



UNIVERSIDADE FEDERAL DE MATO GROSSO
FACULDADE DE ENGENHARIA FLORESTAL
Programa de Pós Graduação em Ciências Florestais e
Ambientais

VARIAÇÃO GENÉTICA E SELEÇÃO PARA CARACTERES
DE CRESCIMENTO EM PROGÊNIES DE *Eucalyptus*
***camaldulensis* Dehnh**

LUANA PÂMELLA DE ALMEIDA AZEVEDO

CUIABÁ – MT

2013



LUANA PÂMELLA DE ALMEIDA AZEVEDO

VARIAÇÃO GENÉTICA E SELEÇÃO PARA CARACTERES DE
CRESCIMENTO EM PROGÊNIES DE *Eucalyptus camaldulensis*
Dehnh

Orientador: Prof. Dr. Reginaldo Brito da Costa

Dissertação apresentada à Faculdade de Engenharia Florestal da Universidade Federal de Mato Grosso, como parte das exigências do Curso de Pós- Graduação em Ciências Florestais e Ambientais, para a obtenção do título de mestre.

CUIABÁ – MT

2013

Dados Internacionais de Catalogação na Fonte.

A994v AZEVEDO, LUANA PAMELLA DE ALMEIDA.
Variação genética e seleção para caracteres de
crescimento em progênies de *Eucalyptus camaldulensis*
Dehnh / LUANA PAMELLA DE ALMEIDA AZEVEDO. --
2013
61 f. : il. color. ; 30 cm.

Orientador: Reginaldo Brito da Costa.
Co-orientador: Diego Tyszka Martinez.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Mato
Grosso, Faculdade de Engenharia Florestal, Programa de
Pós-Graduação em Ciências Florestais e Ambientais,
Cuiabá, 2013.
Inclui bibliografia.

Ficha catalográfica elaborada automaticamente de acordo com os dados fornecidos pelo(a)
autor(a).

Permitida a reprodução parcial ou total, desde que citada a fonte.



FACULDADE DE ENGENHARIA FLORESTAL
Programa de Pós-graduação em Ciências Florestais e
Ambiental

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

Título: "Variação genética e seleção para caracteres de crescimento em progênies de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh."

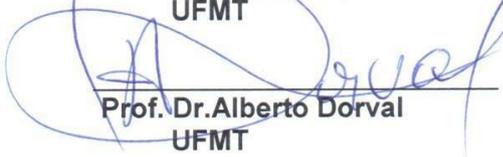
Autor: Luana Pâmella de Almeida Azevedo

Orientador: Prof. Dr. Reginaldo Brito da Costa

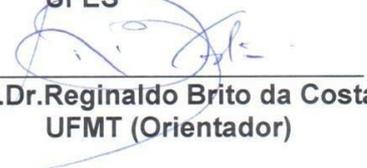
Aprovada em 21 de fevereiro de 2013.

Comissão Examinadora:


Prof. Dr. Diego Tyszka Martinez
UFMT


Prof. Dr. Alberto Dorval
UFMT


Prof. Dr. José Franklim Chichorro
UFES


Prof. Dr. Reginaldo Brito da Costa
UFMT (Orientador)

A mais profunda raiz do fracasso em nossas vidas é pensar, 'Como sou inútil e fraco'. É essencial pensar poderosa e firmemente, 'Eu consigo', sem ostentação ou preocupação.

Dalai Lama

AGRADECIMENTOS

Meus sinceros agradecimentos são voltados primeiramente a Deus que me fornece forças diárias para ultrapassar barreiras e dificuldades impostas pela vida.

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão de bolsa de pesquisa.

À Universidade Federal de Mato Grosso e à Faculdade de Engenharia Florestal juntamente com os professores que contribuíram direta ou indiretamente para a obtenção deste título.

Ao Programa de Pós Graduação em Ciências Florestais e Ambientais pela oportunidade de realização deste trabalho.

À minha querida família que é minha base e estrutura e formam a parte essencial no meu ser direcionando os meus caminhos com afeto e dedicação.

Ao meu noivo pelo incentivo de todos os dias, pela paciência, perseverança, amor e companheirismo.

Aos meus queridos amigos que me acompanharam e torceram pela minha vitória e acima de tudo acreditaram em meu potencial, em especial Daniele Dias, Michelle Amorim e Dayane Ávila que participaram em todos os momentos, inclusive nos mais difíceis.

Ao meu Orientador Prof. Dr. Reginaldo Brito da Costa pela confiança em mim depositada, pelos ensinamentos transmitidos, respeito e paciência. Agradeço também por seus esclarecimentos quanto a pesquisa, pelo estímulo diário e grande amizade que me fizeram persistir dia-a-dia.

Ao meu Co-orientador Prof. Dr. Diego Tyszka Martinez que sempre se mostrou disposto a auxiliar no desenvolvimento do trabalho de forma positiva e incentivadora através da transmissão de conhecimentos que foram essenciais para o trabalho.

Ao Prof. Msc. Oacy Eurico de Oliveira e ao Instituto Federal de Mato Grosso - IFMT (Campus São Vicente) pela disponibilidade das acomodações e alimentação para a realização da coleta de dados.

À equipe que auxiliou na coleta de dados, Maísa Baretta, Willian Ajala e Prof. Dr. Antônio de A. Tsukamoto Filho.

Meu **MUITÍSSIMO OBRIGADO** a todos que colaboraram para que essa pesquisa fosse concluída com êxito.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS	ix
LISTA DE FIGURAS	x
RESUMO	xi
ABSTRACT	xii
1 INTRODUÇÃO	7
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	9
2.1 <i>Eucalyptus camaldulensis</i> DEHNH.....	9
2.1.1 Características da Espécie.....	9
2.1.2 Distribuição Geográfica	10
2.1.3 Utilização.....	12
2.2 MELHORAMENTO DE ESPÉCIES FLORESTAIS	13
2.3 SELEÇÃO.....	14
2.4 VARIABILIDADE GENÉTICA	15
2.5 TESTE DE PROGÊNIES	16
2.6 PARÂMETROS GENÉTICOS.....	17
2.6.1 Variâncias	18
2.6.2 Herdabilidade	19
2.7 Tamanho efetivo populacional – Ne	19
2.7.1 Acurácia Seletiva	20
2.8 SOFTWARE SELEGEN REML/BLUP	21
2.8.1 CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES	22
3 MATERIAL E MÉTODOS	24
3.1 CARACTERIZAÇÃO DO EXPERIMENTO	24
3.2 DELINEAMENTO ESTATÍSTICO E COLETA DE DADOS	25
3.3 ANÁLISES ESTATÍSTICAS.....	27
3.4 TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL (Ne).....	28
3.5 CORRELAÇÕES GENÉTICAS E FENOTÍPICAS	29
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	31
4.1 PARÂMETROS GENÉTICOS.....	31
4.2 TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL - Ne	39

4.3	ESTIMATIVAS DAS CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE CARACTERES SILVICULTURAIS	40
4.4	GANHOS GENÉTICOS	41
5	CONCLUSÕES	43
6	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	44

LISTA DE TABELAS**PÁG.**

1	DESCRIÇÃO DA CLASSE DE FORMA DE FUSTE DAS ÁRVORES DO EXPERIMENTO NO MUNICÍPIO DE SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT.....	26
2	CLASSIFICAÇÃO QUANTO A CORRELAÇÃO EM RELAÇÃO AOS VALORES.....	29
3	ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA OS CARACTERES DE CRESCIMENTO EM PROGÊNIES DE <i>Eucalyptus camaldulensis</i> AOS TRÊS ANOS DE IDADE, NO MUNICÍPIO DE SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT, 2011.....	31
4	GANHOS GENÉTICOS PREDITOS, NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO SELECIONADA E TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL DOS 20 MELHORES INDIVÍDUOS SELECIONADOS DE <i>Eucalyptus camaldulensis</i> PARA CARATER ALTT (m). SANTO ANTONIO DO LEVERGER – MT, 2011.....	34
5	GANHOS GENÉTICOS PREDITOS, NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO SELECIONADA E TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL DOS 20 MELHORES INDIVÍDUOS SELECIONADOS DE <i>Eucalyptus camaldulensis</i> PARA O CARATER ALTC (m). SANTO ANTONIO DO LEVERGER – MT, 2011.....	35
6	GANHOS GENÉTICOS PREDITOS, NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO SELECIONADA E TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL DOS 20 MELHORES INDIVÍDUOS SELECIONADOS DE <i>Eucalyptus camaldulensis</i> PARA O CARATER DAP (cm). SANTO ANTONIO DO LEVERGER – MT, 2011.....	36
7	GANHOS GENÉTICOS PREDITOS, NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO SELECIONADA E TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL DOS 20 MELHORES INDIVÍDUOS SELECIONADOS DE <i>Eucalyptus camaldulensis</i> PARA O CARATER FF. SANTO ANTONIO DO LEVERGER – MT, 2011.....	37
8	ESTIMATIVAS DAS CORRELAÇÕES GENOTÍPICAS (r_g) E FENOTÍPICAS (r_f) ENTRE CARACTERES RELATIVOS À ALTURA TOTAL (ALTT), ALTURA COMERCIAL (ALTC), DIÂMETRO À ALTURA DO PEITO (DAP) E FORMA DE FUSTE (FF) AVALIADOS NA POPULAÇÃO DE <i>Eucalyptus camaldulensis</i> . Santo Antônio do Leverger - MT, 2011.....	40
9	ESTIMATIVAS DE GANHOS GENÉTICOS PARA OS PROCEDIMENTOS DE SELEÇÃO ENTRE E DENTRO E BLUP. Santo Antônio do Leverger – MT, 2011.....	42

LISTA DE FIGURAS		PÁG
1	DISTRIBUIÇÃO NATURAL DE <i>Eucalyptus camaldulensis</i> NO CONTINENTE AUSTRALIANO.....	11
2	LOCALIZAÇÃO GEOGRÁFICA DO EXPERIMENTO NO MUNICÍPIO DE SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER - MT, 2011.....	24
3	AVALIAÇÃO QUANTITATIVA DOS CARACTERES: A) ALTURA TOTAL (ALTT, m); B) DIÂMETRO A ALTURA DO PEITO (DAP, cm); C) AVALIAÇÃO DA FORMA DO FUSTE (FF); D) ALTURA COMERCIAL (ALTC, m). SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT, 2011.....	26
4	REPRESENTAÇÃO ESQUEMÁTICA DA ESCALA DE NOTAS PARA RETIDÃO DE TRONCO DAS PROGÊNIES DO EXPERIMENTO NO MUNICÍPIO DE SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT.....	27

RESUMO

AZEVEDO, Luana Pâmella de Almeida. **Varição genética e seleção para caracteres de crescimento em progênies de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh.** 2013. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais e Ambientais) – Universidade Federal de Mato Grosso, Cuiabá – MT. Orientador: Prof. Dr. Reginaldo Brito da Costa.

O presente trabalho objetivou estimar parâmetros, correlações fenotípicas e genéticas entre caracteres de crescimento, ganhos genéticos com seleção e tamanho efetivo populacional para caracteres de crescimento e forma, em um teste de progênies de *Eucalyptus camaldulensis*. O teste de progênie foi instalado sob delineamento de blocos ao acaso com 132 progênies, cinco repetições e três plantas por parcela em linhas simples, no espaçamento 3 m x 2 m no município de Santo Antônio do Leverger, MT. Aos três anos de idade, as progênies foram avaliadas quanto aos caracteres: a) altura total (ALTT), altura comercial (ALTC), diâmetro a altura do peito (DAP), forma de fuste (FF) e sobrevivência (SOB). As estimativas das herdabilidades individuais foram de baixa magnitude para os caracteres ALTT (0,10), DAP (0,16) e SOB (0,07). Porém, os caracteres ALTC (0,18) e FF (0,25), apresentaram valores de média à alta magnitude. Para sobrevivência, as herdabilidades apresentaram-se praticamente nulas devido à baixa variabilidade genética existente entre as progênies em função da alta taxa de sobrevivência das plantas (91,26%). Os coeficientes de variação genética individual (CV_{gi}%) variaram de 8,08% para SOB a 15,91% para ALTC. Os coeficientes de variação experimental (CV_e%) encontrados apresentaram valores que variam de 11,68% (FF) a 29,53% (ALTC), considerados baixo e médio para os respectivos caracteres. As acurácias foram expressivas em todos os caracteres, sobretudo para FF (63%) e ALTC (51%), apontando o grau de confiabilidade dos resultados obtidos na avaliação genética. As correlações fenotípicas e genéticas preditas foram de elevada magnitude para DAB e altura. As progênies 15, 126, 37, 43, 100 e 34, demonstraram maiores ganhos genéticos em toda população quando comparadas as 20 melhores de cada caráter, confirmando sua superioridade para todos os caracteres avaliados. As estimativas do tamanho efetivo populacional indicam que o teste de progênies apresenta um tamanho efetivo suficiente para a manutenção da variabilidade genética para a seqüência do programa de melhoramento genético. A seleção com o procedimento BLUP se mostrou superior quando comparado à seleção entre e dentro.

Palavras-chave: teste de progênies, correlação, variabilidade genética, SELEGEN REML/BLUP.

ABSTRACT

AZEVEDO, Luana Pâmella de Almeida. **Genetic variation and selection for growth traits in progenies of *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh.** 2013. Dissertation (MSc in Forestry and Environmental Sciences) - Federal University of Mato Grosso, Cuiabá - MT. Advisor: Dr. Reginaldo Brito da Costa

The present work this study aimed to estimate parameters, phenotypic and genetic correlations between growth traits, genetic gain and effective population size for growth traits and form in progeny trial of *Eucalyptus camaldulensis*. The progeny test was installed in a randomized block design with 132 progeny, five replications and three plants in single rows, spaced 3 mx 2 m in Santo Antonio do Leverger, MT. At three years of age, the progenies were evaluated for the following traits: a) total height (ALTT), commercial height (ALTC), diameter at base height (DBH), stem form (FF) and survival (SOB). Estimates of individual heritabilities were of low magnitude for the characters ALTT (0.10), DAP (0.16) and UNDER (0.07). However, the characters ALTC (0.18) and FF (0.25), gave values of medium to high magnitude. For survival, the heritabilities showed up practically nil due to low genetic variability among progenies due to the high survival rate of plants (91.26%). The coefficients of individual genetic variation (CVGI%), ranged from 8.08% to 15.91% for the SOB ALTC. The experimental coefficients of variation (CVe%) found, showed values ranging from 11.68% (FF) to 29.53% (ALTC), considered low and medium for their characters. The accuracies were significant for all the characters, especially for FF (63%) and ALTC (51%), indicating the reliability of the results obtained in genetic evaluation. The phenotypic and genetic correlations were predicted high magnitude for DAB and height. The matrices 15, 126, 37, 43, 100 and 34, showed greater genetic gain across the population compared the top 20 of each character, confirming its superiority to all traits. Estimates of effective population size indicate that the progeny test presents an effective size sufficient for the maintenance of genetic variability in the sequence of genetic improvement program. The selection with BLUP was superior when compared to selection among and within.

Key-words: progeny test, correlation, genetic variability, SELEGEN REML/BLUP.

1 INTRODUÇÃO

No Brasil, os plantios florestais sustentáveis são formados por espécies de *Eucalyptus* nas regiões Sudeste, Nordeste, Sul e Centro-Oeste devido sua adaptabilidade às diversas condições ambientais. De acordo com o Anuário Estatístico da Associação Brasileira de Produtores de Florestas Plantadas (ABRAF, 2011), é crescente o aumento do interesse por espécies de rápido crescimento como fonte de matéria prima nos últimos anos.

O aumento no plantio destas espécies provém das restrições impostas ao uso de madeiras originárias de florestas tropicais nativas, ligada à necessidade de fornecer matéria prima para o mercado (ASSIS T. F., 1999). Sendo assim, o gênero *Eucalyptus* torna-se representativo de espécie florestal exótica justificando sua extensa área plantada no país (PINTO JUNIOR, 2004).

O gênero se destaca economicamente devido suas características de crescimento rápido e produção de madeira, além dos seus múltiplos usos e finalidades com aproveitamento de quase toda a árvore. Para tanto, o avanço do desenvolvimento tecnológico torna-se necessário, principalmente quando o objetivo é a produtividade volumétrica (CAIXETA et al., 2003; BERTI, 2010). Em função dessa realidade, programas de melhoramento com eucaliptos ganharam destaque e vem sendo conduzidos no Brasil através da reintrodução de novos materiais genéticos provenientes de sementes das regiões de origem (KAGEYAMA e VENCOVSKY, 1983). É unânime entre os melhoristas que a qualidade da madeira, bem como outras características desejadas possam ser melhoradas, modificadas ou mesmo ter alguns fatores minimizados ou controlados através do melhoramento genético.

Verifica-se, com isso, que é grande a possibilidade de desenvolvimento do setor florestal através de programas específicos de melhoramento genético, solucionando ou mesmo minimizando problemas relacionados à produção de madeira para uso industrial (ALVES, 2009).

Conforme Eldridge et al. (1993), o Brasil possui um dos maiores e mais importantes bancos de germoplasma do gênero *Eucalyptus* no mundo e sua conservação é de fundamental importância para garantir o sucesso dos programas de melhoramento e conservação genética em longo prazo. Os estudos genéticos de populações base são fundamentais para responder a tais questionamentos.

Uma das ferramentas disponíveis ao melhorista florestal para traçar as estratégias de melhoramento florestal é a genética quantitativa. As análises estatísticas de caracteres quantitativos indicam o melhor e mais adequado método de seleção para se explorar a variabilidade genética existente em uma população base, além de conhecer sua estrutura genética (SILVA, 2010).

No presente trabalho objetivou-se estimar parâmetros, correlações fenotípicas e genéticas entre caracteres de crescimento, ganhos genéticos com seleção e tamanho efetivo populacional para caracteres de crescimento e forma, em um teste de progênies de *Eucalyptus camaldulensis* Denhn.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 *Eucalyptus camaldulensis* DEHNH

2.1.1 Características da Espécie

O gênero pertence à divisão Angiospermae, Classe Dicotyledonea, Família Myrtaceae, Sub-família Leptospermoidae, e Gênero *Eucalyptus*. (BERTOLUCCI et al., 1995). Sua reprodução ocorre através da fecundação cruzada, flores hermafroditas e protândricas e a da polinização efetuada principalmente por insetos, das Ordens Hymenoptera, Diptera, Lepidoptera, Coleoptera e Hemiptera (FONSECA et al., 2010). Na Austrália, sua área de ocorrência natural, pequenos marsupiais e alguns pássaros também figuram como polinizadores importantes. As espécies são preferencialmente alógamas (PRYOR 1975). Suas sementes podem apresentar uma germinação maior que 90% sem tratamento pré-germinativo, entre 5 a 16 dias e em viveiros é obtido cerca de 60.000 plântulas providas de 1kg de sementes (NIETO e RODRIGUEZ, 2003).

A árvore caracteriza-se pelo crescimento rápido atingindo, em sua idade adulta, de 25 a 30m de altura e 1m de diâmetro à altura do peito (DAP), copa densa, folhas lanceoladas e alternadas medindo de 15 a 22 cm de comprimento e sistema radicular vigoroso com presença de lignotubérculos que explica a resistência ao frio e seca prolongada (NIETO e RODRIGUEZ, 2003).

A madeira de *Eucalyptus camaldulensis* é dura, com densidade básica de 0,68 g/cm³ quando comparada às das espécies de *Eucalyptus grandis* e *Eucalyptus globulus* (STURION et al., 1987; MARTINS, 2002; NIETO e RODRIGUEZ, 2003). Possui ampla utilização em construções pesadas e de interiores, rolos de madeira, papel e celulose, marcenaria, carpintaria, postes, lenha, carvão e dormentes, além de fornecer material para serraria, dormentes, mourões e carvão (EVANGELISTA, 2007; MORAES, 2010). Esta espécie é também muito utilizada como quebra ventos e sombreamento do gado em sistemas agroflorestais e em

programas de recuperação de áreas degradadas, por apresentar crescimento satisfatório nestes solos com características muito discrepantes do original (VALLE, 1991; RESENDE, 1999a; ALVES et al., 2003).

A espécie *E. camaldulensis* apresenta um bom desenvolvimento em solos pobres, tolerância a extensos períodos de seca ou chuvas prolongadas e alguma resistência à geada, condições muitas vezes, limitantes ao desenvolvimento de outras espécies (MARTINS et al., 2002; LOPES, 2005; MORAES, 2007), é resistente a condições de solos com salitre, parcialmente e levemente compactados por pastejo excessivo, porém pode ter seu crescimento comprometido (NIETO e RODRIGUEZ, 2003).

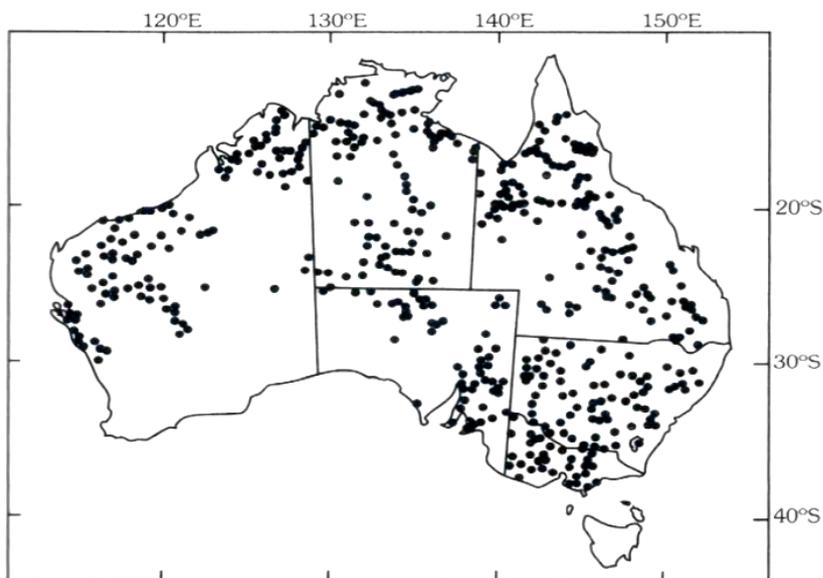
Ocorre naturalmente na Austrália, desde as formações vegetais tropicais secas até florestas úmidas, devido sua flexibilidade a temperaturas extremas suportando estações secas de 4 a 8 meses e altitudes em nível do mar a 1000m (SILVA, 2010).

Esta espécie de eucalipto é suscetível ao ataque do percevejo bronzeado (*Thaumastocoris peregrinus*) que causa danos através de perfurações, secamento e queda das folhas, deixando a árvore com um aspecto ressecado (WILCKEN, 2010). Por outro lado a espécie é resistente à doenças causadas por patógenos como a ferrugem do eucalipto (*Puccinia psidii*), a murcha de *Ceratocystis* (*Ceratocystis fimbriata*), o cancro-do-eucalipto (*Chrysosporthe cubensis*), a mancha foliar e desfolha (*Cylindrocladium pteridis*) e a mancha bacteriana (*Xanthomonas axonopodis*) (FONSECA et al., 2010).

2.1.2 Distribuição Geográfica

O gênero *Eucalyptus* é natural da Austrália, e grande parte das espécies é considerada endêmica do continente australiano, ocorrendo em Timor e ilhas adjacentes como Flores, Alor, Solor e Wetar, sendo considerada exótica em outras partes do mundo (NIETO e RODRIGUEZ, 2003).

E. camaldulensis apresenta uma vasta distribuição geográfica, sendo encontrado em boa parte dos estados australianos (Figura 2), exceto na Tasmânia (ALVES, 2009; FONSECA, 2010), próximos aos cursos d'água, em encostas e colinas, independente das condições de precipitação (BARROS e BARROS, 1990).



Fonte: BOLAND et al., 2006.

FIGURA 1 - DISTRIBUIÇÃO NATURAL DE *Eucalyptus camaldulensis* NO CONTINENTE AUSTRALIANO.

No Brasil foi introduzido em 1904, no início do século XIX pelo Engenheiro Agrônomo Edmundo Navarro de Andrade com reflorestamentos para produção de lenha e dormentes para a Companhia Paulista de Estradas de Ferro, onde era funcionário, objetivando atender a demanda de madeira para a construção de ferrovias (CARVALHO e GERARDI, 2006).

As plantações de *E. camaldulensis*, no Brasil, estão espalhadas em todo seu território, principalmente nos estados de Minas Gerais, São Paulo, Paraná, Santa Catarina, Bahia e Espírito Santo (SANTOS et al., 2008). De acordo com dados contidos do anuário estatístico da ABRAF (2011), a área plantada com *Eucalyptus* spp. está em expansão sendo considerada o gênero mais plantado no território brasileiro com uma área de ocupação superior a 4,75 milhões de hectares.

Sua ocorrência e ampla distribuição deve-se a sua grande plasticidade e adaptabilidade às condições ambientais brasileiras (SILVA, 2010). Pode-se destacar a adaptação às condições ecológicas e solos diversificados, também ao grande número de procedências existentes, rápido crescimento que proporcionam benefícios em curto prazo.

O gênero *Eucalyptus* encontrou no Brasil condições favoráveis de crescimento e desenvolvimento com uma produtividade superior quando comparados a países como a Finlândia, Portugal e Estados Unidos (CARRIJO et al., 2008).

2.1.3 Utilização

Conforme Evangelista (2007), devido a grande quantidade de espécies, tem sido utilizada de diversas formas no setor industrial e madeireiro.

Neste contexto, esta espécie tem contribuído decisivamente no aprimoramento de novos métodos nas áreas da silvicultura e principalmente no melhoramento genético, que alcançaram um alto nível tecnológico, propiciando ganhos de grande magnitude em características específicas, como na produtividade volumétrica (CAIXETA et al., 2003).

A multiplicidade de uso da madeira de *E. camaldulensis* deve-se a utilização do lenho na construção civil e industrial de compensado e papel, bem como, aplicação difundida como postes, estacas, lenha e carvão, exploração da casca para tanino e de suas folhas para óleos essenciais (SILVA, 2002; SCHUMACHER et al., 2005; SILVA e XAVIER, 2006). Além desses fatores, há uma grande capacidade de produção em volume de madeira por unidade de área, dentro de um ciclo relativamente curto, por isso, grandes empreendimentos consumidores de madeira, para energia e celulose, têm optado por plantar diferentes espécies de *Eucalyptus* (MORAES, 2007).

O Brasil tem o setor florestal mundial, como o terceiro maior exportador de madeira serrada e compensado, oriundos de espécies florestais tropicais (PAVAN, 2009). Paralelamente ocorre o desenvolvimento de novas tecnologias complementares aos usos da madeira para fins energéticos (lenha e carvão) como a produção de bio-

óleo, celulignina catalítica, gases de síntese (singás) e álcool a partir de celulose (PALUDZYSZYN FILHO e SANTOS, 2011).

Nota-se um elevado interesse sobre o melhoramento do *E. camaldulensis* por empresas privadas associadas às indústrias de papel e celulose, de móveis, siderúrgicas entre outras, assim como Universidades e Instituições Públicas e Privadas do Brasil, que estão trabalhando no melhoramento genético desta espécie (RESENDE, 1999a). Isso faz com que o Brasil enfatize a preservação das florestas naturais e incentive a implantação de florestas renováveis (EVANGELISTA, 2007).

2.2 MELHORAMENTO DE ESPÉCIES FLORESTAIS

O avanço do melhoramento florestal no Brasil deu-se a partir de 1967 com a criação dos incentivos fiscais ao reflorestamento tornando-os mais atrativos (FERREIRA, 1992). A escassez de madeiras de florestas nativas em decorrência do extrativismo e da substituição de uso do solo para a agropecuária, também foi um marco do melhoramento genético voltado para espécies exóticas principalmente dos gêneros *Pinus* e *Eucalyptus* a fim de atender a demanda de madeira pós-devastação (FERREIRA e SANTOS, 1997).

Atualmente, o Brasil encontra-se entre os líderes em melhoramento genético florestal, sendo referência mundial e responsável por grande parte dos reflorestamentos no país. O melhoramento genético consiste basicamente em uma forma de aumentar a qualidade das espécies cultivadas, resultando em um aumento da produtividade e qualidade deste material a cada ciclo de seleção mantendo as características da população original (ODA et al., 1989).

Alguns autores citam características alcançadas pelo melhoramento florestal como o incremento relacionado ao crescimento, produtividade, alterações em propriedades físicas e químicas da madeira, resistência a doenças, tolerância a estresses como geadas, secas e salinidade. Estudos envolvendo estas características são fundamentais para se conhecer a estrutura genética da população além de indicar o

método de seleção (MORAES et al., 1997; GRATTAPAGLIA, 2008), entre outros). Portanto, estudos envolvendo estas características são importantes para o conhecimento da estrutura genética de uma população, bem como, indicar o método de seleção mais apropriado a fim de explorar a variabilidade genética existente.

O êxito no melhoramento genético se deve a capacidade de escolher corretamente os indivíduos superiores, os quais serão genitores das próximas gerações (CRUZ e CARNEIRO, 2003), tornando necessário identificar os indivíduos que possuam genes desejáveis e avaliar geneticamente estes candidatos à seleção.

2.3 SELEÇÃO

O termo é definido por Resende (2002a) como seleção natural ou sob influência humana com base em critérios estabelecidos pelo melhorista. Para a seleção de árvores em um programa de melhoramento genético, podem ser usadas características de crescimento e forma, de adaptação e de qualidade da madeira (MORAES et al., 1997). Estas características são de fundamental importância para o conhecimento da estrutura genética da população estudada de forma a facilitar a escolha do método de seleção mais adequado com a finalidade de explorar a variabilidade existente.

A seleção é dificultada pela complexidade da base genética do material experimental, bem como a influência ambiental proveniente da interação. Portanto, os programas de melhoramento precisam escolher os genitores para composição da população, selecionar os indivíduos superiores, avaliar estes indivíduos com o objetivo de selecionar os genótipos que apresentarem alta produtividade e que serão recomendados comercialmente (CARRIJO et al., 2008). É necessário estabelecer uma rede experimental amostrando toda a diversidade ambiental associada aos locais de plantio (DUDA, 2003).

Segundo Resende (1999), a seleção baseia-se em indivíduos com média da população elevada e ampla variabilidade genética que

resultarão em ganhos genéticos no decorrer das gerações. Consiste em uma ferramenta essencial e estratégica de melhoramento utilizando-se da variabilidade existente em uma população e entre indivíduos (FERREIRA, 1992; GOLLE et al., 2009).

Os ganhos com seleção provêm da variação genética herdável existente nas populações, bem como, do controle genético dos caracteres que se deseja melhorar além da acurácia seletiva. Portanto, é de fundamental importância estimar parâmetros genéticos a fim de prever os ganhos com a seleção (BERTI, 2010).

2.4 VARIABILIDADE GENÉTICA

A variação genética, presente em uma população, é essencial para a sobrevivência e adaptação a possíveis mudanças do ambiente. A variabilidade genética em uma população é considerada ferramenta básica para o melhorista, pois, promove o conhecimento de sua distribuição entre e dentro de famílias de meios-irmãos, além das interferências ambientais ou da espécie que interferem nesta distribuição (SEBBENN et al., 1999). Diversos trabalhos abordam a perda gradativa da variabilidade genética através de ações humanas e do crescimento e desenvolvimento tecnológico, juntamente com exploração agropecuária e devastação das florestas. Vencovsky (1987) afirmou que é essencial a preservação da variabilidade através de sementes nativas e exóticas, bem como a preservação de germoplasmas com a finalidade de se tornarem fonte de estudos sobre melhoramento genético e conservação genética.

As populações com alta taxa de variabilidade demonstram menor vulnerabilidade a condições ambientais adversas devido ao seu potencial adaptativo (MARTINS-CORDER et al., 1996). Os estudos da variação genética entre populações naturais são fundamentais para o conhecimento da estrutura das populações e podem ser realizados eficientemente a partir do uso de testes de procedências e progênies. (RESENDE, 1999b).

Portanto, o programa de melhoramento genético tem como objetivo a manutenção da variabilidade genética, sendo o requisito fundamental para obtenção de ganhos genéticos a longo prazo (MORI, 1993).

2.5 TESTE DE PROGÊNIES

Os testes de progênies ganham destaque nos programas de melhoramento genético, pois permitem quantificar a herança de caracteres quantitativos de valor econômico e estimam ganhos genéticos almejados pela seleção. São usados na estimação de parâmetros genéticos e seleção de indivíduos com vista a predizer os melhores genótipos (KRAS et al., 2007; COSTA et al., 2009), pois permitem a manutenção de amostras representativas da população experimental, sendo disponibilizadas ao melhoramento genético. Os testes de progênies consistem em uma alternativa de conservação genética de populações bem como, possibilitam estimar a estrutura genética e selecionar indivíduos superiores como fonte de produção de sementes melhoradas a partir do valor genotípico selecionado (SHIMIZU et al., 1982).

Os testes de progênies de polinização aberta são os mais utilizados em espécies florestais devido à facilidade de instalação ao contrário dos testes que utilizam polinização controlada (CANUTO, 2009). Grande parte dos testes de progênies é instalado em delineamentos de blocos ao acaso com progênies de meio-irmãos, uma vez que este tipo de experimentação apresenta aspectos práticos de instalação e manutenção (KAGEYAMA, 1980).

Estes testes permitem determinar a proporção da variação genética adaptativa através de análises de caracteres quantitativos que podem responder a alterações ambientais ou mesmo ser explorada em programas de melhoramento genético (FREITAS, 2007). A variação genética deve ser monitorada nestes testes através de avaliações de caracteres silviculturais, tais como crescimento e forma do fuste por que possibilitam inferências sobre a eficiência da amostragem e sobre o

controle genético dos caracteres estudados (FREITAS, 2008). Neste sentido, também se podem avaliar caracteres não madeiráveis, aproveitando-se características importantes para diversas áreas, tais como fármacos, cosméticos, óleos essenciais, entre outros, com alta demanda de mercado.

As estimativas destes parâmetros a partir dos testes de progênes fornecem subsídios quanto à identificação de estratégias de melhoramento mais adequadas por originarem informações sobre o potencial genético individual, de famílias, coeficientes de variação genética, acurácia, entre outros, a serem selecionados (RESENDE, 1991, FERNANDES et al., 2004). Este entendimento é indispensável quando se quer definir estratégias de melhoramento a ser aplicado de forma preservar a variabilidade genética das populações (DIAS e KAGEYAMA, 1991; SEBBENN et al., 1999).

2.6 PARÂMETROS GENÉTICOS

A estimativa de parâmetros genéticos permite obter informações sobre a natureza da ação gênica na herança dos caracteres fornecendo base para avaliação requerida pelo melhoramento (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992; DUDA, 2003), além de fornecer informações essenciais à seleção e definição do programa de melhoramento de uma população (PINTO JUNIOR, 2004). Estas estimativas são necessárias quando se deseja prever ganhos, avaliar a viabilidade do programa de melhoramento, bem como auxiliar de forma efetiva o progresso genético.

Quando se trata de plantas perenes, estas estimativas são ainda mais importantes que em plantas anuais, pois a decisão dos melhoristas deve ser a mais precisa possível considerando o longo ciclo dessas espécies (CANUTO, 2009). Dentre os parâmetros mais importantes se destacam os coeficientes de variação genética e herdabilidades, as correlações genéticas e fenotípicas entre caracteres e a acurácia seletiva (DUDA, 2003; CRUZ, 2005).

2.6.1 Variâncias

De acordo com Resende (2002a), estimativas precisas de parâmetros genéticos são imprescindíveis aos procedimentos de melhoramento. Para a estimativa dos componentes da variância genética, é primordial que os indivíduos e seus parentes sejam originados a partir de parentais amostrados em uma população (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992). Portanto, deve-se conhecer o grau de parentesco entre as progênes avaliadas.

A variância genética aditiva ganha destaque entre estes parâmetros de forma que esta origina a semelhança entre parentes, portanto, se torna o principal indicador das propriedades genéticas analisadas em uma população e a variância genética aditiva em quantidade suficiente promove o melhoramento efetivo pela seleção em uma população (FALCONER, 1981;1987). O efeito aditivo dos genes controla a maioria dos caracteres dos indivíduos e essa informação torna possível a seleção por caracteres de importância garantindo acréscimo da produtividade (SHIMIZU et al., 1982).

A variância fenotípica é composta de valores não genéticos, ou seja, observáveis em indivíduos de uma população. Esta pode ser decomposta em três componentes sendo eles, a variação causada pelo ambiente, a variação relacionadas às diferenças na hereditariedade e aos efeitos conjugados do meio (VENCOVSKY e BARRIGA 1992).

Conforme Vencovsky (1987), na variação de um caráter podem ser considerados componentes como a variação entre plantas dentro das parcelas; diferenças ambientais entre parcelas e variação devido às diferenças genéticas entre progênes. O estudo dessas variações possibilita ao melhorista conhecer a estrutura do material que será testado, bem como suas contribuições genéticas para cada caráter avaliado por certo método de melhoramento (FALCONER, 1981).

2.6.2 Herdabilidade

A estimação da herdabilidade é relevante para a predição dos ganhos genéticos, demonstrando o potencial esperado pelo programa de melhoramento genético (KAGEYAMA, 1980), pois embasa a escolha das características que se destacam de forma promover a seleção dos melhores indivíduos.

A herdabilidade consiste na proporcionalidade da variação total devido à natureza genética e pode ser estimada pelo quociente entre a variação genética e a variância total, fornecendo uma estimativa do quanto de variação fenotípica está sob controle genético, podendo ser obtida no sentido amplo e restrito. (FALCONER, 1987; PINTO JUNIOR, 2004; BORÉM e MIRANDA, 2005)

A herdabilidades no sentido amplo consiste na razão da variância genotípica pela variância fenotípica e no sentido restrito, a herdabilidade pode ser definida como a razão da variância aditiva pela variância fenotípica (BORÉM e MIRANDA, 2005). Os mesmos autores enfatizam que a herdabilidade no sentido restrito é mais útil, uma vez que quantifica a importância relativa da proporção aditiva da variância genética que pode ser transmitida para a próxima geração.

A herdabilidade não pertence a somente um caráter, mas sim da população e do efeito ambiental aos quais os indivíduos são submetidos. Portanto, o valor da herdabilidade poderá sofrer alterações em qualquer um dos componentes da variância fenotípica (FALCONER, 1987).

2.6.3 Tamanho efetivo populacional – N_e

Diversos autores apontam as possíveis causas da perda gradual da variabilidade genética, porém são unânimes em considerar a própria atividade humana, o fator principal, juntamente com a atividade humana são os principais responsáveis por este fenômeno (VENKOVSKY, 1987). Ainda segundo o autor, a erosão genética, bem como as formas de combater seus efeitos, pode ser visto sob a ótica do tamanho efetivo populacional.

O tamanho efetivo populacional não se refere ao número de indivíduos em uma população e sim de sua dimensão quanto sua parte reprodutiva (PINTO JUNIOR, 2004).

Conforme Resende e Barbosa (2005), principalmente em espécies perenes, que em geral apresentam ciclos reprodutivos longos, a utilização de alta intensidade de seleção é uma necessidade, visando a obtenção de altos progressos genéticos imediatos. A plena exploração do potencial de melhoramento de uma população depende da manutenção de adequado N_e ao final de cada ciclo seletivo, como forma de evitar a perda de alelos favoráveis ao longo dos ciclos de melhoramento (FONSECA et al., 2010).

2.6.4 Acurácia Seletiva

Em experimentos florestais, as estratégias eficientes de melhoramento são essenciais, bem como um alto grau de precisão experimental, conseqüentemente, uma alta acurácia sobre os valores genotípicos dos tratamentos em avaliação (RESENDE e DUARTE, 2007). Neste contexto, a acurácia seletiva é um dos parâmetros mais relevantes em uma avaliação experimental, pois, informa sobre a forma correta de ordenar as cultivares para fins de seleção.

A escolha dos métodos de seleção acurados depende de fatores como a herdabilidade do caráter, número de indivíduos e famílias avaliados no experimento, influência ambiental na área, dentre outros (RESENDE et al., 1995). Por isso, é imprescindível o uso de um software que compare todos os métodos em termos de acurácia e ganhos genéticos com seleção através de avaliações de parâmetros genéticos.

Estas avaliações tem auxílio de técnicas que envolvem a predição de valores genéticos bem como, a estimação de componentes de variância através de modelos estatísticos pelo procedimento REML/BLUP (RESENDE, 2002a).

2.7 SOFTWARE SELEGEN REML/BLUP

Os programas de melhoramento genético visam maximizar o ganho genético para características de valor econômico, com o uso de modelos estatísticos específicos, considerando o delineamento utilizado, buscando alta precisão experimental e acurácia seletiva elevada (MARTINEZ, 2011).

A seleção de genótipos superiores por melhoramento genético é uma ferramenta fundamental para gerar florestas mais produtivas e adaptadas a diferentes regiões. A identificação de genótipos superiores requer métodos de seleção capazes de explorar eficientemente o material genético em relação às características de interesse (ODA et al., 2007).

Uma metodologia que vem ganhando destaque no melhoramento de espécies florestais consiste no uso de modelos mistos do tipo REML (máxima verossimilhança restrita) BLUP (melhor predição linear não viciada) na predição de valores genéticos em indivíduos com potencialidade para seleção (RESENDE, 2000a).

Em experimentos mais complexos, o REML (máxima verossimilhança restrita) tem substituído o método Anova, pois este é apenas um procedimento aproximado. O REML é um método eficiente no estudo das diversas fontes de variação agregadas a avaliação fenotípica em seus vários componentes genéticos, ambientais e de interação genótipo x ambiente (RESENDE, 2007).

O procedimento BLUP (melhor predição linear não viciada), visa maximizar a acurácia seletiva, portanto, é considerado superior a qualquer outro índice de seleção combinada, exceto aquele que usa todos os efeitos aleatórios do modelo estatístico (RESENDE e HIGA, 1994). Este método permite também, o uso de forma simultânea de diversas fontes de informações, como as ocorridas em vários experimentos em um ou em vários lugares e em uma ou várias colheitas (STURION, 2010), consistindo em uma estratégia eficiente como método acurado de seleção, sendo muito importante como um software que compare diferentes métodos de seleção em termos de acurácia, ganho genético,

tamanho efetivo populacional e variâncias (RESENDE e OLIVEIRA, 1997).

O software SELEGEN/REML BLUP (Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos) surgiu em associação com o aperfeiçoamento das metodologias de seleção genética e foi desenvolvido para servir de base ao melhoramento genético de plantas. Tem potencialidades amplas, permitindo trabalhar com diversos métodos de seleção, além de delineamentos estatísticos para a obtenção de máximos progressos genéticos e manutenção da variabilidade genética suficiente para o melhoramento em longo prazo (RESENDE, 2002a; MORAES et al., 2008).

Este software possibilita comparações de indivíduos no decorrer do tempo e em locais diversos apresentando correção para os efeitos ambientais, trabalha com dados complexos (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos), modelos que se ajustam ao tipo de experimento e culturas ajustando-se aos dados e facilitando na seleção dos indivíduos mais importantes (RESENDE, 2002a). Este procedimento permite lidar com o desbalanceamento de forma a conduzir as estimações e predições genéticas de forma mais precisa (RESENDE, 2007), subsidiando assim, a tomada de decisões quanto à seleção, além de possibilitar o planejamento dos cruzamentos e da população experimental do ciclo seguinte de seleção.

Vários autores afirmam que a metodologia REML/BLUP tem maximizado os ganhos genéticos com a seleção por se tratar de um procedimento estimativo especialmente para dados desbalanceados, predizendo valores genéticos dos indivíduos em testes de progênie (RESENDE, 2002b, COSTA et al., 2002; COSTA et al., 2005; MISSIO et al., 2005, entre outros).

2.8 CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES

Na correlação entre caracteres busca-se melhorar o material genético com base no conhecimento provindo da associação entre estes

(VENCOVSKY, 1987) e consiste em uma medida do grau de associação entre duas variáveis, a tendência de duas características diferentes do mesmo indivíduo variar na mesma direção, expressando, neste caso, uma correlação positiva, neste caso (BUENO et al., 2001). Podem ser estimadas fenotípica ou geneticamente.

As correlações fenotípicas consistem na associação entre dois caracteres diretamente observados e fornecem estimativas da influência em conjunto de causas genéticas e ambientais na expressão de uma característica (FALCONER, 1987; FERREIRA et al., 2003), enquanto a correlação genética, que corresponde à porção genética da correlação fenotípica e é responsável pela fração herdável dos genitores para a progênie, advém dos efeitos pleiotrópicos onde alguns genes apresentam um efeito sobre um ou mais caracteres (FALCONER, 1996; COIMBRA et al., 2000).

Estimativas de correlações fenotípicas e genéticas entre caracteres envolvendo espécies florestais podem ser encontrados em vários trabalhos (MISSIO et al., 2004; STURION e RESENDE, 2005; COSTA et al., 2008; SANTOS et al., 2009)

Entretanto, para um mesmo caráter, pode se encontrar estimativas de valores positivos ou negativos. Esta argumentação é justificada pelo fato de que estas correlações tenham sido estimadas em diferentes genótipo e ambientes (SANTOS e VENCOVSKY, 1986)

O parâmetro torna-se importante nos programas de melhoramento, pois comprova que via seleção, uma alteração significativa em um caráter promove alterações em outros caracteres correlacionados a ele (RESENDE, 2002a). Isto facilita, muitas vezes, na seleção quando o caráter desejado é de difícil ou imprecisa mensuração, podendo-se utilizar o caráter correlacionado com maior facilidade de obtenção, além de apresentar maior herdabilidade que o caráter de interesse direto (CRUZ E REGAZZI, 1997; FALCONER, 1981).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 CARACTERIZAÇÃO DO EXPERIMENTO

Sementes de *E. camaldulensis* foram coletadas de 132 árvores matrizes de polinização aberta originária da região de Katherine River, no Estado de Queensland, Austrália, obtidas em parceria com a Embrapa Florestas e utilizadas na produção de mudas, no campus da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira/UNESP.

As mudas foram levadas para o campo experimental do IFMT (Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Mato Grosso – Campus São Vicente), no município de Santo Antônio do Leverger, Estado de Mato Grosso.

“A área está localizada na latitude 15°49'21”S e longitude 55°25'06” W, com altitude de 750 m (Figura 2).

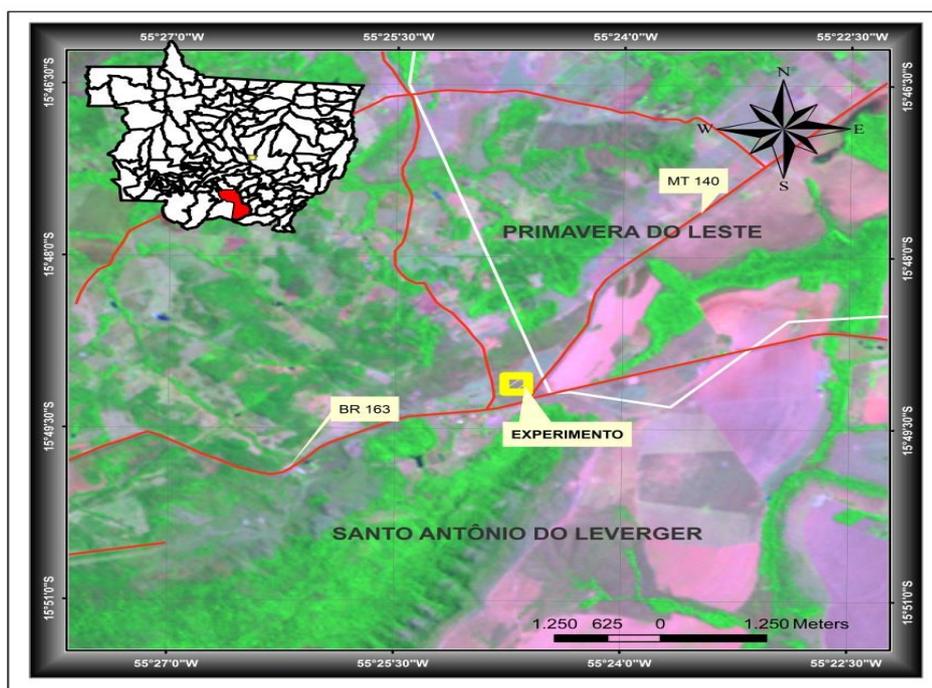


FIGURA 2 - LOCALIZAÇÃO GEOGRÁFICA DO EXPERIMENTO NO MUNICÍPIO DE SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER - MT, 2011

3.2 DELINEAMENTO ESTATÍSTICO E COLETA DE DADOS

O teste de progênie foi instalado sob delineamento de blocos ao acaso com 132 tratamentos (progênies), cinco repetições e três plantas por parcela em linhas simples, totalizando 660 parcelas e 1980 indivíduos, com espaçamento de 3m x 2m.

As progênies foram avaliadas aos três anos de idade, quanto aos caracteres quantitativos:

- Altura total das plantas (ALTT, m);
- Altura comercial das plantas (ALTC, m);
- Diâmetro a altura do peito (DAP, cm);
- Forma do fuste (FF) e;
- Sobrevivência (SOB, %), (adotando “1” para plantas vivas e “0” para plantas mortas).

As medições da Altura total (ALTT) e comercial (ALTC) foram realizadas com o uso do hipsômetro Blume-Leiss, que consiste em um aparelho graduado para medição da altura de árvores, baseando-se no princípio trigonométrico (FIGURA 3, A e D).

A circunferência à altura do peito (CAP) foi medida a 1,30m a partir do nível do solo, com o auxílio de uma fita graduada (FIGURA 3 B). Após a medição, os valores foram transformados para diâmetro à altura do peito (DAP), através da fórmula:

$$DAP_{(cm)} = \frac{CAP_{(cm)}}{\pi}; \quad \text{em que: } \pi = 3,141592.$$



FIGURA 3 - AVALIAÇÃO QUANTITATIVA DOS CARACTERES: A) ALTURA TOTAL (ALTT, m); B) DIÂMETRO A ALTURA DO PEITO (DAP, cm); C) AVALIAÇÃO DA FORMA DO FUSTE (FF); D) ALTURA COMERCIAL (ALTC, m). SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT, 2011

A forma do fuste (FF) foi avaliada mediante observação visual (Figura 3C), obtida a partir de notas de 1 a 5 seguindo o critério estipulado por Kageyama et al. (1979) (Tabela 1).

TABELA 1 - DESCRIÇÃO DA CLASSE DE FORMA DE FUSTE DAS ÁRVORES DO EXPERIMENTO NO MUNICÍPIO DE SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT

Notas	Classe da forma de fuste
1	Tronco com defeito muito grave
2	Tronco com defeito grave
3	Tronco com defeito bastante visível
4	Tronco com defeito pouco visível
5	Tronco sem defeito

Fonte: Adaptado de Kageyama (1979)

A representação visual da classificação das classes quanto a sua tortuosidade é evidenciada na FIGURA 4.

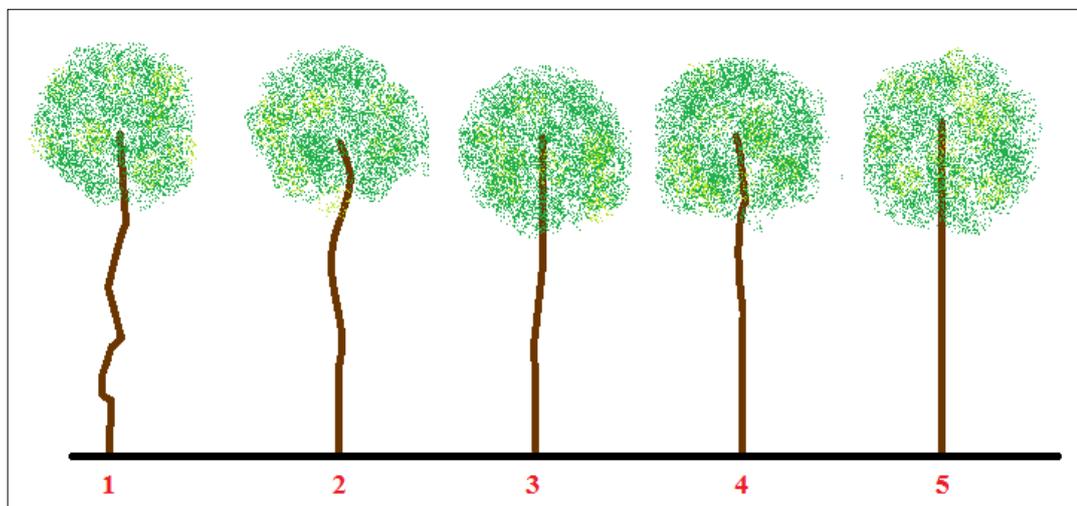


FIGURA 4 - REPRESENTAÇÃO ESQUEMÁTICA DA ESCALA DE NOTAS PARA RETIDÃO DE TRONCO DAS PROGÊNIES DO EXPERIMENTO NO MUNICÍPIO DE SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER - MT.

3.3 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

As variáveis quantitativas foram analisadas pela metodologia do modelo linear misto REML/BLUP, proposto por Resende (2002a), consistindo no Modelo 1 aplicado aos testes de progênies de meios-irmãos, delineamento blocos ao acaso, várias plantas por parcela, um só local e uma única população.

$$y = Xb + Za + e$$

Em que: y = vetores de dados; b = vetores dos efeitos de blocos (fixos); a = vetores dos efeitos genéticos aditivos (aleatórios); e = vetores dos efeitos de erros aleatórios; X e Z = matrizes de incidência para b e a , respectivamente.

Resende (1995) classificou os valores das herdabilidades individuais de 0,01 a 0,15 como baixas; de 0,15 a 0,50 medianas; e acima de 0,50 altas. Já as distribuições e estruturas de médias e variâncias foram obtidas conforme Resende (2002b).

$$\hat{h}_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2} = \text{herdabilidade individual no sentido restrito no bloco};$$

$$\hat{h}_{mp}^2 = \frac{0,25\hat{\sigma}_a^2}{0,25\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2 / b + \hat{\sigma}_e^2 / (nb)} = \text{herdabilidade média de progênies no}$$

sentido restrito no bloco;

$$\hat{c}^2 = \hat{\sigma}_c^2 / (\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2) = \text{correlação devida ao ambiente comum da}$$

parcela;

$$\hat{\sigma}_a^2 = \text{variância genética aditiva};$$

$$\hat{\sigma}_c^2 = \text{variância entre parcelas};$$

$$\hat{\sigma}_e^2 = \text{variância residual dentro da parcela (ambiental + não aditiva)};$$

$$CV_{gi} (\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_a^2}}{\bar{X}} \cdot 100 = \text{coeficiente de variação genética individual};$$

$$CV_e (\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{\bar{X}} \cdot 100 = \text{coeficiente de variação experimental};$$

Acurácia seletiva (\hat{r}_{gs}) = obtida através da raiz quadrada da herdabilidade média de progênie.

3.4 TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL (N_e)

$$N_e = \frac{4N_f \bar{k}_f}{\bar{k}_f + 3 + (\sigma_{k_f}^2 / k_f^2)}$$

Onde:

N = número de famílias amostradas;

\bar{K}_f = número médio de indivíduos selecionados por família;

$\sigma_{K_f}^2$ = variância do número de indivíduos selecionados por família

3.5 CORRELAÇÕES GENÉTICAS E FENOTÍPICAS

Os valores de correlação foram interpretados de acordo com a Tabela 2, proposta por Santos (2007).

TABELA 2 - CLASSIFICAÇÃO QUANTO A CORRELAÇÃO EM RELAÇÃO AOS VALORES

Coefficiente de correlação	Correlação
$r=1$	Perfeita positiva
$0,8 \leq r < 1$	Forte positiva
$0,5 \leq r < 0,8$	Moderada positiva
$0,1 \leq r < 0,5$	Fraca positiva
$0 < r < 0,1$	Íntima positiva
0	Nula
$-0,1 < r < 0$	Íntima negativa
$-0,5 < r \leq -0,1$	Fraca negativa
$-0,8 < r \leq -0,5$	Moderada negativa
$-0,1 < r \leq -0,8$	Forte negativa
$r = -1$	Perfeita negativa

Adaptado de Santos (2007)

As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pelo método da máxima verossimilhança restrita e melhor predição linear não viciada (REML/BLUP), a partir de dados desbalanceados, empregando-se o software genético-estatístico SELEGEN REML/BLUP, desenvolvido por Resende (2002b).

Estes componentes foram utilizados para estimar parâmetros genéticos, como coeficiente de variação genética, herdabilidades, ganhos com a seleção, bem como, o erro associado aos coeficientes de herdabilidade.

As estimativas dos ganhos com a seleção entre e dentro das progênes foram obtidas de acordo com o proposto por Cruz et al. (2004).

Seleção entre:

$$GS_e(\%) = \frac{100GS_e}{\bar{X}_0} \text{ sendo } GS_e = h_{mp}^2 \cdot DS$$

Seleção dentro:

$$GS_d(\%) = \frac{100GS_d}{\bar{X}_0} \text{ sendo } GS_d = h_{ad}^2 \cdot DS$$

Seleção entre e dentro:

$$GS_{ed} = GS_e + GS_d$$

Em que:

X_0 = média da população original;

h_{mp}^2 : herdabilidade da média de progênie;

h_{ad}^2 : herdabilidade aditiva dentro de progênie;

DS: diferencial de seleção;

GS_e : ganho de seleção entre progênie;

GS_d : ganho de seleção dentro de progênie e;

GS_{ed} : ganho de seleção entre e dentro de progênie.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 PARÂMETROS GENÉTICOS

As estimativas das herdabilidades individuais no sentido restrito (\hat{h}_a^2) (Tabela 3) foram de baixa magnitude para os caracteres ALTT (0,10) e SOB (0,07) e de média magnitude para DAP (0,15).

TABELA 3 - ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA OS CARACTERES DE CRESCIMENTO EM PROGÊNIES DE *Eucalyptus camaldulensis* AOS TRÊS ANOS DE IDADE, NO MUNICÍPIO DE SANTO ANTÔNIO DO LEVERGER – MT, 2011

Estimativas	Parâmetros				
	ALTT (m)	ALTC (m)	DAP (cm)	FF	SOB (%)
\hat{h}_a^2	0,10 ± 0,04	0,18 ± 0,06	0,15 ± 0,05	0,25 ± 0,07	0,07 ± 0,03
\hat{h}_{mp}^2	0,1640	0,2662	0,2582	0,4033	0,1875
<i>Acprog</i>	0,4050	0,5159	0,5081	0,6351	0,4330
CV _{gi} %	8,1503	15,9140	14,9150	8,5904	8,0883
CV _e %	20,5665	29,5380	28,2623	11,6805	18,8240
Média geral	6,2444	4,0891	6,5983	4,4517	0,9126

\hat{h}_a^2 : herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos; \hat{h}_{mp}^2 : herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa; *Acprog*: acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa, CV_{gi} %: coeficiente de variação genética aditiva individual, CV_e %: coeficiente de variação ambiental. ALTT: Altura total, ALTC: Altura comercial, FF: Forma do Fuste, SOB: Sobrevivência.

Esses valores são muito próximos aos observados por Rocha et al. (2006); Farias Neto et al. (2007); Guerra et al. (2009) e Sampaio et al. (2000) para as espécies *E. grandis*, *Hevea brasiliensis*, *Myracrodruon urundeuva* e *Pinus caribaea* var. *hondurensis*, respectivamente.

Os caracteres ALTC (0,18) e FF (0,25), apresentaram valores de magnitude medianos, bem como encontrado nos trabalhos de Garcia e Nogueira (2005) e Sampaio et al (2002). Conforme Martins et al (2003), valores da herdabilidade individual para essas características em

Eucalyptus, próximo a 0,30 podem ser considerados satisfatórios. Porém, considerando que as herdabilidades médias de progênies apresentaram valores mais expressivos, que variam de moderados, 0,16 (ALTT) a altos, 0,40 (FF), estes valores evidenciam o controle genético dessas características na população e, portanto, podem ser utilizados para seleção com base em famílias.

O caráter FF apresentou em sua maioria (60% dos indivíduos) a forma do tronco sem defeito, numa escala de um a cinco (Tabela 1). Sendo este, um possível reflexo das características e condições naturais da população originária.

Para sobrevivência, as herdabilidades apresentaram-se praticamente nulas devido à baixa variabilidade genética em função da alta taxa de sobrevivência das plantas (91,26%). A mortalidade das plantas ocorreu de forma aleatória no experimento. Estes resultados são coerentes com os obtidos por Farias Neto et al. (2007) para avaliação genética de Açaí (*Euterpe oleracea*) e Silva (2010) para *E. camaldulensis*.

Resende (2002b) enfatiza que em geral, herdabilidades individuais de baixas magnitudes são comuns para os caracteres quantitativos e conduzem a moderadas e altas magnitudes das herdabilidades em nível de médias de progênies.

Resende e Duarte (2007) classificam as classes de precisão como muito alta para acurácia de 0,90 a 0,99, alta para 0,70 a 0,85, moderada para 0,50 a 0,65 e baixa para 0,10 a 0,40. As acurácias (Acprog) foram moderadas em todos os caracteres, sobretudo para FF (63%) e ALTC (51%), apontando o grau de confiabilidade dos resultados obtidos na avaliação genética além de indicar possibilidades reais de altos ganhos genéticos e precisão na seleção de progênies superiores. Costa et al. (2009), afirmam que em geral, os resultados também indicam que estes caracteres, são os mais indicados para seleção devido os valores altos de herdabilidade e acurácia seletiva.

Os coeficientes de variação genética individual (CVgi%) (Tabela 3), que expressam em percentagem da média geral, a quantidade de variação genética existente entre indivíduos, variou de 8,08% para SOB a 15,91% para ALTC. Estes valores encontrados são condizentes com os

valores obtidos por Rocha et al. (2006) na avaliação genética de *E. grandis*, superiores àqueles encontrados por Moraes et al. (2007) na avaliação de famílias de *E. camaldulensis* e por Freitas et al. (2008) para uma população de *Gallesia integrifolia*.

Quanto maior a variação genética, associada às herdabilidades maiores conduzem a maiores ganhos genéticos ao longo do programa de melhoramento. Os valores encontrados revelam um possível uso deste material para o melhoramento genético, podendo haver maior expressão da variação genética em avaliações posteriores para os caracteres avaliados na população.

Os coeficientes de variação experimental (CVe%) encontrados (Tabela 3) apresentam valores que variam de 11,68% (FF) a 29,53% (ALTC) são considerados baixo e médio para os respectivos caracteres, de acordo com a classificação proposta por Garcia (1989). O autor descreve o coeficiente de variação como uma ferramenta útil para se especificar com eficiência e exatidão os resultados experimentais de forma que, quanto menor o CVe%, mais homogêneos é os dados, além de sofrer menos interferência ambiental. Estes valores estão de acordo com Costa et al. 2008 em estudos desenvolvidos com seringueira e por Alves (2009), com *E. camaldulensis*.

As estimativas dos componentes de variância são essenciais para a predição de valores genéticos. Segundo Costa (1999), as variâncias genéticas se destacam como objeto de estudo em testes de progênies juntamente com as associações entre os caracteres estudados em indivíduos no estágio juvenil e adulto.

A seleção dos 20 indivíduos em destaque na população, para cada caráter avaliado, permite estimar os ganhos e o aumento da média da população selecionada (ROSADO, et al., 2009)

Na Tabela 4 são apresentados os valores fenotípicos e genéticos aditivos dos 20 melhores indivíduos, com base nos valores genéticos, ganhos genéticos preditos e nova média da população para o caráter ALTT.

Para ALTT, destacaram-se as progênies 123, 56, 126, 32 e 71, havendo maior destaque para a progênie 126, que se mostrou mais promissora ao apresentar preponderância sequencial dentre os blocos.

Neste sentido, os resultados apresentaram elevação da média do caráter de 6,2 4m para 6,73 m, promovendo ganho genético de no mínimo 7,89%. Portanto, mesmo apresentando valores baixos das herdabilidades individuais, os ganhos estimados com a seleção podem ser considerados promissores em função da idade precoce da avaliação.

TABELA 4 - GANHOS GENÉTICOS PREDITOS, NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO SELECIONADA E TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL DOS 20 MELHORES INDIVÍDUOS SELECIONADOS DE *Eucalyptus camaldulensis* PARA CARATER ALTT (m). SANTO ANTONIO DO LEVERGER – MT, 2011

Ordem	Bloco	Progênie	Árvore	Ganho	Nova Média	Ne
1	1	123	2	0,6682	6,9127	1,0000
2	3	56	3	0,6606	6,9051	2,0000
3	2	126	1	0,6123	6,8568	3,0000
4	2	32	2	0,5873	6,8318	4,0000
5	3	71	3	0,5703	6,8147	5,0000
6	2	16	1	0,5576	6,8021	6,0000
7	4	19	2	0,5479	6,7923	7,0000
8	2	100	1	0,5399	6,7843	8,0000
9	2	12	2	0,5331	6,7776	9,0000
10	4	126	2	0,5270	6,7715	9,4987
11	4	126	3	0,5219	6,7664	9,5947
12	3	119	1	0,5167	6,7612	10,5882
13	3	100	3	0,5123	6,7568	11,1818
14	4	15	2	0,5085	6,7530	12,1705
15	2	110	2	0,5052	6,7497	13,1605
16	2	110	3	0,5023	6,7468	13,7590
17	4	43	2	0,4997	6,7442	14,7454
18	4	43	3	0,4974	6,7419	15,3513
19	2	33	1	0,4953	6,7398	16,3346
20	1	34	3	0,4932	6,7376	17,3196
Média original da população					6,2444	

Em relação ao caráter ALTC (Tabela 5), as progênes 95, 43, 34, 126 e 47 apresentaram os melhores resultados, principalmente a progênie 34 que se repetiu uma maior quantidade de vezes nas análises por blocos. Esta seleção elevou a média do caráter de 4,08m para 4,86m, apresentando um ganho genético de no mínimo 18,89%.

TABELA 5 - GANHOS GENÉTICOS PREDITOS, NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO SELECIONADA E TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL DOS 20 MELHORES INDIVÍDUOS SELECIONADOS DE *Eucalyptus camaldulensis* PARA O CARATER ALTC (m). SANTO ANTONIO DO LEVERGER – MT, 2011

Ordem	Bloco	Progênie	Árvore	Ganho	Nova Média	Ne
1	1	95	3	0,9413	5,0288	1,0000
2	3	43	2	0,9120	4,9996	2,0000
3	3	34	3	0,8996	4,9871	3,0000
4	1	34	3	0,8842	4,9717	3,4909
5	4	126	3	0,8730	4,9605	4,4944
6	5	47	1	0,8623	4,9498	5,4962
7	3	56	3	0,8545	4,9420	6,4972
8	1	78	1	0,8472	4,9348	7,4979
9	4	43	2	0,8399	4,9275	8,0521
10	5	15	2	0,8339	4,9214	9,0468
11	5	95	3	0,8275	4,9150	9,6284
12	5	34	1	0,8196	4,9072	9,8341
13	5	20	3	0,8127	4,9002	10,8112
14	3	90	3	0,8066	4,8941	11,7914
15	3	2	2	0,7997	4,8872	12,7742
16	4	15	1	0,7936	4,8811	13,3904
17	5	58	1	0,7877	4,8752	14,3697
18	3	26	2	0,7822	4,8697	15,3513
19	1	100	1	0,7773	4,8648	16,3346
20	3	119	1	0,7728	4,8604	17,3196
Média original da população					4,0891	

De acordo com Costa et al. (2009), os valores preditos permitem indicar com mais segurança que o germoplasma em estudo maximizará

as possibilidades de progresso genético com seleção. Os ganhos obtidos refletem aos valores encontrados com a herdabilidade (0,18) e CVgi (15,91%) encontrados para o caráter exposto na Tabela 3. Estes parâmetros em conjunto com os ganhos, sugerem boas possibilidades de progresso genético ao longo das avaliações.

Para o caráter DAP (Tabela 6), destacaram-se as progênes 15, 126, 99, 81 e 78, podendo-se observar que há destaque para a progênie 126 na maior parte dos caracteres avaliados, confirmando o desempenho desse material genético para efeito de seleção. Houve um ganho genético de no mínimo 18,20%, e estes ganhos elevaram a nova média da população após um ciclo de seleção de 6,59 cm para 7,79 cm.

TABELA 6 - GANHOS GENÉTICOS PREDITOS, NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO SELECIONADA E TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL DOS 20 MELHORES INDIVÍDUOS SELECIONADOS DE *Eucalyptus camaldulensis* PARA O CARATER DAP (cm). SANTO ANTONIO DO LEVERGER – MT, 2011

Ordem	Bloco	Progênie	Árvore	Ganho	Nova Média	Ne
1	1	15	2	1,4544	8,0528	1,0000
2	4	126	2	1,3964	7,9947	2,0000
3	5	15	2	1,3623	7,9606	2,4828
4	1	99	3	1,3440	7,9424	3,4909
5	2	126	1	1,3260	7,9244	4,1096
6	4	15	2	1,3123	7,9106	4,3636
7	1	81	3	1,3002	7,8986	5,3093
8	5	78	3	1,2912	7,8895	6,2745
9	3	75	1	1,2837	7,8820	7,2483
10	3	43	3	1,2771	7,8754	8,2272
11	2	15	3	1,2712	7,8695	8,1639
12	3	15	2	1,2661	7,8644	7,9736
13	3	90	3	1,2602	7,8585	8,8968
14	2	92	3	1,2497	7,8481	9,8273

Tabela 6 - Cont...

Ordem	Bloco	Progênie	Árvore	Ganho	Nova Média	Ne
15	1	89	1	1,2401	7,8384	10,7641
16	5	47	1	1,2316	7,8299	11,7065
17	1	85	2	1,2240	7,8223	12,6538
18	1	92	2	1,2160	7,8143	13,3109
19	1	119	3	1,2083	7,8067	14,2590
20	2	40	1	1,2011	7,7994	15,2110
Média anterior da população					6,5983	

Para o caráter FF (Tabela 7), houve destaque das progênies 24, 57, 79, 80 e 120. A seleção dos 20 melhores indivíduos proporcionará um ganho genético de 7,08% elevando a média do caráter de 4,45 para 4,76 na população melhorada após a seleção.

TABELA 7 - GANHOS GENÉTICOS PREDITOS, NOVA MÉDIA DA POPULAÇÃO SELECIONADA E TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL DOS 20 MELHORES INDIVÍDUOS SELECIONADOS DE *Eucalyptus camaldulensis* PARA O CARATER FF. SANTO ANTONIO DO LEVERGER – MT, 2011

Ordem	Bloco	Progênie	Árvore	Classificação*	Ganho	Nova Média	Ne
1	1	24	2	5	0,3560	4,8078	1,0000
2	3	57	1	5	0,3468	4,7986	2,0000
3	1	79	2	5	0,3405	4,7923	3,0000
4	3	80	1	5	0,3364	4,7882	4,0000
5	3	80	2	5	0,3340	4,7858	4,4944
6	5	120	2	5	0,3316	4,7834	5,4962
7	5	120	3	5	0,3299	4,7817	6,0681
8	3	17	3	5	0,3282	4,7800	7,0588
9	3	97	1	5	0,3267	4,7785	8,0521

Tabela 7 – Cont...

Ordem	Bloco	Progênie	Árvore	Classificação*	Ganho	Nova Média	Ne
10	3	97	3	5	0,3256	4,7774	8,6420
11	3	33	3	5	0,3242	4,7760	9,6284
12	3	37	1	5	0,3228	4,7746	10,6175
13	3	37	2	5	0,3217	4,7735	11,2147
14	3	37	3	5	0,3207	4,7725	11,4406
15	5	112	3	5	0,3197	4,7715	12,4138
16	1	10	3	5	0,3187	4,7705	13,3904
17	3	68	3	5	0,3178	4,7696	14,3697
18	1	58	3	5	0,3170	4,7688	15,3513
19	3	89	2	5	0,3162	4,7679	16,3346
20	3	89	3	5	0,3154	4,7672	16,9460
Média anterior da população						4,4517	

*Notas: “1” tronco com defeito muito grave; “2” tronco com defeito grave; “3” tronco com defeito bastante visível; “4” tronco com defeito pouco visível; “5” tronco sem defeito.

Os valores moderados da acurácia seletiva (0,63 e 0,50) e herdabilidades individuais no sentido restrito (0,25 e 0,15) para os caracteres DAP e FF respectivamente, reforçam a importância do uso das informações das progênes. Os valores encontrados são consideráveis e estão de acordo com a magnitude do caráter e a idade precoce de avaliação.

Os referidos parâmetros, juntamente com os ganhos, sugerem boas possibilidades de progresso genético na sequência das avaliações em idades mais avançadas. Simeão et al. (2002) ressaltam que valores genéticos preditos em relação a todos os indivíduos candidatos permitem estabelecer a melhor estratégia para o aumento da eficiência do melhoramento.

As progênes 15, 126, 37, 43, 100 e 34, demonstraram maiores potenciais de ganho genético em toda população quando comparadas as 20 melhores de cada caráter, confirmando sua superioridade em todos os caracteres avaliados.

4.2 TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL - Ne

O tamanho efetivo populacional (Ne) deve ser considerado nos programas de melhoramento genético, pois indica a possibilidade de haver endogamia na população selecionada a longo prazo (RESENDE, 1999).

O tamanho efetivo populacional com a seleção dos 20 melhores indivíduos (Tabelas 5, 6, 7 e 8) foi de 17,31 (ALTT e ATLC), 15,21 (DAP) e 16,94 (FF) respectivamente. Os 20 indivíduos selecionados pertencem a 15, 16 e 14 indivíduos distintos para os caracteres, respectivamente, ocorrendo alguma repetição de progênies na seleção. Portanto, com baixa possibilidade de endogamia nesta fase do programa de melhoramento. Berti (2010) afirma que um alto grau de parentesco dentro das progênies diminui o tamanho efetivo populacional devido o aumento da frequência de alelos descendentes na população.

De acordo com Rawlings¹. (1970), citado por Duda (2003), um Ne em torno de 30 seria adequado para a maior parte dos sistemas genéticos. Já Resende (1995) afirma que um tamanho efetivo populacional igual a 60 é considerado suficiente para manutenção de variabilidade genética para o melhoramento em curto e longo prazo.

Seguindo a classificação de Resende (1995), para atender um NE igual ou superior a 60, seriam selecionados 105, 90, 93 e 101 indivíduos para ALTT, ATLC, DAP e FF, respectivamente considerando a média da população selecionada para cada caráter e manter o tamanho efetivo em nível aceitável.

¹ RAWLINGS, J. O. Present status of research on long and short-term recurrent selection in finite populations: choice of population size. In: Meeting of working group on quantitative genetics, 2., 1970, New Orleans. **Proceedings...** USDA/SFES, p. 1-15.1970.

4.3 ESTIMATIVAS DAS CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE CARACTERES SILVICULTURAIS

Os estudos que envolvem as correlações genéticas entre caracteres são relevantes para o programa de melhoramento visto que avaliam o material genético de forma simultânea (FALCONER, 1987). As referidas estimativas de correlações estão contidas na Tabela 8.

TABELA 8 - ESTIMATIVAS DAS CORRELAÇÕES GENOTÍPICAS (r_g) E FENOTÍPICAS (r_f) ENTRE CARACTERES RELATIVOS À ALTURA TOTAL (ALTT), ALTURA COMERCIAL (ALTC), DIÂMETRO À ALTURA DO PEITO (DAP) E FORMA DE FUSTE (FF) AVALIADOS NA POPULAÇÃO DE *Eucalyptus camaldulensis*. Santo Antônio do Leverger - MT, 2011

Caracteres	Correlação	Caracteres		
		ALTC (m)	DAP (cm)	FF
ALTT (m)	r_g	0,80	0,85	0,44
	r_f	0,82	0,86	0,40
ALTC (m)	r_g		0,72	0,53
	r_f		0,72	0,50
DAP (cm)	r_g			0,39
	r_f			0,36

As correlações genotípicas e fenotípicas entre DAP e FF mostraram valores positivos e de baixa magnitude (0,39 e 0,36), indicando que para essa correlação, a seleção indireta não é eficiente, ou seja, a seleção baseada em DAP não resultaria em significativas alterações para FF. Estes dados concordam com os encontrados por Moraes et al. (2007) que encontrou valores semelhantes para a correlação entre esses caracteres em *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. Em estudos com *Eucalyptus* spp. Tolfo et al. (2005) concluíram que estimativas de magnitudes baixas em caracteres de crescimento e produção indicam a expectativa de pequenos progressos genéticos pela seleção indireta baseada nestes caracteres.

Entretanto, foram observadas correlações altas e positivas entre os demais caracteres estudados, destacando-se a correlação entre ALTT X DAP, e ALTT X ALTC, seja genética (0,85 e 0,80), ou fenotípica (0,86 e 0,82) respectivamente. Estes dados demonstram que selecionando o caráter ALTT, teremos um ganho positivo sobre os caracteres DAP e

ALTC tanto genética quanto fenotipicamente. Freitas et al. (2008) afirmaram que, em geral, é observado em espécies arbóreas altas correlações genéticas entre esses caracteres indicando que são bons preditores para ganhos indiretos.

Valores altos das correlações genéticas e fenotípicas indicam que a seleção indireta para os caracteres é eficiente. Estes resultados corroboraram com vários autores como Missio et al. (2004), Costa et al. (2008) e Berti (2010). Moura e Vale (2002), avaliando progênies de *Pinus tecunumanii*, concluíram que as correlações entre caracteres de crescimento apresentaram valores positivos, entretanto, sendo mais expressiva a correlação entre altura e diâmetro.

De modo geral, as correlações entre os caracteres estudados apresentaram magnitudes de média a alta, em concordância com trabalhos de Kageyama e Vencovsky (1983), Silva Filho et al. (1999), Freitas et al. (2008), Santos et al. (2009) e Silva (2010). Portanto, estes valores indicam boas perspectivas de progressos genéticos com seleção baseada nos caracteres avaliados, associados às herdabilidades encontradas.

4.4 GANHOS GENÉTICOS

Na Tabela 9 estão às estimativas de ganhos genéticos com os métodos de seleção entre e dentro e BLUP para os caracteres ALTT, ALTC, DAP e FF. A predição dos ganhos por seleção entre e dentro foi realizada para efeito de comparação com o resultado obtido pelo BLUP que por apresentar valores superiores confirma sua eficiência.

TABELA 9 - ESTIMATIVAS DE GANHOS GENÉTICOS PARA OS PROCEDIMENTOS DE SELEÇÃO ENTRE E DENTRO E BLUP. Santo Antônio do Leverger – MT, 2011

Métodos de Seleção	CARACTÉRES			
	ALTT	ALTC	DAP	FF
	BLUP			
GS	0,4932	0,7713	1,2011	0,3155
GS%	7,8982	18,8623	18,2031	7,0871
	ENTRE E DENTRO			
GS	0,2632	0,4310	0,2761	0,2141
GS%	4,2181	10,5107	4,1932	4,8187

De acordo com Juhász et al. (2010), o BLUP além de maximizar a acurácia, esse método permite o uso simultâneo de valores provindos de vários experimentos advindos de um ou vários locais.

A seleção pelo BLUP se apresentou superior ao processo entre e dentro, pois, obteve ganhos superiores para todos os caracteres avaliados estando em conformidade com o trabalho de Rosado et al. (2009) que estimaram ganhos genéticos por métodos de seleção para a espécie *E. urophylla*.

A combinação da seleção entre e dentro explora adequadamente a variabilidade genética, elevando o ganho genético total (ROSADO et al., 2009) selecionam as melhores famílias e indivíduos, porém, os indivíduos considerados superiores de famílias intermediárias ou mesmo indivíduos intermediários de famílias superiores, por vezes não são considerados na seleção (MARTINS et al., 2005).

Já o BLUP, segundo Garcia e Nogueira (2005) tem se mostrado ainda mais eficiente, principalmente por lidar com experimentos desbalanceados, decorrente de perdas de parcelas, o que é muito comum em experimentos com espécies perenes. Dessa forma, os ganhos genéticos obtidos com a metodologia de modelos mistos tende a ser superior.

Esta metodologia tem sido muito utilizada em diversos trabalhos (COSTA et al., 2002, 2005; 2009; CRUZ e CARNEIRO, 2003; GARCIA e NOGUEIRA, 2005; GUERRA et al., 2009; JUHÁSZ et al., 2010, entre outros).

5 CONCLUSÕES

- Existe variabilidade genética, com controle genético considerável na população de *Eucalyptus camaldulensis* estudada e deve ser explorada na sequência do programa de melhoramento.
- As estimativas de herdabilidades individuais associadas à média de progênie e ganhos com seleção obtidos revelam boas possibilidades de selecionar material genético desejável na população.
- As estimativas de correlações genóticas e fenóticas mostraram-se positivas e a seleção indireta pode ser realizada para os caracteres de crescimento avaliados.
- A seleção entre e dentro de progênies sugere a possibilidade de capitalizar ganhos genéticos, porém a seleção individual mostrou-se superior para os caracteres estudados.
- As estimativas do tamanho efetivo populacional indicam que o teste de progênies retém um tamanho efetivo suficiente para a manutenção da variabilidade genética em uma população panmítica.

6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABRAF, Associação Brasileira de Produtores de Florestas Plantadas. **Anuário Estatístico da ABRAF 2011 anos base 2010**. Brasília, 2011. 140p.

AGRAMA, H.A.; GEORGE, T.L.; SALAH, S.F. Construction of genome map for *Eucalyptus camaldulensis* Dehn. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v.5, p.5-6, 2002.

ALVES, P. F. **Variação genética para caracteres silviculturais e marcador molecular em uma população base de *Eucalyptus camaldulensis* dehn.** 2009. 63 f. Dissertação. (Mestrado em Agronomia) - Faculdade de Engenharia do Campus de Ilha Solteira – UNESP.

ALVES, R. M.; ARTERO, A. S.; SEBBENN, A. M.; FIGUEIRA, A. Mating system in a natural population of *Theobroma grandiflorum* (Willd. ex Spreng.) Schum., by microsatellite markers. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 26, n. 3, p. 373-379, 2003.

ALZATE S.B.A. **Caracterização da madeira de árvores de clones de *Eucalyptus grandis*, *E. saligna* e *E. grandis* x *urophylla*.** 2004. 151 f. Tese (Doutorado em ecologia de Produtos Florestais) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. Piracicaba.

ANDRADE, E. N. O Eucalipto. 2ª ed. São Paulo. **Organização das Nações Unidas**, 1961. 667p.

ASSIS, J.P. Séries Históricas de Temperatura e Radiação Solar. **Revista Brasileira de Agrometeorologia**. Santa Maria, v.12, n.1, p.113-121, 1999.

ASSIS, T. F. de. **Aspectos do melhoramento de *Eucalyptus* para a obtenção de produtos sólidos da madeira.** WORKSHOP: Técnicas de abate, processamento e utilização da madeira de eucalipto, Viçosa, p. 61-72. 1999.

BARROS, N. F.; BARROS, R. F. **Relação solo-eucalipto.** Viçosa: UFV, 1990. p 268-269

BERTI, C. L. F. **Variação genética, herdabilidades e ganhos na seleção para caracteres de crescimento e forma, em teste de progênies de polinização aberta de *Eucalyptus cloeziana*, aos 24 anos de idade em Luiz Antônio – SP.** 2010. 79 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira – SP.

BERTOLUCCI, F.; REZENDE, G.; PENCHEL, R. Produção e utilização de híbridos de eucalipto. **Silvicultura**, São Paulo, v. 51, p. 12-16, 1995.

BOLAND, D.; BROKER, M. H.; CHIPPENDALE, G. M.; HALL, N.; HYLAND, B. P. M.; JOHNSON, R. D.; KLEINING, D. A.; TURNER, J. D. F. **Forest Trees of Australia. Fifth Edition.** CSIRO Publishing, 736p, 2006.

BOREM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas.** 4ª Edição Viçosa - UFV, 2005. 525p.

BUENO, L. C. de. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. de. **Melhoramento Genético de Plantas – Princípios e procedimentos.** Editora UFLA, Lavras, Abril 2001, 282p.

CANUTO, D. S. de. O. **Diversidade Genética em Populações de *Myracrodruon urundeuva* (F.F. & M.F. Allemão) Utilizando Caracteres Quantitativos.** 2009. 113f. Tese. (Doutorado em Agronomia). Universidade Estadual Paulista – SP.

CAIXETA, R. P.; CARVALHO, D. de.; ROSADO, S. C. da. S.; TRUGILHO.. Variações genéticas em populações de *Eucalyptus spp.* detectadas por meio de marcadores moleculares. **Revista Árvore**, Viçosa-MG, v. 27, n. 3, p. 357-363, 2003.

CARRIJO, P.R.M.; BOTREL, M.C.G.; FAGUNDES, R.S. Avaliação da distribuição da normalidade dos dados do diâmetro à altura do peito em florestas de *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden na região de Cascavel - PR **Cultivando o Saber Cascavel**, v.1, n.1, p.95-106, 2008.

CARVALHO, A. D. F. de.; GERARDI, I. O. Histórico do melhoramento genético de eucalipto no Brasil. **RESUMO.** IN: SEMINÁRIOS EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS. 2006.

COSTA, R. B. **Métodos de seleção, interação genótipo x ambiente e ganho genético para o melhoramento da seringueira no Estado de São Paulo.** Tese, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, p.185 1999.

COSTA, R.B.; RESENDE, M. D. V. de.; GONÇALVES, P. S.; ARRUDA, J. de. E.; OLIVEIRA, L. C. S. de.; BORTOLETTO, N.. Predição dos valores genotípicos para produção de borracha teste clone-árvore utilizando o procedimento REML/BLUP. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**,

COSTA, R. B. RESENDE, M. D. V. de. CONTINI, A. Z.; REGO, F. L. H.; ROA, R. A. R.; MARTINS, W. J. Avaliação genética dentro de progênies de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.), na região de Caarapó, MS, pelo procedimento REML/BLUP. **Revista Ciência Florestal**, Santa Maria, RS, v. 15, n. 4, p. 371-376, 2005.

COSTA R. B.; RESENDE, M. D. V. de.; GONÇALVES, P. de. S.; OLIVEIRA, L. C. S. de.; ITAVO, L. C. V.; ROA, R. A. R. Seleção simultânea para porte reduzido e alta produção de látex em Seringueira. **Revista Bragantia**, Campinas, v. 67, n.3, p.649-654, 2008.

COSTA, R. B. C.; RESENDE, M. D. V. de.; ROA, R. A. R.; BUNGENSTAB, D. J.; MARTINS, W. J.; ROEL, A. R. Melhoramento genético de erva-mate nativa do estado de Mato Grosso do sul. **Bragantia**, Campinas, v.68, n.3, p.611-619, 2009.

COIMBRA, J.L.M.; GUIDOLIN, A.F.; CARVALHO, F.I.F.; AZEVEDO, R. de. Correlações canônicas: II – Análise do rendimento de grãos de feijão e seus componentes. **Revista Ciência Rural**, Santa Maria, v.30, n.1, p.31-35, 2000.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3 ed. Viçosa, MG. v.2. 2003. p. 585p.

CRUZ, C.D. **Princípios de genética quantitativa**. 2 ed. Viçosa, MG: UFV, 2005. 394p.

DEL QUIQUI, E. M.; MARTINS, S. S.; SHIMIZU, J. Y. Avaliação de espécies e procedências de *Eucalyptus spp* para o Noroeste do Estado do Paraná. **Acta Scintiarum**, v.23, n. 5, p. 1173-1177, 2011.

DIAS, L. A. S.; KAGEYAMA, P. Y. Variação genética em espécies arbóreas e consequências para o melhoramento florestal. **Revista Agrotrópica**, Itabuna, v. 3, n. 3, p. 119-127, 1991.

DUDA, L. L. **Seleção Genética de Árvores de *Pinus Taeda* L. na Região de Arapoti, Paraná**. 2003. 61f. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) – Universidade Federal do Paraná, UFPR.

ELDRIDGE, K.; DAVIDSON, J.; HARWOOD, C.; WYK, G. *Eucalyptus domestication and breeding*. Clarendon Press: Oxford, p. 288. 1993.

EVANGELISTA, W. V. **Caracterização da madeira de clones de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. e *Eucalyptus urophylla* s.t. Blake, oriunda de consórcio agrossilvipastoril**. 2007. 141 f. Dissertação (Mestrado em Ciência Florestal) – Universidade Federal de Viçosa – MG.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG – Universidade Federal de Viçosa, 1987. 279p.

FARIAS NETO, J.T.; RESENDE, M.D.V.; OLIVEIRA; M.S.P.; SANTOS, N.S.A.; CANUTO, E.L.; NOGUEIRA, O.L.; MULLEN, A.A. Avaliação genética de progênies de polinização aberta de açaí (*Euterpe oleracea*) e estimativas de parâmetros genéticos. **Revista Cerne**, Lavras, v. 13, p. 376-383, 2007.

FERNANDES, J.S.C.; RESENDE, M.D.V. de; STURION, J.A.; MACCARI Jr., A. Estudo comparativo de delineamentos experimentais para estimativas de parâmetros genéticos em erva-mate (*Ilex paraguariensis* A. St. – Hil.). **Revista Árvore**, Viçosa, v.28, n.5, p.663-671, 2004.

FERREIRA MAJF; QUEIROZ MA; BRAZ LT; VENCovsky R. Correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente entre dez caracteres

de melancia e suas implicações para o melhoramento genético. **Revista Horticultura Brasileira** 21: p. 438-441. 2003.

FERREIRA, M. Melhoramento e a silvicultura intensiva clonal. **IPEF**, n.45, p.22-30, jan./dez.1992.

FERREIRA, M.; SANTOS, P. E. T. Melhoramento genético florestal de *Eucalyptus* no Brasil: breve histórico e perspectivas. In: IUFRO CONFERENCE ON SILVICULTURE AND IMPROVEMENT OF EUCALYPTS, 1997, Salvador. **Proceedings...** Colombo: EMBRAPA-CNPQ, 1997. v. 1, p. 14-34.

FONSECA, S. M. da.; RESENDE, M. D. V. de.; ALFENAS, A. C.; GUIMARÃES, L. M. da. S.; ASSIS, T. F. de.; GRATTAPAGLIA, D. **Manual Prático de Melhoramento Genético do Eucalipto**. Ed. UFV. Viçosa, 2010, 200p.

FREITAS, M. A participação da produção florestal na economia brasileira. In: THE CHALLENGE OF NEOTROPICAL FORESTS, Curitiba, 1991. **Anais...** p.322-329.

FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAES, E. Pomar de Sementes por mudas a partir da seleção dentro em teste de progênies de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. **Revista do Instituto Florestal**, v. 19, n.2, p.65-72. São Paulo, 2007.

FREITAS M. L. M.; SEBBENN, A. M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAES, E.; MORAES M. A. de. Variação Genética para caracteres quantitativos em população de *Galesia integrifolia* (Spreng). Harms. **Revista Instituto Florestal**. São Paulo, v.20, n. 2, p. 165-173. 2008.

FREITAS, M.L.M.; AUKAR, A.P.A.; SEBBENN, A.M.; MORAES, M.L.T.; LEMOS, E.G.M. Variação genética em progênies de *Myracrodruon urundeuva* F.F. & M.F. Allemão em três sistemas de cultivo. **Revista Árvore**, Viçosa, v.30, n.3, p.319-329, 2006.

GARCIA, C. H.; NOGUEIRA, M. C. S. N. Utilização da metodologia REML/BLUP na seleção de clones de eucalipto. **Revista Scientia Forestalis**, n.68, p.107-112, 2005.

GOLFARI, L.; CASER, R. L.; MOURA, V. P. G. **Zoneamento ecológico esquemático para reflorestamento no Brasil**. 2.ed. Belo Horizonte: Centro de Pesquisa Florestal da Região do Cerrado, 1978. 66p. (Projeto de Desenvolvimento e Pesquisa Florestal, 11).

GOLLE, D. P., REINIGER, L. R. S., CURTI, A. R., BEVILACQUA, C. B. Melhoramento Florestal: ênfase na aplicação da biotecnologia. **Revista Ciência Rural**, Santa Maria, v.39, n.5, p.1606-1613, 2009.

GOLLE, D. P.; REINIGER, L. R.S.; CURTI, A. R.; BEVILACQUA, C. B. Melhoramento florestal: ênfase na aplicação da biotecnologia. **Revista Ciência Rural**, Santa Maria, v.39, n.5, p.1606-1613, 2009.

GRATTAPAGLIA, D. Integrating genomics into *Eucalyptus* breeding. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 3, n. 3, p. 369-379, 2004.

Guia do Eucalipto. Oportunidades para um desenvolvimento sustentável. 2008. http://www.cib.org.br/pdf/Guiado_Eucalipto_junho_2008.pdf>acesso em: 04/02/2011. Acesso em 20/06/2012.

GUERRA, C.R.S.B.; MORAES, M.L.T.; SILVA, C.L.S.P.; CANUTO, D.S.O.; ANDRADE, J.A.C.; FREITAS, M.L.M.; SEBBENN, A.M. Estratégias de seleção dentro de progênies em duas populações de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. **Revista Scientia Forestalis**, Piracicaba, v.37, n.81, p.79-87, 2009.

JUHÁSZ, A. C. P.; MORAIS, D. de. L. B.; SOARES, B. O.; PIMENTA, S.; RABELLO, H. de. O.; RESENDE, M. D. V. de. Parâmetros genéticos e ganho com a seleção para populações de pinhão manso (*Jatropha curcas*). **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 30, p 25-35, 2010.

KAGEYAMA, P. Y.; KRUGNER, T. L.; MORA, A. L.; BERTOLOTI, G.; GAIAD, S. Avaliação de progênies de árvores superiores de *Eucalyptus grandis* (nota prévia). IPEF (Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais). **Circular Técnica**. n. 80. 1979.

KAGEYAMA, P.Y. **Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden**.1980. 125f. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agronomia “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo. Piracicaba.

KAGEYAMA, P. Y.; VENCOVSKY, R. **Variação Genética em Progenies de uma População de *Eucalyptus Grandis* (Hill) Maiden**. IPEF, **Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais**, n.24, p.9-26.1983

KAGEYAMA, P.Y.; GANDARA, F.B.; VENCOVSKY, R. **Consevação *in situ* de espécies arbóreas tropicais**. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. **Recursos genéticos e melhoramento - plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p.149-158.

KRAS, S.M.; COSTA, R.B.; RESENDE, M.D.V.; ROA, R.A.R. Vigor juvenil em progênies de erva-mate (*Ilex paraguariensis* A. St.-Hil.) nativas do estado de Mato Grosso do Sul. **Revista Ciência Florestal**, Santa Maria, v.17, n.1, p.33-41, 2007.

LIMA, P.C.F. Espécies potenciais para reflorestamento em regiões semiáridas. **Silvicultura**, São Paulo, v.10, n.37, p.28-32, 2006.

LOPES, E. D. **Qualidade de mudas de *Eucalyptus urophylla*, *E. camaldulensis* e *Eucalyptus citriodora* produzidas em blocos prensados e em dois modelos de tubetes e seu desempenho no campo**. 2005. 105f. Dissertação (Mestrado em Agronomia), Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia.

LOPES, P.S.; MARTINS, E.N.; SILVA, M.A; REGAZZI, A.J. Estimação de componentes de variância. **Cadernos Didáticos**, Viçosa, n.39, 1998.

MARTINEZ, D. T.; RESENDE, M. D. V. de.; HIGA, A. R.; COSTA, R. B. da. Procedimentos de predição e efeitos da heterogeneidade de variâncias residuais dentro de tratamentos genéticos. **Pesquisa florestal brasileira**, Colombo, v. 31, n. 67, p. 193-202, 2011.

MARTINS, I. S. et al. Eficiência da seleção direta e indireta e índices de seleção em *Eucalyptus grandis*. **Revista Árvore**, v.27, n.3, p.327-333, 2003.

MARTINS, I.S.; CRUZ, C.D.; ROCHA, M.G.B.; REGAZZI, AJ. e PIRES, I.E. Comparação entre os processos de seleção entre e dentro e o de seleção combinada, em progênies de *Eucalyptus grandis*. **Revista Cerne**, Lavras, v. 11, n.1, p. 16-24, 2005.

MARTINS, I. S.; PIRES, I. E.; OLIVEIRA, M. C. Divergência genética em progênies de uma população de *Eucalyptus camaldulensis* DEHNH. **Revista Floresta e Ambiente**, Rio de Janeiro, v. 9, n. 1, p. 81-89, 2002.

MARTINS, I. S.; CRUZ, C. D.; ROCHA, M. das. G. de B.; REGAZZI, A. D. J.; PIRES, I. E. Comparação entre os processos de seleção entre e dentro e o de seleção combinada, em progênies de *Eucalyptus grandis*. **Revista Cerne**, Lavras, v. 11, n. 1, p. 16-24, jan./mar. 2005.

MARTINS-CORDER, M.P.; MORI, E.S.; KAGEYAMA, P.Y.; LOPES, C.R. Estudo da variabilidade enzimática em *Eucalyptus urophylla* das ilhas das flores. **Revista Scientia Florestalis**, Piracicaba, n.50, p.43-49. 1996.

MISSIO, R. F.; CAMBUIM, J.; MORAES, M. L. T. de.; PAULA, R. C. de. Seleção simultânea de caracteres em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var. *bahamensis* **Revista Scientia Florestalis**, n. 66, p. 161-168, dez. 2004.

MISSIO, R. F.; SILVA, A. M.; DIAS, L. A. S.; MORAES, M. L. T.; RESENDE, M. D. V. Estimates of genetic parameters and prediction of additive genetic values in *Pinus caribaea* progenies. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.5, n.4, p. 394-401, 2005.

MORA, A.L.; GARCIA, C.H. ***Eucalypt* cultivation in Brazil**. São Paulo: Sociedade Brasileira de Silvicultura, 2000. 112p.

MORAES, M.A. de.; ZANATTO, A. C. S.; SEBBENN, A. M.; FREITAS, M. L. M. Variação genética para caracteres silviculturais em progênies de polinização aberta de *Eucalyptus camaldulensis* em Luiz Antonio – SP. **Revista Instituto Florestal.**, São Paulo, v. 19, n. 2, p. 113-118, dez. 2007.

MORAES, M.L.T.; HIGA, A.R.; CAVENAGE, A.; KANO, N.K. Avaliação da densidade básica da madeira e de sua relação com os caracteres de crescimento, em uma população base de *Eucalyptus camaldulensis*

Dehnh. In: CONFERÊNCIA IUFRO SOBRE SILVICULTURA E MELHORAMENTO DE EUCALIPTOS, 1997, Salvador. **Proceedings...** Colombo: EMBRAPA/CNPQ, 1997. v.3, p.43-47.

MORAES, M.L.T.; HIGA, A.R.; CAVENAGE, A.; KANO, N.K. Avaliação da densidade básica da madeira e de sua relação com os caracteres de crescimento, em uma população base de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. In: Conferência IUFRO sobre Silvicultura e Melhoramento de Eucaliptos, **Resumos...** Salvador, 1997.

MORAES, M.L.T.; MORI, E. S.; SILVA, A. M.; CANUTO, D. S. O.; SILVA, J. M.; GOMES, J. E.; AULES, D. S. Demonstração da utilização do software SELEGEN – “seleção genética computadorizada” para o melhoramento de espécies perenes. **Revista Científica Eletrônica de Engenharia Florestal**, n.12. 2008.

MORI, E.S. **Variabilidade genética isoenzimática em uma população de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden submetida a diferentes intensidades de seleção.** 1993. 119f. Tese (Doutorado em Genética) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1993.

MOURA, V.P.G. Avaliação de espécies e procedências de *Eucalyptus* em Minas Gerais e Espírito Santo: resultados parciais. Planaltina: Embrapa Cerrados, 1980. 104p. (**Boletim de Pesquisa, 1**).

MOURA, V.P.G; VALE, A.T. Variabilidade genética na densidade básica da madeira de *Pinus tecunumanii* procedente do México e da América Central, no cerrado. **Revista Scientia Forestalis**, Piracicaba, n.62, p.104-113, 2002.

NIETO, V.M.; RODRIGUEZ, J. *Eucalyptus camaldulensis* dehnh. In: VOZZO, J.A. **Tropical tree seed manual.** Santafé de Bogotá: Corporacion Nacional de Investigacion of Forestal, p.466-467. 2003.

ODA, S.; MENCK, A.L.M.; VENCOVSKY, R. Problemas no melhoramento genético clássico do eucalipto em função da alta intensidade de seleção. **IPEF: Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais**, Piracicaba, n.41-42, p.8-17, 1989.

ODA, S.; MELLO, E.J.; SILVA, J.F.; SSOUZA, I.C.G. Melhoramento florestal. In: BORÉM, A. 1 ed.. **Revista de Biotecnologia Florestal.** Viçosa: UFV, 2007. p.51-71.

PALUDZYSZYN FILHO, E.; PACHECO, A. R.; DITTMAR, H.; CORDEIRO, C. A. Estratégias para o melhoramento de Eucaliptos Tropicais na Embrapa. **Documentos.** Colombo – PR. 2004.

PALUDZYSZYN FILHO, E.; SANTOS, P.E.T. dos. **Programa de melhoramento genético de Eucalipto da Embrapa Florestas: resultados e perspectivas.** Documentos. Colombo – PR. 2011.

PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of interblock information when block sizes are unequal. **Revista Biometrika**, v.58, p.545-554, 1971.

PAVAN, B.E. **Competição em testes de progênies de eucalipto e suas implicações na seleção e no melhoramento**. 2009. 135 f. Tese. (Doutorado em Agronomia) – Universidade Estadual Paulista “Julio de Mesquita Filho”, Jaboticabal – SP.

PINTO JUNIOR, J. E. **REML/BLUP para a análise de múltiplos experimentos no melhoramento genético de *Eucalyptus grandis* ex Maiden**. 2004. 112f. Tese (Doutorado em Agronomia). Universidade Federal do Paraná, Curitiba – PR.

PRYOR, L.D. **Biology of Eucaliptos**. Canberra, Edward Arnold, 1976. 78 p. (Studies in Biology, 61).

RAWLINGS, J. O. Present status of research on long and short-term recurrent selection in finite populations: choice of population size. In: Meeting of working group on quantitative genetics, 2., 1970, New Orleans. **Proceedings... USDA/SFES**, p. 1-15.1970.

RESENDE, M.D.V. Correções nas expressões do progresso genético com seleção em função da amostragem finita dentro de famílias de populações e implicações no melhoramento florestal. **Boletim Pesquisa Florestal**, Colombo, n.22/23, p.61-77, 1991.

RESENDE, M.D.V.; HIGA, A.R. Maximização da eficiência da seleção em testes de progênies de *Eucalyptus* através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Curitiba, n.28/29, p.37-56, 1994.

RESENDE, M.D.V. Software SELEGEN-REML/BLUP. Colombo: Embrapa Florestas, 2002a. 67 p.

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

RESENDE, M. D. V. de; STURION, J. A.; CARVALHO, A. P. DE; SIMEÃO, R. M.; FERNADES, J. S. C. **Programa de melhoramento da erva-mate coordenado pela Embrapa: resultados da avaliação genética de populações, progênies, indivíduos e clones**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000a. 66 p. (Embrapa Florestas. Circular Técnica, 43).

RESENDE, M.D.V. **Análise estatístico de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Floresta, 101p. (Documento, 47). 2000b.

RESENDE, M.D.V.; STURION, J.A. **Análise genética de dados como dependência espacial e temporal no melhoramento de plantas**

perenes via modelos geoestatísticos e de séries temporais empregando REML/BLUP ao nível de individual. Colombo: Embrapa Florestas, 80p. (Florestas. Documentos, 65). 2001.

RESENDE, M.D.V. Delineamento de experimentos de seleção para maximização da acurácia seletiva e do progresso genético. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v.19, n.4, p.479 - 500, 1995.

RESENDE, M.D.V.; ARAUJO, A.J.; SAMPAIO, P.T.B.; WIECHETECK, M.S.S. Acurácia seletiva, intervalo de confiança e variância de ganhos genéticos associados a 22 métodos de seleção em *Pinus caribaea* var. hondurensis. **Revista Floresta**, Curitiba, v.24, n.1/2, p.35-45, 1995.

RESENDE, M.D.V. Melhoramento de essências florestais. In: BORÉM, A. (Ed.) **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999a. p.589-647.

RESENDE, M. D. V. **Predição de valores genéticos, componentes de variância, delineamentos de cruzamentos e estrutura de populações no melhoramento florestal**. Curitiba, 1999b, 434f. (Doutorado – Universidade Federal do Paraná).

RESENDE, M.D.V.; OLIVEIRA, E.B. Sistema "SELEGEN" – Seleção Genética Computadorizada para o Melhoramento de Espécies Perenes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira (PAB)**, Colombo, n 32. V. 9. 1997.

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

ROCHA, M. das. G. de. B.; PIRES, I. E.; ROCHA, R. B.; XAVIER, A.; CRUZ, C. D. Seleção de genitores de *Eucalyptus grandis* e de *Eucalyptus urophylla* para produção de híbridos interespecíficos utilizando REML/BLUP e informação de divergência genética. **Revista Árvore**, Viçosa-MG, v.31, n.6, p.977-987, 2007.

RODRIGUEZ, L. C. E. Melhoramento e conservação genética. In: **CIÊNCIA E TECNOLOGIA NO SETOR FLORESTAL BRASILEIRO: diagnóstico, prioridades e modelo de financiamento**. Resumos...Brasília: Ministério de Ciência e Tecnologia, 2002. 187 p.

ROSADO, A. M.; ROSADO, T. B.; RESENDE JÚNIOR, M. F. R.; BHERING, L. L.; CRUZ, C. D. Ganhos genéticos preditos por diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus urophylla*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.44, n.12, p.1653-1659, dez. 2009

SAMPAIO, P.T.B.; RESENDE, M.D.V.; ARAÚJO, A.J. Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v.35, n.11, p.2243-2253, 2000.

SAMPAIO P. T. B.; RESENDE M. D. V.; ARAÚJO A. J. Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus oocarpa* Schiede. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, n.5, p.625-636, 2002.

SANTOS, C. B.; LONGHI, S. J., HOPPE, J. M., MOSCOVICH, F. A. M. Efeito do volume de tubetes e tipos de substratos na qualidade de mudas de *Cryptomeria japonica* (L. F.) D. Don. **Revista Ciência Florestal**, v. 10. n. 2, p. 115. 2000.

SANTOS, C. Estatística Descritiva - **Manual de Auto-aprendizagem**, Lisboa, Edições Silabo, 2007.

SANTOS, F. W.; FLORSHEIM, S. M. B.; LIMA, I. L de.; TUNG, E.M. da.; SILVA, J.M. da.; FREITAS, M.L.M.; MORAES, M. L. T. de.; SEBBENN, A. M. Variação genética para a densidade básica da madeira e caracteres silviculturais em uma população base de *Eucalyptus camaldulensis* dehn. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 20, n. 2, p. 185-194, dez. 2008.

SANTOS, F. W.; SEBBENN, A. M.; FLORSHEIM, S. M. B. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações genéticas e fenotípicas entre propriedades físicas da madeira em uma população base de *Eucalyptus camaldulensis* Dehn. **Instituto Florestal**, Série Registros, São Paulo, n. 40, p. 45-49, 2009.

SEBBENN, A.M.; SIQUEIRA, A.C.M.F.; VENCOSVSKY, R.; MACHADO, J.A.R. Interação genótipo x ambiente na conservação "ex situ" de *Peltophorum dubium* (Spreng.) Taub., em duas regiões do estado de São Paulo. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v.11, n.1, p.75-89, 1999.

SEBBENN, A. M. Parâmetros genéticos na conservação da Cabreúva - *Myroxylon peruiferum* L.F. Allemão. **Revista Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 53, p. 31-38, 1998.

SCHUMACHER, M. V.; CALIL, F. N.; VOGEL, H. L. M. **Revista Silvicultura Aplicada**. Santa Maria: UFSM, 2005. 120p.

SILVA FILHO, D. F. da.; ANDRADE, J. S. de.; CLEMENT, C. R.; MACHADO, F. M.; NODA, H. Correlações fenotípicas, genéticas e ambientais entre descritores morfológicos e químicos em frutos de Cubiu (*Solanum sessiliflorum* DUDAL) da Amazônia. **Revista Acta Amazônica** 29 (4): 503-511. 1999.

SILVA, J. C. **Caracterização da madeira de *Eucalyptus grandis* Hill ex. Maiden, de diferentes idades, visando a sua utilização na indústria moveleira**. 2002. 179 f. Tese (Doutorado em Ciências Florestais) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR.

SILVA, J. C.; XAVIER, B. A. **Eucalipto: manual prático do fazendeiro florestal, produzindo madeira com qualidade**. Viçosa, MG. 65p. 2006.

SILVA, J. M. da. **Avaliação da variabilidade genética em uma população base de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. para fins de conservação e melhoramento genético.** 2010. 141 f. Tese (Doutorado em Agronomia). Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira – SP.

SOUZA, C.S.; AGUIAR, A.V.; SILVA, A.M.; MORAES, M.L.T. Variação genética em progênies de Gonçalves-alves (*Astronium fraxinifolium*) em dois sistemas de plantio. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v.15, n.2, p.137-145, 2003.

SHIMIZU, J.Y.; KAGEYAMA, P.Y.; HIGA, A.R. **Procedimentos e recomendações para estudos de progênies de essências florestais.** Curitiba: EMBRAPA - URPFC, 1982. 33p. (Série Documentos, 11).

STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V. de. Eficiência do delineamento experimental e capacidade de teste no melhoramento genético da erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil). **Boletim Pesquisa Florestal**, n.50, p. 3-10. Jan/jun 2005.

STURION, J. A., RESENDE, M. D. V. de. Avaliação genética de *deviance* em um teste desbalanceado de procedência e progênie de *Ilex paraguariensis*. Nota Científica. **Pesquisa florestal brasileira**. Colombo, v. 30, n. 62, p. 157 – 160. 2010.

STURION, J.A.; PEREIRA, J.C.D.; ALBINO, J.C.; MORITA, M. Variação da densidade básica da madeira de doze espécies de *Eucalyptus* plantadas em Uberaba, MG. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n.14, p.28-38, 1987.

STURION, J.A.; RESENDE, M.D.V. Eficiência do delineamento experimental e capacidade de teste no melhoramento genético de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.). **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n.50, p.3-10, 2005.

TOLFO, A.L.T.; PAULA, R.C.; BONINE, C.A.V.; BASSA, A.; VALLE, C.F. Parâmetros genéticos para caracteres de crescimento de produção e tecnológicos da madeira em clones de *Eucalyptus*. **Revista Scientia Forestalis**, Piracicaba, n.67, p.101-110, 2005.

TUNG, E. S. C.; FREITAS, M. L. M.; MONTEIRO, S.; FLORSHEIM, B.; LIMA, I. L. de.; LOUGUI, E. L.; SANTOS, F. W.; MORAES, M. L. T. de.; SEBBENN, A. M. Variação Genética para caracteres silviculturais e anatômicos da madeira em progênies de *Myracrodruon urundeuva* (Engler) Fr. Allem. **Revista Scientia Forestalis**, Piracicaba, v.38, n. 87, p. 499-508, set. 2010.

VALLE, C. F. do. **Análise silvicultural de lotes de sementes de *Eucalyptus camaldulensis* Dehn. visando a implantação de populações-base.** 1991. 11f. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 1991.

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

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento.** Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

WILCKEN, C. F.; SOLIMAN, E. P.; DE SÁ, L. A. N.; BARBOSA, L. R., DIAS, T. K. R.; FERREIRA FILHO, P. J.; OLIVEIRA, R. J. R. Bronze Bug *Thaumastocoris Peregrinus* Carpintero and Dellapé (Hemiptera: Thaumastocoridae) on *Eucalyptus* in Brazil and Its Distribution. **Journal of plant protection research.** vol. 50, N^o. 2 , 2010.