

# Boletim

## TÉCNICO SIF

Número 02 - Volume 03  
Fevereiro 2023

### *SELEÇÃO DE PROGÊNIES HÍBRIDAS DE EUCALYPTUS TOLERANTES À SECA*

*Camila Ferreira Paixão et. al.*

## SELEÇÃO DE PROGÊNIES HÍBRIDAS DE EUCALYPTUS TOLERANTES À SECA

Camila Ferreira Paixão<sup>1\*</sup>, Guilherme Bravim Canal<sup>1</sup>, Alexandre Gomes Ferraz<sup>2</sup>, Laura Soares Cardoso<sup>1</sup>, Mariana Siqueira Silva<sup>3</sup> and Gleison Augusto dos Santos<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Universidade Federal de Viçosa, Graduado em Engenharia Florestal, Viçosa, MG - Brasil E-mail:<camila.paixao@ufv.br>,<guilhermecbravim@gmail.com> and <laura.cardoso@ufv.br>.

<sup>2</sup> Empresa Inverbosques- Gerente de Viveiro e Pesquisa - Colômbia. E-mail: <alexandre.gomes@inverbosques.com>.

<sup>3</sup> Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Biologia Geral, Viçosa, MG - Brasil. E-mail: <mariana.s.siqueira@ufv.br>.

<sup>4</sup> Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Engenharia Florestal, MG - Brasil. E-mail: <gleison@ufv.br>.

\*Corresponding author.

**RESUMO** – Em 2015, uma seca severa atingiu diferentes regiões do Brasil que, teve como consequência, altas taxas de mortalidade de plantas de eucalipto em plantios comerciais, o que impulsionou programas de melhoramento de diversas empresas do setor florestal. Com o objetivo de desenvolver materiais genéticos tolerantes à seca, foram implantados testes de progênies híbridas de Eucalyptus, oriundas de cruzamentos controlados, em três sites com histórico de déficit hídrico. Os ensaios experimentais foram instalados nos municípios de Buritizeiro-MG, Inhambupe-BA e Bocaiúva-MG, compostos por 214, 224, e 204 progênies híbridas, respectivamente. Foram utilizados seis clones comerciais como testemunhas, sendo eles: GG1980, GG1923, GG2673, I144, VM01 e AEC1528. Os ensaios foram instalados em delineamento de blocos casualizados, em single tree plot, espaçamento de 9m<sup>2</sup> por árvore e 20 repetições. Aos 3,5 anos, foram mensuradas a altura e a circunferência a 1,30 metros do solo. Foram estimados o volume e o incremento médio anual (IMAvol) por indivíduo. Para a análise genética, foi utilizado o software Selegen e a variável para selecionar as melhores progênies em cada site foi o IMAvol. Foram selecionadas as 30 melhores famílias por site. Dentre as famílias selecionadas, foi possível notar que existe variabilidade genética passível de ser explorada e que diversos materiais apresentaram desempenho em produtividade muito similar as testemunhas superiores, como as progênies GG1883xGG4302 (E. urophylla)x(E. brassiana), em Buritizeiro; GG1883xGG2759 (E. urophylla)x(E. urophylla), em Bocaiúva e GG2759xGG3389 (E. urophylla)x(E. urophylla HE) em Inhambupe e elevada sobrevivência em campo, podendo ultrapassar os ganhos genéticos aos serem clonadas

*Palavras-Chave: Análise genética; Melhoramento genético; Fenotipagem*

## 1. INTRODUÇÃO

Nos últimos anos, as alterações climáticas têm desempenhado um papel crucial na diminuição da produtividade de madeira de eucalipto, impactando toda a cadeia de produção do setor florestal (IBÁ, 2020). Dada a variedade de fatores que podem causar estresse a uma planta, sabe-se que a água é um dos mais limitantes, pois sua restrição lesa diretamente mecanismos morfofisiológicos do vegetal, impedindo o seu bom funcionamento e conseqüentemente, o desenvolvimento da planta (SCHWIDER et al., 2013).

Desta forma, secas severas combinadas com temperaturas elevadas e baixa umidade, culminam em perdas de produtividade agrícola e danos financeiros para diversas empresas do setor florestal (CORREIA et al., 2014). Em 2015 uma intensa seca afetou diversas regiões brasileiras, o que ocasionou altas taxas de mortalidade de plantas em monoculturas comerciais de eucalipto. Diante desse cenário, grandes empresas do setor florestal reconheceram a necessidade de criar estratégias de melhoramento para minimizar as conseqüências climáticas, uma vez que a carência de matéria prima industrial ameaçava a continuidade de suas operações. Logo, os programas de melhoramento florestal têm se adaptado, incorporando estratégias de seleção de genótipos superiores, a fim de aumentar a produtividade e tolerância dos materiais genéticos as diferentes condições ambientais, principalmente as condições de severas restrições hídricas (ASSIS et al., 2015).

A fase inicial de todos os programas de melhoramento é focada na seleção de espécies e procedências resistentes a fatores abióticos, variabilidade genética e similaridade ambiental entre o local de origem e o local de interesse de introdução do material genético (ASSIS et al., 2015). Já em etapas mais avançadas, o processo de hibridação emerge como uma técnica de aprimoramento amplamente utilizada no setor florestal por ser de baixo custo e combinar características interespecíficas almejadas, sendo fundamental para solucionar muitos dos desafios enfrentados atualmente (ASSIS et al., 2014).

Visando evitar eventos negativos como o já citado em 2015, a Universidade Federal de Viçosa, em conjunto com a Sociedade de Investigações Florestais formaram um consórcio com mais 15 empresas do

setor de base florestal, com o objetivo de estudar, avaliar e desenvolver materiais genéticos superiores resistentes à seca.

Neste sentido, o presente trabalho é resultado do avanço do projeto desenvolvido por esta parceria, o qual objetivou estudar o controle genético da produtividade caracterizada pela variável de incremento médio anual (IMAvol) e sobrevivência de progênies híbridas de *Eucalyptus*, oriundas de cruzamento controlado. Para cada site, foram realizadas seleções de matrizes superiores, a partir da variável IMAvol, sob condições de restrição hídrica.

## 2. MATERIAIS E MÉTODOS

As progênies testadas foram obtidas a partir de cruzamentos controlados entre diferentes clones comerciais fornecidos pelas empresas: Aperam; ArcelorMittal; Bracell; Cenibra; CMPC Celulose Riograndense; Dexco; Eldorado Papel e Celulose; Frondosa Participações; Gerdau; Sylvamo; Klabin; Minasligas; Suzano; Vallourec e Veracel.

Os cruzamentos foram desenvolvidos no viveiro de pesquisa da Universidade Federal de Viçosa, através da técnica de Protoginia Artificialmente Induzida (PAI), que consiste em seccionar o topo do opérculo do botão floral, removendo o terço superior do estilete no estágio de pré-antese, e posteriormente, depositar os grãos de pólen na região seccionada do botão floral (ASSIS et al., 2015).

Foram instalados três testes de progênies, em 2019, sendo eles no município de Buritizeiro-MG (16°54'50.6''S e 44°56'51.6''W) – Fazenda Fartura, Inhambupe-BA (11°52'10.2''S e 38°23'21.3''W) – Fazenda Salgado e Bocaiúva-MG (17°19'44.8''S e 43°49'23''W) – Fazenda Corredor, compostos por 214, 224, e 204 progênies híbridas, respectivamente. Também foram utilizados seis clones comerciais como testemunhas, sendo eles: GG1980, GG1923, GG2673, I144, VM01 e AEC1528.

Os testes de progênies foram instalados seguindo delineamento de blocos casualizados, com uma única planta por parcela, espaçamento de 9m<sup>2</sup> por árvore, com 20 repetições e fenotipados aos 42 meses de idade, incluindo medições de altura (HT) utilizando um Clinômetro e circunferência à altura do peito (CAP) com o auxílio de uma fita métrica. Posteriormente,

foram calculadas as variáveis volume (VOL), em m<sup>3</sup>, e o incremento médio anual em volume (IMAvol), em m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup>, para cada indivíduo. O incremento médio anual (IMA), variável utilizada na seleção das progênes de meio irmãos, foi obtido com auxílio da seguinte equação:

$$IMAvol = VOL * \frac{10000}{E} * \frac{12}{I}$$

em que: E é o espaçamento entre plantas (9 m<sup>2</sup>) e I corresponde a idade dos indivíduos em meses.

Para a análise genética e estimativa dos parâmetros genéticos foi utilizado o software Selegen REML/BLUP. A seleção foi conduzida à nível de família, de forma individual para cada local. Para isso, considerou a variável IMAvol para seleção das progênes de maior desempenho.

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.1 PARÂMETROS GENÉTICOS

Estimativas dos componentes e parâmetros genéticos são fundamentais em um programa de melhoramento genético, pois constituem uma base robusta para orientar as ações e decisões dos melhoristas. Tais informações permitem traçar estratégias eficientes, garantindo que os programas de melhoramento atinjam seu máximo potencial (ALVES et al., 2020).

A variância fenotípica ( $\sigma^2_r$ ), que consiste na soma das variâncias genética, de blocos e residual, apresentou valores elevados para os três locais, sendo mais significativo no site de Inhambupe (856,93) para a característica de interesse e seleção (IMAvol). Entretanto, a variância de bloco ( $\sigma^2_b$ ) apresentou valores baixos para os três sites, variando de 0,23 (Buritizeiro) a 3,24 (Inhambupe) (Tabela 1).

A variância genotípica ( $\sigma^2_g$ ) desempenha um papel crucial, sendo determinante das propriedades genéticas que emergem na população em resposta à seleção (FALCONER, 1996). O site de Inhambupe apresentou valor elevado (163,57) de variância genotípica ( $\sigma^2_g$ ), em relação aos demais (Buritizeiro e Bocaiúva) (Tabela 1).

Segundo RESENDE (2013) valores de herdabilidade no sentido restrito variando de 0,01 até

0,15 são considerados baixos, de 0,15 até 0,50 são medianos e superiores a 0,50 são altos. A herdabilidade individual no sentido restrito ( $h^2_a$ ) apresentou valores de média magnitude para os sites de Buritizeiro e Inhambupe (0,41 e 0,38, respectivamente) e de alta magnitude para o site de Bocaiúva (0,67) (Tabela 1).

Em geral, as acurácias apresentaram valores elevados (0,99) para os três locais, demonstrando boa assertividade na seleção dos materiais genéticos superiores para os três locais avaliados, de forma individual (RESENDE e DUARTE, 2007) (Tabela 1).

A média geral do experimento (m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup>), considerando todos os indivíduos foi de 22,57, 19,23 e 34,31 para os sites de Buritizeiro, Bocaiúva e Inhambupe, respectivamente (Tabela 1).

### 3.2 SELEÇÃO

#### 3.2.1 BURITIZEIRO

Entre os trinta materiais selecionados com base na variável IMAvol, vinte e seis são progênes híbridas de *Eucalyptus* provenientes de cruzamento controlado, enquanto quatro são clones comerciais utilizados como testemunhas no experimento: VM1 (E. urophylla x E. camaldulensis), GG2673 (E. urophylla), GG1980 (E. urophylla), e I144 (E. urophylla HE). A média geral do experimento, avaliada a partir da análise da variável IMAvol, considerando todos os indivíduos, foi de 22,57 m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup> (Tabela 2). Os ganhos variaram de 14,36 (VM1) a 4,35 GG3389 x I3000 (E. urophylla HE x E. camaldulensis) (Tabela 2).

A testemunha VM1, seguida da testemunha GG2673 obtiveram os maiores ganhos genéticos 14,36 e 11,87, contribuindo para uma nova média de 36,92 m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup> e 34,44 m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup>, respectivamente. A progênie GG1823 x GG4302 (E. urophylla x E. brassiana), seguida da progênie GG3389 x GG4302 (E. urophylla HE x E. brassiana) obtiveram ganhos de 11,06 e 10,99, respectivamente, muito próximos ao da melhor testemunha (VM1) e sobrevivência acima de 70% (Tabela 2).

A testemunha VM1 (E. urophylla x E. camaldulensis) além de ter obtido o maior ganho (14,36), foi o único material genético com 100% de sobrevivência em campo (Tabela 2).

**Tabela 1** – Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos de híbridos de *Eucalyptus*, aos 3,5 anos de idade, para a característica IMAvol, em diferentes ambientes, sendo eles: Buritizeiro-MG, Bocaiúva-MG e Inhambuê-Ba.

CP	IMAvol		
	Buritizeiro-MG	Bocaiúva-MG	Inhambuê-Ba
$\sigma^2_b$	0,23	0,72	3,24
$\sigma^2_g$	30,15	82,50	163,57
$\sigma^2_e$	116,98	161,90	690,12
$\sigma^2_f$	147,36	245,12	856,93
$h_a^2$	0,41	0,67	0,38
$Ac_{prog}$	0,99	0,99	0,99
$\mu$	22,57	19,23	34,31

$\sigma^2_b$ : é a variância de blocos;  $\sigma^2_g$ : variância genotípica entre progênies de irmãos germanos;  $\sigma^2_e$ : é a variância residual;  $\sigma^2_f$ : variância fenotípica total;  $h_a^2$ : herdabilidade individual no sentido restrito, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância;  $Ac_{prog}$ : acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa; ( $\mu$ ): média fenotípica geral do experimento para cada característica em cada site.

### 3.2.2 BOCAIÚVA

Foram selecionados trinta materiais genéticos baseado na variável IMA ( $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$ ). Dos trinta materiais selecionados, vinte e cinco são progênies híbridas de *Eucalyptus* oriundas de cruzamento controlado e cinco são clones comerciais utilizados como testemunhas no experimento: GG1923 (*E. urophylla*), GG2673 (*E. urophylla*), I144 (*E. urophylla* HE), GG1980 (*E. urophylla*) e AEC1528 (*E. grandis* x *E. urophylla*). A média geral do experimento, avaliada a partir da análise da variável IMAvol, considerando todos os indivíduos foi de 19,3  $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$  (Tabela 3). Os ganhos obtidos variaram de 39,55 (GG1923) a 9,40 da progênie GG3389 x AEC2034 (*E. urophylla* HE) x (*E. urophylla* x (*E. camaldulensis* x *E. grandis*)), contribuindo para uma nova média de 58,78 e 33,72  $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$ , respectivamente (Tabela 3).

Cinco testemunhas (GG1923, GG2373, I144, GG1980 e AEC1528) se destacaram no ranking com os maiores ganhos genéticos, contribuindo para uma nova média, em  $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$ , de 58,78, 51,55, 47,77, 45,50 e 43,88, respectivamente (Tabela 3).

As progênies GG1883 x GG2759 (*E. urophylla*)

x (*E. urophylla*), VM4 x VCC2880 (*E. urophylla* HE) x (*E. urophylla* x *E. grandis*), GG1883 x AEC2034 (*E. urophylla*) x (*E. urophylla* x (*E. camaldulensis* x *E. grandis*)) obtiveram ganhos elevados na seleção de 16,31, 15,72 e 15,68, respectivamente e, sobrevivência em campo superior a 80%. Considerando que a seleção foi realizada a nível de progênie (família), ainda é possível aumentar os ganhos genéticos com a seleção a nível de indivíduo, os quais, podem apresentar potenciais superiores aos clones que se destacaram. Das vinte e cinco progênies ranqueadas, vinte e três obtiveram sobrevivência em campo superior a 80%, com exceção das progênies GG1883 x VCC1006 (*E. urophylla*) x (*E. urophylla* x *E. grandis*) com 70% e VM4 x VS02 (*E. urophylla* HE) x (*E. camaldulensis*) com 60% de sobrevivência (Tabela 3).

### 3.2.3 INHAMBUPE

Foram selecionados trinta materiais genéticos baseado na variável IMA ( $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$ ). Dos trinta materiais selecionados, vinte e sete são progênies híbridas de *Eucalyptus* oriundas de cruzamento controlado e três são clones comerciais utilizados como testemunhas no experimento: GG1923 (*E. urophylla*),

GG2673 (*E. urophylla*) e I144 (*E. urophylla* HE). A média geral do experimento, considerando todos os indivíduos, foi de 34,31 m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup> (Tabela 1).

O ganho genético variou de 70,89 (GG1923) a 9,75 (I144). A testemunha (GG1923) obteve o maior ganho (70,89), contribuindo para uma nova média de 105.20 m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>.ano e sobrevivência em campo de 85% (Tabela 4).

As progênies híbridas ranqueadas apresentaram ganhos superiores a 50 m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup> e com ganhos superiores às duas testemunhas ranqueadas (GG2673 e I144). Entretanto, por serem materiais de origem seminal, possuem alta probabilidade de elevarem os ganhos e superaram a melhor testemunha (GG1923), material clonal, ao serem clonadas (Tabela 4).

## ANEXOS:

## 4. CONCLUSÃO

Para a característica de interesse (IMAvol), as herdabilidades nos três locais demonstraram valores elevados, indicando que é viável alcançar ganhos genéticos por meio da seleção das melhores progênies.

As progênies híbridas provenientes de cruzamentos controlados mostraram produtividade e sobrevivência em campo bastante semelhantes, e até superiores às testemunhas clonais utilizadas no experimento.

É recomendável clonar os melhores indivíduos do ranking o mais rápido possível para realizar testes clonais e testes clonais ampliados, a fim de confirmar sua superioridade quando clonados e em competições intraclonais.

**Tabela 2:** Ranking a nível da família das 30 melhores progênies classificadas pela variável IMA, do site de Buritizeiro/MG.

Ordem	Progênies	Cruzamentos	g	u+g (m <sup>3</sup> .ha <sup>-1</sup> .ano <sup>-1</sup> )	SOB (%)
1	23	VM1 (Testemunha)	14,36	36,92	100%
2	11	GG2673 (Testemunha)	11,87	34,44	45%
3	91	GG1883xGG4302	11,06	33,63	70%
4	24	GG3389xGG4302	10,99	33,55	80%
5	25	GG3389xGG4304	9,83	32,40	70%
6	208	VM1xVT4	8,56	31,12	55%
7	92	GG1883xGG4304	8,48	31,05	80%
8	41	GG3389xAEC2034	8,37	30,93	35%
9	40	GG1980 (Testemunha)	8,30	30,87	65%
10	199	VM4xCAM	7,71	30,28	75%
11	36	GG2759xVS02	7,44	30,00	55%
12	37	I144 (Testemunha)	6,99	29,56	70%
13	158	GG3633xBRA	6,92	29,48	35%
14	26	GG3389xGG4383	6,52	29,09	70%
15	163	AEC2034xLR831	6,18	28,75	65%
16	162	AEC2034xLR830	6,10	28,67	55%
17	22	GG2759xGG4383	5,96	28,53	70%
18	45	GG918xVS62	5,84	28,41	90%
19	186	VM7xVS2	5,72	28,29	45%
20	149	GG1883xBRA	5,28	27,85	5%
21	216	VM1xVCC1006	5,12	27,69	50%
22	107	GG1883xVS2	4,81	27,38	20%
23	120	GG3633xAEC2197	4,74	27,31	15%
24	33	GG3389xVS02	4,71	27,28	45%
25	9	GG682xGG4383	4,56	27,13	50%
26	38	GG2759xCNB16	4,48	27,05	10%
27	184	VM7xVM4	4,40	26,97	60%
28	86	GG1883xGG1883	4,38	26,94	15%
29	10	GG682xGG4386	4,36	26,93	55%
30	114	GG3389xI3000	4,35	26,92	50%

g: ganho genético; u + g: nova média (m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup>); SOB: sobrevivência (%)

**Tabela 3:** Ranking a nível da família das 30 melhores progênes classificadas pela variável IMAvol, do site de Bocaiúva/MG

Ordem	Progênes	Cruzamentos	g	u+g (m <sup>3</sup> .ha <sup>-1</sup> .ano <sup>-1</sup> )	SOB (%)
1	207	GG1923 (Testemunha)	39,55	58,78	100%
2	210	GG2673 (Testemunha)	25,09	51,55	95%
3	206	I144 (Testemunha)	20,99	47,77	100%
4	208	GG1980 (Testemunha)	19,43	45,50	100%
5	209	AEC1528 (Testemunha)	18,21	43,88	100%
6	65	GG1883xGG2759	16,31	42,49	80%
7	181	VM4xVCC2880	15,72	41,42	95%
8	75	GG1883xAEC2034	15,68	40,60	90%
9	36	AEC2197xVT4	15,66	39,97	100%
10	111	GG2034xAEC2197	15,25	39,42	90%
11	175	VM4xCNB16	14,91	38,94	100%
12	58	GG1883xGG3633	14,24	38,48	85%
13	76	GG3389xVM4	14,03	38,08	80%
14	132	GG2034xVT04	14,03	37,74	90%
15	2	VM4xVT4	13,28	37,39	95%
16	178	VM4xVCC1006	13,10	37,07	90%
17	196	GG2759xAEC2197	12,54	36,76	85%
18	169	VM7xVCC1006	12,44	36,48	80%
19	3	VM4xVS2	12,24	36,21	85%
20	140	VM1xVM4	11,79	35,95	100%
21	139	GG682xGG2034	11,07	35,69	95%
22	94	GG1883xVCC1006	10,67	35,42	70%
23	152	GG3389xAEC2197	10,55	35,18	80%
24	130	GG2034xVS02	10,46	34,95	90%
25	192	GG2034xGG3389	10,21	34,73	80%
26	193	GG682xAEC2034	9,49	34,50	100%
27	92	GG3633xVM4	9,46	34,28	95%
28	56	GG3389xI3000	9,41	34,08	95%
29	46	VM4xVS02	9,40	33,89	60%
30	119	GG3389xAEC2034	9,40	33,72	85%

g: ganho genético; u + g : nova média (m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup>); SOB: sobrevivência (%)

**Tabela 4:** Ranking a nível da família das 30 melhores progênes classificadas pela variável IMAvol, do site de Inhambupe/BA.

Ordem	Progênes	Cruzamentos	g	u+g (m <sup>3</sup> .ha <sup>-1</sup> .ano <sup>-1</sup> )	SOB (%)
1	141	GG1923 (Testemunha)	70,89	105,20	85%
2	225	GG2759xGG3389	33,76	86,64	85%
3	24	GG1883xTER	29,53	79,04	35%
4	155	GG3389xGG4383	28,94	75,09	50%
5	149	GG2759xGG2759	24,31	71,80	50%
6	4	CNB16xBRA	24,13	69,57	65%
7	223	GG2759xAEC2197	19,89	67,38	50%
8	189	VM4xPEL	19,50	65,68	75%
9	91	VM4xPEL	19,41	64,35	95%
10	53	GG918xVT4	17,46	63,10	25%
11	26	GG3389xPEL	16,81	62,01	60%
12	132	GG2034xAEC2197	16,54	61,08	35%
13	194	VM7xVCC1006	16,54	60,29	35%
14	109	GG4386xAEC2034	16,22	59,59	55%
15	47	GG2759xGG4386	16,20	58,99	65%
16	76	GG1883xGG2759	15,49	58,42	55%
17	84	GG1883xVT4	14,94	57,88	30%
18	140	GG3389xAEC2034	14,65	57,38	70%
19	29	GG682xTER	14,47	56,93	40%
20	148	GG2759xGG4383	14,02	56,50	75%
21	224	GG2759xVS02	13,76	56,10	65%
22	113	AEC2034xVCC2880	12,89	55,69	35%
23	209	VM1xPEL	12,16	55,29	85%
24	50	GG3389xGG4386	11,76	54,91	50%

25	61	GG3633xGG3633	11,09	54,53	30%
26	74	GG3633xGG4302	10,39	54,15	40%
27	150	GG682xGG2759	10,28	53,80	75%
28	34	GG3633Xbra	10,20	53,47	25%
29	188	GG2673 (Testemunha)	9,78	53,14	80%
30	186	I144 (Testemunha)	9,75	52,84	80%

*g*: ganho genético; *u + g*: nova média (m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>.an<sup>-1</sup>); *SOB*: sobrevivência (%)

## 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALVES, R.S et. al. Optimization of Eucalyptus breeding through random regression models allowing for reaction norms in response to environmental gradients. *Tree Genet & Genomes*, v. 16, p. 1–8, 2020;

ASSIS, T. F. Melhoramento genético de Eucalyptus: desafios e perspectivas. 3º Encontro Brasileiro de Silvicultura, v. 3, p. 127-148, 2014;

ASSIS, T. F., ABAD, J. I.; AGUIAR, A.M. Melhoramento Genético do Eucalipto. Cap. 7, p. 225-247, 2015;

CORREIA, B. et al. Water stress and recovery in the performance of two Eucalyptus globulus clones: physiological and biochemical profiles. *Physiologia Plantarum*, v. 150, n. 4, p. 580-592, 2014;

IBÁ [Indústria Brasileira de Árvores] Florestas Plantadas, 2020. Disponível em :<<https://iba.org/datafiles/publicacoes/relatorios/relatorio-iba-2020.pdf>>. Acesso em maio de 2023;

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

RESENDE, J. B.; PEREIRA, J. R.; BOTELHO, D. DE O. Expansão da cultura do eucalipto nos municípios mineiros e gestão territorial. *CERNE*, v. 19, p. 1–7, 2013;

SCHWIDER, Y et al. Efeito do déficit hídrico sobre o crescimento de eucalipto em diferentes condições microclimáticas. *Enciclopedia Biosfera*, [S. l.], v. 9, n. 16, 2013. Disponível em: <https://www.conhecer.org.br/ojs/index.php/biosfera/article/view/3413>.