

## Seleção genética em progênes de *Eucalyptus camaldulensis* em área de cerrado matogrossense

### Genetic selection in *Eucalyptus camaldulensis* progenies in savanna area of Mato Grosso State, Brazil

Luana Pâmella de Almeida Azevedo<sup>1</sup> Reginaldo Brito da Costa<sup>1\*</sup> Diego Tyszka Martinez<sup>1</sup>  
Antonio de Arruda Tsukamoto Filho<sup>1</sup> Gilvano Ebling Brondani<sup>1</sup>  
Maísa Caroline Baretta<sup>1</sup> Willian Vieira Ajala<sup>1</sup>

#### RESUMO

O presente trabalho objetivou estimar parâmetros, correlações e ganhos genéticos para caracteres de crescimento e forma, em um teste de progênes de *Eucalyptus camaldulensis* na região centro-oeste do Brasil. Aos três anos de idade, as progênes foram avaliadas quanto aos caracteres: altura total (ALTT), altura comercial (ALTC), diâmetro à altura do peito (DAP) e forma de fuste (FF). A análise de deviance detectou diferenças significativas para os caracteres ALTC, DAP e FF. As estimativas das herdabilidades individuais foram de baixa magnitude para ALTT (0,10) e DAP (0,16), porém, ALTC (0,18) e FF (0,25) apresentaram valores de média a alta magnitude. Os coeficientes de variação genética individual ( $CV_{gi}$ %) variaram de 8,59% para FF a 15,91% para ALTC. As correlações fenotípicas e genéticas preditas foram positivas e de alta magnitude entre ALTT e ALTC (0,80 e 0,82, respectivamente) e ALTT e DAP (0,85 e 0,86, respectivamente), indicando que a seleção indireta pode ser utilizada para essas associações. A seleção individual se mostrou superior, quando comparada à seleção entre e dentro. Os valores encontrados indicaram perspectivas de progressos genéticos com seleção baseada nos caracteres avaliados.

**Palavras-chave:** variabilidade genética, ganho com seleção, modelo linear misto.

#### ABSTRACT

This study aimed to estimate parameters, correlations and genetic gain for growth and shape traits in a progeny trial using *Eucalyptus camaldulensis* in Central Brazil. When it was three years old, progenies were evaluated for the following traits: total height (ALTT), commercial height (ALTC), diameter at breast height (DAP) and stem form (FF). Deviance analysis

detected significant differences for ALTC, DAP and FF. Estimates of individual heritability showed low magnitude for ALTT (0.10) and DAP (0.16). However, ALTC (0.18) and FF (0.25), showed median to high magnitude values. Individual genetic variation coefficients ( $CV_{gi}$ %), ranged from 8.59% (FF) to 15.91% (ALTC). Predicted phenotypic and genetic correlations were positive and of high magnitude between ALTT and ALTC (0.80 and 0.82) as well as between ALTT and DAP (0.85 and 0.86), indicating that indirect selection can be used for these associations. Individual selection showed to be superior when compared to selection between and within. Found values indicated perspectives of genetic progress with selection based on the evaluated characters.

**Key words:** genetic variability, genetic gain, linear mixed model.

#### INTRODUÇÃO

Os plantios florestais no Brasil totalizaram, em 2012, 7.185.943ha, sendo 70,8% desta área plantada com eucalipto e 22,0% com pinus (ABRAF, 2013) e compõem a base da silvicultura brasileira. Em 1966, com a Lei 5.106, que concedia incentivos fiscais aos empreendimentos florestais, houve um grande aumento da área plantada e foi o início da expansão da silvicultura brasileira, aliada à demanda de matéria prima nos grandes centros e a redução da oferta de produtos de origem florestal, principalmente nas regiões Sul e Sudeste.

Na região Centro-Oeste, devido à distância de mercados consumidores e fornecedores

<sup>1</sup>Faculdade de Engenharia Florestal (FENF), Universidade Federal de Mato Grosso (UFMT), Av. Fernando Correa da Costa, 2367, Boa Esperança, 78060-900, Cuiabá, MT, Brasil. E-mail: reg.brito.costa@gmail.com. \*Autor para correspondência.

de insumos, a silvicultura intensiva permaneceu pouco desenvolvida e, no Estado de Mato Grosso, encontra-se em sua fase inicial (SHIMIZU et al., 2007). Em Mato Grosso, a área plantada com espécies florestais em 2012 foi de 106.014ha (ABRAF, 2013), sendo 56,6% com eucaliptos. Esta área plantada de eucalipto em 2012 equivale apenas a 1,20% do total plantado no Brasil.

O eucalipto tem se destacado devido ao rápido crescimento e boa produtividade. Sua cadeia produtiva já está estabelecida e consolidada em vários estados brasileiros, porém, em outras regiões, as pesquisas encontram-se em fases iniciais. Em Mato Grosso, poucos são os estudos avaliando a variabilidade genética e a adaptabilidade dessas espécies, dentre elas, destaca-se o *Eucalyptus camaldulensis* que, segundo MARTINS et al. (2002), apresenta capacidade de se desenvolver em solos pobres e de resistência à seca, condições comumente encontradas no estado. A maioria dos plantios florestais não apresenta informações sobre a fonte do material genético, ou, ainda, são materiais genéticos adaptados a outras regiões bioclimáticas do Brasil, que podem não apresentar o mesmo potencial de crescimento na região.

A utilização de testes genéticos auxilia na seleção de materiais com maior crescimento, produtividade e qualidade. Entre eles, os testes de progênies permitem estimar parâmetros genéticos entre e dentro de famílias e estimar ganhos genéticos mediante seleção.

O método de modelos mistos, através do REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada), tornou-se procedimento padrão para estudos em genética quantitativa e na seleção em espécies perenes (RESENDE et al., 2001). Entre as principais vantagens do método de modelos mistos, está a sua aplicação a dados desbalanceados, a correção de dados para os efeitos ambientais, a predição precisa e não viciada dos valores genotípicos, a maximização do ganho genético com seleção (RESENDE et al., 2001) e a maximização da acurácia seletiva (FARIAS NETO et al., 2009).

Com a adequada predição dos valores genotípicos para diferentes caracteres, é possível estimar as correlações genéticas entre eles, que, segundo BUENO et al. (2001), pode proporcionar a utilização da seleção indireta. As referidas correlações tornam-se importantes nos

programas de melhoramento, pois comprovam que, via seleção preditiva, uma alteração significativa em um caráter pode promover alterações em outros caracteres correlacionados a ele (RESENDE, 2002a).

Os estudos relacionados a testes genéticos com a espécie estão em fase inicial de desenvolvimento e avaliação no estado de Mato Grosso, portanto há carência de informações a respeito da variabilidade genética.

O presente estudo objetivou estimar parâmetros, correlações e ganhos genéticos com a seleção para caracteres de crescimento e forma em teste de progênies de *Eucalyptus camaldulensis*, em Mato Grosso.

## MATERIAL E MÉTODOS

As sementes de *Eucalyptus camaldulensis* foram coletadas de 132 árvores matrizes de polinização aberta, na região de Katherine River, no Estado de Queensland, Austrália, obtidas através de parceria entre a Embrapa Florestas e a UNESP. As mudas foram produzidas no campus da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira/UNESP. O teste de progênies foi implantado no 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 750m. Conforme a classificação de Köppen, o clima é do tipo AW. O teste de progênie foi instalado sob delineamento de blocos ao acaso com 132 tratamentos (progênies), cinco blocos e três plantas por parcela em linhas simples, com espaçamento de 3m x 2m, totalizando 660 parcelas e 1980 indivíduos.

As progênies foram avaliadas aos três anos de idade, quanto aos caracteres: Altura total das plantas (ALTT, m); Altura comercial das plantas (ALTC, m); Diâmetro à altura do peito (DAP, cm); Forma do fuste (FF); Sobrevivência (SOB, %) (adotando "1" para plantas vivas e "0" para plantas mortas). A Forma do fuste (FF) foi avaliada mediante observação visual, obtida seguindo-se o critério de KAGEYAMA et al. (1979), considerando as notas: N1 - tronco com defeito muito grave; N2 - tronco com defeito grave; N3 - tronco com defeito bastante visível; N4 - tronco com defeito pouco visível; N5 - tronco sem defeito.

Os caracteres foram analisados pelo procedimento REML/BLUP, proposto por RESENDE (2002b) e RESENDE (2007), através do Modelo 1, que é adequado aos testes de progênies de meios-irmãos sob delineamento de blocos ao acaso, com várias plantas por parcela, um só local e uma única população, considerando:  $y = Xb + Za + Wc + e$ , em que:  $y$  = vetor de dados;  $b$  = vetor dos efeitos de blocos (fixos);  $a$  = vetor dos efeitos genéticos aditivos (aleatórios);  $c$  = vetor dos efeitos de parcela (aleatórios);  $e$  = vetor dos erros aleatórios;  $X$ ,  $Z$  e  $W$  = matrizes de incidência para  $b$ ,  $a$  e  $c$ , respectivamente. A significância dos efeitos aleatórios foi obtida através da Análise de Deviance (ANADEV), pelo método REML (máxima verossimilhança restrita), que substitui com vantagens a análise de variância (ANOVA) em casos de dados desbalanceados, pelo teste da razão da máxima verossimilhança (LRT) (RESENDE, 2007). As deviances foram obtidas conforme descrito por RESENDE (2007), utilizando-se o modelo com e sem os respectivos efeitos, subtraindo a deviance obtida no modelo completo do modelo sem o efeito e comparada com o valor do Qui-quadrado ( $\chi^2$ ) com um grau de liberdade. O fator bloco, assumido como efeito fixo, foi avaliado pelo teste F.

As distribuições e estruturas de médias e variâncias foram obtidas conforme RESENDE (2002a), em que:  $\hat{h}_a^2 = \frac{0,75\hat{\sigma}_a^2}{0,75\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2}$  = herdabilidade individual no sentido restrito no bloco;  $\hat{h}_{mp}^2 = \frac{0,25\hat{\sigma}_a^2}{0,25\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2/b + \hat{\sigma}_e^2/(nb)}$  = herdabilidade aditiva dentro de parcela;  $\hat{c}^2 = \hat{\sigma}_c^2/(\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2)$  = herdabilidade média de progênies no sentido restrito no bloco;  $\hat{c}^2 = \hat{\sigma}_c^2/(\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2)$  = correlação devida ao ambiente comum da parcela;  $\hat{\sigma}_a^2$  = variância genética aditiva;  $\hat{\sigma}_c^2$  =

variância entre parcelas;  $\hat{\sigma}_e^2$  = variância residual dentro da parcela (ambiental + não aditiva);  $CV_{gi} (\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{\bar{X}} \cdot 100$  = coeficiente de variação genética individual; Acurácia seletiva ( $\hat{r}_{gg}$ ) foi obtida através da raiz quadrada da herdabilidade média de progênies.

Na seleção direta, consideraram-se as 20 melhores árvores para cada característica analisada e equivale a uma intensidade de seleção de 1,01%. Para as estimativas dos ganhos com a seleção entre e dentro das progênies, utilizou-se a seleção das 20 melhores famílias (intensidade de seleção entre de 15,15%) e a melhor árvore dentro da família (intensidade de seleção dentro de 6,67%), obtidas de acordo com o proposto por CRUZ (2005):

$$\begin{aligned} \text{Seleção entre} - GS_e(\%) &= \frac{100 \cdot GS_e}{X_0} \quad \text{sendo} \\ GS_e &= h_{mp}^2 \cdot DS; \\ \text{Seleção dentro} - GS_d(\%) &= \frac{100 \cdot GS_d}{X_0} \quad \text{sendo} \\ GS_d &= h_{ad}^2 \cdot DS; \\ \text{Seleção entre e dentro} - GS_{ed} &= GS_e + GS_d. \end{aligned}$$

Em que  $X_0$ : média da população original;  $h_{mp}^2$ : herdabilidade da média de progênie;  $h_{ad}^2$ : herdabilidade aditiva dentro de parcela; DS: diferencial de seleção;  $GS_e$ : ganho de seleção entre progênies;  $GS_d$ : ganho de seleção dentro de progênies e;  $GS_{ed}$ : ganho de seleção entre e dentro de progênies.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Através da análise de deviance (Tabela 1), não foram detectadas diferenças significativas para sobrevivência (SOB) e altura total (ALTT) pelo teste de Qui-quadrado, indicando a baixa variação genética e consequentemente baixa possibilidade

Tabela 1 - Análise de deviance (ANADEV) para os caracteres sobrevivência (SOB), altura total (ALTT), altura comercial (ALTC), diâmetro à altura do peito (DAP) e forma do fuste (FF) em progênies de *Eucalyptus camaldulensis* aos três anos de idade, no município de Santo Antônio do Leverger, MT.

Efeito	----- SOB -----		----- ALTT -----		----- ALTC -----		----- DAP -----		----- FF -----	
	Dev.	LRT ( $\chi^2$ )	Dev.	LRT ( $\chi^2$ )	Dev.	LRT ( $\chi^2$ )	Dev.	LRT ( $\chi^2$ )	Dev.	LRT ( $\chi^2$ )
Progênie	-3050,9	2,39 <sup>ns</sup>	3150,4	1,62 <sup>ns</sup>	2994,4	4,89 <sup>*</sup>	4853,5	4,46 <sup>*</sup>	780,6	13,22 <sup>**</sup>
Parcela	-3043,5	9,78 <sup>**</sup>	3474,0	325,25 <sup>**</sup>	3298,3	308,78 <sup>**</sup>	5047,1	198,11 <sup>**</sup>	833,2	65,79 <sup>**</sup>
Modelo completo	-3053,3		3148,8		2989,5		4849,0		767,4	
F (Bloco)		11,06 <sup>**</sup>		40,32 <sup>**</sup>		41,44 <sup>**</sup>		23,97 <sup>**</sup>		38,84 <sup>**</sup>

Qui-quadrado tabelado: 3,84 e 6,63 para os níveis de significância de 5% (\*) e 1% (\*\*), respectivamente.

de ganhos genéticos mediante a seleção dessas características.

Para ALTC, DAP e FF, foram detectadas diferenças significativas entre progênies, ou seja, seus efeitos explicam parte da variação total, o que demonstra a possibilidade de obtenção de ganhos genéticos mediante a seleção dessas características.

Em função das herdabilidades e coeficientes de variação genética, os caracteres estudados apresentam variabilidade e controle genético herdáveis (Tabela 2) e, apesar das diferentes magnitudes, podem proporcionar ganhos mediante a seleção dos melhores genótipos.

As maiores estimativas de herdabilidades foram obtidas para a média de progênies, variando entre 0,16 para DAP e 0,40 para forma do fuste. Herdabilidades menores (entre 0,10 para DAP e 0,25 para forma do fuste) foram obtidas no sentido restrito. A superioridade da herdabilidade média de progênies em relação à herdabilidade genética aditiva tem sido observada em diversos trabalhos e com diversas espécies, como em *Pinus maximinoi* (ETTORI et al., 2004), *Hevea brasiliensis* (ALIKA, 1985; GONÇALVES et al., 2005; ARANTES et al., 2010), *Eucalyptus cloeziana* (BERTI et al., 2011) e sugerem maiores possibilidades de ganhos pela seleção das melhores progênies do que dentro de progênies (SATO et al., 2007).

Para forma do fuste, SOUZA et al. (2011), avaliando *Eucalyptus urophylla* com 17 anos de idade, obtiveram uma média de 3,97 em uma escala de um a sete e SANTOS et al. (2008) obtiveram uma média de 3,82 em *Eucalyptus camaldulensis* avaliados aos 21 anos de idade, em uma escala de um a cinco. Cerca de 60% dos indivíduos apresentaram forma do tronco sem

defeito e a média de 4,45 evidencia a melhor forma de fuste nessas progênies, porém, ressalta-se que a forma está relacionada com a variabilidade genética da população, das diferentes idades e locais de avaliação. SANTOS et al. (2008) obtiveram coeficiente de variação genética aditiva individual próximo ao valor obtido neste experimento, a herdabilidade individual foi inferior, a acurácia e a herdabilidade média de progênies foram superiores. Comparando os dados para forma do fuste com os obtidos por SOUZA et al. (2011) em *Eucalyptus urophylla*, a herdabilidade individual dos efeitos aditivos foi superior, enquanto que a herdabilidade da média de progênies, acurácia e coeficiente de variação genética aditiva individual foram inferiores.

Para altura total e DAP, as herdabilidades individuais no sentido restrito foram muito próximas aos valores obtidos por SANTOS et al. (2008), enquanto que as herdabilidades médias de progênies foram inferiores. Variações nas herdabilidades são comuns e estão relacionadas à variabilidade genética da população em estudo, idade de avaliação, local e precisão experimental.

As correlações genéticas e fenotípicas entre os caracteres avaliados (Tabela 3) foram positivas, mas com diferentes magnitudes. As correlações genéticas entre caracteres permitem inferir se a seleção direta baseada em uma característica irá favorecer outras características, proporcionando ganhos indiretos (FALCONER, 1987). A associação positiva entre todos os caracteres avaliados permite obter ganho indireto e elevar o valor das demais variáveis em função da seleção de uma delas.

Correlações iguais ou superiores a 0,80 foram obtidas entre os caracteres altura total x altura comercial e altura total x DAP, para a avaliação

Tabela 2 - 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.

Estimativas	ALTT (m)	ALTC (m)	DAP (cm)	FF
$\hat{h}_a^2$	0,10±0,04	0,18±0,06	0,15±0,05	0,25±0,07
$\hat{h}_{ad}^2$	0,1495	0,2660	0,1983	0,2535
$\hat{h}_{mp}^2$	0,1640	0,2662	0,2582	0,4033
<i>Acprog</i>	0,4050	0,5159	0,5081	0,6351
$CV_{g\%}$	8,1503	15,9140	14,9150	8,5904
Média geral	6,2444	4,0891	6,5983	4,4517

$\hat{h}_a^2$ : herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos;  $\hat{h}_{ad}^2$ : herdabilidade aditiva dentro de parcela;  $\hat{h}_{mp}^2$ : herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa;  $CV_{g\%}$ : coeficiente de variação genética aditiva individual; *Acprog*: acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa. ALTT: Altura total, ALTC: Altura comercial, DAP: Diâmetro à altura do peito, FF: Forma do fuste.

Tabela 3 - Estimativas das correlações genotípicas ( $r_g$ ) e fenotípicas ( $r_f$ ) entre os caracteres altura total (ALTT), altura comercial (ALTC), diâmetro à altura do peito (DAP) e forma de fuste (FF), avaliados no teste de progênies de *Eucalyptus camaldulensis*, aos três anos de idade, no município de Santo Antônio do Leverger, MT.

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

genética e fenotípica. A correlação genética e fenotípica entre DAP x altura comercial foi de 0,72, sendo próxima ao relatado por TOLFO et al. (2005) em clones de *Eucalyptus* spp., que foi de 0,66. Em geral, a correlação entre DAP e altura total tende a ser maior que a correlação entre DAP e altura comercial.

A forma de fuste apresentou correlações com os demais caracteres de média magnitude, variando entre 0,36 e 0,53. Apesar de positivas, o ganho com a seleção indireta será menor, quando comparado aos caracteres que apresentaram maiores correlações.

O ganho com a seleção dos 20 melhores indivíduos variou entre 4,21 e 18,86% para os caracteres avaliados (Tabela 4). A seleção direta dos melhores indivíduos pelo *ranking* obtido através do BLUP apresentou superioridade em relação à seleção entre e dentro de 47,1% para forma do fuste, 79,4% para altura comercial, 87,2% para altura total e 334,1% para DAP. Essa superioridade foi

relatada por ROSADO et al. (2009) e ocorre devido à seleção dos indivíduos com melhores genótipos, independente da família. Na seleção entre e dentro, a seleção é feita inicialmente das melhores famílias e depois do melhor indivíduo da família, o que conduz muitas vezes à eliminação de um bom genótipo (pela exclusão da família ou por não ter sido a melhor árvore da família), a seleção de um genótipo de menor valor, mas selecionado devido ao valor elevado da família ou a não seleção de um indivíduo com elevado valor, devido à baixa média da família. Para SANTOS et al. (2008), a seleção massal maximiza os ganhos genéticos devido à redução da diversidade genética, enquanto que a seleção entre e dentro de progênies proporciona uma obtenção de ganho genético, sem que ocorra grande redução na diversidade genética.

## CONCLUSÃO

Existe variabilidade genética na população de *Eucalyptus camaldulensis*, evidenciando ganhos mediante seleção para forma do fuste, altura comercial e DAP. As correlações foram positivas entre os caracteres e elevadas entre DAP, altura total e altura comercial, proporcionando ganho indireto em todas as características na seleção direta de uma dessas características. A seleção direta maximizou os ganhos para os caracteres em estudo. Já a seleção entre e dentro pode ser uma alternativa prática para proporcionar ganhos genéticos, sem restringir a base genética da população em estudo.

## AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Mato Grosso (FAPEMAT), pelo

Tabela 4 - Estimativas de ganhos genéticos para os procedimentos de seleção entre e dentro e seleção individual em teste de progênies de *Eucalyptus camaldulensis*, aos três anos de idade, no município de Santo Antônio do Leverger, MT.

Ganho com seleção	----- Caracteres -----			
	ALTT (m)	ALTC (m)	DAP (cm)	FF
	----- Seleção Individual -----			
GS	0,4932	0,7713	1,2011	0,3155
GS%	7,8982	18,8623	18,2031	7,0871
	----- Seleção Entre e Dentro -----			
GS	0,2632	0,4310	0,2761	0,2141
GS%	4,2181	10,5107	4,1932	4,8187

ALTT: Altura total, ALTC: Altura comercial, DAP: Diâmetro à altura do peito, FF: Forma do fuste; GS: ganho com seleção.

financiamento do projeto, e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pelas bolsas concedidas.

## REFERÊNCIAS

- ABRAF (ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE PRODUTORES DE FLORESTAS PLANTADAS). **Anuário Estatístico da ABRAF 2013 ano base 2012**. Brasília, 2013. 148p.
- ALIKA, J.E. Heritability and genotypic gain from selection rubber (*Hevea brasiliensis*). **Silvae Genetic**, v.34, n.1, p.1-4, 1985. Disponível em: <[http://www.bfafh.de/inst2/sg-pdf/34\\_1\\_1.pdf](http://www.bfafh.de/inst2/sg-pdf/34_1_1.pdf)>. Acesso em: 11 abr. 2013.
- ARANTES, F.C. et al. Ganho genético com base no tamanho efetivo populacional de progênies de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, n.12, p.1419-1424, 2010. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/pab/v45n12/v45n12a12.pdf>>. Acesso em: 10 maio 2013. doi:10.1590/S0100-204X2010001200012.
- BERTI, C.L.F. et al. Variação genética, herdabilidades e ganhos na seleção para caracteres de crescimento e forma em teste de progênies de polinização aberta de *Eucalyptus cloeziana*. **Revista do Instituto Florestal**, v.23, n.1, p.13-26, 2011. Disponível em: <[http://www.iflorestal.sp.gov.br/publicacoes/revista\\_if/Revista\\_23\\_1.pdf](http://www.iflorestal.sp.gov.br/publicacoes/revista_if/Revista_23_1.pdf)>. Acesso em: 10 jun. 2013.
- BUENO, L.C.S. et al. **Melhoramento genético de plantas**: princípios e procedimentos. Lavras: UFLA, 2001. 282p.
- CRUZ, C.D. **Princípios de genética quantitativa**. 2.ed. Viçosa: UFV, 2005. 394p.
- ETTORI, L.C. et al. Variação genética em procedências e progênies mexicanas de *Pinus maximinoi*. **Revista do Instituto Florestal**, v.16, n.1, p.1-9, 2004. Disponível em: <[http://www.iflorestal.sp.gov.br/publicacoes/revista\\_if/rev16-1pdf/1-9.pdf](http://www.iflorestal.sp.gov.br/publicacoes/revista_if/rev16-1pdf/1-9.pdf)>. Acesso em: 09 jun. 2013.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279p.
- FARIAS NETO, J.T. et al. Seleção genética em progênies híbridas de coqueiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.31, n.1, p.190-196, 2009. Disponível em: <[http://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100-29452009000100026&script=sci\\_abstract&tlng=pt](http://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100-29452009000100026&script=sci_abstract&tlng=pt)>. Acesso em: 21 abr. 2013. doi:10.1590/S0100-29452009000100026.
- GONÇALVES, P.S. et al. Genetic variation in growth traits and yield rubber trees (*Hevea brasiliensis*) growing in the Brazilian State of São Paulo. **Genetic and Molecular Biology**, v.28, n.4, p.765-772, 2005. Disponível em: <[http://www.scielo.br/scielo.php?pid=S1415-47572005000500019&script=sci\\_abstract](http://www.scielo.br/scielo.php?pid=S1415-47572005000500019&script=sci_abstract)>. Acesso em: 10 abr. 2013. doi:10.1590/S1415-47572005000500019.
- KAGEYAMA, P.Y. et al. **Avaliação de progênies de árvores superiores de *Eucalyptus grandis***. Piracicaba: IPEF, 1979. 9p. (Circular Técnica, 80).
- MARTINS, I.S. et al. Divergência genética em progênies de uma população de *Eucalyptus camaldulensis* DEHNH. **Floresta e Ambiente**, v.9, n.1, p.81-89, 2002. Disponível em: <[http://repositorio.unb.br/bitstream/10482/10504/1/ARTIGO\\_DivergenciaGeneticaProgenies.PDF](http://repositorio.unb.br/bitstream/10482/10504/1/ARTIGO_DivergenciaGeneticaProgenies.PDF)>. Acesso em: 27 abr. 2014.
- RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002a. 975p.
- RESENDE, M.D.V. **Software SELEGEN-REML/BLUP**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002b. 67p. (Embrapa Florestas. Documentos, 77).
- RESENDE, M.D.V. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, v.60, n.3, p.185-193, 2001. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/brag/v60n3/a05v60n3.pdf>>. Acesso em: 12 abr. 2013.
- RESENDE, M.D.V. **Software SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 359p.
- ROSADO, A.M. et al. Ganhos genéticos preditos por diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus urophylla*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, n.12, p.1653-1659, 2009. Disponível em: <[http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0100-204X2009001200014](http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0100-204X2009001200014)>. Acesso em: 08 abr. 2013. doi:10.1590/S0100-204X2009001200014.
- SANTOS, F.W. et al. Variação genética para a densidade básica da madeira e caracteres silviculturais em uma população base de *Eucalyptus camaldulensis* DEHNH. **Revista do Instituto Florestal**, v.20, n.2, p.185-194, 2008. Disponível em: <[http://www.iflorestal.sp.gov.br/publicacoes/revista\\_if/RIF20-2/p.185-194.pdf](http://www.iflorestal.sp.gov.br/publicacoes/revista_if/RIF20-2/p.185-194.pdf)>. Acesso em: 08 maio 2013.
- SATO, A.S. et al. Seleção dentro de progênies de *Eucalyptus resinifera* aos 21 anos de idade em Luiz Antônio – SP. **Revista do Instituto Florestal**, v.19, n.1, p.93-100, 2007. Disponível em: <[http://www.iflorestal.sp.gov.br/publicacoes/revista\\_if/rev19-2pdf/93-100.pdf](http://www.iflorestal.sp.gov.br/publicacoes/revista_if/rev19-2pdf/93-100.pdf)>. Acesso em: 15 maio 2013.
- SHIMIZU, J.Y. et al. **Diagnóstico das plantações florestais em Mato Grosso**: 2007. Cuiabá, MT: Central de Texto, 2007. 63p.
- SOUZA, C.S. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para caracteres quantitativos em progênies de polinização aberta de *Eucalyptus urophylla*. **Floresta**, v.41, n.4, p.847-856, 2011. Disponível em: <<http://ojs.c3sl.ufpr.br/ojs2/index.php/floresta/article/view/25348/16986>>. Acesso em: 10 maio 2013.
- TOLFO, A.L.T. et al. Parâmetros genéticos para caracteres de crescimento, de produção e tecnológicos da madeira em clones de *Eucalyptus* spp. **Scientia Forestalis**, n.67, p.101-110, 2005. Disponível em: <<http://www.ipef.br/publicacoes/scientia/nr67/cap10.pdf>>. Acesso em: 09 maio 2013.