de interação GxE aumenta a variância fenotípica total, consequentemente, reduz a herdabilidade estimada do caráter quando diferentes ambientes são analisados de forma conjunta. Na prática, a resposta fenotípica de cada genótipo a determinado caráter varia conforme as condições ambientais, o que reduz a correlação entre fenótipo e genótipo (Borém *et al.*, 2017).

Cruz *et al.* (2004), destacam que, ao falar de adaptabilidade de um clone, entende-se que é a resposta positiva que o genótipo apresenta quando exposto a um ambiente com diferentes características edafoclimáticas, respondendo favoravelmente, enquanto a estabilidade refere-se à consistência da resposta do

genótipo em dois ou mais ambientes distintos, mostrando um desempenho estável frente a diferentes variações ambientais, sejam elas positivas ou não.

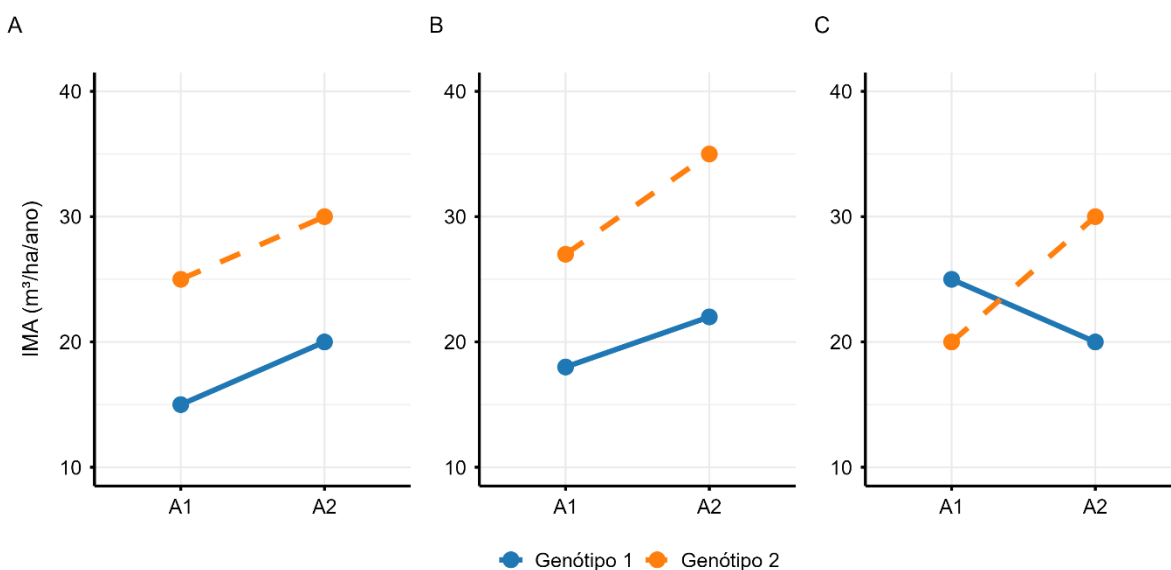
Com base na análise de interação genótipos x ambientes, os pesquisadores ou empresas que realizam esses testes podem recomendar o mesmo material para dois ou mais locais, dependendo do desempenho fenotípico do genótipo, desde que este seja produtivo, adaptado e estável nesses diferentes ambientes. Chaves (2001), complementa, que quando um determinado grupo de genótipos são testados em diferentes locais, o normal que se espera é a variação fenotípica do mesmo caráter entre os diferentes locais, havendo assim a existência de interação dos genótipos entre os ambientes.

Conforme Chaves (2001), os genótipos podem apresentar diferentes padrões de resposta quando avaliados em múltiplos ambientes, resultando em distintos tipos de interação $G \times E$. Na representação esquemática apresentada na Figura 2, consideram-se dois genótipos avaliados em dois ambientes.

Na situação A, o genótipo representado pela linha laranja apresenta desempenho superior ao azul em ambos os ambientes, mantendo-se a mesma superioridade relativa. Nesse caso, não há interação $G \times E$, pois o ranking dos genótipos permanece inalterado. Já na situação B, observa-se diferença na magnitude da resposta dos genótipos entre os ambientes, porém sem alteração no ranking. Trata-se de uma interação do tipo simples, na qual o melhor genótipo continua sendo o mesmo em todos os ambientes, ainda que a diferença entre eles varie. Nessas duas situações (A e B), a seleção baseada na média dos ambientes é adequada, pois favorece consistentemente o genótipo superior.

Para a situação C, observa-se uma inversão completa no ranqueamento dos genótipos entre os ambientes (o genótipo 1 é superior no ambiente 1, mas inferior no ambiente 2). Trata-se de uma interação do tipo complexa (ou cruzada), que é a situação mais frequente em testes multiambientes de espécies florestais perenes, exigindo estratégias de seleção específicas por região.

Figura 2 - Comportamento de dois genótipos em dois diferentes ambientes. A) Ausência de interação; B) Interação Simples; C) Interação Complexa



Fonte: O Autor (2026).

Para Falconer (1987), quando se obtém duas medições em dois ambientes distintos para o mesmo caráter, este, pode ser tratado como dois caracteres diferentes, considerando tamanha diferenciação na atuação dos mecanismos fisiológicos. Entretanto, quando se avalia uma situação onde há a presença de interação entre os genótipos entre diferentes ambientes, avaliar apenas a expressão fenotípica considerando a variabilidade ambiental e o efeito do genótipo, não é suficiente para explicar a variação dos dados, por isso, é considerado um segundo modelo:

$$F = G + E + GE$$

Onde GE, representa a parcela responsável pela Interação Genótipos x Ambiente.

Chaves (2001) ressalta que a análise da interação G×E deve ser conduzida com base em uma rede experimental representativa, contemplando número adequado de ambientes para capturar a variabilidade ambiental de interesse. Após a definição da rede experimental, é essencial caracterizar os fatores ambientais, como solo, clima e regime hídrico, permitindo melhor interpretação da correlação entre ambientes.

Caso a interação detectada seja do tipo simples, sem alteração no ranking dos genótipos, a seleção pode ser realizada com base na média geral dos ambientes, possibilitando recomendação ampla. Entretanto, em espécies perenes como o eucalipto e espécies do gênero *Corymbia*, a interação complexa é frequentemente observada, exigindo estratégias de recomendação específicas por ambiente ou região.

Quando a interação se manifesta de forma complexa, com mudança de ranking entre ambientes, a recomendação generalizada torna-se inadequada. Nesses casos, a estratégia mais eficiente consiste na estratificação ambiental e na indicação de materiais adaptados a condições específicas, maximizando o ganho genético por ambiente.

2.5 Adaptabilidade e estabilidade

Além da verificação do tipo de interação que ocorre entre genótipos nos diferentes ambientes, é importante avaliar o desempenho em si, e como os genótipos se comportaram frente às condições submetidas (Chaves, 2001).

Segundo Vencovsky e Barriga (1992), a adaptabilidade se deve ao fato de o genótipo conseguir sobreviver ao ambiente submetido, frente às adversas situações em que enfrenta, apresentando algum tipo de produtividade. Enquanto que, estabilidade indica o quanto diferentes genótipos possuem uma capacidade de se desenvolver de forma similar em diferentes ambientes.

Compreender esses dois conceitos é o ponto de partida para a escolha das ferramentas estatísticas. Nesse sentido, Chaves (2001), descreve algumas metodologias para avaliar a estabilidade e produtividade. Diante disso, pode-se observar que a regressão linear simples é introduzida como sendo a base teórica para a maior parte das análises GxE, as outras metodologias são em maior parte utilizadas para modelar respostas mais complexas, quando a interação não é perfeitamente linear.

Para o estudo desse fenômeno, ou seja, as diferentes respostas dos genótipos frente às variações do ambiente, a maior parte dos métodos utiliza técnicas de

regressão, possibilitando medir a variação dos caracteres quantitativos, como por exemplo, produtividade, em relação a um índice ambiental. A metodologia proposta por Yates e Cochran (1938) para estudar a resposta de cultivares às variações ambientais apresentadas, utilizou como referência a produtividade média de todos os genótipos em cada local. O método consiste em ajustar a regressão da produtividade de cada genótipo em relação a essas médias, as quais são tomadas como variável independente (índice ambiental).

Embora Yates e Cochran propuseram primeiramente a decomposição da interação GxE, utilizando a média do local, Finlay e Wilkinson (1963) relacionaram ainda, com os conceitos de adaptabilidade e estabilidade definindo-se a partir da média e o coeficiente de regressão linear de cada genótipo. O valor que foi definido foi de que um coeficiente de regressão próximo a 1 indica estabilidade média (a produtividade aumenta proporcionalmente à melhoria do ambiente), genótipos com valores maiores que 1 são adaptados a ambientes favoráveis e pouco estáveis, e menores que 1, genótipos mais estáveis e se adaptam a ambientes desfavoráveis, mantendo a produção em condições rústicas, mas não respondem bem a melhorias no ambiente.

Complementando os trabalhos anteriores, Eberhart e Russell (1966) refinaram o conceito de estabilidade e adaptabilidade, baseando-se na premissa de que a performance de um genótipo pode ser explicada pela qualidade do ambiente onde ele se encontra. Para isso, o modelo utiliza a regressão linear simples, onde a variável independente é o Índice Ambiental, e a variável dependente é a média do genótipo. Ainda, os autores definiram a previsão da estabilidade como genótipos mais próximos de zero no desvio da reta sendo o ideal de estabilidade, tendo maior previsibilidade de resposta. Genótipos com valores de variância dos desvios da regressão diferentes de zero, ou seja, afastados da reta da regressão, são os genótipos com baixa previsibilidade (menos estáveis). A regressão se dá pela seguinte equação:

$$Y_{ij} = \mu_i + \beta_i I_j + \delta_{ij} + \epsilon_{ij}$$

Onde:

Y_{ij} : Média do genótipo i no ambiente j ;

μ_i : Média geral do genótipo i ;

β_i : Coeficiente de regressão linear (parâmetro de adaptabilidade);

I_j : Índice Ambiental (calculado como a média de todos os genótipos no ambiente j subtraída da média geral, ou seja, $I_j = \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}$);

δ_{ij} : Desvio da regressão (parâmetro de estabilidade);

ϵ_{ij} : Erro experimental.

Ainda, um novo método proposto por Resende (2002; 2007), utiliza-se de Modelos Mistos para a estimativa dos parâmetros genéticos, diferente dos modelos sugeridos por outros autores, que são baseados em médias fenotípicas e regressão.

A metodologia REML/BLUP (*Restricted Maximum Likelihood/Best Linear Unbiased Prediction*) permite a predição de valores genéticos livres de efeitos ambientais. Nesse contexto, Resende (2002) propôs o método MHPRVG (Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos), permitindo a seleção simultânea dos materiais considerando produtividade, estabilidade e adaptabilidade em um único parâmetro, também possibilitando contemplar valores desbalanceados entre experimentos, ou seja, a ausência de todos os genótipos entre os ambientes avaliados. Este método permite a seleção simultânea baseada nos três atributos:

- i. Produtividade: Como o método não utiliza a média dos fenótipos, e sim os valores genéticos preditos (BLUP), o ruído ambiental é removido, focando apenas no potencial do genótipo;
- ii. Adaptabilidade: Calculada de acordo com a relação entre o valor genético do indivíduo e a média do local onde ele está (Resende, 2002), ou seja, se o genótipo responde bem à melhoria do ambiente, ele tem uma boa performance relativa (PR);
- iii. Estabilidade: Mensurada pela Média Harmônica (MH). Matematicamente é extremamente sensível a valores baixos, ou seja, se um genótipo não conseguir se desempenhar tão bem em um local em comparação com outro, a performance ruim penaliza a média harmônica drasticamente, resultando na seleção de materiais com maior constância produtiva, capturando desta forma, a estabilidade (Resende, 2007).

Pode-se entender adaptabilidade como a capacidade dos genótipos responderem de maneira favorável à melhoria do ambiente, enquanto que estabilidade é a capacidade do desempenho ser previsível frente às variações ambientais (Cruz *et al.*, 2004; Santos *et al.*, 2015).

A utilização da metodologia MHPRVG é fundamentada a partir da superioridade estatística para a seleção simultânea que o método proporciona. Assim, é possível lidar com limitações frequentemente encontradas em redes experimentais desse porte, como desbalanceamento de dados, delineamentos não ortogonais, alta heterogeneidade de variâncias nos locais, fornecendo valores genéticos já penalizados a partir da instabilidade, aplicando com vários números de ambientes, e não dependendo da estimação de outros parâmetros como coeficientes de regressão, permitindo assim, computar o ganho genético da seleção a partir dos três critérios simultaneamente (Resende, 2004; Resende, 2007; Santos *et al.*, 2015).

Desta forma, a metodologia da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos (MHPRVG), é utilizada para predizer os genótipos e como eles se comportam quando avaliados pelos três critérios de produtividade (valores genéticos), adaptabilidade (potencial de beneficiar de condições favoráveis) e estabilidade (previsibilidade de comportamento), considerando assim, um ranking dos valores genotípicos de cada progênie ou indivíduo, evidenciando a performance dos materiais em diferentes ambientes e condições (Mourão, 2024.)

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Histórico e descrição dos experimentos

Os experimentos implantados consistem no avanço do melhoramento genético de várias populações diferentes da espécie *Corymbia citriodora*, que foram introduzidas na Estação Experimental de Ciências Florestais, pertencente à Universidade de São Paulo (EECF – USP), localizada no município de Anhembi – SP (22°40' S; 48°10' O; 455 metros de altitude). Essa introdução ocorreu por volta de 1980, até 2003, contando com vários experimentos. A Estação caracteriza-se por topografia plana, com a presença de Latossolos e Neossolos Quartzarênicos, e clima Cwa segundo a classificação de Köppen (1936), sendo a temperatura média anual de 23 °C com precipitação média anual de 1100 mm.

As populações base que foram implantadas em Anhembi foram constituídas por materiais de ampla diversidade genética, trazidas tanto em estrutura de procedência, quanto progênie. As origens incluem: Atherton, Irvine Bank, Farview Station, Herberton, Mt. Molloy, Mt. Garnet, Aughenden, Duaringa (QLD), Gilgandra (NSW), Chiang Mai (Tailândia), Zimbábue e Rio Claro (Brasil – SP), com o objetivo de testar o maior número de materiais importados da Austrália em diferentes condições ecológicas, avaliando as possíveis interações com o ambiente. Maiores informações sobre a origem desses materiais foram descritas por Silva *et al.* (2023).

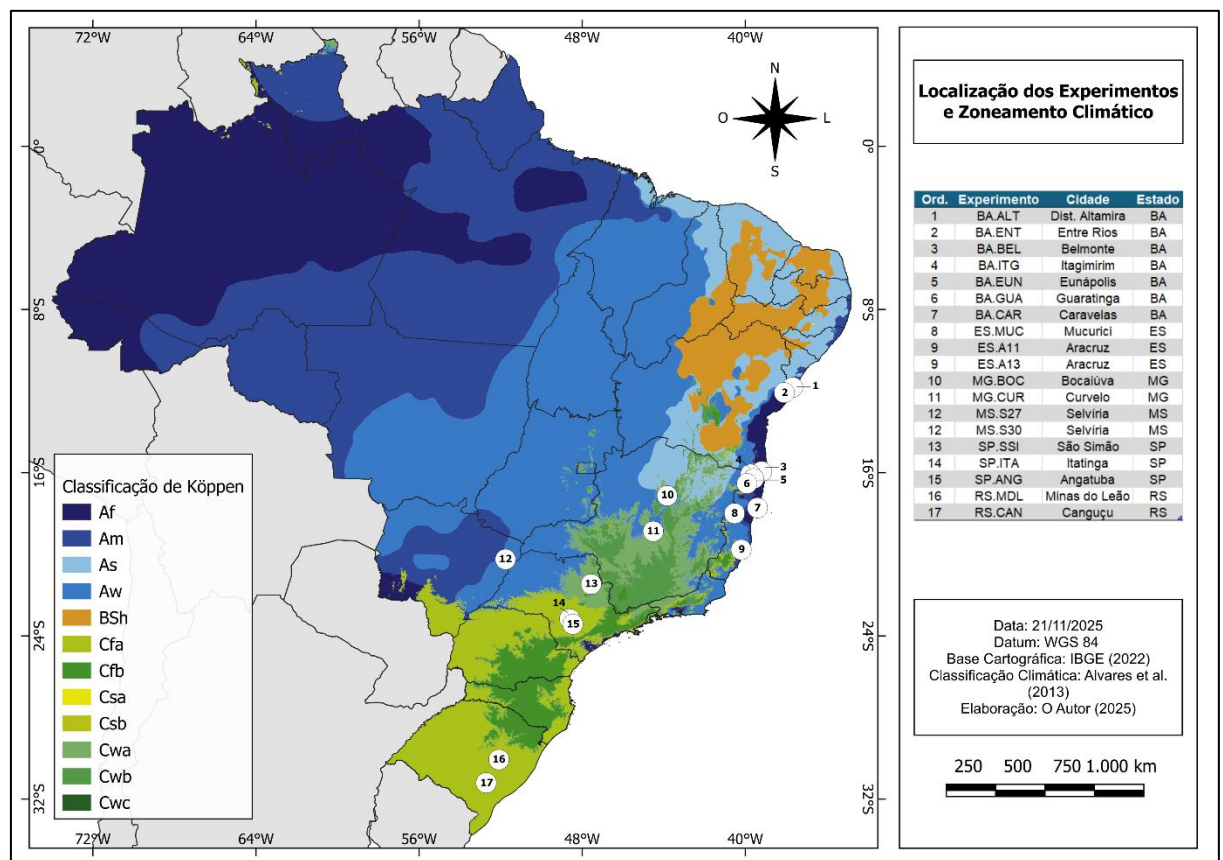
Nesse contexto, os ensaios avaliados neste estudo são provenientes de materiais coletados dessas populações base da Estação Experimental de Anhembi, juntamente com progênies de outras estações, principalmente da UNESP, em Ilha Solteira (FEIS) e Jaboticabal (FCAV), Estação Experimental de Itatinga, em conjunto com sementes importadas da CSIRO (Mt. Garnet, Paddys Green, Quaid's Road, Dawson Range e Yeppoon) e do Horto de Rio Claro (FEENA).

3.2 Local de estudo

Essa composição integra a rede experimental de *Corymbia citriodora* do Programa Cooperativo sobre Melhoramento Florestal (PCMF) do IPEF (Instituto de

Pesquisas e Estudos Florestais), Piracicaba – SP. Ao todo são 167 progênes com sementes provenientes de pomares de polinização aberta, implantados em uma rede multiambiente, contando com empresas e instituições do setor florestal filiadas ao programa. Os ensaios estão distribuídos em seis estados brasileiros, implantados em 19 experimentos (Figura 3).

Figura 3 - Localização dos experimentos implantados e zoneamento climático de acordo com a classificação climática sugerida por Alvares *et al.* (2013)



Fonte: O Autor (2026).

As implantações ocorreram entre o final de 2021 e início de 2023. Os detalhes de cada ambiente estão descritos na Tabela 1.

Tabela 1 - Rede Experimental de *Corymbia citriodora* e sua respectiva localização, idade, clima, e progênies implantadas

Ord.	Experimento	Cidade	Estado	Idade	Clima	T.M.A.	P.M.A.	Prog
1	BA.ALT	Altamira	BA	3,79	Af	25,4	1090	80
2	BA.ENT	Entre Rios	BA	3,74	Aw	24,7	833	80
3	BA.BEL	Belmonte	BA	3,24	Af	25	1320	100
4	BA.ITG	Itagimirim	BA	2,91	Aw	23,4	951	70
5	BA.EUN	Eunápolis	BA	2,43	Aw	23,5	990	45
6	BA.GUA	Guaratinga	BA	3,31	Aw	23,5	936	108
7	BA.CAR	Caravelas	BA	2,95	Aw	25	1080	116
8	ES.MUC	Mucurici	ES	2,91	Aw	23,7	872	98
9	ES.A11	Aracruz	ES	2,82	Aw	23,5	1140	74
10	ES.A13	Aracruz	ES	3,05	Aw	23,5	1140	127
11	MG.BOC	Bocaiúva	MG	3,2	Aw	23	1029	102
12	MG.CUR	Curvelo	MG	3,26	Aw	23	1143	126
13	MS.S27	Selvíria	MS	2,72	Aw	25	1474	31
14	MS.S30	Selvíria	MS	2,8	Aw	25	1474	50
15	SP.SSI	São Simão	SP	3,37	Aw	22,2	1385	128
16	SP.ITA	Itatinga	SP	2,15	Cfa	19,5	1696	197
17	SP.ANG	Angatuba	SP	3,41	Cfa	20,5	1324	123
18	RS.MDL	Minas do Leão	RS	2,73	Cfa	19,5	1491	167
19	RS.CAN	Canguçu	RS	2,68	Cfa	16,5	1471	139

Fonte: O Autor (2026).

O delineamento experimental adotado como padrão na rede experimental foi de blocos casualizados (DBC), com o número de materiais avaliados variando de 31 a 167 progênies por local, em parcelas lineares de cinco plantas, com no mínimo cinco repetições. O desbalanceamento do número de progênies presentes em cada experimentos foi ocasionado majoritariamente pela limitação na disponibilidade de sementes para formação das mudas ou área para implantação nas instituições onde os genótipos foram disponibilizados. O teste de progênies implantado em SP.ITA, contou com uma adição de novos genótipos, totalizando 197, estes, são materiais que estavam disponíveis para serem testados em campo, que foram coletados em forma de bulk.

A avaliação dos experimentos foi realizada entre os 2,1 a 3 anos de idade, mensurando o diâmetro a altura do peito (DAP), altura total da árvore (ALT) e a

sobrevivência, utilizando fita métrica e Clinômetro Digital Haglôf ECII. A partir destes parâmetros, foi possível estimar o volume individual (VOL) das árvores:

$$VOL = \pi * \frac{\left(\frac{DAP}{100}\right)^2}{4} * ALT * 0.42$$

Onde:

0.42 = Fator de forma conservador considerado para a espécie aos 3 anos de idade, evitando superestimar o volume comercial em idade precoce.

Da mesma forma, também foi possível estimar o Incremento Médio Anual (IMA) das árvores:

$$IMA = \frac{VOL \times 10.000}{Área_{parcela} * Idade_{anos}}$$

3.3 Estimativa dos parâmetros genéticos

Após a mensuração das variáveis e coleta dos dados, a análise foi realizada de forma conjunta para os 19 locais da rede experimental. As estimativas dos componentes de variância foram obtidas pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e a predição dos valores genéticos pelo Melhor Preditor Linear Não Viesado (BLUP), utilizando o pacote *lme4* (Bates *et al.*, 2015), no ambiente estatístico R (R Core Team, 2025). Para a análise conjunta envolvendo todos os ambientes, considerou-se os ambientes como efeitos fixos e os genótipos como aleatórios, visando inferências sobre a população base. O modelo estatístico adotado foi:

$$y = X\beta + Zg + Zge + Wp + \epsilon$$

Onde:

y = vetor de dados fenotípicos;

β = vetor dos efeitos fixos (médias dos ambientes e blocos dentro de ambientes);

g = vetor dos efeitos aleatórios genéticos aditivos (progênies), onde $g \sim N(0, I\sigma_g^2)$;

ge = vetor dos efeitos aleatórios da interação genótipos x ambientes, onde $ge \sim N(0, I\sigma_{ge}^2)$

p = vetor dos efeitos aleatórios de parcelas (capturando a variação ambiental local), onde $p \sim N(0, I\sigma_p^2)$;

ϵ = vetor de erros aleatórios (resíduos);

X , Z e W = matrizes de incidência para os respectivos efeitos.

As variâncias (σ_g^2 , σ_{ge}^2 , σ_e^2) foram estimadas via REML, enquanto os valores genéticos foram preditos pelo método BLUP. Os parâmetros genéticos foram estimados conforme as seguintes fórmulas:

- i. Herdabilidade no Sentido Restrito (h_a^2):

$$h_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_{ge}^2 + \hat{\sigma}_e^2}$$

Considerando que para progênie de meios-irmãos, a variância entre progênie corresponde a um quarto da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_g^2 = \frac{1}{4}\hat{\sigma}_a^2$, ou, $\hat{\sigma}_a^2 = 4\hat{\sigma}_g^2$).

- ii. Herdabilidade Média de Progênie (h_{mp}^2):

$$h_{mp}^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \frac{\hat{\sigma}_{ge}^2}{K} + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{K.J}}$$

(Onde: K = nº de locais e J = nº de blocos).

- iii. Herdabilidade Dentro de Parcelas (h_{ad}^2):

$$h_{ad}^2 = \frac{0.75\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_e^2}$$

- iv. Correlação Genotípica entre Ambientes (r_{gloc}):

$$r_{gloc} = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_{ge}^2}$$

- v. Coeficiente de Determinação da Interação (c_{ge}^2):

$$c_{ge}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{ge}^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

vi. Coeficiente de Variação Genética Individual ($CV_{gi}\%$):

$$CV_{gi} = \frac{\sqrt{4\hat{\sigma}_g^2}}{\bar{x}} * 100$$

vii. Coeficiente de Variação Genotípica entre Progênes ($CV_{gp}\%$):

$$CV_{gp} = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{\bar{x}} * 100$$

viii. Coeficiente de Variação Experimental ($CV_e\%$):

$$CV_e = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{\bar{x}} * 100$$

ix. Acurácia Seletiva ($r_{\hat{a}a}$):

$$r_{\hat{a}a} = \sqrt{h_{mp}^2}$$

3.4 Regressão pelo método de Eberhart e Russell (1966)

Para complementar a análise de interação genótipos x ambientes e classificar os materiais quanto à sua responsividade às variações ambientais, foi utilizada a metodologia de regressão linear simples proposta por Eberhart e Russell (1966). Este método baseia-se no ajuste de uma regressão da média de cada genótipo em relação a um índice ambiental.

O modelo estatístico adotado foi:

$$Y_{ij} = \mu_i + \beta_i I_j + \delta_{ij} + \epsilon_{ij}$$

Onde:

Y_{ij} : Média do genótipo i no ambiente j ;

μ_i : Média geral do genótipo i ;

β_i : Coeficiente de regressão linear (parâmetro de adaptabilidade);

I_j : Índice Ambiental (calculado como a média de todos os genótipos no ambiente j subtraída da média geral, ou seja, $I_j = \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}$);

δ_{ij} : Desvio da regressão (parâmetro de estabilidade);

ϵ_{ij} : Erro experimental.

A classificação dos genótipos foi realizada com base nas estimativas do coeficiente de regressão (β_i) e na variância dos desvios da regressão (σ_{di}^2).

- i. Adaptabilidade: Genótipos com $\beta_i = 1$ foram classificados como de adaptabilidade geral; $\beta_i > 1$ como adaptados a ambientes favoráveis (responsivos); e $\beta_i < 1$ como adaptados a ambientes desfavoráveis.
- ii. Estabilidade: A estabilidade fenotípica foi avaliada pela variância dos desvios (σ_{di}^2), onde valores não significativamente diferentes de zero indicam alta previsibilidade de comportamento (estáveis).
- iii. Produtividade: Foi considerado a média fenotípica (μ_i) como parâmetro de produtividade.

As análises foram realizadas utilizando o software R (R Core Team, 2025), através dos ajustes dos modelos lineares para cada genótipo.

3.5 Estabilidade e Adaptabilidade

Para realizar o ranqueamento dos genótipos e predição dos valores genotípicos referentes a cada progênie, foi realizado a seleção pelos valores de Produtividade e Estabilidade (Média Harmônica dos Valores Genotípicos – MHVG), Adaptabilidade (Performance Relativa dos Valores Genotípicos – PRVG) e compreendendo os 3 índices (Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos – MHPRVG) (Resende, 2002).

$$MHVG_i = \frac{n}{\sum_{j=1}^n \frac{1}{VG_{ij}}}; \quad PRVG_i = \frac{1}{n_{ij}} \left(\frac{\sum VG_{ij}}{\mu_j} \right); \quad MHPRVG_i = \frac{n}{\sum_{j=1}^n \frac{1}{PRVG_{ij}}}$$

Onde:

MHVG é a Média Harmônica dos Valores Genotípicos;

PRVG é a Performance Relativa dos Valores Genotípicos;

MHPRVG é a Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos, sendo:

i = índice referente ao genótipo ($i = 1, 2, \dots, g$);

j = índice referente ao ambiente ($j = 1, 2, \dots, n$);

g = número total de genótipos;

n = número total de ambientes.

3.6 Análise GGE Biplot

Para a visualização gráfica da interação GxE e identificação de mega-ambientes, utilizou-se a metodologia GGE Biplot (*Genotype main effect plus Genotype-by-Environment interaction*), proposta por Yan *et al.* (2000). Esta análise considera simultaneamente o efeito do genótipo (G) e da interação (GE), decompondo os valores singulares (SVD) da matriz de resíduos dos modelos.

O modelo GGE é descrito por:

$$Y_{ij} - \mu - \beta_j = \lambda_1 \varepsilon_{i1} n_{j1} + \lambda_2 \varepsilon_{i2} n_{j2} + \epsilon_{ij}$$

Onde:

Y_{ij} = média do genótipo i no ambiente j ;

μ = média geral;

β_j = efeito principal do ambiente j ;

λ_1 e λ_2 = valores singulares dos dois primeiros componentes principais (PC1 e 2);

ε_{i1} e ε_{i2} = autovetores dos genótipos para PC1 e 2;

n_{j1} e n_{j2} = autovetores dos ambientes para PC1 e 2;

ϵ_{ij} = resíduo.

As análises gráficas (“Quem-Ganhou-Onde” e “Média vs. Estabilidade”) foram processadas utilizando o pacote metan (Olivoto; Lúcio, 2020) no software R. Para a

representação gráfica “Quem-Ganhou-Onde” foi adotado o particionamento simétrico (SVP=3), que distribue os valores singulares de maneira semelhante entre os genótipos e os ambientes, adequando-se à metodologia de interação GxE e identificação de mega-ambientes (Yan *et al.*, 2002). Para a representação Média vs. Estabilidade, foi aderido o particionamento no genótipo (SVP = 1), preservando a métrica genotípica, fazendo com que as distâncias evidenciadas pelos eixos no biplot sejam réplicas das diferenças reais de estabilidade e produtividade das progênies (Yan e Kang, 2002).

3.7 Estimativa do ganho genético de seleção e tamanho efetivo

A seleção dos genótipos superiores foi realizada com base nos valores genéticos preditos (BLUP). O ganho genético de seleção (GS) foi estimado pela diferença entre a média dos valores genéticos dos indivíduos selecionados e a média da população original:

$$GS = \bar{X}_s - \bar{X}_o$$

E o ganho percentual:

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

Onde:

$\bar{X}_s$ = média dos BLUPs dos genótipos selecionados;

$\bar{X}_o$ = média genotípica geral da população experimental.

Como análise complementar para os cenários de seleção, estimou-se o tamanho efetivo populacional (N_e) para cada intensidade, aplicando-se a formulação de Cockerham (1969), conforme adotado por Tambarussi *et al.* (2016). Para o cálculo, empregou-se a seguinte equação:

$$N_e = \frac{0,5}{\theta \left(\frac{n-1}{n} \right) + \frac{1+F_0}{2n}}$$

Onde:

N_e = Tamanho efetivo populacional;

θ = Coeficiente de coancestria dentro da progênie, assumido como 0,125, partindo da premissa adotada para famílias de polinização aberta (meios-irmãos);

F_0 = Índice de endogamia, assumindo como 0, partindo da premissa de que a população base é proveniente de matrizes não aparentadas e de polinização livre, não havendo endogamia prévia estruturada;

n = Tamanho amostral real da família. Refere-se ao número de indivíduos vivos e efetivamente avaliados para cada progênie.

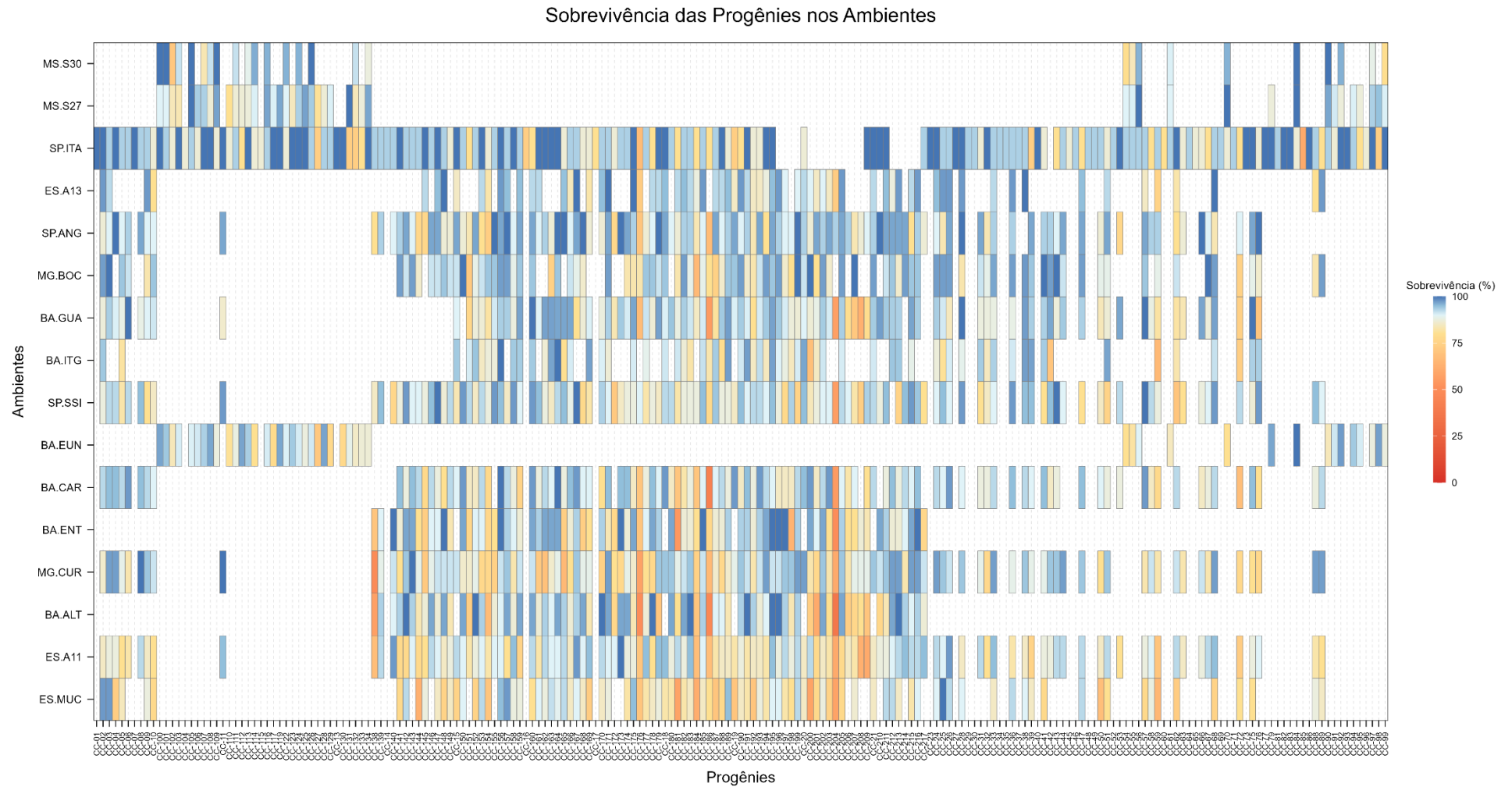
4 RESULTADOS

4.1 Sobrevivência e desempenho geral dos genótipos

A representação gráfica da sobrevivência e ocorrência das progênies (Figura 4) evidencia o desbalanceamento da rede experimental quanto à presença de todos os genótipos em todos os ambientes, evidenciado pela área em branco no gráfico.. Os experimentos que apresentaram menor número de progênies foram MS.27 e BA.EUN, com 31 e 45 progênies implantadas respectivamente.

No geral, a sobrevivência dos experimentos foi alta, quando analisado a predominância de tonalidades azuis na maior parte dos ambientes, indicando assim, taxas superiores a 80%, demonstrando a rusticidade e adaptação do *C. citriodora* às condições tropicais das regiões. Em contrapartida, pode-se observar um gradiente avermelhado no sul da rede experimental, nos dois experimentos localizados no estado do Rio Grande do Sul, RS.MDL e RS.CAN (Figura 4), que obtiveram sobrevivência de 61% e 32% respectivamente. Esse comportamento corrobora com a susceptibilidade da espécie a temperaturas baixas e ocorrência de geadas, o que é característico para a região sul do Brasil, atuando como filtro abiótico nestes locais (Reis *et al.*, 2013; Flores *et al.*, 2016).

Figura 4 - Sobrevivência das progênes de *C. citriodora* ao longo da Rede Experimental



Fonte: O Autor (2026).

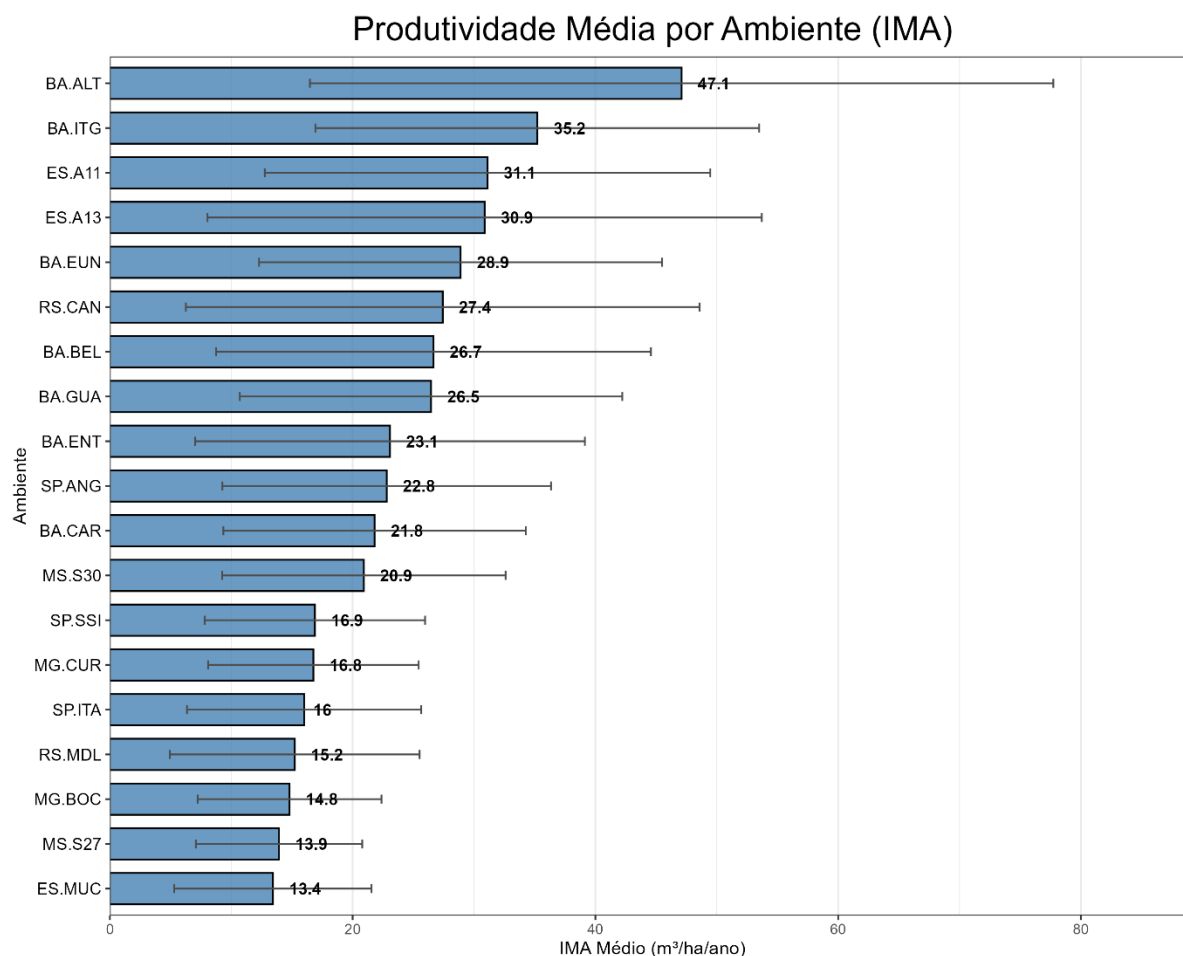
Em relação ao IMA ($\text{m}^3/\text{ha}/\text{ano}$) médio por ambiente (Figura 5), a análise revelou uma grande variação na amplitude das condições de crescimento da rede experimental. O IMA médio dos locais variou de 13,4 $\text{m}^3/\text{ha}/\text{ano}$ (ES.MUC) para 47,1 $\text{m}^3/\text{ha}/\text{ano}$ (BA.ALT), evidenciando a influência edafoclimática na expressão do caráter neste ambiente.

Além da sobrevivência, o detalhamento inicial do desenvolvimento das progênies considerou os caracteres silviculturais de crescimento básico. Aos 2 a 3 anos de idade, a população apresentou médias fenotípicas gerais de 10,04 cm para o diâmetro à altura do peito (DAP) e 12,79 m para a altura total (ALT), conforme será detalhado adiante na Tabela 2, junto aos parâmetros genéticos. Embora o DAP e a altura demonstrem o vigor individual inicial das árvores, as análises de interação GxE e a posterior seleção de genótipos deste trabalho terão como foco principal o Incremento Médio Anual (IMA). O destaque exclusivo ao IMA justifica-se por ser uma variável composta e de maior relevância econômica, que engloba simultaneamente o desenvolvimento diamétrico, o crescimento em altura e o fator de área útil ditado pela sobrevivência, traduzindo assim a produtividade volumétrica real.

É possível observar um agrupamento dos sítios de maior produtividade concentrando-se em sua maior parte no estado da Bahia e em dois experimentos no Espírito Santo (BA.ALT, BA.ITG, ES.A11, ES.A13), apresentando médias superiores a 30 $\text{m}^3/\text{ha}/\text{ano}$. Por outro lado, os experimentos localizados em Minas Gerais e Mato Grosso do Sul apareceram em geral, no terço inferior do ranqueamento médio.

Além disso, pode-se observar que o desvio padrão foi alto, especialmente para os locais de maior potencial produtivo, o que sugere uma maior expressão de diferenças genéticas entre as progênies.

Figura 5 - Produtividade média por ambiente, considerando o caráter IMA ($\text{m}^3/\text{ha}/\text{ano}$) para a rede experimental de *C. citriodora* em 19 locais



Fonte: O Autor (2026).

Conforme Chaves (2001), diferentes populações submetidas a diferentes ambientes sofrem pressão de seleção de maneira não uniforme, fazendo com que ocorra divergência nas frequências alélicas, impulsionando o desenvolvimento de adaptações específicas para cada local. Portanto, selecionar um genótipo “ótimo”, ou que desempenhe bem em todos os locais pode resultar em um material com desempenho médio, não maximizando o potencial produtivo de nenhum ambiente específico.

4.2 Parâmetros genéticos da análise conjunta

Conforme a análise conjunta, considerando os 19 locais simultaneamente, a estimativa dos componentes de variância (Tabela 2) revelou que a variância genotípica ($\sigma_g^2 = 12,31$) foi superior à variância da interação genótipos x ambientes ($\sigma_{ge}^2 = 8,71$). Estes valores indicam que embora a interação esteja presente, o efeito genético principal é predominante na expressão do caráter IMA. A elevada variância residual ($\sigma_e^2 = 180,29$) é esperada em análises conjuntas multiambientes para espécies florestais, refletindo principalmente a variação individual entre plantas dentro de parcelas e o ruído ambiental de pequena escala não capturado pelo delineamento

Tabela 2 - Componentes de variância e parâmetros genéticos estimados, considerando os 19 locais da Rede Experimental de *C. citriodora*

Parâmetro Genético	Caracteres		
	IMA (m³/ha/ano)	DAP (cm)	Alt (m)
Variância Genotípica (σ_g^2)	12,31	0,61	0,58
Variância da Interação GxE (σ_{ge}^2)	8,71	0,28	0,28
Variância Residual (σ_e^2)	180,29	6,92	5,86
Variância Fenotípica (σ_f^2)	201,80	7,81	6,98
Variância de Parcelas (σ_p^2)	0,49	0,00	0,27
Herdabilidade no Sentido Restrito (h_a^2)	0,24	0,31	0,35
Herdabilidade Média de Progênies (h_{mp}^2)	0,95	0,96	0,96
Herdabilidade Dentro Parcelas (h_{ad}^2)	0,20	0,27	0,30
Correlação Genotípica entre Ambientes (r_{gloc})	0,59	0,69	0,68
Coef. de Determinação da Interação GxE (c_{ge}^2)	0,04	0,04	0,04
Coef. De Variação Genotípico Individual (CV_{gi} %)	31,11	15,58	11,93
Coef. De Variação Genotípico Progênies (CV_{gp} %)	15,56	7,79	5,97
Coef. De Variação Experimental (CV_e %)	59,52	26,18	18,92
Acurácia Seletiva (r_{aa})	0,97	0,98	0,98
Média Geral ($\bar{X}$)	22,56	10,04	12,79

Fonte: O Autor (2026).

Quanto à estimativa de herdabilidade no sentido restrito (h_a^2) para o caráter IMA, revelou um cenário de um bom controle genético, apresentando valor de 0,24. Segundo Ziegler e Tambarussi (2022), estimativas de h_a^2 entre 0,17 e 0,51 são classificadas como moderadas. Esse resultado revela que embora o caráter sofra

algum tipo de influência ambiental, o que é esperado devido à complexidade da rede, também há uma proporção de variância que é de natureza aditiva, o que permite ganhos genéticos durante o melhoramento e avanço das gerações. Em relação a herdabilidade média de progênies (h_{mp}^2), o elevado valor reflete a alta precisão experimental da rede, não devendo ser interpretado como equivalente à herdabilidade no sentido restrito ($h_a^2 = 0,24$), que permanece como o parâmetro relevante para prever o ganho genético entre gerações.

O coeficiente de variação genotípico individual (CV_{gi} %) foi estimado em 31,11%, valor este considerado moderado (Ziegler; Tambarussi, 2022) para caráter IMA. Este resultado indica que a população como um todo de *Corymbia citriodora* possui um valor considerável de variabilidade genética para ser explorada nos ciclos de melhoramento.

Para o parâmetro de correlação genotípica entre ambientes (r_{gloc}), a complexidade da rede experimental se mostrou presente, obtendo um valor de 0,59, o que segundo a classificação de Vencovsky e Barriga (1992), valores abaixo de 0,70 indicam predominância de uma interação do tipo complexa (ou cruzada), ou seja, há alteração no ranqueamento do desempenho das progênies ao considerar diferentes locais.

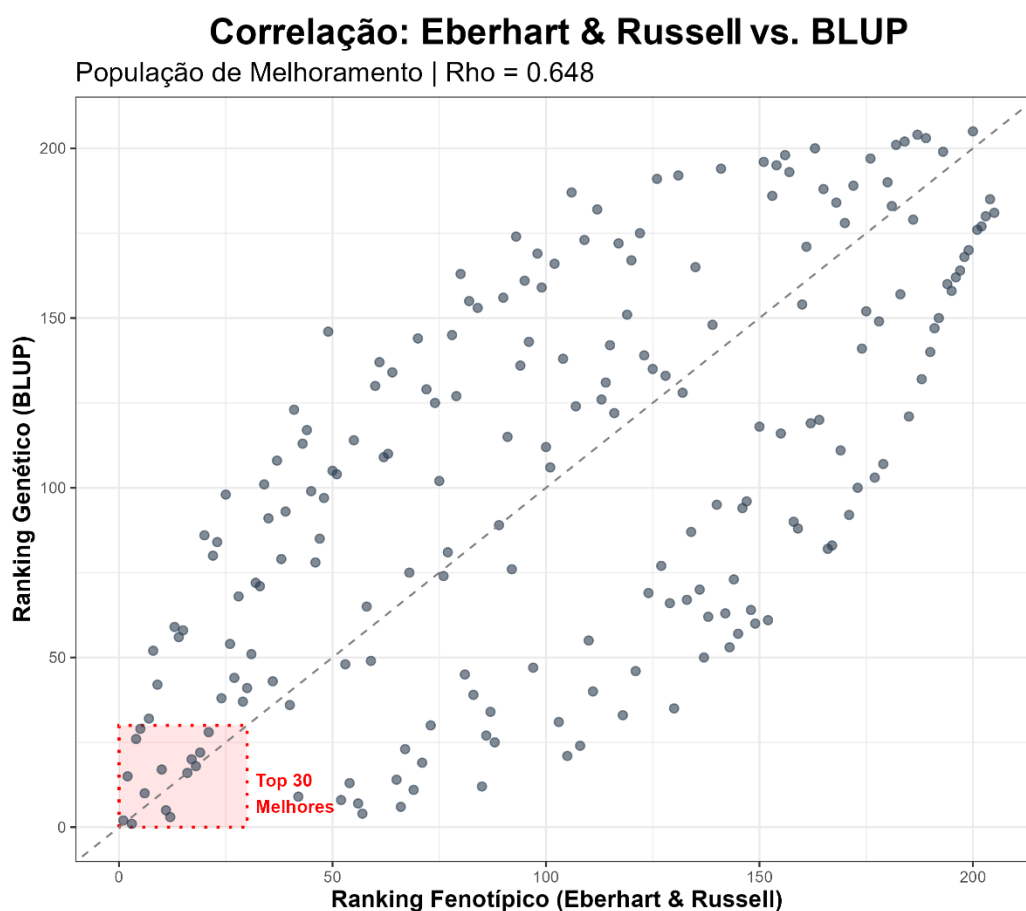
Por fim, a acurácia seletiva (r_{aa}) foi de 0,97, sendo classificada como muito alta (Resende, 2002). Esse valor indica alta correlação entre os valores genéticos aqui preditos e os valores genéticos reais, conferindo boa precisão e confiabilidade nos dados.

4.3 Concordância entre metodologias de seleção

Para validar a seleção genética dentro das populações da rede experimental, foi realizada uma análise comparativa entre a metodologia de Eberhart e Russell (1966), que utiliza de modelos baseados em médias fenotípicas e regressão, entre os valores de ranqueamento obtidos pelos valores genéticos preditos (REML/BLUP) das progênies, a fim de corroborar os resultados e verificar se os métodos mais clássicos de seleção poderiam ser suficientes na avaliação dos melhores materiais genéticos.

A correlação de Spearman obtida na análise comparativa entre as metodologias se revelou como de magnitude moderada, com um valor de 0,648 (Figura 6), revelando uma certa discordância entre as duas estratégias de seleção.

Figura 6 - Comparação entre as metodologias de seleção de Eberhart e Russell (1966) e o ranqueamento por REML/BLUP de progênies de *C. citriodora* em 19 locais



Fonte: O Autor (2026).

A dispersão dos pontos observada no gráfico, evidenciada pela reta de concordância, demonstra o efeito de encolhimento que o BLUP proporciona, uma vez que este efeito pondera o desempenho das progênies com base na herdabilidade, e desconsidera, realizando ajustes, valores desbalanceados entre os ambientes. A média fenotípica, utilizada por Eberhart e Russell (1966) para realizar a regressão,

pode ser inflacionada pelos ruídos ambientais, experimentos com maior mortalidade, ou por outro fator que altere a média, seja superestimando ou subestimando.

Essa alteração de aproximadamente 35% no ordenamento (correlação de 0,648) indica que a seleção via médias fenotípicas levaria a inclusão de progênies que não desempenhariam bem devido ao viés ambiental e a instabilidade da análise. Portanto, a seleção considerando os valores genotípicos preditos, via BLUP, e posteriormente, índices de estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG) demonstram-se mais confiáveis.

Desta forma, o valor de 0,648 da correlação entre o método de Eberhart e Russell (1966) e os valores preditos do BLUP pode ser explicado pelas limitações da análise de regressão linear. Chaves (2001) também destaca que a regressão pode assumir uma resposta linear do genótipo frente a melhoria do ambiente.

Porém, em uma rede experimental heterogênea como a deste estudo, a resposta dos genótipos não é, e não deve ser linear, o que apresenta saturação ou um comportamento que a média fenotípica muitas vezes não captura adequadamente, média esta que é base para o método de Eberhart e Russell (1966). Assim, o uso do método REML/BLUP é justificado, uma vez que este considera os efeitos aleatórios e os efeitos de família dos genótipos, diminuindo o ruído ambiental e ordenando de acordo com seu desempenho de forma mais condizente.

4.4 Índices de Estabilidade, Adaptabilidade e Produtividade dos Genótipos

4.4.1 Ranking dos valores genéticos aditivos

O ordenamento das progênies (Tabela 3) considerou os valores aditivos preditos dos genótipos ($\mu + a$) via REML/BLUP analisados de forma conjunta nos 19 locais, contabilizando o efeito médio da interação do caráter IMA (m³/ha/ano). Esse critério viabiliza a seleção entre as melhores famílias, utilizando a média geral da população, somando o componente aditivo (a) que representa a fração da variabilidade que é transmitida para a próxima geração.

Tabela 3 - Ordenamento dos valores genotípicos aditivos preditos ($\mu+a$) referentes ao caráter IMA das 20 melhores progênies de *C. citriodora* ao longo de 19 locais da Rede Experimental

Ordem	Genótipo	g	a	$g + a$	$\mu + a$
1	CC-148	6.898	13.796	29.45	36.35
2	CC-162	6.732	13.464	29.29	36.02
3	CC-39	6.065	12.131	28.62	34.69
4	CC-25	5.713	11.426	28.27	33.98
5	CC-197	5.039	10.079	27.59	32.63
6	CC-24	4.845	9.690	27.40	32.24
7	CC-68	4.758	9.517	27.31	32.07
8	CC-132	4.414	8.828	26.97	31.38
9	CC-05	4.394	8.787	26.95	31.34
10	CC-28	4.344	8.688	26.90	31.24
11	CC-91	4.243	8.486	26.80	31.04
12	CC-128	4.182	8.365	26.74	30.92
13	CC-79	4.182	8.364	26.74	30.92
14	CC-11	4.139	8.278	26.69	30.83
15	CC-215	4.123	8.246	26.68	30.80
16	CC-213	4.099	8.198	26.65	30.75
17	CC-195	4.068	8.137	26.62	30.69
18	CC-101	4.020	8.041	26.58	30.60
19	CC-150	3.886	7.772	26.44	30.33
20	CC-106	3.752	7.503	26.31	30.06

Fonte: O Autor (2026).

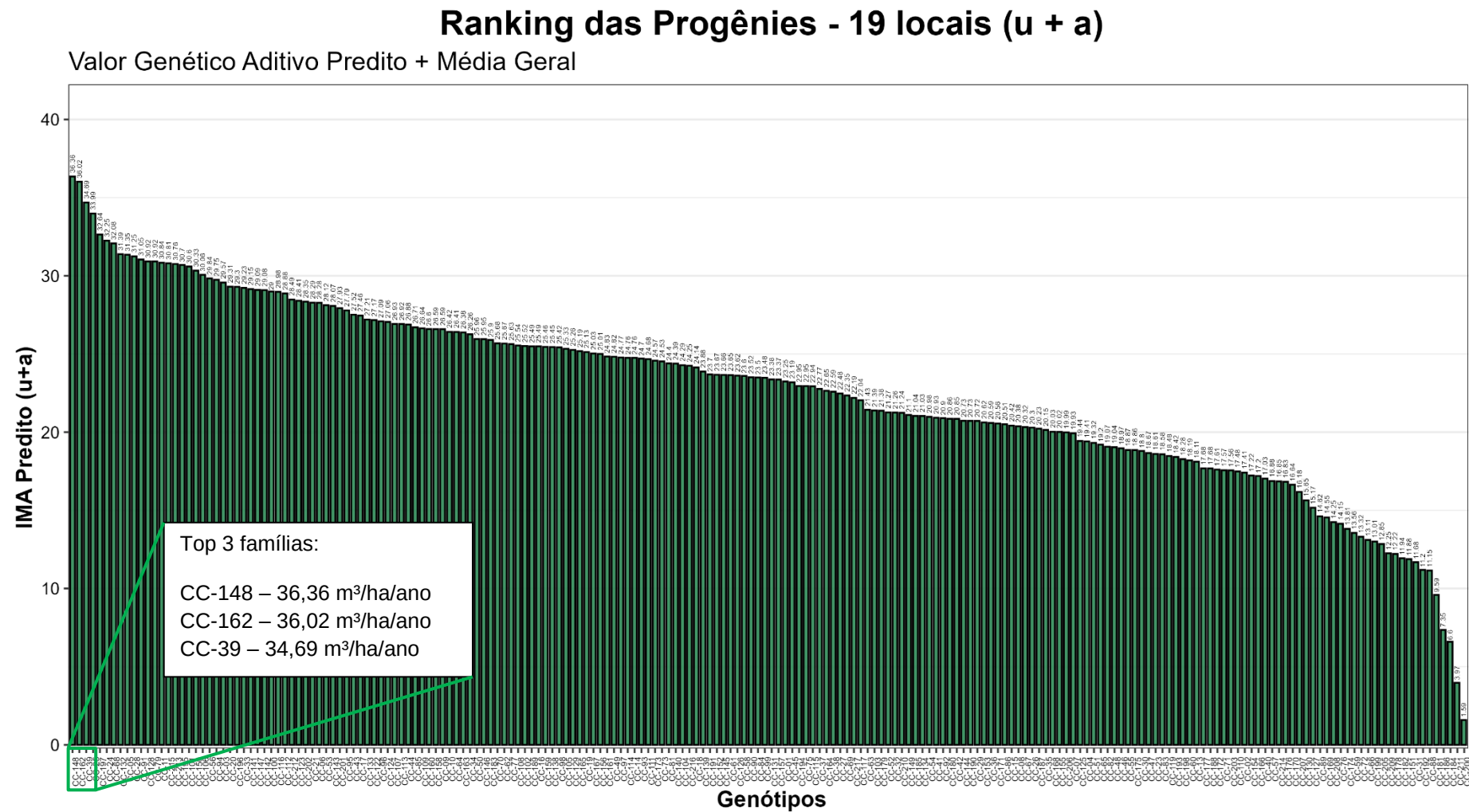
Nota: Em que g = efeito genotípico da família de meios-irmãos; a = valor genético aditivo individual predito ($a = 2g$); $\mu + a$ = média genotípica predita. A relação $a = 2g$ é adotada pressupondo coancestria de $\frac{1}{4}$ em progênies de polinização aberta.

É possível observar que a família CC-148 se mostrou a superior da população, apresentando uma média melhorada predita em relação ao IMA de 36,35 m³/ha/ano. Esse valor, representa uma superioridade expressiva sobre a média geral do experimento ($\mu = 22,56$ m³/ha/ano). Também se destacaram as progênies CC-162 e CC-39, com 36,02 e 34,69 m³/ha/ano, respectivamente. Adicionalmente, pode-se observar que todas as 20 melhores famílias superaram a marca de 30 m³/ha/ano, evidenciando a seleção da população base em mais de 35% em relação à média atual.

Na Figura 7, está distribuído de maneira gráfica o ordenamento dos valores de todos os genótipos, considerando os 19 locais de maneira conjunta, contabilizando o efeito aditivo destes sobre o caráter IMA (m³/ha/ano). Esse resultado evidencia a

existência de uma ampla variabilidade genética a ser explorada. A curva de desempenho apresenta um declínio contínuo, indo das famílias consideradas “elite”, até as famílias com desempenho inferior à média, mais à direita no gráfico, com valores que chegam abaixo de 10 m³/ha/ano.

Figura 7 - Ordenamento dos genótipos considerando o valor genotípico aditivo predito ($\mu+a$) para o caráter IMA para todas as progênie de *C. citriodora* ao longo de 19 locais na rede experimental



Fonte: O Autor (2026).

4.4.2 Seleção simultânea: Produtividade, Estabilidade e Adaptabilidade (MHPRVG)

O ordenamento das melhores progêneses seguindo os três critérios propostos por Resende (2002), sendo eles Produtividade e Estabilidade (MHVG), Adaptabilidade (PRVG) e Seleção Simultânea (MHPRVG) foi apresentado na Tabela 4. O ordenamento dos materiais foi considerado semelhante entre si, onde é possível observar os mesmos genótipos em posições parecidas. Assim, pode-se concluir que é importante avaliar materiais estáveis (que possuam constância) em seu desempenho e que também sejam produtivos, ou seja, que respondam de maneira favorável a diferentes ambientes.

Tabela 4 - Índices de seleção considerando Produtividade, Estabilidade e Adaptabilidade para as 20 melhores progênies de *C. citriodora* ao longo da rede experimental

Ordem	Produtividade e Estabilidade			Adaptabilidade			Produtividade, Estabilidade e Adaptabilidade		
	Prog.	Nº Amb.	MHVG	Prog.	Nº Amb.	PRVG* $\bar{X}$	Prog.	Nº Amb.	MHPRVG* $\bar{X}$
1	<u>CC-162</u>	14	28.83	<u>CC-162</u>	14	27.05	<u>CC-162</u>	14	26.69
2	CC-197	13	26.90	<u>CC-148</u>	13	26.71	<u>CC-148</u>	13	26.16
3	<u>CC-148</u>	13	26.00	<u>CC-39</u>	13	26.44	<u>CC-39</u>	13	26.15
4	<u>CC-25</u>	14	25.80	<u>CC-25</u>	14	25.70	<u>CC-25</u>	14	25.58
5	<u>CC-39</u>	13	25.74	<u>CC-24</u>	14	24.79	<u>CC-24</u>	14	24.70
6	CC-196	13	25.73	CC-197	13	24.78	CC-05	13	24.70
7	CC-215	13	25.54	CC-05	13	24.77	CC-68	14	24.54
8	CC-213	13	25.46	CC-68	14	24.71	CC-197	13	24.45
9	CC-212	12	25.45	CC-150	12	24.63	CC-150	12	24.10
10	CC-195	14	25.14	CC-28	14	24.48	CC-28	14	23.98
11	<u>CC-24</u>	14	24.89	CC-195	14	23.84	CC-195	14	23.74
12	CC-68	14	24.69	CC-215	13	23.72	CC-213	13	23.52
13	CC-201	13	24.64	CC-213	13	23.68	CC-215	13	23.51
14	CC-202	13	24.60	CC-142	12	23.56	CC-142	12	23.45
15	CC-28	14	24.41	CC-06	10	23.49	CC-06	10	23.39
16	CC-05	13	24.24	CC-196	13	23.47	CC-196	13	23.25
17	CC-165	13	23.69	CC-03	13	23.34	CC-33	14	23.15
18	CC-150	12	23.54	CC-33	14	23.24	CC-03	13	23.15
19	CC-33	14	23.28	CC-141	12	23.20	CC-143	11	23.04
20	CC-143	11	23.27	CC-143	11	23.18	CC-141	12	23.02

Fonte: O Autor (2026).

O critério de Produtividade e Estabilidade (MHVG), é calculado para penalizar genótipos com desempenho irregular em condições desfavoráveis sendo assim, pode notar novamente a presença da progênie CC-162 (28,83 m³/ha/ano), seguida por CC-197 e CC-148, corroborando com os resultados obtidos pelo valor genético predito do BLUP. Pode-se concluir que essas famílias demonstram produtividade elevada acerca

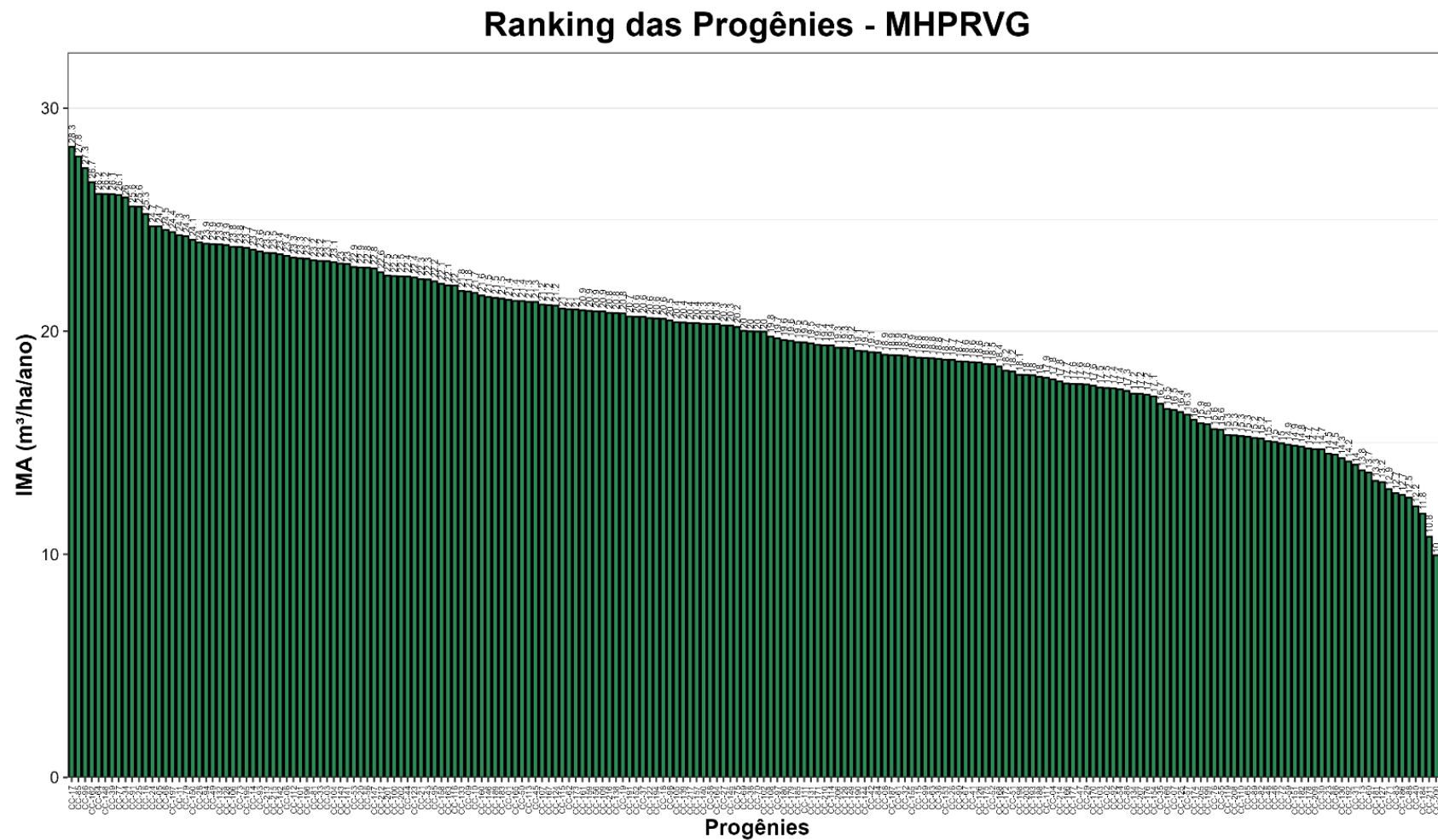
dos ambientes implantados, mesmo nos locais mais limitados da rede experimental. A presença desses genótipos no topo do ranking, estando avaliados em 13 e 14 ambientes, valida a confiabilidade da seleção.

De outra forma, o ranking de Adaptabilidade (PRVG), é focado em valorizar a capacidade de responder positivamente à resposta do ambiente, ou seja, quanto melhor o ambiente, mais bem favorecido o genótipo será. Neste ranking, os genótipos evidenciados foram CC-162, CC-148 e CC-39.

Analisando o índice MHPRVG (considerando os 3 critérios de seleção), pode-se observar uma alta coincidência entre os genótipos selecionados, e pelos identificados como “Estáveis” (MHVG). As famílias CC-162, CC-148 e CC-39 novamente estão presentes como os materiais superiores. O MHPRVG pondera a produtividade média pela estabilidade (via média harmônica) e pela adaptabilidade genotípica, identificando simultaneamente genótipos produtivos, estáveis e responsivos (Resende, 2007).

Ainda, na Figura 8, é possível observar a distribuição dos valores de MHPRVG para todas as progênies seguindo os valores de Produtividade, Estabilidade e Adaptabilidade simultaneamente. Este gráfico permite notar que o ganho não é linear, e sim, existe um grupo (12 primeiras progênies – acima de 25 m³/ha/ano), se destacando do restante da população.

Figura 8 - Ordenamento dos genótipos considerando o índice de seleção simultânea de produtividade, estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG) para o caráter IMA para todas as progêies de *C. citriodora* ao longo de 19 locais na rede experimental



Fonte: O Autor (2026).

4.5 Decomposição da Interação GxE via GGE Biplot

Para aprofundar a análise da interação genótipos x ambientes, a metodologia GGE Biplot (*Genotype main effect plus Genotype-by-Environment Interaction*) também foi utilizada. Esta, facilita a interpretação dos resultados, permitindo uma visualização gráfica dos padrões de adaptação e identificação de ambientes favoráveis para os genótipos, os chamados “Mega-Ambientes”.

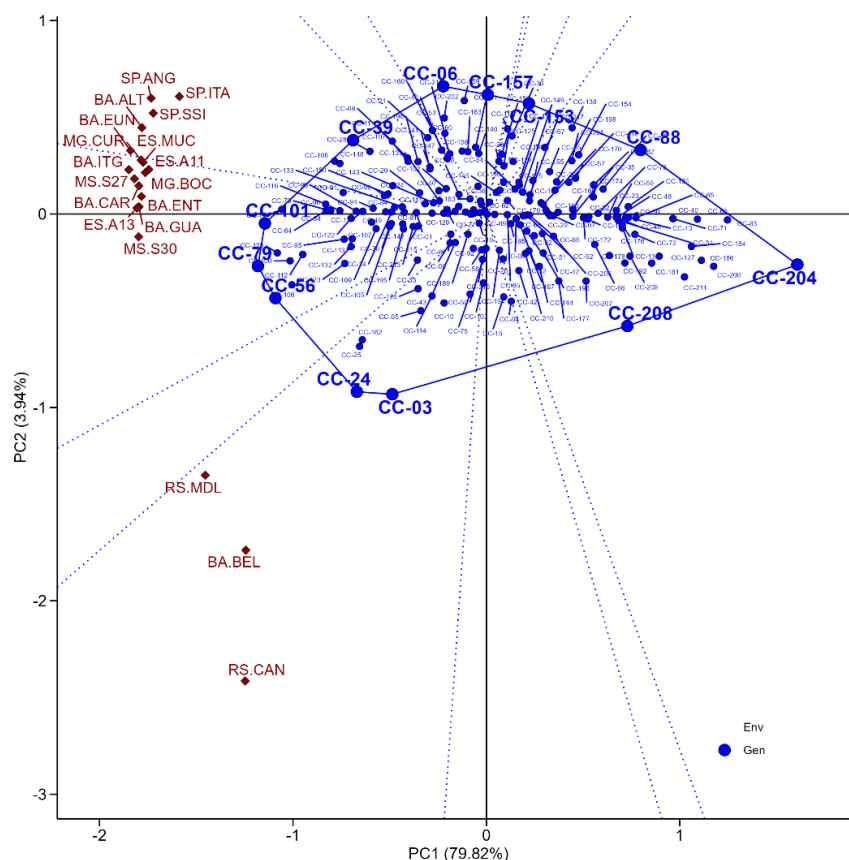
Pensando em suavizar a heterogeneidade de variâncias entre os locais, ou seja, os ambientes que obtiveram uma alta produtividade (BA.ALT, 47,1 m³/ha/ano) com tendência a superestimar a variância em relação aos de menor produtividade (ES.MUC, 13,4 m³/ha/ano), foi utilizado o escalonamento pelo desvio padrão. Assim, pode-se atribuir peso equivalente a todos os ambientes na discriminação dos genótipos (Yan *et al.*, 2000).

4.5.1 Gráfico “Quem-Ganhou-Onde” e a Formação de Mega-Ambientes

A representação do polígono “Quem-Ganhou-Onde” (Figura 9), sobre a metodologia GGE Biplot, permitiu a identificação de grupos de ambientes onde os genótipos neles inseridos tiveram desempenho similar durante a interação, onde estes, foram definidas pelas linhas tracejadas no gráfico. Essas delimitações entre as linhas são chamadas de “Mega-Ambientes”. Essa divisão representa que, os locais nela inseridos podem ser considerados semelhantes o bastante (considerando o desempenho das progênies) para formar um único Mega-Ambiente.

A análise revelou a formação de principalmente dois padrões distintos, o que corrobora com a complexidade da interação encontrada na análise dos parâmetros ($r_{gloc} = 0,59$), demonstrada anteriormente.

Figura 9 - GGE Biplot "Quem-Ganhou-Onde" para a rede experimental de *C. citriodora* em 19 ambientes. (Scaling = 1, Centering = 2, SVP = 3)



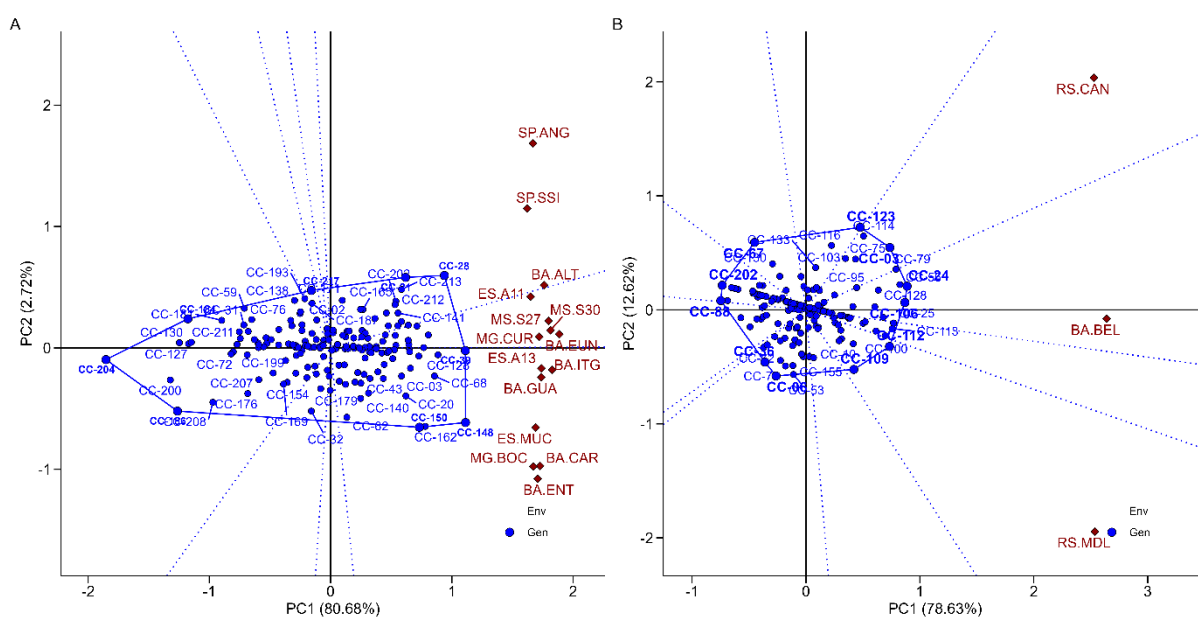
Fonte: O Autor (2026).

A grande maioria dos ambientes avaliados, foi agrupado em um único setor amplo no canto direito do gráfico (SP, MG, MS, ES e BA). Essencialmente, os locais foram divididos em dois Mega-Ambientes distintos, porém com grande similaridade entre si, como indica o agrupamento. Essa forte associação entre os vetores aponta que para a maior parte dos locais da rede experimental não há um cruzamento significativo no ranking, ainda que há alguma variação entre os melhores para cada um. Os genótipos posicionados nas arestas do polígono representam os que melhor desempenharam para o ambiente mais próximo. Como pode-se confirmar visualmente no gráfico, CC-39, CC-101 e CC-79 foram os que demonstraram maior responsividade e adaptação específica a estes Mega-Ambientes. Para a porção inferior do gráfico, o Mega-Ambiente foi formado pelos locais RS.CAN, RS.MDL e BA.BEL. O genótipo que teve melhor desempenho nestes locais específicos foi o CC-03.

Diante da estratificação da Rede Experimental evidenciada pela Figura 9 – Quem-Ganhou-Onde, que isolou os experimentos localizados na região Sul e um ambiente

da Bahia, procedeu-se ao desdobramento do estudo. A rede foi reclassificada em dois Mega-Ambientes distintos (MA1 e MA2). Isso permitiu reavaliar o comportamento dos genótipos e como a separação dos locais se comporta de forma independente para cada sub-região (Figura 10).

Figura 10 - GGE Biplot "Quem-Ganhou-Onde" para a estratificação da rede experimental de *C. citriodora* em dois "Mega-Ambientes". A) Mega-Ambiente 1; B) Mega-Ambiente 2. (Scaling = 1, Centering = 2, SVP = 3)



Fonte: O Autor (2026).

A análise Quem-Ganhou-Onde realizada para o MA1 (Figura 10, A) evidenciou a subdivisão da rede em dois diferentes setores. Observa-se que a maior parcela dos experimentos (englobando os locais da BA, MG, ES e MS) agrupou-se em um setor unificado. As arestas correspondentes a este agrupamento projetaram as progênes CC-39 e CC-148 como os genótipos de melhor desempenho específico, corroborando o ranqueamento de superioridade previamente apontado pelo índice MHPRVG. Paralelamente, os ambientes do estado de São Paulo (SP.ANG e SP.SSI) isolaram-se em um setor adjacente, apresentando a progênie CC-28 no arestas do polígono.

Para o MA2 (Figura 10, B), o polígono revelou um forte nível de interação mesmo dentro da rede. Os três locais avaliados (RS.CAN, RS.MDL e BA.BEL) posicionaram-se em três setores completamente distintos, indicando a ausência de um genótipo vencedor em comum para este grupo. A análise das arestas apontou que as progênes

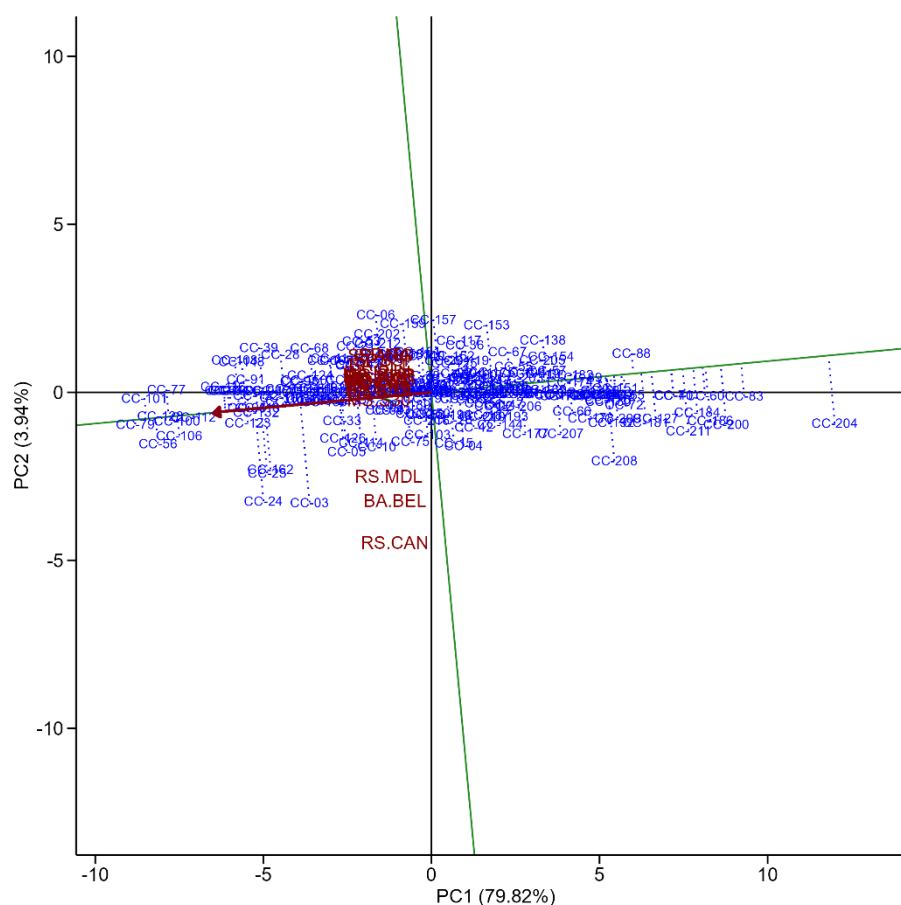
CC-123, CC-24 e CC-112 apresentaram o melhor desempenho e adaptação específica para os experimentos RS.CAN, BA.BEL e RS.MDL, respectivamente.

4.5.2 Performance Média vs. Estabilidade Fenotípica

Na Figura 11, é apresentada a avaliação de desempenho produtivo e a estabilidade dos genótipos. Essa representação gráfica, avalia o quanto o genótipo pode ser produtivo em relação à sua média geral, expressando a estabilidade dentre os ambientes.

Enquanto o gráfico “Quem-Ganhou-Onde” é focado na diferença entre os ambientes, este biplot é focado na diferença entre os genótipos. Pode-se definir que a linha média (“eixo x”) aponta para a direção da maior produtividade média, enquanto a linha perpendicular a esta (“eixo y”) representa a estabilidade. Quanto mais distantes os genótipos se encontram em relação ao “eixo y” em direção à seta, ou seja, quanto mais à esquerda, mais produtivo ele tende a ser, e ao mesmo tempo, quanto maior a projeção do genótipo em relação ao “eixo x” (mais longe da linha central) menor é sua estabilidade (Yan *et al.*, 2000).

Figura 11 - GGE Biplot "Média vs. Estabilidade" para a rede experimental de *C. citriodora* em 19 locais. (Scaling = 1, Centering = 2, SVP = 1)



Fonte: O Autor (2026).

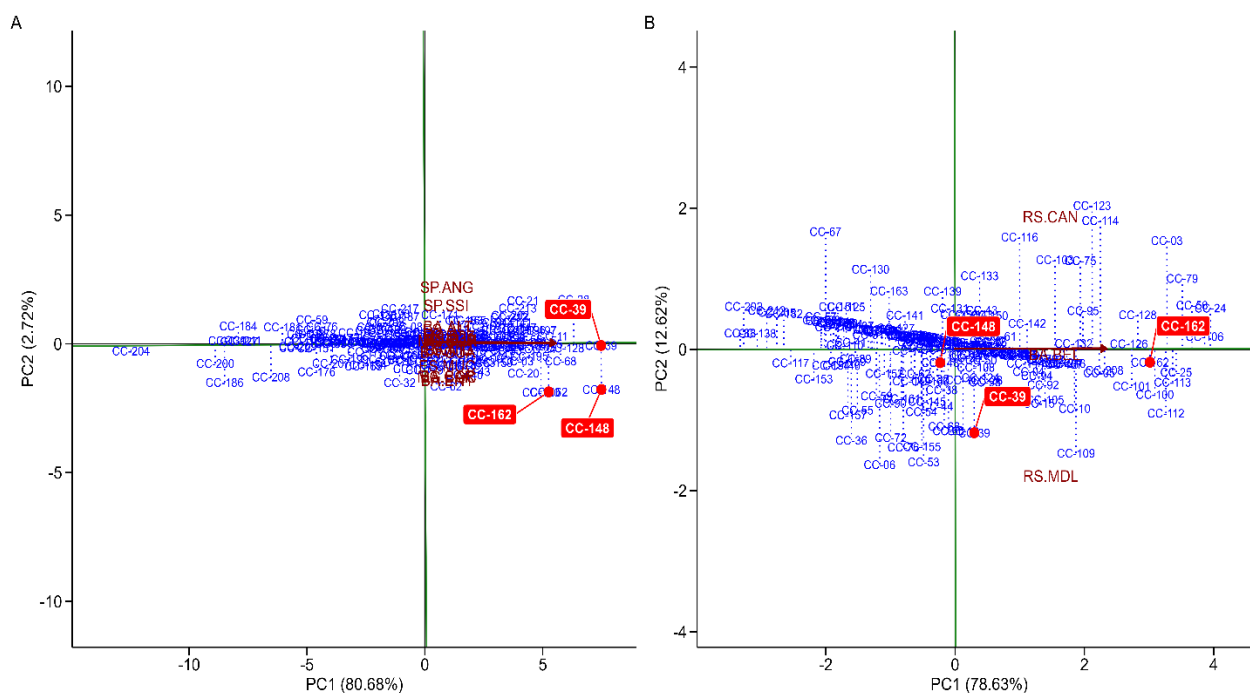
Sendo assim, os genótipos mais situados à esquerda (sentido da seta) apresentaram as maiores médias fenotípicas dos genótipos (representada pelo eixo y), sendo eles CC-56, CC-79 e CC-101, portanto, possuem maior produtividade, podendo notar novamente a presença dos três, corroborando com o ranqueamento pelo MHPRVG. Já os genótipos CC-204 e CC-83 são os mais distantes no sentido oposto, considerados os menos produtivos. É possível observar que as progênies que obtiveram uma posição alta no ranking por MHPRVG (CC-39 e CC-162) estão à esquerda do eixo, indicando boa produtividade quando consideradas a rede experimental como um todo.

O “eixo x” é denominado “eixo do ambiente-médio” (EAM), como evidenciado, que representa a média dos ambientes (Yan, 2001), ou seja, quanto mais distante o vetor entre o genótipo e o EAM, menos estável ele é nos dois ambientes. Para

exemplificar, pode-se ressaltar a progênie CC-03, localizada próxima aos ambientes RS.MDL, BA.BEL e RS.CAN, representando um bom desempenho naquele local. Os genótipos que estão localizados ao longo do eixo EAM, sem tendência para nenhum dos lados, são genótipos que obtiveram desempenho semelhantes em todos os locais, podendo ser considerados assim, próximos a média, e consequentemente, estáveis.

Similarmente à análise Quem-Ganhou-Onde, foi realizado o desdobramento do estudo para os gráficos Média vs. Estabilidade considerando os dois Mega-Ambientes avaliados, permitindo visualizar o comportamento dos genótipos em relação a sua média de produtividade e estabilidade para cada sub-região (Figura 12).

Figura 12 - GGE Biplot "Média vs. Estabilidade" para a estratificação da rede experimental de *C. citriodora* em dois "Mega-Ambientes". A) Mega-Ambiente 1; B) Mega-Ambiente 2. (Scaling = 1, Centering = 2, SVP = 1)



Fonte: O Autor (2026).

A análise do biplot Média vs. Estabilidade para o MA1 (Figura 12, A) relevou que as progênies em destaque no ranking pelo MHPRVG (CC-39, CC-162 e CC-148) posicionaram-se à direita do EAM, indicando maior desempenho produtivo médio para esta sub-rede. Em relação a estabilidade, avaliada pela distância da projeção do vetor em relação ao EAM, a progênie CC-39 apresentou um desvio menor, enquanto que CC-162 e CC-148 obtiveram uma penalização maior por instabilidade.

Ao avaliar o MA2 (Figura 12, B), observou-se uma alteração do comportamento das progênie. CC-39 e CC-148 recuaram em direção à origem do eixo, demonstrando uma produtividade mediana nesta sub-rede. Em contrapartida, a progênie CC-162 manteve-se projetada na extremidade direita do eixo EAM, indicando uma boa produtividade média e alta estabilidade fenotípica em ambos os Mega-Ambientes.

A combinação das análises (Figuras 9 e 11) sugerem que a estratégia de seleção deve considerar genótipos dentro dos chamados “Mega-Ambientes”, priorizando os quais obtiveram resultados semelhantes ao longo da rede experimental, descartando materiais instáveis, apenas os considerando para seleção ao avaliar os melhores em condições irregulares para a espécie (como no Sul do país).

4.6 Parâmetros Genéticos para a estratificação ambiental

Após a identificação de dois Mega-Ambientes distintos durante a análise GGE Biplot, foi constatado que seria necessário reavaliar os parâmetros genéticos de forma independente para os dois lados da estratificação, a fim de observar como os genótipos dentro da rede experimental se comportariam quando submetidos de forma individual para os ambientes que foram considerados semelhantes entre si. Portanto, a Tabela 5 apresenta os parâmetros genéticos estimados para o MA1 e MA2 .

Tabela 5 - Componentes de variância e parâmetros genéticos estimados, considerando a estratificação da Rede Experimental de *C. citriodora*

Parâmetro Genético	Caracteres					
	Mega-Ambiente 1			Mega-Ambiente 2		
	IMA (m ³ /ha/ ano)	DAP (cm)	Alt (m)	IMA (m ³ /ha/ ano)	DAP (cm)	Alt (m)
Variância Genotípica (σ_g^2)	13,92	0,72	0,68	6,24	0,13	0,24
Variância da Interação GxE (σ_{ge}^2)	6,69	0,18	0,17	13,40	0,45	0,53
Variância Fenotípica (σ_f^2)	197,21	7,64	6,69	233,95	8,96	9,18
Herdabilidade no Sentido Restrito (h_a^2)	0,28	0,38	0,42	0,11	0,06	0,11
Herdabilidade Média de Progenies (h_{mp}^2)	0,95	0,97	0,97	0,28	0,18	0,28
Correlação Genotípica entre Ambientes (r_{gloc})	0,68	0,80	0,80	0,32	0,23	0,32
Acurácia Seletiva (r_{aa})	0,98	0,99	0,99	0,53	0,42	0,53
Média Geral ($\bar{X}$)	21,53	9,49	12,15	13,62	5,87	7,22

Fonte: O Autor (2026).

Ao avaliar as populações de modo estratificado, foi possível observar que a variância genotípica (σ_g^2) foi superior à variância da interação GxE (σ_{ge}^2) para todos os caracteres no MA1. Porém, no MA2, os valores de σ_g^2 foram inferiores à σ_{ge}^2 , demonstrando maior variação ambiental quando comparado aos valores dos genótipos, sendo este o efeito principal na expressão dos caracteres.

Para as estimativas de herdabilidade no sentido restrito (h_a^2) no MA1, os valores foram considerados moderados segundo a classificação de Ziegler e Tambarussi (2022), variando de 0,28 a 0,42. Isso revela que há uma proporção de variância genética aditiva na população, permitindo ganhos genéticos seguros ao avanço de gerações. Em contrapartida, no MA2, os valores de h_a^2 se mostraram baixos (0,11 para IMA e Altura, e 0,06 para DAP). Esse resultado mostra que sob forte distinção ambiental, a variação entre os genótipos não foi suficiente para expressar variância aditiva suficiente para esperar ganhos no futuro, inviabilizando a seleção de indivíduos de forma direta.

O mesmo acontece com o parâmetro de herdabilidade média de progenies (h_{mp}^2). O MA1 expressou valores altos (0,95 e 0,97), mostrando bom controle genético sobre a seleção das médias das famílias, porém para o MA2, obteve valores no limite para serem considerados baixos, de 0,18 a 0,28. Isso demonstra que pela diferenciação dos experimentos testados neste Mega-Ambiente, não foi possível

capturar variância suficiente para obter confiabilidade na seleção de médias das famílias.

Por fim, pode-se observar o parâmetro de correlação genotípica entre ambientes (r_{gloc}), onde o MA1 obteve valores entre 0,68 e 0,80, demonstrando que a interação se dá de forma simples dentro da população, ou seja, o ordenamento dos genótipos varia, porém não suficientemente para haver alteração do ranqueamento. Já para MA2, foram encontrados valores muito baixos, de 0,23 a 0,32, demonstrando a forte interação complexa presente nos três locais (RS.CAN, RS.MDL e BA.BEL). Essa baixa correlação genética é explicada no isolamento dos ambientes em setores distintos no GGE Biplot e pelo recuo dos genótipos na média (Figuras 10 e 12), corroborando a ausência de genótipos com desempenho similar entre eles.

4.7 Estimativas de ganho genético e cenários de seleção

O Ganho Genético (GS) predito foi simulado considerando diferentes cenários de seleção (Tabela 6), com objetivo de identificar a melhor estratégia visando a maior produtividade das progênies com variabilidade genética suficiente para futuros ciclos de melhoramento.

Tabela 6 - Cenários de ganho genético predito com a seleção de diferentes números de famílias de *C. citriodora* na rede experimental ao longo de 19 locais

Cenário	Famílias	$GS\ m^3$	$GS\ (\%)$	Nova Média	N_e
Top 10	10	4.11	18.24	26.67	38.45
Top 15	15	3.82	16.94	26.38	56.46
Top 20	20	3.55	15.77	26.11	76.22
Top 25	25	3.32	14.73	25.88	94.55
Top 30	30	3.12	13.87	25.68	114.24
Top 40	40	2.76	12.27	25.32	150.44
Top 50	50	2.45	10.86	25.01	189.20
Sem Seleção	197	-1.49	-7.21	22.56	751.54

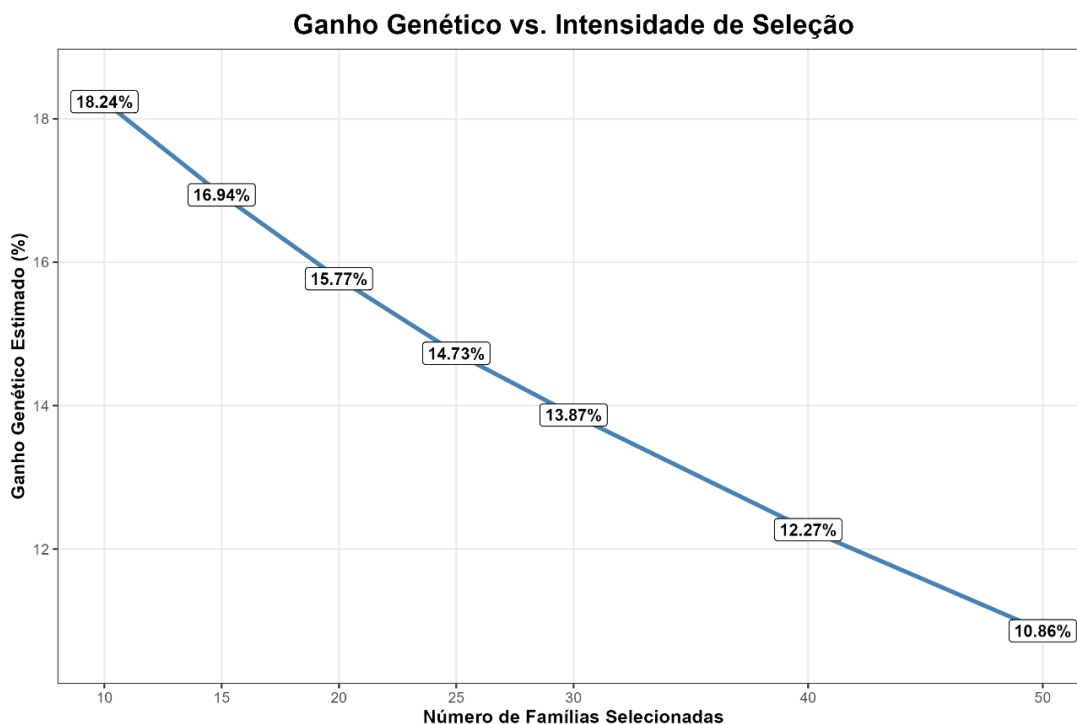
Fonte: O Autor (2026).

Foram calculadas projeções para diferentes intensidades de seleção, considerando desde as 10 melhores famílias até as 50 melhores, comparando os ganhos obtidos com a média original da população-base.

Observa-se que uma alta intensidade de seleção, considerando as 10 melhores famílias, proporcionaria maior ganho genético, estimado em 18,24%, resultando em uma nova média de produtividade de $26,67 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$. Entretanto, a estimativa do tamanho efetivo populacional (N_e) demonstra o reflexo da intensidade sobre a manutenção da base genética. Quando considerados as 10 melhores famílias, o tamanho efetivo é reduzido a 38,45, aproximando-se do limite para a conservação da variabilidade genética a longo prazo, o que pode comprometer os futuros ciclos de melhoramento.

Por sua vez, a Figura 13 ilustra a curva de ganho genético e o quanto ela decai conforme a intensidade de seleção. Ao ampliar a seleção para as 20 melhores famílias, ainda há um ganho considerável (15,77%) e uma média de produtividade de $26,11 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$. Essa estratégia de reter um maior número de famílias (reduzindo a intensidade de seleção) é fundamental para ampliar a base genética da população selecionada. Consequentemente, garante-se a manutenção de um tamanho efetivo populacional mais seguro ($N_e = 76,22$), garantindo maior segurança contra a perda de alelos favoráveis pela deriva genética e mitigando os riscos de depressão por endogamia nas próximas gerações do programa de melhoramento.

Figura 13 - Curva de ganho genético esperado em função da intensidade de seleção para o caráter IMA, na rede experimental de *C. citriodora*



Fonte: O Autor (2026).

Conforme Resende e Vencovsky (1990), a redução do tamanho efetivo populacional leva a poucos indivíduos participarem efetivamente dos cruzamentos. Isso restringe a base genética e gera um aumento da probabilidade de desenvolver depressão por endogamia na população, tornando assim, o controle do tamanho efetivo essencial ao se avançar gerações.

Além do risco endogâmico, intensidades de seleção elevadas geram um custo associado. Embora possam maximizar o ganho genético a curto prazo, essas estratégias levam a uma diminuição da variância aditiva e podem eliminar alelos favoráveis devido à deriva genética (Miranda *et al.*, 2015).

Portanto, pode-se considerar que a seleção entre 20 a 30 famílias é uma estratégia conservadora, porém com um ganho considerável (acima de 15% da média geral). Conforme Rocha *et al.* (2006), essa abordagem mantém o tamanho efetivo adequado e uma variabilidade genética na população para garantir variabilidade frente aos próximos ciclos, evitando a depressão por endogamia (Zobel; Talbert, 1984; Resende, 2002).

5 DISCUSSÃO

5.1 Sobrevivência e produtividade

Considerando a maior parte da rede experimental, foram observados índices de sobrevivência superiores a 80% (17 de 19 locais), assim, pode-se confirmar a rusticidade e a plasticidade fenotípica que a espécie *Corymbia citriodora* apresenta em condições tropicais e subtropicais. Segundo as observações de Reis *et al.*, (2013) e Silva *et al.* (2023), a espécie pode ser considerada como uma alternativa para regiões de déficit hídrico moderado, sendo ela emergente em locais com essas características, como o cerrado de MG e MS e alguns locais da BA, onde a silvicultura brasileira se expande.

Para MS.S30, MS.27, SP.ITA, ES.A13, SP.ANG, MG.BOC, BA.GUA, foram os locais onde os experimentos obtiveram maior taxa de sobrevivência, sendo classificados majoritariamente como Aw e Cfa, com temperaturas médias acima de 18 e 22° C respectivamente (Köppen, 1936).

A espécie possui mecanismos eficientes de tolerância ao estresse hídrico, visto sua capacidade de sobrevivência em ambientes contrastantes que possuem essa característica, considerando o panorama da rede experimental, desde o litoral da Bahia (BA.BEL) até regiões de seca no Mato Grosso do Sul (MS.S27). No entanto, a drástica redução de sobrevivência que foi observada principalmente nos dois experimentos localizados no extremo sul do Brasil (61% em RS.MDL e 32% em RS.CAN) é um indicativo da barreira climática para o cultivo da espécie. A baixa tolerância ao frio é um fator limitante para o *C. citriodora*, especialmente se considerados as procedências próximas ou originárias de Queensland, onde se apresenta um clima tropical (Boland *et al.*, 2006). Embora os dois experimentos localizados no Rio Grande do Sul (RS.MDL e RS.CAN) sejam classificados como Cfa (Köppen, 1936) com temperaturas médias anuais abaixo de 20° C, estes locais apresentam ocorrência frequente de geadas.

Flores *et al.* (2016) quando propuseram o zoneamento climático e a adaptabilidade de espécies de eucalipto no Brasil, obtiveram resultados parecidos, onde classificaram o *C. citriodora* como apto preferencialmente para zonas livres de geadas, sendo mais adaptável para climas classificados como Aw, Am, Cwa e Cfa

quente. Sendo assim, pode-se concluir que em climas opostos disso, a própria seleção natural pode atuar como um filtro para esses genótipos.

A dualidade imposta pela sobrevivência pode ser considerado um primeiro indicativo sobre a interação genótipos x ambiente (GxE) proposta no estudo, permitindo avaliar primariamente dois “blocos” de genótipos, sendo onde a espécie expressou maior potencial produtivo, no Nordeste/Sudeste, enquanto a alta mortalidade no Sul do país talvez sugere a necessidade de estratégias de seleção ou melhoramento para espécies e materiais específicos para estas condições, como *Eucalyptus dunnii* ou *E. benthamii* (Higa *et al.*, 1997; Frigotto *et al.*, 2020).

Em relação a produtividade, considerando os valores de IMA ($\text{m}^3/\text{ha}/\text{ano}$), ES.MUC apresentou o menor IMA médio, de 13,4 $\text{m}^3/\text{ha}/\text{ano}$, devido a limitações edáficas que restringiram o crescimento, apesar da sobrevivência. Por outro lado, o local que apresentou a maior média fenotípica de produtividade foi BA.ALT, com 47,1 $\text{m}^3/\text{ha}/\text{ano}$. Silva *et al.* (2021) encontraram valores de IMA para a mesma espécie variando entre 11 a 22 $\text{m}^3/\text{ha}/\text{ano}$, em estados e climas semelhantes ao presente estudo (SP e MG), desconsiderando o estado do Amapá, que no referido trabalho obteve uma produtividade muito menor, devido a não adaptação climática da espécie. Os mesmos autores, ainda, obtiveram altas taxas de sobrevivência para estes locais (100% para SP e MG). Araujo *et al.* (2021) em um estudo com a espécie na mesma idade (36 meses), no estado de São Paulo, encontrou valores de IMA de 20 $\text{m}^3/\text{ha}/\text{ano}$, similar a média geral das populações da rede experimental (22,56 $\text{m}^3/\text{ha}/\text{ano}$). Em média, a produtividade encontrada nos experimentos foi inferior à média nacional cultivada com eucalipto, que foi estimada em 34,4 $\text{m}^3/\text{ha}/\text{ano}$ para o ano de 2024 (IBÁ, 2025). Considerando que a rede experimental compreende testes de progênies estabelecidos entre diferentes níveis de melhoramento e materiais seminais, o desempenho de cada um deve ser testado individualmente (Rocha, 2024).

5.2 Estimativas das variâncias, parâmetros genéticos e interação GxE

Segundo as estimativas dos parâmetros genéticos apresentadas, pode-se concluir que a população base dos experimentos de *C. citriodora* da rede experimental

possui potencial para melhoramento por meio da seleção, apesar da influência ambiental diante da heterogeneidade da rede.

A análise conjunta para os 19 locais simultaneamente revelou que a variância genotípica (σ_g^2) foi de 12,31, sendo superior à variância da interação (σ_{ge}^2), de 8,71. Ainda que o efeito genético seja maior na expressão do caráter IMA, esses valores estando próximos indica uma presença de interação, confirmando a complexidade das respostas dos materiais frente à heterogeneidade da rede experimental, havendo alteração no ranqueamento das progênies. Para a variância residual (σ_e^2), era esperado que representasse a maior parte da variância fenotípica (σ_f^2), considerando o comportamento de modelos mistos para espécies florestais, especialmente quando submetidos a experimentos em diferentes situações edafoclimáticas e caracteres quantitativos. Ainda, pode-se considerar que há σ_g^2 suficiente para ser explorada durante a seleção, sendo importante para o ganho genético (Cornacini *et al.*, 2017; Rocha, 2024).

A herdabilidade no sentido restrito (h_a^2) se mostrou moderada (0,24) de acordo com a classificação de Ziegler e Tambarussi (2022). Esse valor é condizente com o que é esperado para caracteres quantitativos de crescimento, como o Incremento Médio Anual, para espécies dos gêneros *Corymbia* e *Eucalyptus*. Araujo *et al.* (2021) também encontrou valores moderados para a espécie no estado de São Paulo. Costa *et al.* (2015), por sua vez, corroborou com os resultados com um h_a^2 de 0,28 para a espécie em MG, para o caráter DAP, fortemente correlacionado com IMA (Alves *et al.*, 2018; Li *et al.*, 2017a; Lan *et al.*, 2011). Esse resultado de h_a^2 indica que ganhos genéticos satisfatórios podem ser obtidos de acordo com a seleção dos melhores indivíduos para a próxima geração, contudo, a seleção pelas médias das melhores famílias também pode ser considerada para essa população, levando em conta os valores obtidos pela herdabilidade média de progênies ($h_{mp}^2 = 0,95$), sugerindo substanciais ganhos pela seleção das melhores progênies. Este padrão pode ser observado em diversos testes de progênies considerando caracteres quantitativos, em diferentes locais do país (Morais *et al.*, 2010; Rosado *et al.*, 2012; Costa *et al.*, 2015; Araujo *et al.*, 2019).

O Coeficiente de Variação Genotípica Individual (CV_{gi} %) foi de 31,11%, indicando expressiva variabilidade genética para o caráter IMA e, portanto, potencial para a obtenção de ganhos por seleção. Apesar do Coeficiente de Variação

Experimental (CV_e %) ter apresentado valor elevado (59,52%), a magnitude do CV_{gi} % sugere a existência de variabilidade genética suficiente para subsidiar a seleção e a condução de ciclos subsequentes de melhoramento. Segundo Ziegler e Tambarussi (2022), a magnitude do CV_{gi} % observada para o caráter IMA pode ser classificada como moderada. O valor obtido neste estudo foi superior aos relatados na literatura para espécies do mesmo gênero (Morais *et al.*, 2010; Costa *et al.*, 2015; Tambarussi *et al.*, 2018; Araujo *et al.*, 2021).

Ao avaliar uma rede experimental, um dos parâmetros mais importantes para definir estratégias de seleção é a correlação genotípica entre ambientes (r_{gloc}). Este parâmetro indica o quanto o ordenamento dos genótipos (ranking) varia, ou o quanto é consistente ao longo dos ambientes da rede, sendo assim, um parâmetro útil para definir se a seleção será feita por genótipos específicos para cada sítio, ou genótipos representativos para todos simultaneamente. Neste caso, o valor apresentado de r_{gloc} foi de 0,59, o que segundo a classificação de Vencovsky e Barriga (1992), valores abaixo de 0,70 indicam predominância de uma interação do tipo complexa.

Conforme descrito por Chaves (2001), esse tipo de interação implica na mudança do ranqueamento dos genótipos quando submetidos a diferentes ambientes. Ou seja, a seleção baseada apenas na média geral dos 19 locais implicaria em erros de recomendação de genótipos, pois segundo o r_{gloc} (0,59), o melhor material na Bahia não necessariamente predominaria no Rio Grande do Sul. Este resultado justifica a realização de outras análises aqui descritas para melhor alocar os genótipos em seus respectivos locais mais favoráveis, identificando materiais com ampla adaptação ou específica, como a aplicação de índices de seleção simultânea (MHPRVG) e métodos de estratificação ambiental (GGE Biplot), mitigando assim, o risco associado à interação.

A justificativa para a estratificação ambiental fica mais evidente ao comparar as estimativas dos parâmetros genéticos para os dois Mega-Ambientes avaliados. No Mega-Ambiente 1 (MA1), que agrupou os locais com menor restrição hídrica e maior similaridade climática, o r_{gloc} se apresentou entre 0,68 e 0,80 para os três caracteres, com valores de h_a^2 de 0,28 até 0,42, mostrando um aumento expressivo de confiabilidade para seleção. Em oposto a isso, o Mega-Ambiente 2 (MA2), identificado como alto estresse abiótico, agrupou o experimento que sofreu com déficit hídrico (BA.BEL) com as geadas no estado do Rio Grande do Sul. Sob este aspecto, a σ_{ge}^2

superou a σ_g^2 e o valor de r_{gloc} foi encontrado em níveis baixos (0,23 a 0,32, considerando os três caracteres), com h_a^2 variando entre 0,06 e 0,11. Esse contraste mostra que a interação complexa detectada na análise conjunta era enviesada por alguns locais, mostrando que as estratégias de seleção para ambientes específicos se faz necessária.

A acurácia seletiva ($r_{\hat{a}a}$) obteve um valor de 0,97, indicando uma correlação muito alta entre os valores genéticos preditos e os reais dos genótipos (Resende, 2002). Assim, pode-se dizer que há uma alta confiabilidade e precisão nos dados, impulsionada pelo valor também elevado de h_{np}^2 e pelo grande número de repetições na rede experimental.

5.3 Complexidade da interação

A magnitude moderada da correlação genotípica entre ambientes ($r_{gloc} = 0,59$) e os resultados da análise realizada separadamente para os diferentes ambientes, evidencia a complexidade da rede experimental e a presença de interação genótipo $\times$ ambiente (G $\times$ A). Diante desse cenário, o melhorista deve considerar estratégias de seleção que contemplem tanto a identificação de genótipos com desempenho e estabilidade consistentes ao longo dos ambientes quanto a possibilidade de explorar materiais com adaptabilidade específica a determinadas condições ambientais. Além disso, considerando que a variância residual representou aproximadamente 89% da variação fenotípica total, a escolha da metodologia de seleção torna-se muito importante para o sucesso do programa de melhoramento.

A comparação entre o método tradicional de Eberhart e Russell (1966) e a abordagem baseada em modelos mistos, utilizando REML/BLUP, permite avaliar como diferentes critérios estatísticos podem influenciar a classificação e a seleção dos genótipos. O método de Eberhart e Russell (1966) caracteriza a adaptabilidade e a estabilidade dos genótipos por meio de uma regressão linear do desempenho genotípico em função de um índice ambiental. Entretanto, como esse índice é obtido a partir do desempenho médio dos genótipos nos ambientes, ele pode estar associado ao próprio desempenho dos materiais avaliados, além de ser influenciado pelo erro experimental. Em experimentos florestais, nos quais são comuns redes experimentais

extensas, elevada heterogeneidade ambiental e avaliações realizadas durante vários anos, o componente ambiental pode representar uma parcela expressiva da variação observada. Dessa forma, a utilização exclusiva das médias fenotípicas pode reduzir a precisão da avaliação da superioridade genética dos materiais (Resende, 2002).

Nesse contexto, os modelos mistos associados à predição de valores genéticos por BLUP apresentam vantagens importantes, especialmente quando há estrutura de parentesco, diferentes níveis de informação entre genótipos e eventual desbalanceamento dos dados. A abordagem permite estimar os componentes de variância por REML e prever os valores genéticos dos genótipos considerando simultaneamente a estrutura experimental, a herdabilidade do caráter, o número de repetições e a quantidade de informação disponível para cada material. Além disso, o BLUP apresenta a propriedade de “*shrinkage*”, pela qual as predições dos valores genéticos são parcialmente direcionadas em relação à média geral, com maior intensidade para genótipos cuja informação disponível apresenta menor precisão. Assim, genótipos avaliados com menor quantidade de informação ou associados a maior erro tendem a apresentar maior contração de suas predições, reduzindo o risco de superestimação de valores genéticos extremos (Viana; Resende, 2014).

Para verificar se essas propriedades preditivas do BLUP resultam em diferenças práticas na seleção em relação à metodologia de Eberhart e Russell (1966), estimou-se a correlação de Spearman entre os ranqueamentos gerados por ambas as metodologias, obtendo-se um valor moderado de 0,648. A análise de dispersão evidencia que, nos extremos da distribuição, há concordância entre os métodos; ou seja, os genótipos muito superiores ou francamente inferiores são identificados de forma consistente por ambos os critérios. Entretanto, para os materiais de desempenho intermediário, observa-se expressiva alteração no ranqueamento dependendo do critério avaliado. Essa divergência demonstra a ausência de um padrão linear perfeito entre os métodos e reforça a importância do uso de preditores robustos e encolhidos (*shrinkage*), como o BLUP, para garantir maior precisão na seleção.

Devido ao ciclo reprodutivo longo da espécie, o elevado custo de operação dos ciclos de melhoramento, e áreas abrangentes e heterogêneas de plantios florestais, a responsabilidade para assertividade dos materiais é grande, portanto, a estratégia a

ser adotada deve ser determinada levando isso em consideração (Resende *et al.*, 2001).

Desta forma, a interpretação da interação GxE, juntamente com a seleção simultânea pelos três critérios de produtividade, estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG) foram fundamentados nessa discussão, a fim de maximizar a precisão de recomendação dos materiais.

5.4 Índices de Produtividade, Estabilidade e Adaptabilidade dos genótipos

Ao avaliar o comportamento dos valores genéticos aditivos preditos dos genótipos ($\mu + a$) via REML/BLUP ao longo dos 19 locais na rede experimental, foi constatado que a melhor família foi CC-148, que apresentou um IMA predito de 36,35 m³/ha/ano. A predição dos valores genéticos a partir do BLUP permite com que os parâmetros genéticos e ambientais sejam capturados a partir da variância existente entre os dados, suavizando assim o erro quadrático médio (Henderson *et al.*, 1959). Como mencionado, as progênies CC-162 e CC-39 também tiveram destaque no ranqueamento obtendo um IMA estimado de 36,02 e 34,69 m³/ha/ano, respectivamente.

Os valores de MHVG, PRVG e MHPRVG também foram apresentados em forma de ranqueamento, com base no IMA (m³/ha/ano) de cada progênie. Enquanto os valores de Produtividade e Estabilidade (MHVG) se referem a estimar os genótipos com melhor performance mesmo quando submetidos a ambientes desfavoráveis, ou seja, maior previsibilidade, a Adaptabilidade (PRVG) é relacionada se o genótipo responde de maneira favorável conforme o ambiente ou não (Finlay; Wilkinson, 1963; Eberhart; Russel, 1966). Conforme Silva *et al.* (2021), esses parâmetros ajudam a conferir como os efeitos da interação agem no desempenho de genótipos em diferentes locais, permitindo recomendação com base em boa acurácia.

Para os três índices apresentados, os genótipos obtiveram respostas semelhantes, considerando materiais presentes em diferentes locais da rede experimental, como as famílias CC-162, CC-148 e CC-39, novamente se apresentando como superiores ante às demais. As três famílias já apresentam algum

grau de melhoramento, visto que foram resgatados previamente em testes de progênie introduzidos por materiais presentes nas estações experimentais de Anhembi (SP) e Ilha Solteira (SP). Porém, mesmo com a coincidência entre os 20 melhores materiais nos três ranqueamentos, houve inversão de ordem. Devido a presença de ambientes climaticamente contrastantes, com diferenças em temperatura e pluviosidade, como os experimentos localizados no estado da Bahia (BA.ALT, BA.ENT, BA.BEL, BA.ITG, BA.EUN, BA.GUA, BA.CAR) em comparação com o restante da rede, como MG.BOC e MG.CUR, SP.SSI, SP.ITA e SP.ANG, a recomendação de genótipos com ampla adaptabilidade e estabilidade se faz muito importante, uma vez que a presença dos mesmos materiais se fez nos diferentes ranqueamentos (Anputhas *et al.*, 2011; Santos *et al.*, 2015).

Para os três melhores genótipos apresentados, seguindo os critérios de MHPRVG, a produtividade apresentada (26,69; 26,16 e 26,15 m³/ha/ano, para CC-162, CC-148 e CC-39 respectivamente) foi superior à média geral de todos os ambientes (22,56 m³/ha/ano).

De acordo com a metodologia adotada, os resultados para os índices de MHPRVG fornecem estimativas de produtividade para os genótipos já penalizadas através da instabilidade dos 19 locais. Simultaneamente, o método otimiza a capacidade de resposta à melhoria da qualidade do ambiente (Resende, 2007; Maia, 2009).

5.5 Decomposição da interação GxE via GGE Biplot

O modelo GGE Biplot divide os efeitos G + GA em dois componentes principais. O primeiro componente (PC1), é atribuído à variação do genótipo (G), que explicou 79,82% da variação, demonstrando que os genótipos possuem grande parte da variação. O segundo componente (PC2), explicou 3,94% da variação, que é atribuída ao efeito GxE. Estes, possuem resultados confiáveis, visto que os dois componentes (PC1 e PC2) apresentaram 83,76% de toda a variação G + GxE contida nos dados (Yan; Holland, 2010).

A representação gráfica “Quem-Ganhou-Onde” (Yan *et al.*, 2000) permite com que seja possível a identificação das famílias que melhor respondem a cada ambiente. Para essa classificação, deve ser observado quais progênies estão localizadas nas arestas dos polígonos irregulares formados pelo restante dos genótipos, ou seja, os mais distantes da origem do gráfico. As progênies localizadas mais próximas à origem, são consideradas menos responsivas, ou seja, com desempenho inferior. As quais não estão presentes em nenhum agrupamento, ou denominado Mega-Ambiente, não são apropriadas para seleção (Yan *et al.*, 2007; Yan; Kang, 2002; Karimizadeh *et al.*, 2013).

Para explicar a interação mais detalhadamente, a metodologia GGE Biplot (*Genotype main effect plus Genotype-by-Environment Interaction*) encontrou resultados que corroboram com o parâmetro ($r_{gloc} = 0,59$), encontrado anteriormente. Como a interação se deu de forma complexa, porém de magnitude não tão forte, o grande agrupamento entre 16 ambientes (SP, MG, MS, ES e BA), considerando a divisão da linha tracejada entre eles, separando-os em dois Mega-Ambientes, foi indicado com similaridade entre si. Essa associação entre os vetores dos ambientes indicou que para estes locais, o ranqueamento, e consequentemente o desempenho dos genótipos não é alterado de forma significativa. Para este agrupamento, os genótipos que obtiveram melhor resposta foram CC-79, CC-101, CC-56 e CC-39.

O Mega-Ambiente formado no terço inferior do gráfico foi onde a rede experimental obteve a maior parte de sua variação. Formado por RS.MDL, RS.CAN e BA.BEL, esses três locais desempenharam de forma similar entre si o suficiente para serem considerados um mesmo local. Estes, são classificados por Köppen (1936) como Cfa (Rio Grande do Sul) e Af (BA.BEL). Biologicamente, como Chaves (2001) esclarece, essa diferença entre o Sul e o restante do Brasil evidencia a adaptação dos materiais. Pode-se considerar que os genótipos que maximizam a produtividade no clima tropical/subtropical não possuem os mesmos mecanismos fisiológicos de tolerância ao frio e à geadas, que são necessários para expressar um bom desempenho no Rio Grande do Sul resultando na inversão do ranqueamento, justificando a interação complexa.

Um detalhe que pôde ser observado, foi que o experimento localizado na Bahia que foi agrupado com os dois do RS, foi o local que obteve maior pluviosidade média

anual (1320 mm), o que pode ter influenciado no agrupamento climático. Conforme sugerido por Santos *et al.* (2015), em cenários de baixa correlação entre ambientes, a seleção visando materiais genéticos específicos para os locais agrupados diferentemente frente a interação complexa se faz necessário, visando otimizar a adaptabilidade às condições de clima subtropical. Para esses locais específicos, as progênies CC-24 e CC-03 foram as que tiveram melhor desempenho. Rocha (2024) encontrou resultados semelhantes para progênies de *E. urophylla* em condições de pluviosidade alta na Bahia, porém os experimentos em Rio Grande do Sul foram agrupados com os demais, o que pode estar relacionado a melhor adaptação da espécie no local, em comparação com *C. citriodora*. A eficácia do GGE Biplot na discriminação de ambientes e no estudo de Mega-Ambientes para o gênero *Corymbia* foi demonstrada por Ferreira *et al.* (2021), que estudou dois ambientes presentes na rede experimental discutida (ES e MS), corroborando a sensibilidade da ferramenta para detectar padrões de interação GxE complexa.

Para a representação gráfica “Média vs. Estabilidade”, a diferença entre os genótipos é a questão central. O “eixo do ambiente-médio” (EAM), representado pela média dos ambientes (Yan, 2001), diz qual genótipo teve maior performance considerando a direção da seta representada no gráfico, evidenciado novamente por CC-148, CC-39 e CC-162. A partir do alongamento do vetor do genótipo em relação ao EAM, é possível identificar o quão estável ele é (variação no eixo “y”), ou seja, quanto mais perto do EAM (verticalmente), maior sua estabilidade ao longo da rede experimental. Neste caso, uma parte dos genótipos teve tendências de desempenho semelhante considerando os ambientes, quando observados no biplot, próximos ao EAM, com exceção dos que tenderam mais para o agrupamento do RS. Silva *et al.* (2021), para *C. citriodora* subsp. *variegata* teve resultados semelhantes, com boa performance média, porém com baixa estabilidade.

Quando se analisa um padrão gráfico “Média vs. Estabilidade”, a principal vantagem obtida é a capacidade de obter a visualização mais facilitada do comportamento dos genótipos e da interação GxE ao longo dos ambientes, porém, este tipo de biplot dá preferência para estratégias de seleção para genótipos específicos para cada ambiente, baseados em sua média e estabilidade (Yan; Kang, 2002; Ferreira *et al.*, 2021).

A estratificação da rede experimental em dois Mega-Ambientes demonstrou ser uma abordagem necessária para explicar melhor a interação observada na base de dados, uma vez que a projeção “Quem-Ganhou-Onde” demonstrou a ocorrência de interação complexa, onde o ranqueamento dos genótipos sofre alteração dependendo do ambiente onde estes são inseridos. É possível observar o contraste de desempenho das progênies CC-39 e CC-148 que representaram os materiais mais produtivos para as condições tropicais e subtropicais (considerando BA, MG, ES e MS), e após a estratificação, o recuo das progênies para a média do eixo produtivo no segundo Mega-Ambiente (representação “Média vs. Estabilidade”), revelando susceptibilidade às condições restritivas destas regiões do país. Por outro lado, a progênie CC-162 se destacou como um material adaptável a ambas as condições ambientais, se mantendo no vértice do polígono vencedor da projeção “Quem-Ganhou-Onde”, e mantendo uma alta estabilidade e adaptabilidade na projeção “Média vs. Estabilidade” para os dois Mega-Ambientes.

Um ponto interessante a ser notado foi o agrupamento do experimento BA.BEL, localizado no estado da Bahia, com os experimentos do Rio Grande do Sul (RS.CAN e RS.MDL) na composição do Mega-Ambiente 2. Geograficamente distantes e com perfis climáticos divergentes, o agrupamento é explicado por estresses abióticos enfrentados em ambas as regiões, ainda que de aspectos opostos. Enquanto os ambientes na região Sul foram afetados por incidência de geadas, o local BA.BEL foi submetido a um alto déficit hídrico na fase de estabelecimento do plantio.

Para definir a melhor estratégia de melhoramento quando se analisa a interação GxE, é descrito que há duas possibilidades: Selecionar indivíduos, ou progênies que possam ser considerados estáveis ao longo dos ambientes, tendo respostas menos sensíveis quanto às suas variações; Ou selecionar materiais específicos para cada local avaliado, quando se há uma interação muito complexa e adaptação específica, visando computar maiores ganhos (Kang, 2002; Li *et al.*, 2017b). No caso do presente trabalho, pode-se considerar a adoção de seleção de genótipos mais estáveis para os diferentes ambientes, considerando os resultados obtidos pelos parâmetros genéticos ($r_{gloc} = 0,59$), a similaridade entre o ranqueamento dos genótipos segundo os critérios MHPRVG, e a análise GGE Biplot que mostrou um grande agrupamento para a maior parte dos locais.

5.6 Estimativas de ganho genético e cenários de seleção

Como os materiais formaram majoritariamente dois agrupamentos conforme a análise GGE biplot e o padrão “Quem-Ganhou-Onde” evidenciou, sendo que o agrupamento menor foi relativo a materiais específicos para uma condição (RS.MDL e RS.CAN), as estimativas de ganho Genético (GS) predito foram realizadas considerando a população como um todo, evidenciando o comportamento das progênes de *C. citriodora*.

A simulação para os ganhos foi feita em diferentes cenários de seleção, visando obter ganhos com os avanços de geração, porém mantendo a variabilidade genética, pensando em manter uma ampla base de germoplasma para o futuro. Os cenários visando a seleção até as 50 melhores famílias mostram que a média das selecionadas (25,01 m³/ha/ano) ainda é levemente maior que a média da população total (22,56 m³/ha/ano). Os cenários apresentados selecionando as melhores famílias, deixando uma base restrita de progênes para o próximo ciclo, pode ser utilizado visando aumentar o ganho em curto prazo, porém, neste caso, pode não ser recomendado pela presente base genética da espécie, o que pode comprometer a seleção recorrente da população nos outros ciclos de melhoramento (Isik; McKeand, 2019).

A proposta de seleção visando as famílias mais produtivas e estáveis pode ser adequada para a presente população, considerando a maior variabilidade genética entre progênes e sua herdabilidade média.

O GS é calculado prioritariamente pela relação entre a herdabilidade e o diferencial de seleção, ou seja, se a pressão de seleção foi grande, o diferencial também será, e o ganho será resultado disso (Souza, 2018).

Para o caráter IMA, onde foi obtido valores de (h_a^2) de 0,24, foi encontrado ganhos de seleção entre 10,86% a 18,24% quando consideramos intensidades de seleção das 50 às 10 melhores famílias. Esses altos ganhos podem ser relacionados ao fato de a população ainda se encontrar em estágios iniciais de melhoramento, corroborando com um alto coeficiente de variação genética e herdabilidade média de progênes (Morais *et al.*, 2010). Souza (2018) encontrou ganhos de seleção de 8 a 4%

quando considerados seleção entre progênies para *Corymbia citriodora*, em diferentes intensidades de seleção. Brawner (2012) obteve 54,2% de ganho máximo para *Corymbia citriodora* subsp. *variegata*, com h_a^2 de 0,22, para o caráter volume. Moraes *et al.* (2010) encontrou ganhos próximos de 20% para o caráter de DAP em progênies de *C. citriodora*.

Ao aliar as estimativas de ganho com a manutenção da variabilidade, os valores de tamanho efetivo (N_e) obtidos respaldam a adoção de intensidades de seleção moderadas, selecionando as melhores 20 a 30 famílias. Na literatura, sabe-se que a restrição alta do número de genótipos selecionados eleva os riscos de depressão por endogamia e a perda de alelos por deriva genética. Para a condução de uma população base de melhoramento, a manutenção da variabilidade genética existente é essencial, sendo que tamanhos efetivos mais amplos — na casa das centenas — produzem uma segurança razoável contra a erosão genética (Resende, 2002; Vencovsky, 1987). O monitoramento desse parâmetro é fundamental, visto que ele quantifica a representatividade da variabilidade retida frente à população original (Vencovsky; Crossa, 2003). Nesse contexto, o cenário de maior intensidade avaliado (Top 10) resultou em um N_e mais restrito (38,45), elevando o risco de estreitamento da base genética. Em contrapartida, a ampliação da seleção para cenários mais conservadores, como a retenção das 20 a 30 melhores famílias (N_e entre 76,22 e 114,24), permite capturar a superioridade produtiva sem exaurir a variância aditiva, mantendo a população aderente aos princípios de segurança e avanço genético em longo prazo.

Em síntese, os resultados do estudo podem evidenciar que a presente rede experimental apresenta um balanço entre variabilidade genética e oportunidade para seleção em futuros ciclos de melhoramento. A existência de uma interação genótipos x ambientes do tipo complexa se fizeram notáveis, em resposta a ambientes agrupados de forma discrepante. A escolha do método de seleção pode variar conforme as necessidades específicas de cada instituição que possui o experimento em suas áreas, porém pode ser possível considerar a estratégia da seleção conforme os materiais mais produtivos e estáveis ao longo da rede experimental. Dessa forma, a integração de métodos de modelos mistos e outras ferramentas assegura que o ganho genético predito se traduza em produtividade real, orientando a formação de

populações de elite aptas a sustentar a expansão da cultura frente aos desafios edafoclimáticos brasileiros.

6 CONCLUSÕES

A espécie apresentou elevada rusticidade, com sobrevivência superior a 80% na maioria dos ambientes (SP, MG, ES, MS, BA). Contudo, a alta mortalidade no Rio Grande do Sul (RS.MDL e RS.CAN) evidencia uma fronteira climática para o cultivo frente a ocorrências severas de geadas.

A população base possui variabilidade genética adequada para sustentar ciclos futuros de melhoramento. A herdabilidade individual moderada ($h_a^2 = 0,24$) e a alta herdabilidade de progênies ($h_{mp}^2 = 0,95$) viabilizam com segurança a seleção entre famílias.

A expressiva interação GxE de natureza complexa — evidenciada pelo baixo valor de correlação genética entre os locais ($r_{gloc} = 0,59$) — indica alteração no ranqueamento dos genótipos ao longo da rede. Isso inviabiliza a recomendação de um único genótipo para todas as regiões, justificando a adoção de métodos de seleção simultânea para estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG), que permitiram identificar os genótipos de superioridade global mais estáveis e produtivos (CC-148, CC-162 e CC-39).

A estratificação via GGE Biplot definiu dois Mega-Ambientes. O MA1 abrangeu a maior parte da rede (com r_{gloc} elevado entre 0,68 e 0,80), permitindo recomendar materiais amplamente estáveis. O MA2 isolou os locais de estresse severo, onde o r_{gloc} caiu para uma magnitude muito baixa (entre 0,23 e 0,32). Para a continuidade do trabalho, sugere-se uma estratificação adicional direcionada a esses locais para a obtenção de genótipos específicos (focado a nível populacional para o MA2).

Os cenários de seleção predizem ganhos expressivos de 10% a 18%, confirmando o *Corymbia citriodora* como uma alternativa para diversificação na silvicultura brasileira. O monitoramento do tamanho efetivo (N_e) demonstrou que intensidades moderadas (como a retenção de 20 a 30 famílias) equilibram a produtividade com a segurança contra a erosão genética e à deriva.

REFERÊNCIAS

- ALFENAS, A. C.; ZAUZA, E. A. V.; MAFIA, R. G.; ASSIS, T. F. **Clonagem e doenças do eucalipto**. 2. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 500 p., 2009.
- ALVES, R. S.; TEODORO, P. E.; RESENDE, M. D. V.; HENRIQUES, E. P.; SILVA, L. A.; CARNEIRO, P. C. S.; BHERING, L. L. Multiple-trait BLUP: a suitable strategy for genetic selection of *Eucalyptus*. **Tree Genetics & Genomes**, [S. l.], v. 14, n. 5, p. 77, 2018. doi:10.1007/s11295-018-1292-7
- ANPUTHAS, M.; SAMITA, S.; ABEYSIRIWARDENA, D. S. Stability and adaptability analysis of rice cultivars using environment-centered yield in two-way ANOVA model. **Communications in Biometry and Crop Science**, [S. l.], v. 6, n. 2, p. 80-86, 2011.
- ARAUJO, F. S. de. **Expressão gênica de tiorredoxinas h em eucalipto em resposta ao estresse salino**. 2020. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) – Universidade Federal do Rio Grande do Norte, Macaíba, 2020.
- ARAUJO, M. J. de; PAULA, R. C. de; CAMPOE, O. C.; CARNEIRO, R. L. Adaptability and stability of eucalypt clones at different ages across environmental gradients in Brazil. **Forest Ecology and Management**, [S. l.], v. 454, p. 117631, dez. 2019.
- ARAUJO, M. J. de; LEE, D. J.; TAMBARUSSI, E. V.; PAULA, R. C. de; SILVA, P. H. M. da. Initial productivity and genetic parameters of three *Corymbia* species in Brazil: designing a breeding strategy. **Canadian Journal of Forest Research**, Ottawa, v. 51, n. 1, p. 25-30, jan. 2021.
- ASSIS, T. F. Melhoramento genético do eucalipto. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 189, p. 32-51, 1996.
- ASSIS, T. F. Melhoramento genético de *Eucalyptus*: desafios e perspectivas. In: ENCONTRO BRASILEIRO DE SILVICULTURA, 3., 2014, Campinas. **Anais [...]**. Colombo: Embrapa Florestas, 2014.
- BATES, D.; MÄCHLER, M.; BOLKER, B.; WALKER, S. Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4. **Journal of Statistical Software**, [S. l.], v. 67, n. 1, p. 1-48, 2015.
- BELTRAME, R.; BISOGNIN, D. A.; MATTOS, B. D.; RAMIRES, M. F.; ELOY, E.; GATTO, D. A. Desempenho silvicultural e seleção precoce de clones de híbridos de eucalipto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 47, n. 6, p. 791-796, jun. 2012.
- BERED, F.; BARBOSA NETO, J. F.; CARVALHO, F. I. F. de. Marcadores moleculares e sua aplicação no melhoramento genético de plantas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 27, n. 3, p. 513-520, 1997.

BESPALHOK, F. J. C.; GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. Seleção Recorrente. In: BESPALHOK, F. J. C.; GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. **Melhoramento de plantas**. Curitiba: UFPR, 2024. p. 11-15. Disponível em: <http://www.bespa.agrarias.ufpr.br/paginas/livro/capitulo%2013.pdf>. Acesso em: 28 jun. 2025.

BOLAND, D.; BROKER, M. H.; CHIPPENDALE, G. M.; HALL, N.; HYLAND, B. P. M.; JOHNSTON, R. D.; KLEINING, D. A.; MCDONALD, M. W.; TURNER, J. D. **Forest trees of Australia**. Melbourne: CSIRO, 2006. 736 p.

BOOTH, T. H. Eucalypt plantations and climate change. **Forest Ecology and Management**, v. 301, p. 28-34, 2013. DOI: 10.1016/j.foreco.2012.04.004.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; NETO, R. F. **Melhoramento de Plantas**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2017.

BRAWNER, J. T.; MEDER, R.; DIETERS, M.; LEE, D. Selection of *Corymbia citriodora* for pulp productivity. **Southern Forests: a Journal of Forest Science**, [S. l.], v. 74, n. 2, p. 121-131, 2012.

BROOKER, M. I. H.; KLEINIG, D. A. **Field guide to Eucalyptus**. 2. ed. Melbourne: Bloomings Books, 2004. v. 3.

CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (ed.). **Recursos genéticos e melhoramento**: plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 675-712.

CORNACINI, M. R.; SILVA, J. R.; LUZ, K. C.; CAMBUIM, J.; SANTOS, W.; MORAES, M. L. T.; AGUIAR, A. V. Desbaste seletivo em teste de procedências e progênes de *Astronium fraxinifolium* Schott com base na variabilidade genética. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 45, n. 115, 1 set. 2017. DOI: 10.18671/scifor.v45n115.15.

COSTA, R. M. L. da; PENA, C. A. A.; ASSIS, T. F. de. Variabilidade genética em progênes de polinização aberta de *Corymbia citriodora*. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 8., 2015, Goiânia. **Anais [...]**. Goiânia: Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas, 2015.

CRISP, M. D.; MINH, B. Q.; CHOI, B.; EDWARDS, R. D.; HEReward, J.; KÜLHEIM, C.; LIN, Y. P.; MEUSEMANN, K.; THORNHILL, A. H.; TOON, A.; COOK, L. G. Perianth evolution and implications for generic delimitation in the eucalypts (Myrtaceae), including the description of the new genus, *Blakella*. **Journal of Systematics and Evolution**, [S. l.], 2024. DOI: 10.1111/jse.13047.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2004. v. 1.

EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v. 6, n. 1, p. 36-40, 1966.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 1987. 279 p.

FERREIRA, F. M.; ROCHA, J. R. A. S. de C.; ALVES, R. S.; MALIKOUSKI, R. G.; PEIXOTO, M. A.; OLIVEIRA, S. S. de; AGUIAR, A. M.; BHERING, L. L. GGE biplot-based genetic selection to guide interspecific crossing in *Corymbia* spp. **Bragantia**, Campinas, v. 80, e5221, p. 1-11, 2021.

FERREIRA, M. **Escolha de espécies de eucalipto**. Piracicaba: IPEF, 1979. 20 p. (Circular Técnica, 39).

FERREIRA, M. A aventura dos eucaliptos. In: SCHUMACHER, M. V.; VIEIRA, M. (org.). **Silvicultura do eucalipto no Brasil**. Santa Maria: Editora UFSM, 2016. cap. 1, p. 11-46.

FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. R. The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. **Australian Journal of Agricultural Research**, Melbourne, v. 14, p. 742-754, 1963.

FISHER, R. A. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. **Transactions of the Royal Society of Edinburgh**, Edinburgh, v. 52, n. 2, p. 399-433, 1919.

FLORES, T. B.; ALVARES, C. A.; SOUZA, V. C.; STAPE, J. L. **Eucalyptus no Brasil**: zoneamento climático e guia para identificação. Piracicaba: IPEF, 2016. 448 p.

FONSECA, S. M. da; RESENDE, M. D. V. de; ALFENAS, A. C.; GUIMARÃES, L. M. da S.; ASSIS, T. F. de; GRATAPAGLIA, D. **Manual prático de melhoramento genético do eucalipto**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2010. 200 p.

FRIGOTTO, T.; NAVROSKI, M. C.; AGUIAR, N. S.; FELIPPE, D.; BORSOI, G. A.; PEREIRA, M. O.; LOVATEL, Q. C. Desempenho de espécies e procedências de *Eucalyptus* no Planalto Norte Catarinense, Brasil. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 48, n. 127, e3273, 2020.

GARDNER, R. A. W.; LITTLE, K. M.; ARBUTHNOT, A. Wood and fibre productivity potential of promising new eucalypt species for coastal Zululand, South Africa. **Australian Forestry**, [S. l.], v. 70, n. 1, p. 37-47, 2007.

GRATAPAGLIA, D.; KIRST, M. Eucalyptus applied genomics: from gene sequences to breeding tools. **New Phytologist**, [S. l.], v. 179, p. 911-929, 2008.

HENDERSON, C. R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S. R.; VON KROSIGK, C. M. The Estimation of Environmental and Genetic Trends from Records Subject to Culling. **Biometrics**, [S. l.], v. 15, n. 2, p. 192, jun. 1959.

HIGA, R. C. V.; HIGA, A. R.; TREVISAN, R.; SOUZA, M. V. R. de. Comportamento de vinte espécies de *Eucalyptus* em área de ocorrência de geadas na região sul do

Brasil. In: CONFERÊNCIA IUFRO SOBRE SILVICULTURA E MELHORAMENTO DE EUCALIPTOS, 1997, Salvador. **Anais** [...]. Colombo: Embrapa, 1997. p. 30-34.

HILL, K. D.; JOHNSON, L. A. S. Systematic studies in the eucalypts. 7. A revision of the bloodwoods, genus *Corymbia* (Myrtaceae). **Telopea**, Sydney, v. 6, n. 2-3, p. 185-504, 1995.

INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES (IBÁ). **Relatório anual**. São Paulo: IBÁ, 2025.

ISIK, F.; MCKEAND, S. E. Fourth cycle breeding and testing strategy for *Pinus taeda* in the NC State University Cooperative Tree Improvement Program. **Tree Genetics & Genomes**, [S. l.], v. 15, n. 5, p. 1-2, 23 ago. 2019.

KANG, M. S. Genotype-environment interaction: progress and prospects. In: KANG, M. S. (ed.). **Quantitative genetics, genomics and plant breeding**. Wallingford: CABI, 2002.

KARIMIZADEH, R.; MOHAMMADI, M.; SABAGHNI, N.; MAHMOODI, A. A.; ROUSTAMI, B.; SAYYEDI, F.; AKBARI, F. GGE Biplot Analysis of Yield Stability in Multi-environment Trials of Lentil Genotypes under Rainfed Condition. **Notulae Scientia Biologicae**, [S. l.], v. 5, p. 256-262, 2013.

KÖPPEN, W. Das geographische system der climate. In: KÖPPEN, W.; GEIGER, R. (ed.). **Handbuch der Klimatologie**. Berlin: Gebruder Borntrager, 1936. p. 1-44.

LAN, J.; RAYMOND, C.; SMITH, H. J.; THOMAS, D. S.; HENSON, M.; CARNEGIE, A.; NICHOLS, J. D. Variation in growth and *Quambalaria* tolerance of clones of *Corymbia citriodora* subsp. *variegata* planted on four contrasting sites in north eastern NSW. **Australian Forestry**, [S. l.], v. 74, n. 3, p. 205-217, 2011.

LI, C.; WENG, Q.; CHEN, J.-B.; LI, M.; ZHOU, C.; CHEN, S.; ZHOU, W.; GUO, D.; LU, C.; CHEN, J.-C. Genetic parameters for growth and wood mechanical properties in *Eucalyptus cloeziana* F. Muell. **New Forests**, [S. l.], v. 48, n. 1, p. 33-49, 2017a.

LI, Y.; SUONTAMA, M.; BURDON, R. D.; DUNGEY, H. S. Genotype by environment interactions in forest tree breeding: review of methodology and perspectives on research and application. **Tree Genetics & Genomes**, [S. l.], v. 13, n. 3, p. 1-1, 9 maio 2017b.

MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D. V.; PAIVA, J. R.; CAVALCANTI, J. J. V.; BARROS, L. M. Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 39, n. 1, p. 43-50, 2009.

MCMAHON, L.; GEORGE, B.; HEAN, R. *Corymbia maculata*, *Corymbia citriodora* subsp. *variegata* and *Corymbia henryi*. **Primefact**, [S. l.], v. 73, n. 10, p. 1-7, nov. 2010.

MIRANDA, A. C.; MORAES, M. L. T. de; SILVA, P. H. M. da; SEBBENN, A. M. Ganhos genéticos na seleção pelo método do índice multi-efeitos em progênes polinização livre de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 43, n. 105, p. 203-209, 2015.

MIRANDA, L.; ESTOPA, R. A.; PALUDETO, J. G. Z.; TAMBARUSSI, E. V. Genetic control and early selection of three *Corymbia* species. **Canadian Journal of Forest Research**, Ottawa, v. x, p. 1-10, 2023.

MORAIS, E.; ZANATTO, A. C. S.; FREITAS, M. L. M.; MORAES, M. L. T. de; SEBBENN, A. M. Variação genética, interação genótipo solo e ganhos na seleção em teste de progênes de *Corymbia citriodora* Hook em Luiz Antonio, São Paulo. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 38, n. 86, p. 245-253, jun. 2010.

MOURÃO, C. P. **Interação entre genótipos e ambientes em progênes em *Eucalyptus* spp.** 2024. 81 f. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2024.

NAMKOONG, G.; KANG, H. C.; BROUARD, J. S. **Tree breeding**: Principles and strategies. New York: Springer-Verlag, 1988. 180 p. (Monographs on Theoretical and Applied Genetics).

NICOLLE, D. **Classification of the eucalypts, genus *Eucalyptus***. Version 7. [S. l.: s. n.], 2024. Disponível em: <http://www.dn.com.au/Classification-Of-The-Eucalypts.pdf>.

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

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

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A. D. metan: An R package for multi-environment trial analysis. **Methods in Ecology and Evolution**, [S. l.], v. 11, n. 6, p. 783-789, 2020.

R CORE TEAM. **R**: A Language and Environment for Statistical Computing. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing, 2025. Disponível em: <https://www.R-project.org/>.

REIS, C. A. F.; ASSIS, T. F.; SANTOS, A. M.; PALUDZYSZYN FILHO, E. ***Corymbia citriodora***: estado da arte de pesquisas no Brasil. Colombo: Embrapa Florestas, 2013. 60 p. (Documentos, 255).

REIS, C. A. F.; ASSIS, T. F.; SANTOS, A. M.; PALUDZYSZYN FILHO, E. ***Corymbia maculata***: estado da arte de pesquisas no Brasil. Colombo: Embrapa Florestas, 2014. 50 p. (Documentos, 263).

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

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

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 562 p.

RESENDE, M. D. V.; VENCOVSKY, R. Condução e utilização de bancos de conservação genética de espécies de eucalipto. In: CONGRESSO FLORESTAL BRASILEIRO, 6., 1990, Campos do Jordão. **Anais [...]**. São Paulo: Sociedade Brasileira de Silvicultura, 1990. p. 434-439.

RESENDE, M. D. V. de; STURION, J. A.; HIGA, A. R. Comparação entre métodos de avaliação da estabilidade fenotípica e adaptabilidade aplicados a dados de *Eucalyptus cloeziana* (F. Muell). **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 42, p. 3-34, jan./jun. 2001.

ROCHA, G. N. **Seleção de progênes estáveis e produtivas de *Eucalyptus urophylla* em multiambientes**. 2024. 97 f. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2024.

ROCHA, M. G. de B.; PIRES, I. E.; ROCHA, R. B.; XAVIER, A.; CRUZ, C. D. Avaliação genética de progênes de meio-irmãos de *Eucalyptus grandis* por meio dos procedimentos REML/BLUP e da ANOVA. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 71, p. 99-107, 2006.

ROCHA, R. B.; MURO-ABAD, J. I.; ARAÚJO, E. F.; CRUZ, C. D. Avaliação do método centróide para estudo da adaptabilidade ao ambiente de clones de *Eucalyptus grandis*. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 15, n. 3, p. 255-266, 2005.

ROSADO, A. M.; ROSADO, T. B.; ALVES, A. A.; LAVIOLA, B. G.; BHERING, L. L. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 47, n. 7, p. 964-971, jul. 2012.

ROZEFELDS, A. C. *Eucalyptus* phylogeny and history: a brief summary. **Tasforests**, Hobart, v. 8, p. 15-26, 1996.

SANTAROSA, E.; PENTEADO JUNIOR, J. F.; GOULART, I. C. G. R. (ed.). **Cultivo de eucalipto em propriedades rurais**: diversificação da produção e renda. Brasília, DF: Embrapa, 2014. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/121607/1/Apostila-Serie-TT-Eucalipto.pdf>.

SANTOS, G. A. dos; RESENDE, M. D. V. de; SILVA, L. D.; HIGA, A. R.; ASSIS, T. F. de. Interaction genotype by environment for *Eucalyptus* clones in Rio Grande do Sul state. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 43, n. 105, p. 125-135, mar. 2015.

SILVA, P. H. M. da; ARAUJO, M. J.; LEE, D. J.; BUSH, D.; BARONI, G. R.; PAULA, R. C. de. Adaptability and stability of novel eucalypt species and provenances across environments in Brazil at two assessment. **New Forests**, [S. l.], v. 53, n. 5, p. 779-796, 2021.

SILVA, P. H. M.; VIEIRA, I. G.; MENDES, J. C. T.; ARAUJO, M. J. V.; MOREIRA, R. M. Recursos genéticos de eucalipto nas estações experimentais de ciências florestais da ESALQ: usos e manutenção. **IPEF**, Piracicaba, p. 76-116, 2023.

SILVA, P. H. M. da; BRITO, J. O.; SILVA JUNIOR, F. G. da. Potential of eleven *Eucalyptus* species for the production of essential oils. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 63, n. 1, p. 85-89, fev. 2006.

SOUZA, B. M. de. **Interação genótipo-ambiente e ganhos na seleção em testes de progênie de *Corymbia citriodora* Hook.** 2018. 72 f. Dissertação (Mestrado em Planejamento e Uso de Recursos Renováveis) – Universidade Federal de São Carlos, Sorocaba, 2018.

TAMBARUSSI, E. V.; PEREIRA, F. B.; SILVA, P. H. M. da; LEE, D.; BUSH, D. Are tree breeders properly predicting genetic gain? A case study involving *Corymbia* species. **Euphytica**, Wageningen, v. 214, n. 150, p. 1-11, ago. 2018.

VENCOVSKY, R. Tamanho efetivo populacional na coleta e preservação de germoplasma de espécies alógamas. **IPEF**, Piracicaba, v. 35, p. 79-84, 1987.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento.** Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 416 p.

VENCOVSKY, R.; CROSSA, J. Measurements of representativeness used in genetic resources conservation and plant breeding. In: **Crop science**, v. 43, n. 6, p. 1912-1921, 2003.

VIANA, A. P.; RESENDE, M. D. V. de. **Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras.** Rio de Janeiro: Interciência, 2014. 282 p.

VITTI, A. M. S.; BRITO, J. O. Avaliação do rendimento e do teor de citronelal do óleo essencial de procedências e raças locais de *Eucalyptus citriodora*. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 56, p. 145-154, 1999.

YAN, W. GGE biplot—an ideal tool for drawing genotype by environment interaction profiles. **Crop Science**, Madison, v. 41, n. 1, p. 29-36, 2001.

YAN, W.; HOLLAND, J. B. A heritability-adjusted GGE biplot for test environment evaluation. **Euphytica**, Wageningen, v. 171, p. 355-369, 2010.

YAN, W.; KANG, M. S. **GGE Biplot Analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists.** London: Taylor & Francis, 2002. 271 p.

YAN, W.; HUNT, L. A.; SHENG, Q.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. **Crop Science**, Madison, v. 40, n. 3, p. 597-605, 2000.

YAN, W.; KANG, M. S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P. L. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science**, Madison, v. 47, p. 643-653, 2007.

YATES, F.; COCHRAN, W. G. The analysis of groups of experiments. **The Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 28, n. 4, p. 556-580, 1938.

ZIEGLER, A. C. da F.; TAMBARUSSI, E. V. Classifying coefficients of genetic variation and heritability for *Eucalyptus* spp. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 22, n. 2, e40372222, 2022.

ZOBEL, B. J.; TALBERT, J. **Applied forest tree improvement**. New York: John Wiley, 1984. 505 p.