ISSN 0103-9954

ESTRATÉGIAS DE MODELAGEM NA ANÁLISE DE EXPERIMENTOS EM DELINEAMENTO DE BLOCOS AUMENTADOS EM TESTES CLONAIS DE *Eucalyptus* spp.

MODELING STRATEGIES FOR THE ANALYSIS OF EXPERIMENTS IN AUGMENTED BLOCK DESIGN IN CLONAL TESTS OF *Eucalyptus* spp.

Paulo Eduardo Rodrigues Prado[1] Flávia Maria Avelar Gonçalves[2] Magno Antonio Patto Ramalho[3]
José Airton Rodrigues Nunes[4] Cristiane Aparecida Fioravante Reis[5] José Luis Lima[6]

RESUMO

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

Palavras-chave: parâmetros genéticos; modelo entre e dentro; experimentação; índice de coincidência.

ABSTRACT

The objective of this work was to compare analyses of experiment strategies when there is a large number of clones and a reduced number of seedlings to be evaluated. Data from girth at breast height of two seasons of evaluation, 30 and 90 months, from a clonal test of *Eucalyptus* were analyzed in three locations. The experiments were carried out in the augmented block design with 400 regular clones distributed in 20 blocks and with four common clones (controls). Each plot consisted of five plants spaced 3 x 3 meters. The individual statistic analyses were carried out by season and local, a combined one by local at each season and a combined one involving the three locals and the two seasons. Each analysis was carried out according

1 Engenheiro Agrônomo, Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Lavras, Caixa Postal 3037, CEP 3200-000, Lavras (MG). prado017@yahoo.com.br
2 Engenheira Agrônoma, Drª., Professora Adjunta IV do Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Caixa Postal 3037, CEP 3200-000, Lavras (MG). avelar@dbi.ufla.br
3 Engenheiro Agrônomo, Dr., Professor Titular do Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Caixa Postal 3037, CEP 3200-000, Lavras (MG). magnoapr@dbi.ufla.br
4 Engenheiro Agrônomo, Dr., Professor Adjunto do Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Caixa Postal 3037, CEP 3200-000, Lavras (MG). jarnunes@dbi.ufla.br
5 Engenheira Florestal, Drª., Pesquisadora da Embrapa Florestas, Av. das Itaúbas, 3257, CEP 78550-194, Sinop (MT). cristiane.reis@embrapa.br
6 Engenheiro Agrônomo, Dr., Pesquisador em Genética e Melhoramento Florestal da Vallourec e Mannesmann Florestal Ltda., CEP 35790-000, Curvelo (MG). jose.lima@vmtubes.com.br
Recebido para publicação em 9/06/2010 e aceito em 29/09/2011

to two models: augmented design (AD) and one way classification (OWC). The variance components, the heritability, the Speaman's rank correlation and the coincidence indexes in the clone selection at the two models were estimated. It was found that the augmented block design and the one way classification provide similar results in eucalypt clone evaluation. The coincidence indexes between the two models in the clone selection, in general, were high, showing values of 100% in the local combined analyses at 90 months. The Spearman's rank correlation showed estimates in accordance with the coincidence indexes. It was also checked that the clones by seasons interaction was expressive and the coincidence indexes in clones selection at 30 months with selection at 90 months in the combined by local analyses were from 42% in the OWC and 47% in AD, when a selection intensity of 5% was applied.

Keywords: genetic parameters; one way classification; experimentation; index of coincidence.

INTRODUÇÃO

O planejamento e a escolha do delineamento na avaliação experimental de clones/cultivares é uma etapa decisiva para o sucesso dos programas de melhoramento vegetal. Escolha que, muitas vezes, é feita tentando otimizar os recursos sem comprometer a eficiência e a precisão dos experimentos.

No setor florestal, é comum avaliar um número cada vez maior de clones, visando aumentar a chance de sucesso com a seleção (GONÇALVES et al., 2001) o que pode se tornar um complicador na obtenção de boa precisão experimental. Uma alternativa utilizada por algumas empresas florestais para contornar essa situação é o emprego do delineamento em blocos aumentados (DBA), pois os clones sob teste podem ser avaliados sem a necessidade de repetições (FEDERER, 1956).

Na literatura são encontrados vários trabalhos onde o DBA é objeto de estudo. Em alguns deles, as investigações estão relacionadas à avaliação de diferentes modelos, especialmente no que se refere à possibilidade de recuperação da informação intrablocos (blocos de efeitos fixos), interblocos (blocos de efeitos aleatórios) e intergenotípica (genótipos de efeitos aleatórios) e a métodos estatísticos de análises, via método dos quadrados mínimos e metodologia de modelos mistos (FEDERER e WOLFINGER, 1998; DUARTE e VENCOVSKY, 2001).

Outro enfoque é a comparação obtida do DBA com outros delineamentos experimentais relativos à precisão das estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos (BEARZOTI et al., 1997; SOUZA et al., 2003; PETERNELLI et al., 2009). Estes estudos têm demonstrado que, em geral, o DBA fornece estimativas de precisão relativa baixa. Esse fato compromete, como exemplo, o emprego de métodos estatísticos de análise que dependem de boas estimativas de componentes de variância.

Em se tratando do melhoramento de *Eucalyptus*, uma prática experimental por vezes utilizada por algumas empresas é a instalação de experimentos em DBA em testes clonais de fase inicial, mas com parcelas experimentais constituídas por mais de uma planta. Nesse contexto, algumas estratégias de análise dos dados fenotípicos podem ser avaliadas, a exemplo de uma alternativa de análise mais simples, como é o caso da análise de acordo com um modelo entre e dentro.

O objetivo desse trabalho é, portanto, comparar estratégias de análises de experimentos de testes clonais de eucalipto instalados no DBA com informação dentro da parcela considerando os modelos convencionais do DBA e ED.

MATERIAL E MÉTODO

Localização e caracterização dos testes clonais

Os testes clonais foram implantados nas fazendas Corredor, localizada no município de Bocaiúva - MG; Itapoã, localizada em Paraopeba - MG e Campo Alegre, localizada em João Pinheiro - MG, todas pertencentes à empresa V&M Florestal. A caracterização dessas localidades está apresentada na Tabela 1.

Nesses locais, foram avaliados 400 clones de *Eucalyptus* spp. (tratamentos regulares) em DBA, distribuídos em 20 blocos, sendo que cada bloco recebeu 20 tratamentos regulares e os quatro tratamentos comuns (MN467, MN07, RB69 e VM01). A parcela experimental foi constituída de cinco plantas e o espaçamento utilizado foi 3 x 3 metros. O plantio dos clones foi realizado em dezembro de 2000. Para as análises estatísticas e estimação de parâmetros genéticos, foram tomados dados da circunferência a altura do peito

TABELA 1: Características geográficas e precipitação dos locais de instalação dos experimentos.
TABLE 1: Geographical characteristics and precipitation of locations.

Características	Locais		
	Bocaiúva	Paraopeba	João Pinheiro
Latitude (S)	19º17’	17º20’	17º40’
Longitude (W)	44º29’	43º20’	46º32’
Altitude (m)	850	700	500
Precipitação (mm)	850	1350	1346

(CAP), em centímetros, aos 30 e 90 meses.

Os cuidados na produção dos clones, instalação e condução dos experimentos foram aqueles normalmente preconizados pela empresa.

Análises estatísticas

Procedeu-se às análises de variância de acordo com os seguintes modelos estatísticos:

a) Modelo DBA – modelo de blocos aumentados com base na média da parcela: $y_{ij} = \mu + g_i + b_j + e_{ij}$, em que: y_{ij} é a observação da parcela que recebeu o clone *i* dentro do bloco *j*; μ: constante; g_i é o efeito do clone *i*, que foi decomposto em: $c_{i(j)}$: efeito aleatório do clone regular *i* no bloco *j*, sendo $c_{i(j)} \sim N(0, \sigma^2_c)$ e t_i: efeito fixo do clone comum ou clone testemunha *i*; b_j é o efeito aleatório do bloco *j*, sendo $b_j \sim N(0, \sigma^2_b)$; e_{ij} é o erro experimental associado a y_{ij}, sendo $e_{ij} \sim N(0, \sigma^2_e)$.

b) Modelo ED - modelo estatístico do tipo entre e dentro em nível de planta, em que foram considerados apenas os tratamentos regulares (clones sob teste): $y_{ij} = \mu + c_i + d_{ij}$, em que: y_{ij} é a observação da *j*-ésima planta do clone regular *i*; μ: constante; c_i: efeito aleatório do clone regular *i*, sendo $c_i \sim N(0, \sigma^2_c)$; d_{ij}: efeito da planta *j* dentro do clone *i*, sendo $d_{ij} \sim N(0, \sigma^2_d)$.

A principal diferença entre os dois modelos esta na estimativa do erro. No DBA, a variância do erro é estimada a partir dos tratamentos comuns e não dos clones que serão selecionados. Já no ED, a média da variância entre plantas dentro da parcela dos clones sob teste representa o erro experimental.

Para cada modelo foram realizadas análises individuais por local-época, a conjunta envolvendo os locais por época e a conjunta geral envolvendo os três locais e as duas épocas. As análises estatísticas foram realizadas no programa R 2.10.0 (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2009).

Estimativas de parâmetros genéticos

Os componentes de variância foram estimados por meio do método dos momentos para cada análise realizada e em ambos os modelos. A partir dos componentes de variância associados ao efeito dos clones regulares (σ^2_c) estimou-se a herdabilidade para seleção de clones (h^2) com os limites de confiança de 95% determinados pela expressão apresentada por Knapp et al. (1985). Também foi estimado o coeficiente de variação relativo (VENCOVSKY, 1987) pela seguinte expressão: $CV_r=(CV_g \div CV_e)$, em que: CV_g: coeficiente de variação genético e CV_e: coeficiente de variação ambiental.

Correlação de Spearman e índice de coincidência

Foram obtidas estimativas das correlações de Spearman e os índices de coincidência nos clones selecionados com diferentes intensidades de seleção obtidos a partir das análises de acordo com os dois modelos - DBA e ED. Para estimar o índice de coincidência, utilizou-se a expressão de Hamblin e Zimmermann (1986): IC = [(A-C)÷(M-C)]×100, em que: *A*: número de clones selecionados comuns nos dois modelos; *C*: número de clones selecionados nos dois modelos, devido ao acaso. Assume-se que, entre o número de clones selecionado, uma proporção igual à intensidade de seleção coincida por acaso; *M*: número de clones selecionados.

A partir das análises conjuntas, envolvendo os locais em cada época, considerando cada modelo, foram também obtidas as estimativas das correlações de Spearman e os índices de coincidências com uma intensidade de seleção de 5%, entre as médias ajustadas dos clones regulares aos 30 meses e aos 90 meses.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nas análises de variância para CAP, por local e por época, a fonte de variação clones regulares, ou seja, os novos clones sob teste, apresentaram testes de F significativos (P≤0,01). A única exceção ocorreu em João Pinheiro, aos 30 meses, para o modelo DBA (P ≤ 0,13) (Tabela 2).

TABELA 2: Resumo das análises de variância dos dados de circunferência a altura do peito (CAP), em cm, em testes clonais de eucalipto no delineamento de blocos aumentados (DBA) e pelo delineamento entre e dentro (ED) nos três locais aos 30 meses e aos 90 meses.

TABLE 2: Summary of analysis of variance of data from CAP, in cm, in eucalyptus clonal test in augmented block design (DBA) and one way classification (ED) at the tree locations at 30 and 90 months.

FV	João Pinheiro							
	DBA				ED			
	30 Meses		90 Meses		30 Meses		90 Meses	
	QM	F	QM	F	QM	F	QM	F
Blocos	140,48	3,14**	78,76	0,87ns				
Clones	19,82	1,99**	76,92	3,81**				
C. Regulares (CR)[1]	56,91	1,27ns	213,90	2,35**	69,30	3,59**	234,51	4,53**
C. Comuns (CC)	832,19	18,63**	3120,36	34,37**				
CR *vs* CC	10704,13	239,68**	44400,98	489,05**				
Erro[2]	44,66		90,79		19,30		51,80	
Média Geral	22,21		40,23					
Média CR	21,26		38,28		21,26		38,29	
Média CC	27,23		50,46					
Cve[3]	14,19		11,16		20,66		18,76	
CVg[4]	7,57		13,27		15,35		14,11	
CVr[5]	0,53		1,19		0,74		0,75	

FV	Bocaiúva							
	DBA				ED			
	30 Meses		90 Meses		30 Meses		90 Meses	
	QM	F	QM	F	QM	F	QM	F
Blocos	25,50	1,16ns	49,65	1,10ns				
Clones	15,12	3,16**	64,37	6,14**				
C. Regulares (CR)[1]	42,50	1,93**	180,14	4,00**	42,60	5,26**	196,09	7,51**
C. Comuns (CC)	558,06	25,40**	1262,71	28,03**				
CR *vs* CC	9406,68	428,16**	35411,65	1008,25**				
Erro[2]	21,97		45,04		8,09		26,10	
Média Geral	23,61		40,83					
Média CR	22,74		39,06		22,74		39,05	
Média CC	28,26		50,18					
Cve[3]	9,26		7,93		12,50		13,08	
CVg[4]	9,13		14,01		12,02		15,58	
CVr[5]	0,98		1,77		0,96		1,19	

FV	Paraopeba							
	DBA				ED			
	30 Meses		90 Meses		30 Meses		90 Meses	
	QM	F	QM	F	QM	F	QM	F
Blocos	21,14	0,81ns	73,64	0,77ns				
Clones	20,16	3,64**	101,57	4,87**				
C. Regulares (CR)[1]	59,42	2,28**	322,72	3,36**	59,88	5,18**	315,04	6,25**
C. Comuns (CC)	327,57	12,59**	2193,54	22,87**				
CR *vs* CC	13485,81	518,27**	52329,54	545,72**				
Erro[2]	26,02		95,89		11,55		50,38	
Média Geral	29,94		48,34					
Média CR	27,46		46,26		27,46		46,26	
Média CC	34,02		59,35					
Cve[3]	7,86		9,44		12,38		15,34	
CVg[4]	9,08		14,83		11,54		16,15	
CVr[5]	1,15		1,57		0,93		1,05	

Em que: **Significativo pelo teste de F a 1%; [1]No modelo ED: Entre clones; [2]No modelo ED: Dentro de clones; [3]Coeficiente de variação experimental; [4]Coeficiente de variação genético; [5]Coeficiente de variação relativo.

A precisão experimental nas diferentes análises de variância realizadas é de difícil comparação. Normalmente, tem sido utilizado o coeficiente de variação experimental (CV_e) para inferir a respeito da precisão (GARCIA, 1989). Observou-se nas análises que os valores de CV_e não foram elevados. A maior estimativa foi obtida em João Pinheiro aos 30 meses (20%), quando a análise foi realizada pelo modelo ED (Tabela 2). No entanto, a utilização do CV_e como medida de precisão é frequentemente questionada, tanto em plantas anuais (BRUZI, 2008) quanto em perenes (RESENDE, 2007). Além disso, nesse caso, o emprego do CV_e para comparar a precisão nos dois tipos de análises, blocos aumentados (DBA) e entre e dentro (ED), apresenta um complicador adicional, que é a diferença na forma que o erro experimental é estimado nos dois tipos de análises. No DBA, o erro experimental é proveniente da variação entre plantas dentro da parcela que recebeu os clones comuns e a variação dos clones comuns ou testemunhas, nas diferentes repetições, isolado o efeito de blocos. Já no ED, a variância do erro é a média da variância entre plantas dentro da parcela dos clones sob teste.

Resende (2007) menciona que o interesse em termos de precisão é ter a maior acurácia ($F=1\div(1-r^2_{\hat{c}c})$) possível, ou seja, a maior correlação entre os valores genotípicos preditos e os verdadeiros. Comenta ainda que o teste *F* é um bom indicador da precisão, pois, . Pelas estimativas da estatística *F*, todos os experimentos, exceto em João Pinheiro aos 30 meses, apresentaram boa precisão experimental, com valores de *F* superiores a 1,96, ou seja, alta acurácia (Tabela 2). Contudo, deve ser enfatizado que as magnitudes das estimativas de *F*, nos dois modelos, não são comparáveis, pelas razões já mencionadas, no que se refere à estimativa do erro experimental, que é o denominador no estimador *F*.

Outra estimativa que possibilita fazer inferências sobre a acurácia experimental é o CV_r, ou seja, a razão entre o coeficiente de variação genético (CV_g) e o residual (CV_e), de acordo com Resende e Duarte (2007). Os autores mostram que para tomar esta estimativa como medida de acurácia, é necessário levar em consideração o número de repetições do experimento. Quanto maior o número de repetições, menor é o valor de CV_r para se atingir um dado valor de acurácia. Dessa forma, no DBA, é necessário um valor elevado de CV_r para se atingir um determinado valor de acurácia almejado, pois os clones regulares apresentam apenas uma repetição. Notou-se, nos resultados das análises individuais por época e por local, que os valores de CV_r, em geral, foram de maior magnitude na segunda época de avaliação (90 meses) nos dois modelos de análises (Tabela 2).

Verificou-se nas análises pelo modelo DBA que o efeito de blocos não foi significativo ($P\leq 0,05$), sendo a única exceção João Pinheiro aos 30 meses (Tabela 2). Em uma situação como essa, pode-se inferir, em função do desempenho dos clones comuns, que a área experimental era relativamente homogênea, embora, não se possa afirmar que não exista variação dentro do bloco. Nessa condição, o ajuste em função das testemunhas é pouco expressivo. Desse modo, a magnitude do quadrado médio entre clones sob teste no DBA e ED deve ser semelhante, como ocorreu na maioria dos casos. Em princípio, uma vez que o experimento foi implantado no DBA e o efeito de blocos não foi expressivo, a análise ED seria a melhor opção.

Observa-se, nas análises conjuntas dos locais (Tabela 3), que a significância da fonte de variação clones regulares se mantém nos dois tipos de análises (DBA e ED), tanto nas avaliações aos 30 quanto aos 90 meses. Nota-se, também, que os valores de *F*, para essa fonte de variação, apresentaram magnitudes superiores a 2,4 em todas as análises, podendo-se assim inferir que a precisão experimental foi alta (RESENDE, 2007). Os valores do *CVr*, da mesma forma que nas análises por época e por local, foram superiores na segunda época de avaliação. Os clones comuns e o contraste entre clones comuns e clones regulares apresentaram valores de *F* significativos e de elevada magnitude (Tabela 3). Essas duas últimas fontes de variação foram avaliadas apenas no DBA, pois as análises ED foram realizadas apenas com os clones regulares. Em relação à interação clones regulares x locais, observa-se que, apenas aos 30 meses na análise em DBA, essa fonte de variação não foi significativa (Tabela 3). Este fato pode estar relacionado ao resultado da análise realizada aos 30 meses em João Pinheiro, onde a fonte de variação clones regulares não foi significativa.

As variâncias genotípicas entre clones regulares apresentaram, de modo geral, magnitudes semelhantes no delineamento ED, quando comparadas com o DBA (Tabela 4). Esse fato é comprovado por meio das estimativas obtidas nas análises conjuntas (Tabelas 5 e 6). Em relação aos valores das estimativas das variâncias da interação clones regulares x locais, com exceção da análise aos 30 meses no DBA, todas diferiram de zero (Tabelas 5 e 6). No

TABELA 3: Análises de variância conjuntas de locais aos 30 e 90 meses de testes clonais de *Eucalyptus* spp. no delineamento de blocos aumentados (DBA) e pelo delineamento entre e dentro, considerando os clones regulares como aleatórios (ED).

TABLE 3: Joint analysis of variance of locations to 30 and 90 months of *Eucalyptus* spp clonal tests in the augmented block design (DBA) and one way classification (ED) with regular clones as random.

FV	30 MESES					
	DBA			ED		
	GL	QM	F	GL	QM	F
Locais (L)	2	19.812,93	559,84**	2	19.457,07	506,69**
Blocos/Locais	57	63,11	1,78**			
Clones (C)	403	179,63	5,07**			
C. Regulares (CR)[1]	399	85,07	2,40**	399	94,31	2,45**
C. Comuns (CC)	3	1.545,73	43,68**			
CR *vs* CC	1	33.437,79	944,84**			
L x C	805	35,39	1,14ns			
L x CR	797	34,85	1,12ns	797	38,40	2,96**
L x CC	6	91,80	2,96**			
L x (CR *vs* CC)	2	80,37	2,59ns			
Erro médio[2]	171	31,03		4443	12,99	
Média Geral	23,90					
Média dos CR	23,84			23,84		
Média dos CC	29,85					
CV_e[3]	10,88			15,12		
CV_g[4]	8,39			8,38		
CV_r[5]	0,77			0,55		

FV	90 MESES					
	DBA			ED		
	GL	QM	F	GL	QM	F
Locais (L)	2	34.316,97	334,32**	2	33.294,71	318,21**
Blocos/Locais	57	67,58	0,65ns			
Clones (C)	403	835,94	8,14**			
C. Regulares (CR)[1]	399	467,42	4,55**	399	517,5848	4,95**
C. Comuns (CC)	3	6.130,98	59,73**			
CR *vs* CC	1	132.111,44	1287,00**			
L x C	794	102,65	1,33**			
L x CR	786	99,14	1,28**	786	104,63	2,44**
L x CC	6	228,34	2,96**			
L x (CR *vs* CC)	2	309,37	4,00ns			
Erro médio[2]	171	77,23		4355	42,94	
Média Geral	41,35					
Média dos CR	41,23			41,20		
Média dos CC	53,33					
CV_e[3]	10,02			15,90		
CV_g[4]	13,35			13,39		
CV_r[5]	1,33			0,84		

Em que: **Significativo pelo teste de F a 1%; [1]No modelo ED: Entre clones; [2]No modelo ED: Dentro de clones; [3]Coeficiente de variação experimental; [4]Coeficiente de variação genético; [5]Coeficiente de variação relativo.

TABELA 4: Estimativas dos componentes de variância associados aos clones regulares (σ^2_c) e ao erro (σ^2_e), e da herdabilidades (h^2) com seus respectivos limites de confiança nos testes clonais de *Eucalyptus* spp. conduzidos em três locais e avaliados em duas épocas, de acordo com os modelos de blocos aumentados (DBA) e o entre e dentro (ED).

TABLE 4: Estimates of the variance components associated to regular clones (σ^2_c) and residuals (σ^2_e), and heritability (h^2) with their respective confidence intervals of *Eucalyptus* spp clonal tests conducted at three locations and evaluated at two ages, according to augmented block (DBA) and one way classification (ED) models.

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

Em que: [1]Intervalo de confiança a 95% de probabilidade. * No modelo ED: σ^2_d.

DBA, a razão entre as estimativas da variância da interação clones regulares x locais e da variância genética (σ^2_{cl}/σ^2_c) foi de 22% e 17% aos 30 e 90 meses, respectivamente. Já no ED, essa razão foi de aproximadamente 136% aos 30 meses e de 22% aos 90 meses. Observa-se que na primeira avaliação a interação teve maior participação na variância fenotípica. Resultados concordantes foram descritos por Nunes et al. (2002), em testes clonais de *Eucalyptus* spp. Na análise conjunta, envolvendo os três locais e as duas épocas de avaliação, o que chama atenção são as estimativas de elevada magnitude da variância da interação clones regulares x épocas (Tabela 6), evidenciando um comportamento diferenciado dos clones sob teste nas idades de 30 e 90 meses.

As magnitudes das estimativas das herdabilidades (h^2) de CAP variaram de 21,50% a 86,70% (Tabela 4). Na literatura, as estimativas de herdabilidade para CAP na seleção entre clones variaram de 80% a 95% (COSTA, 2008). Observa-se, de forma geral, que os valores encontrados no presente trabalho são inferiores. Verificou-se que as estimativas de h^2 foram superiores quando a análise foi efetuada utilizando o modelo ED. Como as estimativas das variâncias genéticas foram semelhantes nos dois métodos de análises, as diferenças nas estimativas das herdabilidades devem ser atribuídas às variâncias do erro.

A qualidade das estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos obtidos por meio do DBA foi questionada em algumas oportunidades (SANTOS et al., 2002; SOUZA et al., 2003). A principal restrição está relacionada à estimativa da variância do erro. Pois, nesse delineamento, o erro é estimado a partir dos tratamentos comuns e não dos clones que serão selecionados. Além disso, no DBA, o número de repetições dos tratamentos comuns é bem superior ao que ocorre normalmente nos demais delineamentos. No caso da análise ED, a estimativa da herdabilidade está inflacionada, porque o desvio padrão fenotípico não contempla a variância ambiental entre parcelas do mesmo tratamento. Na variância fenotípica só está incluída a variância do erro dentro das parcelas.

Observa-se que, considerando o mesmo local e o mesmo modelo de análise, de forma geral, ocorreu sobreposição dos intervalos de confiança das estimativas das herdabilidades. Na literatura, são frequentes resultados que mostram não ocorrer variação expressiva na herdabilidade nas diferentes idades de avaliação (NUNES et al., 2002; LIMA et al., 2011).

TABELA 5: Estimativas das variâncias de clones regulares (σ^2_c), variâncias da interação clones regulares x locais (σ^2_{cl}), variâncias do erro (σ^2_e), e herdabilidades (h^2) com seus respectivos intervalos de confiança das análises conjuntas por época nos teste clonais de *Eucalyptus* spp. conduzidos em três locais, considerando os delineamentos de blocos aumentados (DBA) e o delineamento entre e dentro (ED).

TABLE 5: Estimates of the variance components associated to regular clones (σ^2_c), clones x locations interaction (σ^2_{cl}) and residuals (σ^2_e), and heritability (h^2) with their respective confidence intervals of the joint analysis by age in *Eucalyptus* spp clonal tests conducted at three locations, according to augmented block (DBA) and one way classification (ED) models.

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

*No modelo ED: σ^2_d.

TABELA 6: Estimativas das variâncias dos clones regulares (σ^2_c), variâncias da interação clones regulares x locais (σ^2_{cl}), variâncias da interação clones regulares x épocas (σ^2_{pc}) e variâncias dos erros (σ^2_e) com seus respectivos intervalos de confiança das análises conjuntas envolvendo os três locais e as duas épocas de avaliação, considerando os delineamentos de blocos aumentados (DBA) e delineamento entre e dentro (ED).

TABLE 6: Estimates of the variance components associated to regular clones (σ^2_c), regular clones x location interaction (σ^2_{cl}), regular clones x age interaction (σ^2_{pc}) and residuals (σ^2_e) with their respective confidence intervals of the joint analysis involving the three locations and two evaluation ages, according to augmented block (DBA) and one way classification (ED) models.

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

Em que: *No modelo ED: σ^2_d.

As estimativas das herdabilidades nas análises conjuntas, envolvendo os locais em cada época de avaliação, foram semelhantes nos dois modelos (DBA e ED), com valores médios em torno de 59% e 79% para a primeira e segunda época de avaliação, respectivamente (Tabela 5).

Estimativas das correlações de Spearman entre a classificação dos clones nas duas análises foram elevadas, conforme apresentado na Tabela 7. A razão pode está no fato das médias no DBA não terem sido ajustadas pelo efeito do bloco, uma vez que este efeito, em geral, não foi significativo. As estimativas das correlações nas análises conjuntas entre os dois tipos de análises também foram altas (0,98 aos 30 meses e 1,00 aos 90 meses).

Esses resultados também são confirmados pelos índices de coincidência na seleção dos clones quando se aplicaram intensidades de seleção de 5% e 10%. Observa-se que apenas em João Pinheiro, aos 30 meses, os índices de coincidência apresentaram valores baixos, 42% e 58% para uma intensidade de seleção de 5% e 10%, respectivamente. Nos outros locais e nas outras épocas, os valores foram superiores a 90%, chegando até a 100% em Paraopeba. Nas análises conjuntas, de maneira geral, os índices também apresentaram altos valores, sendo que o menor ocorreu aos 30 meses quando se aplicou uma intensidade de seleção de 5% (68%). Isso se deve, provavelmente, à influência do local João Pinheiro que, nas análises individuais, apresentou menores índices de coincidência nessa época (Tabela 8).

As estimativas das correlações de Spearman entre as análises em DBA e ED são muito superiores às obtidas por Souza et al. (2003), que encontraram

TABELA 7: Estimativas das correlações de Spearman entre as médias dos clones de eucalipto obtidas pelas análises considerando os modelos de blocos aumentados (DBA) e entre e dentro (ED) por local-época e a conjunta de locais em cada época.

TABLE 7: Estimates of the Spearman correlations among the means of *Eucalyptus* spp clones obtained by analysis according to augmented block (DBA) and one way classification (ED) models at local-age and joint.

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

correlação em torno de 0,65 quando relacionaram as análises em DBA e em látice, na seleção de progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus*. Quando os autores verificaram o índice de coincidência para as melhores e piores progênies em uma intensidade de seleção de 16,5%, notaram que para a seleção das melhores progênies, os índices variaram de 32% a 50% e para os piores de 25% a 50%.

Em estudo, via simulação, realizado por Peternelli et al. (2009), foi verificado que o índice de coincidência na seleção de genótipos, classificados por meio da análise em DBA e os valores reais, ficaram em torno de 50%, em um cenário com herdabilidade de 70% e intensidade de seleção de 10%. Com a herdabilidade reduzida para 30% e a intensidade de seleção de 5%, o índice de coincidência caiu para próximo de 30%.

Foram estimados também, por meio das médias obtidas nas análises conjuntas, os índices de coincidência na seleção dos clones dentro de cada modelo de análise nas diferentes épocas (30 e 90 meses). Os resultados mostram um cenário desfavorável à seleção precoce quando se aplica uma intensidade de seleção de 5%, pois as coincidências dos clones selecionados aos 30 meses com os clones que seriam selecionados aos 90 foram de 42% no ED e de 47% no DBA.

TABELA 8: Estimativas dos índices de coincidências (IC) na seleção de clones de eucalipto realizada pelas análises considerando os modelos de blocos aumentados (DBA) e entre e dentro (ED) nos três locais nas duas épocas de avaliação e na análise conjunta de locais por época, nas intensidades de seleção de 5 e 10%.

TABLE 8: Estimates of the coincidence index (IC) in the selection of eucalypt clones by analysis performed according to augmented block (DBA) and one way classification (ED) models at location-age and joint in the selection intensities of 5 e 10%.

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

No setor florestal, como os ciclos seletivos são longos e as etapas de avaliação demandam alguns anos, sugere-se a utilização de delineamentos que permitem estimar parâmetros genéticos com maior precisão e assim lançar mão de uma forte intensidade de seleção, tornando o processo mais dinâmico e viabilizando maiores ganhos com a seleção. Além disso, a precisão nas estimativas proporciona segurança para realizar a seleção precoce.

CONCLUSÕES

Os modelos de blocos aumentados e entre e dentro fornecem resultados semelhantes na avaliação de clones de eucalipto. No entanto, quando o efeito de blocos no DBA for não significativo, a análise pelo modelo ED é mais apropriada, uma vez que o erro experimental neste modelo é estimado levando em consideração os clones sob teste.

Nos dois modelos estudados, a interação clones x épocas foi expressiva, o que acarretou em um baixo índice de coincidência entre os clones selecionados aos 30 meses e aos 90 meses, tornando a seleção precoce questionável.

A implantação de testes clonais de eucalipto no DBA, utilizando alguma das estratégias de modelagem abordadas neste estudo, é uma alternativa viável em situações onde não é possível a utilização de delineamentos balanceados. Porém, devem-se adotar intensidades de seleção moderadas, especialmente quando se deseja realizar a seleção precoce.

AGRADECIMENTOS

À Empresa V&M Florestal pela concessão dos dados para realização deste trabalho. Ao CNPq e FAPEMIG pelo apoio.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BEARZOTI, E. et al. Comparação entre métodos estatísticos de avaliação de clones de batata em um programa de melhoramento de batata. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 9, p. 877-884, set. 1997.

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

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

DUARTE, J. B. et al. Estimação e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 58, n. 1, p. 109-117, jan./mar. 2001.

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

FEDERER, W. T. et al. SAS code for recovering intereffect information in experiments with incomplete block and lattice rectangle designs. **Agronomy Journal**, v. 90, p. 545-551, June 1998.

GARCIA, C. H. Tabelas para classificação do coeficiente de variação. **IPEF**, Piracicaba. 1989. 12 f.

GONÇALVES, F. M. A. et al. Progresso genético por meio da seleção de clones de eucalipto em plantios comerciais. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 25, n. 3, p. 295-301, jul./set. 2001.

HAMBLIN, J. E. et al. Breeding common bean for yield in mixtures. **Plant Breeding Reviews**, New York, v. 4, n. 8, p. 245-272, Aug. 1986.

KNAPP, R. J. et al. Exact confidence intervals for heritability on a progenie mean basis. **Crop Science**, Madison, v. 25, n. 1, p. 192-194, Jan./Feb. 1985.

LIMA, J. L. et al. Early selection of parents and trees in Eucalyptus full-sib progeny tests. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.11, n.1, p.10-16, Jan/Mar. 2011

NUNES, G. H. S. et al. Implicações da interação genótipos x ambientes na seleção de clones de eucalipto. **Cerne**, Lavras, v. 8, n. 1, p. 49-58, jan. 2002.

PETERNELLI, L. A. et al. Delineamentos aumentados no melhoramento de plantas em condições de restrições de recursos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 9, p. 2425-2430, dez. 2009.

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

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

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

SANTOS, A. H. et al. Simulation of mixed models

in augmented block design. **Scientia Agricola**, v.59, n.3, p.483-489, jul./set.2002.

SOUZA, E. A. de et al. Experimental alternatives for evaluation of progenies and clones in eucalyptus breeding programs. **Revista Árvore,** Viçosa, v. 27, n. 4, p. 427-434, jul./ago. 2003.

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