



Interação genótipo x ambiente para seleção de clones de eucalipto no Médio Parnaíba

Alexandro Dias Martins Vasconcelos^{*1}, Bruno Ettore Pavan², William de Medeiros Silva², Jorge Luis Reategui Betancourt¹, Guido Vicente Briceño Castillo¹, Theo Kirk Cortez Leal da Costa³

RESUMO: Objetivou-se no presente trabalho avaliar o desempenho de clones de eucalipto em duas condições ambientais para mensurar a interação genótipo x ambiente. A pesquisa foi conduzida em dois ambientes, onde o experimento 1, está localizado em uma área de chapada e o segundo experimento, em uma área de baixão. A avaliação das plantas sobreviventes dos experimentos foi realizada, aos 36 meses de idade para as características altura, DAP e IMA. Foram avaliados a variância genotípica entre clones, variância entre locais (σ_l^2); variância da interação clones por locais (σ_{cxl}^2); variância experimental entre parcelas (σ_e^2); variância experimental dentro de parcelas (σ_{ed}^2); coeficiente de variação experimental (CV%); média geral (MG); herdabilidade no sentido amplo (h^2) e ganho com a seleção (GS). Os clones apresentaram interação genótipo x ambiente do tipo complexa, confirmando que os clones respondem de maneira diferenciada nos dois ambientes. A seleção precoce constitui uma saída promissora que pode ser aplicada aos 36 meses de idade para a seleção de clones para a região do médio Parnaíba. Constatou-se diferença significativa entre chapada e baixão, sendo os clones testados no ambiente de chapada apresentaram melhores resultados fenotípicos em altura e diâmetro que o ambiente de baixão.

Palavras-chave: Adaptabilidade e estabilidade, melhoramento florestal, seleção precoce, *Eucalyptus*.

Genotype x environment interaction for selection of eucalyptus clones in Médio Parnaíba

ABSTRACT: The objective of this study was to evaluate the performance of eucalyptus clones under two environmental conditions to measure the genotype x environment interaction. The research was conducted in two environments, where experiment 1 is located in a plateau area and the second experiment, in low region. The evaluation of the surviving plants of the experiments was carried out, at 36 months of age for the height, DBH and IMA characteristics. Genotypic variance between clones was evaluated (σ_g^2); variance between locations (σ_l^2); variance of clone interaction by location (σ_{cxl}^2); experimental variance between plots (σ_e^2); experimental variance within plots (σ_{ed}^2); coefficient of experimental variation (CV %); general average (MG); heritability in the broad sense (h^2) and gain from selection (GS). The clones showed genotype x complex environment interaction, confirming that the clones respond differently in the two environments. Early selection is a promising solution that can be applied at 36 months of age for the selection of clones for the region of the middle Parnaíba. There was a significant difference between plateau and lowland, and the clones tested in the plateau environment showed better phenotypic results in height and diameter than the low area.

Keywords: Adaptability and stability, forest breeding, early selection, *Eucalyptus*.

INTRODUÇÃO

Os ambientes podem causar fortes variações na produção agrícola e na silvicultura, no qual compreender a genética de genótipos e as premissas pertinentes de uma espécie são essenciais na estimação de parâmetros genéticos para uma população, que representa uma estratégia eficaz no melhoramento genético florestal (AKBARPOUR et al., 2014; HONGYU, 2018; BUSH et al., 2011; SWAIN; VERRYIN; LAING, 2015).

A adaptação dos genótipos às condições ecológicas locais de um determinado ambiente proporcionam maximização da produção, pois a produtividade da floresta está intimamente ligada à

qualidade do material genético utilizado. Quanto maior a especificidade de determinado material a uma condição ambiental particular, maior será a produtividade que este poderá expressar. No entanto, o processo de seleção é, frequentemente, realizado pelo desempenho dos genótipos em diferentes ambientes. Contudo, a decisão de lançamento de materiais genéticos normalmente é dificultada pela ocorrência da interação genótipos x ambientes (CARVALHO et al., 2002).

Denomina-se interação genótipo x ambiente o comportamento do genótipo em relação as influências ou variações provocadas pelo ambiente

Recebido em 12/06/2021; Aceito para publicação em 21/10/2021

1 Universidade de Brasília

2 Universidade Estadual Paulista

3 Universidade Federal do Piauí

*email: alexandromv@hotmail.com

(AKBARPOUR et al., 2014; HONGYU, 2018). A interação genótipo x ambiente também pode ser definida pela resposta diferencial dos genótipos a diferentes ambientes (BORÉM; MIRANDA, 2009).

Para a compreensão da interação genótipo x ambiente, necessita-se conhecer os fatores ambientais que determinam o comportamento diferenciado dos genótipos. Isso proporciona também, o entendimento sobre um programa de melhoramento, pois quando informações genóticas e/ou ambientais estão disponíveis, torna-se possível avaliar seus efeitos sobre a interação (GAUCH, 2006). Para tanto, estes ambientes em sua maioria são distintos, proporcionando a interação entre o genótipo e ambiente, de modo que seja esperado a existência da interação entre os clones e os diversos ambientes.

Essas técnicas em ambientes com regime hídrico irregular como no estado do Piauí constituem uma ferramenta de suma importância na identificação e na recomendação de genótipos que apresentem estabilidade fenotípica com a realidade climática para esse tipo de região, como déficit hídrico, fotoperiodismo, solo e regime de chuvas. O estado do Piauí tem despertado interesse nos empreendedores rurais nos últimos anos no que se refere à implantação de culturas agrícolas e florestais. Contudo, testes clonais de eucalipto têm se expandido em terras piauienses, seja pelo baixo custo da terra, seja à necessidade de desenvolvimento na região.

Tais conhecimentos são importantes para a região estudada, pois genótipos resistentes que se desenvolvam em ambientes com condições

climáticas irregulares como no estado do Piauí, constituem informações importantes para garantir a eucaliptocultura no estado e pode possibilitar a identificação de genótipos que apresentem estabilidade fenotípica com a realidade climática local, como déficit hídrico, fotoperiodismo, solo e regime de chuvas.

Contudo, nesta pesquisa, pode-se responder aos questionamentos quanto a existência da interação genótipo x ambiente dos clones por ambiente, bem como, quais os genótipos que podem proporcionar fenótipos com boas características silviculturais que possam garantir elevada produção.

Nesse contexto, objetivou-se nesta pesquisa avaliar o desempenho de clones de eucalipto em duas condições ambientais para estimar a interação genótipo ambiente.

MATERIAL E MÉTODOS

O estudo foi realizado na cidade de Regeneração, no estado do Piauí (Figura 1). O município está localizado na microrregião de Médio Parnaíba Piauiense, o clima na região é classificado com AW, com precipitação pluviométrica média anual de 1.400 mm (ALVARES, 2014).

Os plantio clonais localizam-se na Fazenda Chapada Grande, pertencente à empresa REAL (Regeneração Agropecuária), realizados por meio de experimentos implantados em dois ambientes distintos.

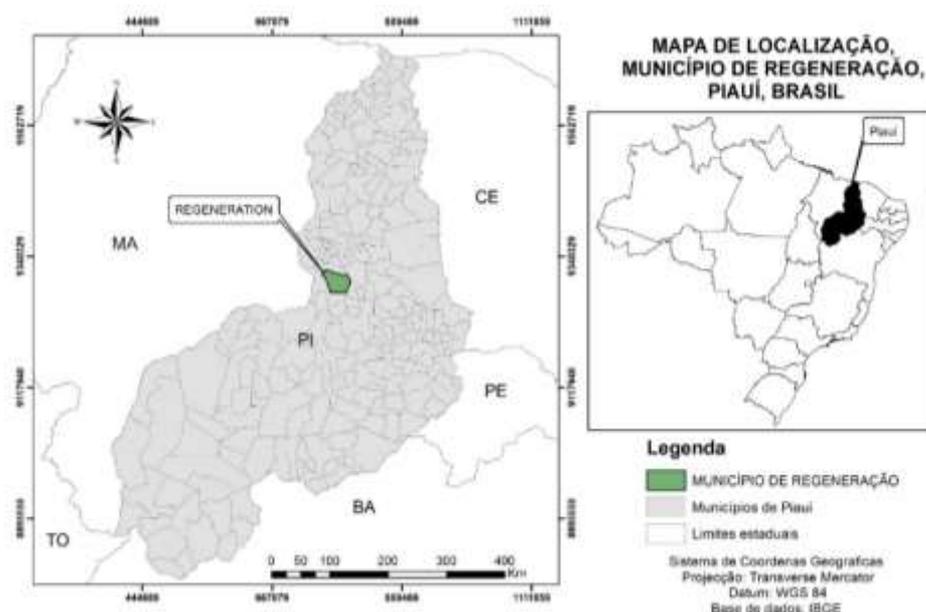


Figura 1 - Mapa de Localização do município de Regeneração, Piauí, Brasil.

O primeiro experimento (Exp1), localiza-se em áreas de chapada, nas coordenadas, 6° 20' 6" S, e 42° 27' 48" W, com 421 metros de altitude, em solos

classificados como latossolo vermelho amarelo de relevo plano. Já o segundo experimento (Exp2), foi desenvolvido em região de baixão, localizado nas

coordenadas geográficas 6° 18' 24" S e 42° 36' 01" W com 242 metros de altitude e o solo classificado como latossolo amarelo e o relevo é suave ondulado. Para os ambientes, foi utilizado o delineamento experimental em blocos casualizados, com quatro repetições e 30 tratamentos (clones), seis plantas por parcela em espaçamento 3,5 x 2,5 m, totalizando 720 árvores em 0,63 ha, com quatro linhas de bordadura.

A adubação foi realizada utilizando 400 kg/ha de fosfato natural em filete contínuo + 200 kg/ha de NPK 06-30-06 + micro (1% B+0,5% Cu+0,5% Zn) aplicado 30 dias após o plantio em cova; adubação de cobertura foi feita após um ano e dois anos após o plantio com 200 kg/ha NPK 20-00-20 + micro (1% B+0,5% Cu+0,5% Zn) para ambos os experimentos.

Os tratamentos utilizados foram oriundos dos materiais genéticos apresentados na Tabela 1.

Tabela 1. Relação dos materiais genéticos utilizados no teste clonal em Regeneração, Piauí, Brasil.

Nº. Tratamento	Genótipo	Nº. Tratamento	Genótipo
1	MA 1000	16	M1083
2	MA1001	17	M1098
3	UBT MIX	18	M1099
4	MA2003	19	M1110
5	MA2000A	20	M1111
6	MA2001A	21	M1115
7	MA2011	22	M1120
8	MA2000	23	M1131
9	MA2001	24	M1136
10	MA2002	25	M1160
11	MA2015	26	M1175
12	UTP-3	27	M1206
13	M1221	28	M1210
14	M1227	29	M1212
15	M1229	30	M1220

Aos 36 meses de idade, realizou-se a mensuração da altura comercial (ALT) por meio de uma prancheta dendrométrica, com precisão de 0,5 m, e da circunferência a altura do peito (CAP), utilizando uma fita métrica com 1mm de precisão. A partir desses parâmetros, obteve-se o diâmetro a altura do peito (DAP) dividindo-se o CAP por π , o volume comercial com casca (VCC), adquirido pela multiplicação da área a altura do peito pela altura e feita a correção pelo fator de forma por classe diamétrica, e o incremento médio anual IMA, obtido pela multiplicação do VCC pelo número de árvores por ha dividido pelos anos.

Testou-se a homogeneidade das variâncias residuais e dos experimentos para posteriormente proceder a análise conjunta dos experimentos, comparados por meio de modelos fixos entre as variâncias residuais e verificação da significância da interação genótipo x ambiente. Em seguida, procedeu-se com análise por modelos mistos método REML/BLUP para determinação das variâncias e valores genotípicos dos indivíduos por experimento e análise conjunta. Foram adotados como efeitos aleatórios clones e interação e fixos blocos dentro de

locais e locais. Todos os procedimentos estatísticos foram obtidos com auxílio do software SAS (1999).

Posteriormente, obteve-se os parâmetros genéticos: herdabilidade (h^2), ganho com a seleção (GS) e em porcentagem (GS%) e, coeficiente de variação experimental. Para interpretar a divergência dos genótipos nos dois ambientes, realizou-se análise de análises cluster (Método de Grupo de Pares Não Ponderados - UPGMA), criando uma matriz de distância euclidiana (SNEATH; SOKAL, 1973), baseado em Mojena (1977). Obteve-se o coeficiente de correlação cofenética (CCC) e realizou-se o teste de Mantel baseado na correlação de Pearson (4999 permutações) para verificar a consistência entre os valores cofenéticos e os valores originais de similaridade. Dessa forma, foi possível verificar a confiabilidade da formação dos grupos que emergiram do dendrograma. Também fez-se análise one-way ANOSIM, realizada para testar a significância da separação de possíveis grupos formados (CLARKE 1993), em que aplicou-se com 999 permutações e distância euclidiana. As análises foram realizadas no programa R com os pacotes vegan e labdsv.

RESULTADOS E DISCUSSÕES

Por meio dos parâmetros genéticos presentes na Tabela 2, pode-se observar na análise conjunta, que

os clones apresentaram forte interação por ambiente, confirmando que os clones respondem de maneira diferenciada entre chapada e baixão.

Tabela 2. Componentes de variância e parâmetros afins para dois testes clonais de eucalipto e análise conjunta (1=Chapada; 2= baixão; Cnj= Conjunta) para os caracteres Altura comercial (ALT, em metros), diâmetro a altura do peito (DAP, em centímetros) e incremento médio anual (IMA, em m³/ha/ano) aos 36 meses de idade.

FV	Alt1	Alt2	Alt Cnj	Dap1	Dap2	Dap Cnj	IMA 1	IMA 2	IMA Cnj
σ_g^2	2,386	4,065	0,419	1,2933	5,937	0,4194	24,4193	34,1292	16,8103
σ_l^2	-	-	6,95	-	-	1,734	-	-	1,51
σ_{cxl}^2	-	-	2,13	-	-	3,19	-	-	12,47
σ_e^2	1,87	1,89	3,19	0,50	3,76	2,14	14,32	14,31	14,32
σ_{ed}^2	2,65	7,08	6,94	2,31	11,34	6,94	38,47	40,77	39,65
CV%	11,70	26,42	22,04	11,10	28,73	20,68	33,36	30,11	31,69
MG	13,92	10,07	11,96	13,71	11,72	12,74	21,20	18,59	19,87
h ²	34,5	31,2	2,59	31,4	28,2	3,09	31,6	38,3	20,01
GS (%)	0,55 (4,01)	0,65 (6,44)	0,018 (0,15)	0,36 (2,62)	0,60 (5,13)	0,009 (0,08)	1,84 (8,71)	2,86 (15,38)	0,90 (4,57)

(σ_g^2) = variância genotípica entre clones; (σ_l^2) = variância entre locais; (σ_{cxl}^2); variância da interação clones por locais; (σ_e^2) = variância experimental entre parcelas; (σ_{ed}^2) = variância experimental dentro de parcelas; CV% = coeficiente de variação experimental; MG = média geral; h² = herdabilidade no sentido amplo; e GS (%) = ganho com a seleção.

A reposta diferenciada dos clones por ambiente é demonstrado quando se observa as herdabilidades no sentido amplo (h²) das análises conjuntas, pois estas apresentam valores inferiores aos valores individuais, evidenciando que a variância genotípica entre clones (σ_g^2) também fica reduzida, dando a entender de que os clones que apresentaram comportamento superiores em um ambiente, não foram superiores no outro, causando diminuição da amplitude e por consequência, também a variância genotípica.

Tais padrões de crescimento e a capacidade de adaptação ambiental, está também relacionada diretamente às condições meteorológicas e do solo da área de estudo, forçando as espécies a serem mais plásticas e, portanto, exibir valores de herdabilidade diferentes (XIAO et al., 2019).

As flutuações no ambiente têm grande impacto na resposta de uma população às mudanças ambientais, sugerindo que o potencial de evolução da plasticidade é facilitado após a exposição a essas flutuações (HALLSSON; BJÖRKLUND, 2012; MANIEE; KAHRIZI; MOHAMMADI, 2009) e porém uma estimativa alta de repetibilidade indica que a seleção da característica em questão seria eficaz e minimamente influenciada pelos efeitos ambientais (MANIEE; KAHRIZI; MOHAMMADI, 2009).

A interação genótipo ambiente é influenciada por dois fatores: um simples, que é quando o comportamento de materiais genéticos são concordantes em dois ambientes diferentes (RAMALHO et al.1993), e um complexo, quando os

materiais genéticos possuem comportamento diversos (CRUZ et al., 2004). Enfatizando a necessidade de conhecer as interações genótipo por ambiente para modelar características de crescimento (BEAULIEU et al., 2014).

No presente trabalho, ocorreu o predomínio da parte complexa pelo efeito dos genótipos com a variação ambiental existente, ou seja, pelo comportamento de genótipos superiores em um ambiente e em outro não. Quando esse tipo de comportamento é verificado em testes de seleção de genótipos em diferentes ambientes, ocorre a existência de genótipos com características adaptativas específicas para cada ambientes (CRUZ et al., 2004).

No entanto, esperava-se esse comportamento pela divergência dos locais do experimento, chapada e baixão. Essa revelação dos mecanismos subjacentes às interações entre genótipos e ambientes e de identificar os clones mais divergentes pode beneficiar muito o melhoramento e seleção de florestas (SIXTO et al., 2011; XIAO et al., 2019).

De maneira geral, a herdabilidade (h²) foi considerada mediana para altura, diâmetro à altura do peito e incremento médio anual, para a idade dos clones, evidenciando um controle genético, o que favorece também a seleção precoce dos mesmos, por proporcionar a redução do ciclo.

Com relação ao ganhos de seleção (GS), pode-se observar que o ambiente de baixão (ambiente 2), apresentou maiores valores para todos os caracteres

com relação ao ambiente de chapada (ambiente 1). No ambiente de chapada, fenotipicamente, os clones não apresentaram grandes diferenças entre si, em que este ambiente pode proporcionar melhores desempenhos com relação a todos clones.

Verificou-se que o Coeficiente de Variação experimental (CV%) se destacou mais o ambiente 1 (chapada) que no ambiente 2 (baixão) com relação parâmetros altura e DAP. Para a chapada (ambiente 1), a altura e o DAP obtiveram um CV de aproximadamente 11,70% e 11,10%, respectivamente. Já para o baixão, (ambiente 2), os valores para a altura e DAP foram respectivamente 26,42% e 28,73%. Esse acontecimento pode estar ligado a ocorrência de maiores intempéries ambientais não controláveis, que ocasionaram mortalidade de árvores. Contudo, os coeficientes de variação se encontram dentro do esperado para esses parâmetros.

Com relação ao incremento médio anual (IMA), os valores obtidos se encontram acima dos 30% para

os dois ambientes, sendo 33,36% para o ambiente de chapada (ambiente 1) e 30,11% para o ambiente de baixão (ambiente 2). Não obstante, os coeficientes de variação encontrados mantiveram-se em valores médios para altura e DAP, e que apesar do resultado médio alto para IMA, ainda assim, indica que os genótipos apresentaram variabilidade genética, com possibilidade de seleção entre mesmos.

Em pesquisas experimentais, o coeficiente de variação (CV%) constitui uma das medidas de maior importância e de valor indispensável quando se trata de testes experimentais de melhoramento genético para avaliação de genótipos, pois a partir deste, se compara a precisão do experimento (SILVA, et al., 2011).

Na Tabela 3, encontra-se a ordenação dos oito melhores clones em cada ambiente estudado e a conjunta destes, para os caracteres avaliados (ALT, DAP e IMA). Pode-se observar que houve troca de posições entre os clones em todos os caracteres avaliados.

Tabela 3. Ordenamento de clones de eucalipto nos ambientes de chapada (ambiente 1) e baixão (ambiente 2) aos 36 meses de idade.

Classificação	Alt1	Alt2	Alt Cnj	Dap1	Dap2	Dap Cnj	IMA 1	IMA 2	IMA Cnj
1	15,85 (18)	12,93 (13)	12,83 (28)	15,48 (17)	14,36 (29)	13,09 (14)	29,29 (17)	30,67 (13)	25,40 (13)
2	15,66 (28)	12,23 (28)	12,68 (29)	15,18 (14)	14,21 (13)	13,07 (29)	28,24 (26)	25,95 (28)	25,29 (28)
3	15,65 (26)	12,12 (14)	12,67 (13)	14,98 (26)	13,72 (15)	13,06 (13)	27,84 (28)	25,58 (29)	24,63 (14)
4	15,45 (17)	11,99 (30)	12,60 (14)	14,85 (28)	13,64 (14)	13,06 (17)	26,82 (14)	25,27 (14)	24,23 (17)
5	15,41 (29)	11,82 (29)	12,59 (30)	14,32 (25)	13,63 (30)	13,05 (28)	25,26 (18)	24,82 (30)	23,97 (29)
6	15,19 (21)	11,78 (15)	12,50 (27)	14,32 (13)	13,60 (28)	13,01 (15)	24,86 (29)	24,10 (15)	22,95 (30)
7	15,17 (27)	11,23 (27)	12,49 (17)	14,29 (15)	13,39 (16)	12,97 (16)	23,63 (13)	21,92 (27)	22,55 (15)
8	14,84 (30)	11,08 (9)	12,43 (18)	14,27 (16)	13,09 (17)	12,97 (30)	23,11 (25)	21,62 (17)	22,46 (18)

Legenda: Cnj= conjunta; Alt = altura comercial em metros; DAP = diâmetro a altura do peito em centímetros; IMA = incremento médio anual em m³/ha/ano.

Para a característica altura, verificou-se que o ambiente de chapada (ambiente 1) apresentou os melhores resultados fenotípicos, sendo o clone 18 (M1099), com o melhor desempenho no ambiente 1 (chapada), mas não aparece entre os oito melhores do ambiente 2 (baixão). Similar a este, foi o comportamento entre os clones 17 (M1098), 21 (M1115) e 26 (M1175), que aparecem entre os oito melhores no ambiente 1 (chapada), mas não aparecem entre os oito melhores do ambiente 2, demonstrando que para a característica altura, há uma interação considerável do genótipo com o ambiente.

Do mesmo modo, o clone de maior altura no ambiente 2 não aparece no ambiente 1, equitativamente ocorre entre os clones 14 (M1227), 15 (M1229) e 9 (MA2001). As exceções ocorrem entre os clones 27 (M1206), 28 (M1210), 29 (M1212) e 30 (M1220), que simultaneamente estão classificados entre os oito melhores nos dois ambientes. Os clones 28 (M1210), 29 (M1212) e 13 (M1221), respectivamente, manifestaram as melhores

posições para a altura na conjunta, expondo que para esta característica, esses clones possuem maior estabilidade fenotípica, sendo de grande importância para produção florestal na região, demonstrando controle genético satisfatório desses clones na manifestação fenotípica com relação à altura.

Para o diâmetro à altura do peito, os clones também apresentaram os melhores resultados no ambiente de chapada (ambiente 1), sendo o clone 17 (M1098) apresenta destaque no ambiente 1, com pequena vantagem em relação ao clone 14 (M1227), que também obteve destaque no ambiente 2, sendo o melhor para a conjunta. É importante destacar que o clone 29 (M1212) aparece na melhor classificação entre os clones do ambiente 2, mas não está entre os oito melhores no ambiente 1, mas ainda assim, constitui o segundo melhor clone na análise da conjunta, constatando elevada adaptabilidade em condições adversas. Os clones 13 (M1221), 15 (M1229) e 28 (M1210) estão entre os oito melhores nos dois ambiente para o DAP.

Com relação ao Incremento Médio Anual, o ambiente de chapada (ambiente 1), também apresenta melhor desempenho que o ambiente de baixão (ambiente 2), sendo que o clone 28 destaca-se entre os três melhores nos dois ambientes, obtendo uma posição de destaque na análise da conjunta. Outro clone que obteve destaque foi o 13, que além de apresentar a melhor altura em terras de baixão (ambiente 2), também demonstrou ser o melhor no IMA neste mesmo ambiente. O clone ainda se destacou entre os oito melhores do ambiente de chapada (ambiente 1) para o IMA, alcançando a melhor posição na análise da conjunta para a referida característica.

O clone 14 (M1227) obteve a mesma posição nos dois ambientes, apresentando adaptabilidade e estabilidade fenotípica para o IMA. Para tanto, pode-se afirmar de modo geral que os clones 13, 14 e 28 demonstraram ter uma interação favorável nos dois ambientes, apresentando também ampla estabilidade fenotípica.

Para análise conjunta do IMA, são destaque os clones 13 e 28. A análise conjunta é importante para o ordenamento dos clones entre os ambientes e em cada característica avaliada na análise da adaptabilidade e estabilidade, pois a eventualidade ou não do aparecimento dos melhores clones, garante uma seleção mais vantajosa (RESENDE, 2007).

Clones que apresentam boas características, adaptabilidade e estabilidade fenotípica são fundamentais para indicação em ambientes produtivos diversificados, ou que apresentem clima variável (ANPUTHAS et al. 2011).

De modo geral, como os clones apresentaram forte interação genótipo x ambiente, é importante e necessário selecionar clones com condições específicas para cada ambiente, pois desta maneira, pode-se obter ganhos na produtividade, uma vez que genótipos superiores em um determinado ambiente, mas que não apresentam desempenho favorável em outro(s) ambiente(s), serão recomendados apenas para ambientes com condições similares ou parecidas no meio que será implantado. No entanto, é importante salientar que pode-se melhorar ainda mais a adaptabilidade e estabilidade fenotípica entre os clones testados, que pode ser obtida por cruzamento entre os melhores na seleção, obtendo assim uma geração com as características superiores e resistentes para cada ambiente.

Na Figura 2, a partir da análise de Cluster por meio do Método de Grupo de Pares Não Ponderados (UPGMA), observa-se no dendrograma que os genótipos agrupam-se em relação aos ambientes onde foram estabelecidos. Isto devido a flutuações climáticas, que podem afetar o ganho genético (RESENDE et al., 2017).

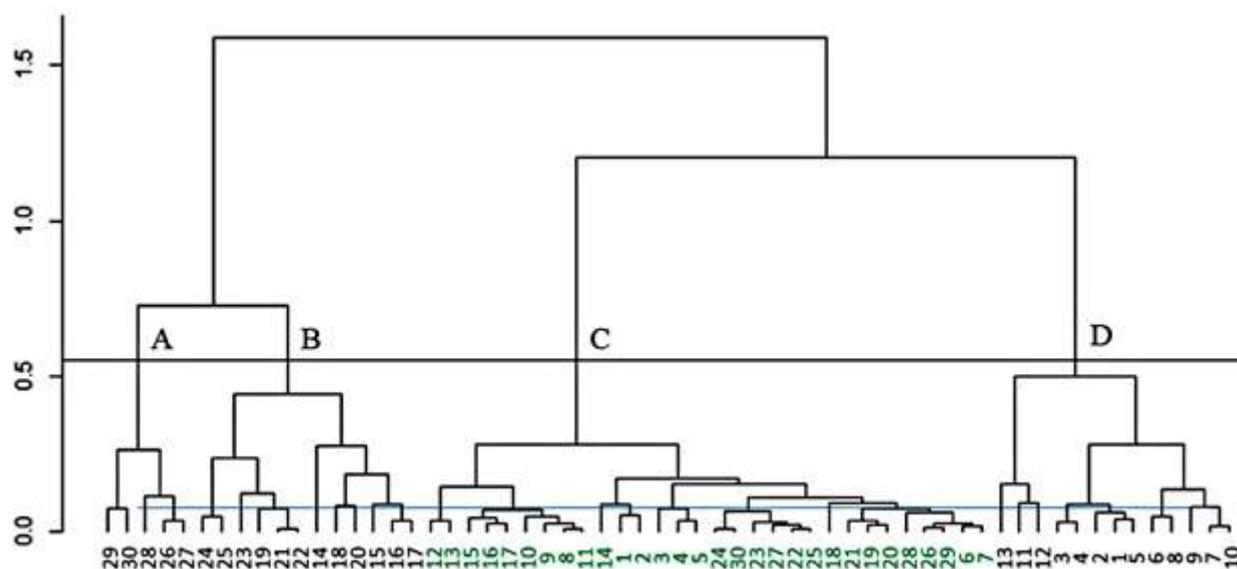


Figura 2 - Análise de cluster (UPGMA) para os 30 genótipos de eucalipto implantados em dois ambientes no Nordeste de Estado do Piauí. CCC=0,91.

No Ambiente 1 (chapada) todos os genótipos agruparam-se em um só grupo (C), dos quais os clones 18 (M1099) e 14 (M1227) foram os mais divergentes. No entanto no ambiente 2 (baixão) formaram-se três grupos bem diferenciados (A, B e D), e em cada um dos grupos os clones que mais sobressaíram foram 28 (M1210), 14 (M1227) e 13

(M1221), respetivamente. Assim, é possível verificar que tais genótipos respondem satisfatoriamente ao ambiente e que também demonstram vantagem na previsibilidade em função das variações ambientais, confirmando capacidade de adaptabilidade e estabilidade. Experimentos em ambientes diferentes tornam-se importantes para testar quais genótipos

podem ter bons rendimentos e elevada adaptação e que garantem estabilidade geral e específica (MALIK; HADASCH; PIEPHO, 2018).

Já para os ambientes, segundo o teste de Mantel entre os dois ambientes apresentaram uma baixa correlação mas foi significativo ($R = 0,20$, $P = 0,004$), e também foi confirmado pelo ANOSIM (Figura 3).

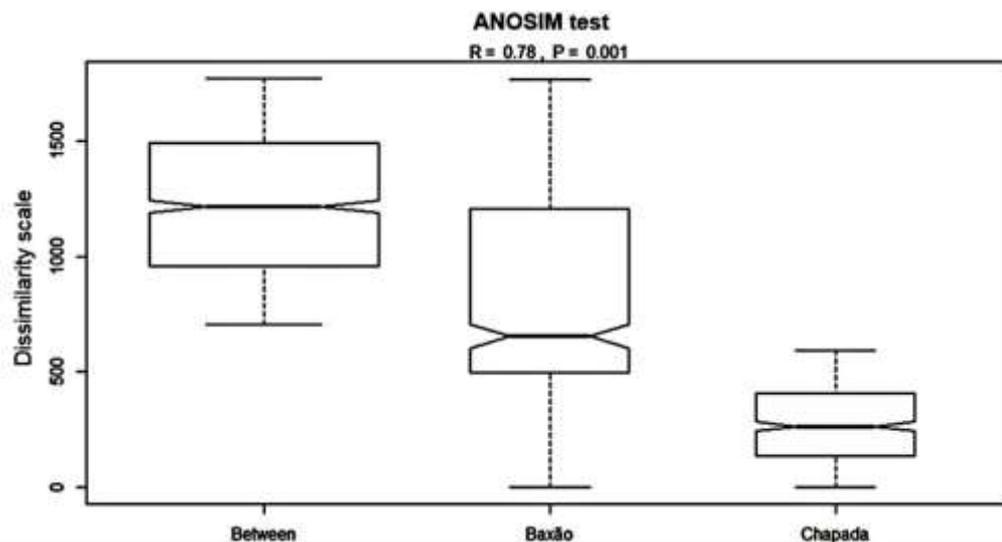


Figura 3 - Teste de ANOSIM para as análises das diferenças significativas entre os dois ambientes Baixão-Chapada.

A pesar de que por meio deste teste, os ambientes apresentaram uma maior correlação que o teste de Mantel, ainda sim existe baixa diferença, entretanto a análise realizada com 999 permutações indica que há diferença significativa entre chapada e baixão ($R = 0,78$, $P = 0,001$) pelo qual a decisão estatística é rejeitar H_0 . Assim, de maneira geral, pode-se fazer a recomendação da seleção precoce como uma saída promissora e com a finalidade de melhorar a eficiência genética dos materiais genéticos para a região do médio Parnaíba.

CONCLUSÃO

Verificou-se que os clones apresentaram forte interação genótipo x ambiente, do tipo complexa. Constatou-se diferença significativa entre chapada e baixão, sendo os clones testados no ambiente de chapada apresentaram melhores resultados fenotípicos em altura e diâmetro que o ambiente de baixão. A seleção precoce constitui uma saída promissora que pode ser aplicada em clones aos 36 meses de idade, para melhorar a eficiência genética dos cultivares para a região do médio Parnaíba sob recomendação direta nos plantios comerciais.

Dentre os 30 clones testados, os cinco melhores no ambiente de chapada foram: 13 (M1212), 28 (M1210), 14 (M1227) e clone 30 (M1220). Para o ambiente baixão, os cinco melhores clones foram: 17 (M1098), 26 (M1175), 28 (M1210), 29 (M1212) e o clone 18 (M1099).

REFERÊNCIAS

- AKBARPOUR, O., DEGHANI, H., SORKHI, B., GAUCH JR., H.G. Evaluation of genotype x environment interaction in barley (*Hordeum vulgare* L.) based on AMMI model using developed SAS Program. **Journal of Agricultural Science and Technology** 16(4):909-920. http://jast.modares.ac.ir/article_10897.html, 2014.
- ALVARES, C. A., STAPE, J. L., SENTELHAS, P. C., GONÇALVES, J. L. M., SPAROVEK, G. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, V. 22, N. 6, p. 711–728 2014.
- 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**, v.6, n.2, p.80-86, 2011.
- BEAULIEU, J., DOERKSEN, T.K., MACKAY, J., RAINVILLE, A., BOUSQUET, J., (2014). Genomic selection accuracies within and between environments and small breeding groups in white spruce. **BMC Genomics** 15: 1048.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de Plantas**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa. 5ª edição, 2009. 529p.
- BUSH, D. et al. Marker-based adjustment of the additive relationship matrix for estimation of genetic parameters-an example using *Eucalyptus cladocalyx*. **Tree Genetics and Genomes**, v. 7, n. 1, p. 23–35, 2011.

- CARVALHO, C.G.P. et al. Interação genótipo x ambiente no desempenho produtivo da soja no Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, p.989-1000, 2002.
- CLARKE K.R. Non-parametric multivariate analyses of changes in community structure. **Australian Journal of Ecology** 18: 117-143, 1993.
- CRUZ, C. D., REGAZZI, A. J., CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2004. 480p.
- GAUCH, H. G. **Statistical Analysis of Yield Trials by AMMI and GGE**, 2006.
- HALLSSON, L.R., BJORKLUND, M. Selection in a fluctuating environment leads to decreased genetic variation and facilitates the evolution of phenotypic plasticity. **Journal of Evolutionary Biology**, v. 25, n. 7, p. 1275-1290, 2012.
- HONGYU, K. Adaptability, stability and genotype by environment interaction using the ammi model for multi-environment trials. **Biodiversity**, v.17, n. Special, p. 10 - 21. 2018.
- MALIK, W.A., HADASCH, J.F., PIEPHO, H.P. Nonparametric Resampling Methods for Testing Multiplicative Terms in AMMI and GGE Models for Multi-environment Trials. **Crop Science**, vol. 58, march-april. 2018.
- MOJENA, R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: An evaluation. *The Comp. J.* 20, 359–363, 1977.
- MANIEE, M., KAHRIZI, D., MOHAMMADI, R. Genetic variability of some morpho-physiological traits in durum wheat (*Triticum turgidum* var. durum). **Journal of Applied Sciences**, v. 9, n. 7, p. 1383–1387, 2009.
- RAMALHO, M. A. P., SANTOS, J. B., ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: UFG, 1993. 271 p.
- RESENDE, M.D.V.; SILVA, F.F.E.; FERREIRA, C.; et al. Atualidades da biometria no melhoramento de plantas perenes, 2017. In: Ludke WH, Andrade ACB, Volpato L, et al. (eds) **Desafios Biométricos No Melhoramento Genético**, 1ª edição. Viçosa, p 166.
- RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 562p.
- SILVA, J. M., NUNAS, G.H.S., COSTA, G.G., ARAGÃO, F.A.S., MAIA, L.K.R., Implicações da interação genótipos x ambientes sobre ganhos com a seleção em meloeiro. **Ciência Rural**, v.41, n.1, p. 51-56, 2011.
- SIXTO, H. et al. Genetic variation and genotype-environment interactions in short rotation *Populus* plantations in southern Europe. **New Forests**, v. 42, n. 2, p. 163–177, 2011.
- SNEATH, P. H.; SOKAL, R. R. Numerical taxonomy. The principles and practice of numerical classification. 1973, 573 p.
- SWAIN, T. L., VERRYIN, S. D., LAING, M. D. An investigation of assumptions made in estimating genetic parameters and predicting genetic gain in a *Eucalyptus nitens* breeding programme in South Africa. **New Forests**, v. 46, n. 1, p. 7–21, 2015.
- XIAO, Y. et al. Genetic Variation of Growth Traits and Genotype-by-Environment Interactions in Clones of *Catalpa bungei* and *Catalpa fargesii* f. *duclouxii*. **Forests**, v. 10, n. 1, p. 57, 2019.