

FACULDADE DE ENGENHARIA DE ILHA SOLTEIRA

JOSÉ CARLOS DE OLIVEIRA JUNIOR

**SELEÇÃO PRECOCE, OTIMIZAÇÃO DE GANHOS E DIVERSIDADE GENÉTICA
EM PROGÊNIES DE *Eucalyptus urophylla***

Ilha Solteira
2022

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

JOSÉ CARLOS DE OLIVEIRA JUNIOR

**SELEÇÃO PRECOCE, OTIMIZAÇÃO DE GANHOS E DIVERSIDADE GENÉTICA
EM PROGÊNIES DE *Eucalyptus urophylla***

Dissertação apresentada à Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira – UNESP como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Agronomia. Especialidade: Sistemas de Produção

Prof. Dr. Mario Luiz Teixeira de Moraes
Orientador

Dra. Silvelise Pupin
Coorientadora

Ilha Solteira
2022

FICHA CATALOGRÁFICA

Desenvolvido pelo Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação

Oliveira Júnior, José Carlos de.
O48s Seleção precoce, otimização de ganhos e diversidade genética em
progênes de *Eucalyptus urophylla* / José Carlos de Oliveira Júnior. -- Ilha
Solteira: [s.n.], 2022
87 f.


Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista. Faculdade
de Engenharia de Ilha Solteira. Área de conhecimento: Sistemas de
Produção 2022

Orientador: Mario Luiz Teixeira de Moraes

Coorientadora: Silvelise Pupin

Inclui bibliografia

1. Pomar de sementes por mudas. 2. Qualidade da madeira. 3. Seleção
individual. 4. Variação genética.


Raiane da Silva Santos



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

Câmpus de Ilha Solteira

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: SELEÇÃO PRECOCE, OTIMIZAÇÃO DE GANHOS E DIVERSIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES DE *Eucalyptus urophylla*

AUTOR: JOSÉ CARLOS DE OLIVEIRA JUNIOR

ORIENTADOR: MARIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES

COORIENTADORA: SILVELISE PUPIN

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Mestre em AGRONOMIA, área: Sistemas de Produção pela Comissão Examinadora:

Prof. Dr. MARIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES (Participação Virtual)

Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sôcio Economia / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira - UNESP

Prof. Dr. RINALDO CESAR DE PAULA (Participação Virtual)

Departamento de Ciências da Produção Agrícola / FCAV - UNESP - Jaboticabal

Prof. Dr. JOAO ANTONIO DA COSTA ANDRADE (Participação Virtual)

Departamento de Biologia e Zootecnia / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira - UNESP

Ilha Solteira, 22 de fevereiro de 2022

A Deus, por me conceder saúde e sabedoria para seguir sempre em frente.
Aos meus pais, José Carlos de Oliveira e Ana da Silva Oliveira, pelo apoio e incentivo em
todos os momentos da minha vida.

DEDICO

Aos que tem minha eterna gratidão e inspiração.
Minhas irmãs Jurema de Oliveira e Joana de Oliveira.
Minha noiva Mariana Rodrigues.

OFEREÇO

SOBRE O AUTOR

José Carlos de Oliveira Junior, nascido em 01/04/1997 na cidade de Avaré – SP, é filho de uma dona de casa chamada Ana da Silva Oliveira e de um caminhoneiro José Carlos de Oliveira e tendo duas irmãs sendo elas Jurema da Silva Oliveira e Joana da Silva Oliveira. Teve o primeiro contato com a Engenharia Florestal aos 15 anos de idade, onde trabalhou em um viveiro Florestal na produção de espécies nativas, no qual se interessou pela profissão de Engenheiro Florestal. Obteve assim o título de Bacharel em Engenharia Florestal pela Faculdade de Ciências Sociais e Agrárias de Itapeva – FAIT em 2019. Durante toda a trajetória de graduação foi bolsista pelo programa de estágio (CIEE) com a finalidade de desenvolver pesquisas no viveiro experimental do *campus* da faculdade “FAIT”, onde trabalhou com superação de dormências, propagação vegetativa e adubação de espécies florestais. No período da graduação participou também dos projetos de extensão sobre a Integração Lavoura Pecuária Floresta (ILPF) e Sistemas Agro Florestais (SAFs). No último ano da graduação participou do estágio obrigatório pela UNESP do *campus* de Ilha Solteira – SP, pelo programa de Genética, Melhoramento Vegetal e propagação de plantas em 2018. No ano de 2019 ingressou no programa de Pós-Graduação em Agronomia pela UNESP *campus* Ilha Solteira na área de Sistemas de Produção – Genética, Melhoramento e Propagação de Plantas (bolsista FAPESP). Ao ingressar no mestrado vem desenvolvendo atividades de pesquisa com diferentes espécies arbóreas na área de silvicultura, conservação genética e melhoramento florestal. Realizou atividades como coleta de sementes, produção de mudas, instalação de testes de progênies, condução e avaliação de experimentos e análises de dados com softwares genéticos estatísticos. Participou também por fim do estágio docência em Silvicultura de 2019 a 2021 sob a orientação do Profº Dr. Mario Luiz Teixeira de Moraes.

AGRADECIMENTOS

A Deus, pelo dom e a alegria de viver, que me ajudou a superar obstáculos, me dando forças para concluir essa etapa tão importante para minha vida.

À minha família, que tornaram parte do meu sonho, o sonho deles também, obrigado por se manterem do meu lado esse tempo todo.

Ao meu querido orientador e mestre, que me inspirou a seguir essa linha de pesquisa, Prof. Dr. Mario Luiz Teixeira de Moraes, pela amizade, ensinamentos e paciência, além de me orientar na dissertação, me orientou para me tornar uma pessoa melhor.

À minha coorientadora Dra. Silvelise Pupin, pela amizade, que esteve comigo dias e noites, se colocando à disposição para sanar as dúvidas e auxiliar com ideias.

Ao meu querido Prof. Dr. José Cambuim, pela amizade, pela ajuda nas coletas de dados em campo, e pelas conversas, me preparando para ser um profissional melhor.

Aos membros da banca examinadora: Prof. Dr. Edjair Augusto Dal Bem, Prof. Dr. Rinaldo César de Paula, e os suplentes Dr. Leonardo Novaes Rosse e Prof. Dr. João da Antonio Costa Andrade, por participarem dessa importante etapa de minha formação acadêmica, e por suas grandiosas contribuições.

À empresa florestal Eldorado Brasil, e ao pesquisador que prestou enorme colaboração e apoio a esse trabalho: Dr. Leonardo Novaes Rosse.

À minha querida Noiva e futura esposa Mariana Rodrigues, e toda sua família, pela torcida e apoio durante essa etapa.

Aos meus queridos amigos da República *Aurora's House*: André Stuani, Daniele Zulian, Darlin Gonzalez, agradeço o apoio e amizade que vivenciamos juntos nesse período que estive em Ilha Solteira – SP.

Aos amigos de pós-graduação e membros da equipe do Laboratório de Genética de Populações e Silvicultura, em especial à professora Selma Maria Bozzite de Moraes, pela sua atenção, carinho e amizade. Aos amigos: Alexandre Marques, Arnaldo Pinhoni, Daniele Zulian, Darlin Gonzalez, Franciele Saul, Juliana, Keller Lima, Lara Comar, Luciane, Marília Gabriela, Maiara Conarcini, Marcela Aparecida de Moraes, Marcelo Alcantra, Murilo Serra, Patrícia, Regivan Saul, Samira Prado, Silvelise Pupin, Thaisa Kubota e Thiago Oda.

Aos funcionários da Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão, da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Alexandre Marques da Silva, Alonso Ângelo da Silva, José Cambuim, que além do auxílio nas operações e avaliações de campo, prestaram sua amizade, carinho e respeito. Aos demais funcionários, pela amizade e contribuições ao longo dos anos nas avaliações do

experimento: César Seleguim, Juliano Borges, Buchada, Baiano, Tejim, Jaú, Zé Raimundo, Alvino e Júlio, que tornaram o trabalho de campo leve e descontraído.

À UNESP – Campus Ilha Solteira, aos professores, técnicos e funcionários do Departamento de Fitotecnia, Tecnologia dos Alimentos e Sócio -Economia, sempre atenciosos, prestativos e cordiais; aos funcionários da seção de Pós-Graduação, da Biblioteca, do transporte, que sempre estiveram à disposição.

Aos meus amigos do grupo de estudo de Estatística experimental “B notão”: Cleverson Rodrigues, Carol Cardoso, Helder Augusto, Janaina Ribeiro e Vinicius Affonso.

Ao Instituto de Pesquisa e Estudos Florestais (IPEF) e Prof. Dr. Paulo Henrique Muller da Silva, pela concessão de bolsa inicial no programa de mestrado.

À FAPESP (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo) e a CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior), pela concessão de bolsa em nível de mestrado no âmbito do CONVÊNIO FAPESP/CAPES, como auxílio ao processo nº 2020/02059-6, Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), tão importante para dedicação integral ao estudo, para participação em eventos científicos, sendo além do incentivo financeiro, um motivo de orgulho e dedicação para os bolsistas.

A todos que direta ou indiretamente contribuíram para a realização da minha dissertação de Mestrado, minha imensa gratidão.

“A tarefa é não tanto para ver o que ninguém viu ainda, mas pensar o que ninguém ainda pensou sobre o que todo mundo vê.”

Arthur Schopenhauer (1851)

RESUMO

Grande produtor de eucalipto, o estado do Mato Grosso do Sul tem uma base genética restrita ao clone AEC 144, o que implica na busca de genótipos adequados à região. Para tanto, o melhoramento sob diferentes estratégias de seleção tem papel fundamental na escolha dos materiais, mas demandam recursos e tempo. Por isso, uma alternativa a fim de diminuir o tempo é imprescindível, como a seleção precoce, associada às ferramentas moleculares, para avaliar a melhor recombinação entre genitores e estimar parâmetros mais criteriosos, importantes para a formação de pomares de sementes por mudas (PSM) e fornecer matéria prima de qualidade para a produção de celulose e madeira para serraria. O objetivo desta dissertação foi de verificar a variação genética em um teste de progênies de segunda geração de *Eucalyptus urophylla* (TP2G-TP-EU), tanto para características de crescimento como diâmetro a altura do peito, (DAP) e altura, quanto para o módulo de elasticidade, pensando na qualidade da madeira para serraria. Além disso, também foram avaliados os ganhos esperados e a diversidade genética com diferentes estratégias de seleção, e a correlação genética entre DAP e altura para a seleção precoce, com o intuito de formar um PSM de segunda geração, ao indicar as melhores recombinações por DAP entre os genitores selecionados. O TP2G-TP-EU foi instalado em 2016 em Selvíria-MS, oriundo de um PSM com 298 progênies. Seu delineamento experimental é em blocos casualizados, com 23 progênies, 30 repetições, com uma planta por parcela, em espaçamento 3 x 1,5 m. A altura (m) e o DAP (cm) foram mensurados entre 2017 e 2021, e o módulo de elasticidade (MOEd), coletado somente em 2021, usando o *Treesonic*, aparelho capaz de medir o MOEd da madeira em pé. As estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas por REML/BLUP. A partir do valor aditivo individual, foram estimados os ganhos genéticos esperados para cada estratégia de seleção (S1 - individual; S2 - entre e dentro de progênies e S3 - dentro). Houve diferença significativa quanto ao LRT para os caracteres avaliados. O maior ganho genético esperado, para o DAP, ocorreu na S1 (6,68%). Houve alta correlação entre altura e DAP, seja em idades iguais ou diferentes. A correlação da posição dos indivíduos ao longo dos cinco anos do TP foi moderada a elevada (> 59%), com destaque entre o quarto e o quinto ano (97%), indicativo de potencial para a prática de seleção precoce para o estabelecimento de um PSM de segunda geração. Os 10 melhores cruzamentos foram selecionados para clonagem, por possuírem DAP com 75% de produtividade a mais do que a média, com 17,7 cm superiores à média geral (de 22,83 cm). A diferença entre as estratégias foi alta, sem comprometer a perda de alelos conforme o avanço dos ciclos de seleção. Para o modelo de elasticidade da madeira, as herdabilidades individuais foram médias, indicando potencial para o melhoramento dessa variável. Concluindo, a seleção individual é uma boa estratégia a ser aplicada nesta população apresentando maiores ganhos genéticos esperados, dando avanços nos ciclos de melhoramento.

Palavras-chaves: Pomar de sementes por mudas, Qualidade da madeira, Seleção individual, Variação genética.

ABSTRACT

Eucalyptus major producer, Mato Grosso do Sul state has a restricted genetic base to AEC 144 clone, which implies suitable genotypes search to the region. Therefore, breeding under different selection strategies plays a fundamental role in materials' choice, and require resources and time. Thus, an alternative to reduce time is essential, such as early selection, associated with molecular tools, to evaluate the best recombination between parents and estimate more careful parameters, important for seedlings seed orchards (SSO) formation and provide quality raw material for pulp and wood for sawmills production. The aim of this dissertation was to verify genetic variation in an *Eucalyptus urophylla* second-generation progenies of *Eucalyptus urophylla* test (TP2G-TP-EU), for growth characteristics as diameter at breast height (DBH) and height, as for elasticity modulus, considering wood quality for sawmills. Furthermore, the expected gains and genetic diversity with different selection strategies were also evaluated, and also the genetic correlation between DBH and height for early selection, in order to form a second-generation SSO, by indicating best DBH recombinations between selected parents. TP2G-TP-EU was installed in 2016 at Selvíria-MS, from a SSO with 298 progenies. Its experimental design is in randomized blocks, with 23 progenies, 30 replications, one plant per plot, spaced 3 x 1.5 m. Height (m) and DBH (cm) were measured between 2017 and 2021, and elasticity modulus (MOEd) was collected only in 2021, with *Treesonic*, device capable of measuring standing wood MOEd. Variance components and genetic parameters estimates were obtained by REML/BLUP. Based on individual additive value, expected genetic gains for each selection strategy were estimated (S1 - individual; S2 - between and within progenies and S3 - within). There was a significant difference regarding LRT for the evaluated characters. The highest expected genetic gain for DAP occurred in S1 (6.68%). There was a high correlation between height and DBH, whether at the same or different ages. Individuals' position correlation over PT five years was moderate to high (> 59%), with emphasis between the fourth and fifth year (97%), indicative of potential for early selection practice for a second-generation SSO establishment. 10 best crosses were selected for cloning, as they had DBH with 75% more productivity than average, with 17.7 cm higher than general average (22.83 cm). Difference between strategies was high, without compromising alleles loss as the selection cycles advanced. For wood elasticity model, individual heritabilities were average, indicating potential for this character improvement. In conclusion, individual selection is a good strategy to be applied in this population, presenting greater expected genetic gains, giving advances in breeding cycles.

Keywords: Individual selection, Genetic variation, Seedlings Seed Orchard, Wood quality.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1	- Áreas aptas ao cultivo de <i>Eucalyptus urophylla</i> por aptidão climática no Brasil.	19
Figura 2	- Localização geográfica do Pomar de sementes por mudas de <i>Eucalyptus urophylla</i> (PSM-TP-EU) e do teste de progênies de segunda geração (TP2G-TP-EU) em Selvíria – MS.	30
Figura 3	- Utilização do <i>Treesonic</i> para coleta de dados da velocidade acústica do som (V.A.S).	32
Figura 4	- Taxa de sobrevivência de <i>Eucalyptus urophylla</i> e clone AEC 144 aos cinco anos de avaliação.....	36
Figura 5	- Média anual de temperatura e precipitação na cidade de Selvíria -MS, no período de 1997 a 2021.....	37
Figura 6	- Incremento Médio Anual (IMA) para altura em progênies de segunda geração de <i>Eucalyptus urophylla</i> e o clone AEC 144 em Selvíria- MS aos cinco anos de idade.....	39
Figura 7	- Incremento Médio Anual (IMA) para DAP em progênies de segunda geração de <i>Eucalyptus urophylla</i> e o clone AEC 144 em Selvíria- MS aos cinco anos de idade.....	39
Figura 8	- Incremento médio anual (IMA) de madeira em m ³ .ha ⁻¹ .ano, em progênies de segunda geração e clone AEC 144 em Selvíria – MS aos cinco anos de idade.....	40
Figura 9	- Incremento Médio Anual (IMA) para Altura e DAP das três melhores progênies de segunda geração de <i>Eucalyptus urophylla</i> comparado ao clone AEC 144 em Selvíria- MS, aos cinco anos de idade.	41
Figura 10	- Ganho de seleção em <i>Eucalyptus urophylla</i> sob diferentes estratégias de seleção em, 2017, 2018, 2019, 2020 e 2021	49

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	- Sobrevivência (SOB, %) para progênies de segunda geração de <i>Eucalyptus urophylla</i> , instalado em Selvíria-MS, medido entre os anos de 2017 e 2021.....	41
Tabela 2	- Análise de progênies de segunda geração de <i>Eucalyptus urophylla</i> para altura (ALT, m) e diâmetro à altura do peito (DAP, cm) aos três, quatro e cinco anos de idade, instalado em Selvíria-MS.....	44
Tabela 3	- Análise de progênies de segunda geração de <i>Eucalyptus urophylla</i> para as variáveis velocidade acústica do som (V.A.S) e modelo de elasticidade da madeira (MOEd MPa).....	45
Tabela 4	- Seleção dos 10 melhores indivíduos para clonagem para a produção de madeira voltado a serrarias, em um teste de progênies de segunda geração de <i>Eucalyptus urophylla</i> , instalado em Selvíria-MS, aos 5 anos de idade, medidos em 2021.....	46
Tabela 5	- Estratégias de seleção S1, S2 e S3 dos melhores indivíduos ($k_f = \forall$), em um teste de progênies de segunda geração de <i>Eucalyptus urophylla</i> para o DAP, aos cinco anos, em Selvíria-MS.....	48
Tabela 6	- Estimativas de correlação genética entre os caracteres de <i>Eucalyptus urophylla</i> com um, dois, três e quatro anos de idade.....	50
Tabela 7	- Ranqueamento das Progênies de <i>Eucalyptus urophylla</i> , medido entre 2017, 2018, 2019, 2020 e 2021, em Selvíria-MS.....	52
Tabela 8	- Classificação dos melhores indivíduos para diâmetro a altura do peito de <i>Eucalyptus urophylla</i> de 2017 a 2021, em Selvíria-MS.....	54
Tabela 9	- Parâmetros genéticos de um teste de progênies de segunda geração, polinização livre de <i>Eucalyptus urophylla</i> , avaliado como polinização controlada, em Selvíria – MS.....	55
Tabela 10	- Dez maiores valores genotípicos (g) para DAP na capacidade geral de combinação (CGC) para machos e fêmeas em um pomar de polinização aberta de <i>Eucalyptus urophylla</i> em Selvíria-MS.....	56
Tabela 11	- Dez maiores valores genotípicos (g) para DAP na capacidade específica de combinação (CEC) entre árvores matrizes de um pomar de sementes por mudas de <i>Eucalyptus urophylla</i> (PSM-TP-EU) e populações de polinização aberta, em Selvíria-MS.....	57
Tabela 12	- Dez maiores valores genotípicos (g) para DAP na capacidade específica de combinação (CEC) entre árvores matrizes de um pomar de sementes por mudas de <i>Eucalyptus urophylla</i> de populações de polinização aberta, em Selvíria-MS.....	58
Tabela 13	- Ranqueamento das árvores com base no valor genético aditivo (a) e estimativas de valores genotípicos preditos (g) para progênies oriundas de um pomar de polinização aberta de <i>Eucalyptus urophylla</i> , em Selvíria-MS.....	59
Tabela 14	- Diversidade genética e índice de fixação em um teste de progênies de segunda geração de <i>Eucalyptus urophylla</i> , em Selvíria- MS.....	60

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	15
2	OBJETIVO	17
3	REVISÃO DE LITERATURA	18
3.1	<i>Eucalyptus urophylla</i> ST. BLAKE.....	18
3.2	MELHORAMENTO GENÉTICO DE <i>Eucalyptus</i>	20
3.3	MELHORAMENTO GENÉTICO DE <i>Eucalyptus</i> PARA A PRODUÇÃO DE CELULOSE.....	22
3.3.1	Melhoramento para a produção madeireira voltado a serraria	22
3.3.2	Escolha da espécie, teste de progênies, pomar de sementes	23
3.3.3	Estratégias de Seleção	24
3.3.4	Seleção precoce	25
3.4	MARCADORES MICROSSATÉLITES.....	26
3.5	DIVERSIDADE GENÉTICA.....	27
4	MATERIAL E MÉTODOS	29
4.1	ÁREA DO EXPERIMENTO	29
4.2	CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA.....	30
4.3	DIVERSIDADE GENÉTICA POR MARCADORES MOLECULARES.....	30
4.4	VARIAÇÃO GENÉTICA.....	31
4.5	ESTRATÉGIA DE SELEÇÃO.....	33
4.6	SELEÇÃO DE GENITORES	35
5	RESULTADOS E DISCUSSÕES	36
5.1	TP2G-TP-EU: TAXA DE SOBREVIVÊNCIA E CRESCIMENTO.....	36
5.2	ANALISE DE DEVIANCE E PARÂMETROS GENÉTICOS.....	42
5.3	GANHO DE SELEÇÃO PELAS DIFERENTES ESTRATÉGIAS.....	47
5.4	ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÃO GENOTÍPICA.....	50
5.5	SELEÇÃO PRECOCE.....	51
5.6	SELEÇÃO DE GENITORES PARA DAP.....	55
5.6.1	Capacidade geral de combinação	56
5.6.2	Capacidade específica de combinação	56
5.6.3	Valor genotípico de cruzamento	57
5.6.4	Clonagem das árvores superiores	58
5.7	DIVERSIDADE GENÉTICA POR MARCADORES.....	59

6	CONCLUSÕES.....	64
	REFERÊNCIAS.....	65
	APENDICES.....	80

1. INTRODUÇÃO

A área com floresta plantada no Brasil é de 9,55 milhões de hectares, em que o gênero *Eucalyptus* é responsável por 78% dos plantios, com destaque para o estado do Mato Grosso do Sul, com crescimento médio de 7,4% ao ano, sendo o terceiro maior produtor de eucalipto no Brasil (Indústria Brasileira de Árvores - IBÁ, 2020; 2021). Esse, crescimento está relacionado com o volumoso investimento para a produção de celulose das empresas Suzano e Eldorado Brasil, na região Leste do estado (KUDLAICZ., 2011), responsável pela maior produção nacional de fibra curta de celulose (BARATELLI; NARDOQUE, 2021).

O destaque de plantio no Mato Grosso do Sul é de *Eucalyptus urophylla* (PEDRINHO et al., 2019), devido sua alta produtividade, adaptação às diferentes condições edafoclimáticas, e por apresentar fibras adequadas para a produção de celulose (SANTOS et al., 2011; FIRMINO et al., 2013), de grande importância para a expansão florestal.

Embora o *E. urophylla* seja muito cultivada nessa região, nenhum genótipo foi desenvolvido especificamente. O clonal comercial mais utilizado nesse local é o AEC 144, que foi desenvolvido pelo programa de melhoramento para o estado de Minas Gerais, na região de Itamarandiba, cujo cenário reflete a importância de buscar a seleção de genótipos produtivos, mas também apresentando qualidade da matéria prima adequada para abastecer as indústrias da região Leste do Mato Grosso do Sul, sem restringir seus plantios a um ou poucos clones, devido à uniformidade genética, que pode ser prejudicial quanto à incidência de pragas ou doenças.

Na busca por genótipos superiores, as estratégias de seleção apresentam um papel fundamental em auxiliar os melhoristas quanto à tomada de decisão mais eficiente, a fim de obter melhor aproveitamento dos dados obtidos, por diferentes estratégias, o que permite prever os ganhos genéticos, influenciados pelos números de indivíduos selecionados (PAIVA et al., 2002; MORAES et al., 2008; PIRES et al., 2011; ENGEL et al., 2016), o que contribui para o fornecimento de sementes com ampla base genética e genótipos com maiores possibilidades de ganhos genéticos nas próximas gerações (SHIMIZU, 2007).

Embora os programas de melhoramento florestal tenham contribuído muito com os avanços da eucaliptocultura, principalmente quanto à seleção para a produção de celulose (CASTELLANO et al., 2013; TEIXEIRA et al., 2013), são programas que apresentam ciclos longos, demandando tempo e recursos (BELTRAME et al., 2012), cujo sucesso é dependente de ações a curto prazo (ANDRADE, 2020). Por isso, alternativas que visam reduzir o ciclo de seleção, com o objetivo de fornecer de sementes com qualidade adequada, são essenciais e vantajosas para os avanços da eucaliptocultura (CORRÊA et al., 2017). Nisso, destaca-se a

prática da seleção precoce como procedimento de redução de tempo (DIAO et al., 2016; TAMBARUSSI et al., 2018), com resultados satisfatórios para a formação de pomares de sementes (COUTINHO et al., 2017; TAMBARUSSI et al., 2017).

Além da seleção precoce, novas tecnologias, tais como os marcadores moleculares microssatélites mostraram a possibilidade da redução do ciclo e do aumento na eficiência de seleção (NEALE; KREMER, 2011), capazes de contribuir para as estimativas de taxa de cruzamentos, ao permitirem estudar as relações de parentesco entre progênies, gerenciar a taxa de endogamia, e pela reconstrução do *pedigree*, indicar os cruzamentos promissores e as melhores combinações possíveis, em pomares de sementes por mudas de polinização livre (MURANTY et al., 2014; SABASHIN et al., 2014).

A seleção precoce pode ser praticada para além da produção de celulose, assim como para a produção de madeira serrada, pelo uso do aparelho *Treesonic*, desenvolvido pela *Fakopp Enterprise*, Ágfalva, Hungria. Com grande potencial na seleção de árvores superiores, ele faz a medição a partir da velocidade acústica do som, determina o modelo de elasticidade do material, e quanto maior a elasticidade, maior será a resistência mecânica, melhor a qualidade da madeira contra empenamentos e rachaduras (MORA et al., 2009; NEWTON, 2018; SANTOS et al., 2021). Os plantios de *Eucalyptus* voltados à produção para serrarias tem sido aproveitado a partir de plantios realizados com outras finalidades, com poucos programas de melhoramento voltado a serraria propriamente ditas (PEDRINHO et al., 2019). Assim, o uso de tecnologias que contribuem para a seleção de materiais superiores, com foco na produção de madeira serrada é importante.

A prática da seleção precoce, o auxílio das estratégias de seleção, combinadas aos marcadores moleculares microssatélites, o uso do aparelho *Treesonic* que mede o módulo de elasticidade da árvore de maneira não destrutiva, podem contribuir com a escolha de genótipos adaptados para a região Leste de Mato Grosso do Sul, atendendo as indústrias de celulose e também fornecendo materiais de boa qualidade para a serraria.

Portanto, as ferramentas moleculares podem contribuir com a genética quantitativa clássica, de modo a viabilizar a seleção de genitores e genótipos adaptados à essa importante região produtora de papel e celulose e a prática da seleção precoce como forma de antecipar os ciclos de seleção.

2. OBJETIVO

Conhecer a variação genética de uma população de *E. urophylla*, otimizar os ganhos com seleção para DAP, a partir de diferentes estratégias de seleção, e avaliar a eficiência da seleção precoce na formação de um pomar de sementes por mudas de segunda geração, indicar melhores cruzamentos entre os genitores de *E. urophylla* e determinar a diversidade genética entre as diferentes estratégias de seleção.

Como objetivos específicos, tem-se:

- i)* Avaliar a variação genética para caracteres silviculturais em um teste de progênies de segunda geração de *E. urophylla*, oriundo de um pomar de sementes por mudas.
- ii)* Comparar diferentes estratégias de seleção: individual, entre e dentro e dentro de progênies, para a otimização dos ganhos genéticos.
- iii)* Indicar a eficiência da prática da seleção precoce em relação às idades mais próximas com as idades de corte.
- iv)* Indicar genitores, para um pomar de sementes por mudas de polinização aberta, para a condução de cruzamentos intraespecíficos promissores, com base nas capacidades gerais e específicas de combinação.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1. *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake

Eucalyptus urophylla S.T. Blake pertence ao subgênero *Symphyomyrtus*, seção *Latoangulatae*, subsérie robusta, junto com *E. macta*, *E. notabilis*, *E. pellita*, *E. resinifera*, *E. robusta*, pertencentes à família Myrtaceae, do gênero *Eucalyptus*, conhecido mundialmente como “*Timor mountain gum*” (PAYN et al., 2008; NICOLLE et al., 2015).

Nativo de pequenas ilhas, localizadas ao leste da Indonésia e a sudeste do Arquipélago de Sonda, em Timor, Wetar, Alor, Pantar, Lembata, Adonara, Flores, são um grupo de ilhas formado por solos vulcânicos, que se encontram isolados ao norte, pelo mar de Flores, e ao sul, pelo mar de Timor (Savu).

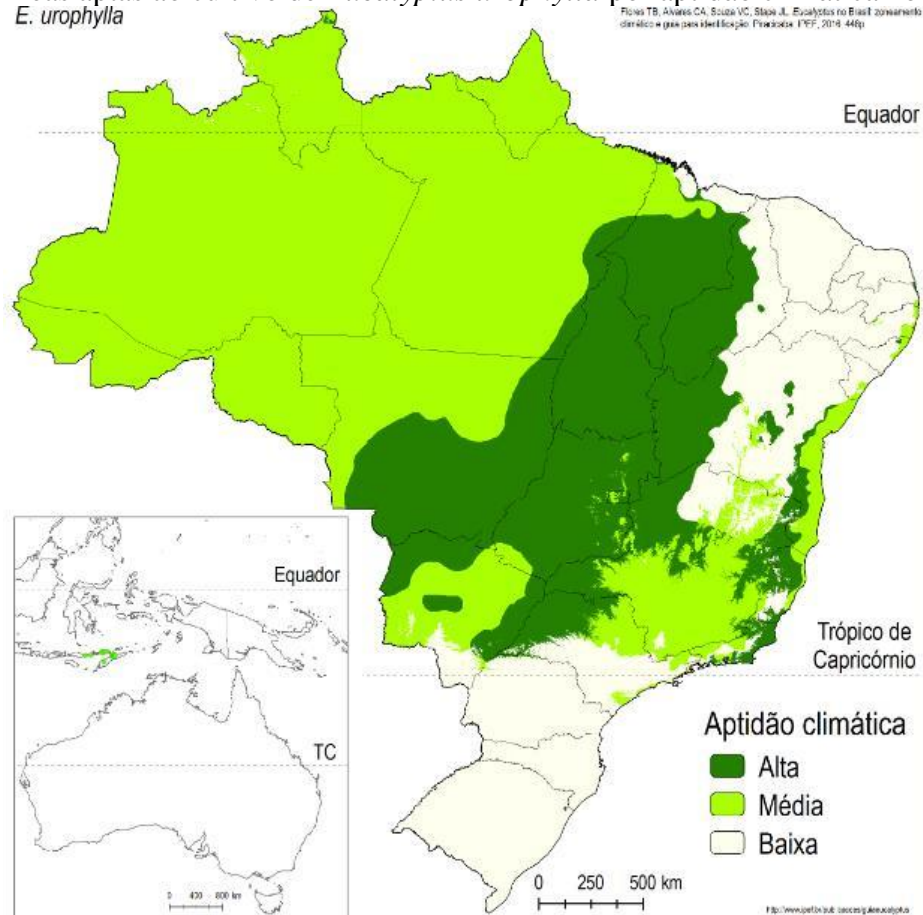
É uma espécie tropical, distribuída naturalmente entre as latitudes (7° a 10° S) e longitudes (122° a 127° W), uma das poucas espécies presentes fora da Austrália (PAYN et al., 2008).

Está presente desde os 70 m de altitude (Wetar), até 2960 m (Timor). Frequentemente é encontrada como espécie dominante em florestas montanas secundárias, e nas costas de baixa altitude em Timor, em mosaicos, com florestas de *E. alba*, dominante em regiões secas, com temperaturas que variam entre 17 °C e 21 °C (a 1900 m) até 27 °C a 30 °C (a 400 m), com ocorrência de geadas nas zonas de maiores altitudes. A precipitação pluviométrica média anual é compreendida entre 820 e 2000 mm, de maior concentração no verão e os períodos secos não ultrapassam 4 meses. (GUNN; Mc DONALD, 1991; ELDRIDGE et al., 1993; HODGE; DVORAK, 2015).

No Brasil, a sua primeira introdução foi feita por Edmundo Navarro de Andrade, no Horto do Rio Claro, possivelmente originária da coleta de uma ou duas árvores do Jardim Botânico de Java, na Indonésia. Décadas depois, outras introduções foram realizadas, por empresas florestais e pelo IPEF (SILVA; PAULA; MORAES, 2018). É uma das espécies mais plantadas no mundo, principalmente nas áreas tropicais. No Brasil, é uma das mais importantes, base da maioria dos clones plantados nas diferentes regiões do país (ASSIS; ABAD; AGUIAR, 2015). Segundo Flores et al. (2016), *E. urophylla* tem alto potencial para as zonas tropicais úmidas (Figura 1), o que permite abranger regiões no sul, até aproximadamente 23 °S, próximas ao Trópico de Capricórnio. As áreas consideradas aptas para *E. urophylla* devem apresentar aptidão para todas as variáveis, precipitação média entre 720 e 1800 mm, com déficit hídrico entre 15 e 170 mm, temperatura média mensal entre 19 °C e 26 °C, solos do tipo Organossolos, Cambissolos, Latossolos, Chernossolos, Argissolos, Luvisolos, Nitossolos, Plintossolos,

Espodosolos e Neossolos. São consideradas inaptas aquelas que apresentam inaptidão a pelo menos uma das variáveis e solos: Neossolos litólicos, Neossolos flúvicos, Neossolos regolíticos, Neossolos aluviais e Gleissolos. Em função disso, exalta-se a habilidade do *E. urophylla* em colonizar uma ampla gama de ambientes, com diferentes condições edafoclimáticas (SPERANDIO et al., 2010; SANTOS, 2018).

Figura 1 - Áreas aptas ao cultivo de *Eucalyptus urophylla* por aptidão climática no Brasil.



Fonte: Flores et al. (2016).

No Brasil, as florestas de *E. urophylla*, tem boa densidade básica da madeira ($0,559 \text{ g.cm}^{-3}$) (RIBEIRO; FILHO, 1993), apresentam fibras relativamente curtas ($\pm 1,0 \text{ mm}$ de comprimento) e são adequadas para a produção de polpa celulósica, com rendimento médio de 49,5% (SANTOS et al., 2011). Seus plantios têm sido estabelecidos, principalmente, para a produção de celulose e papel e também para a produção de carvão vegetal, bioenergia, estruturas para construção civil, chapas de fibras, móveis, postes, mourões e dormentes (WILCKEN et al., 2008). Para programas de melhoramento, *E. urophylla* tem sido muito utilizada para a produção de híbridos interespecíficos (HODGE; DVORAK, 2015), devido às suas características de alto desempenho, boa capacidade de rebrota, rusticidade (ROCHA et al.,

2006), resistência aos fungos causadores do cancro (*Chrysosporthe cubensis* e *Coniothyrium zuluense*) (PALUDZYSZYN FILHO; SANTOS, 2011), *Puccinia psidii* agente causador da ferrugem em *Eucalyptus* (CARVALHO et al., 1998), a murcha do Eucalipto (*Ceratocystis fimbriata*) (FIRMINO et al., 2013), e tolerância também à vespa da galha (*Leptocybe invasa*) (THU et al., 2009).

3.2. MELHORAMENTO GENÉTICO DE *Eucalyptus*

Os programas de melhoramento florestal visam reduzir a idade de exploração, aumentar a produtividade e a qualidade da matéria prima, maiores resistências a pragas e doenças, manter a base genética da população, para possíveis programas de melhoramento a médio e longo prazo (PIRES; RESENDE, 2011; GONÇALVES et al., 2017). Segundo Wright (1976), as pesquisas envolvendo o melhoramento florestal são antigas, surgindo há cerca de 200 anos. No entanto, apenas em 1950, tornaram-se frequentes. No Brasil, os programas com *Eucalyptus* começaram em 1941, mas só em 1967 que a seleção de árvores superiores se tornou abundante, devido à Lei de Incentivos Fiscais, implantada em 1966, que viabilizou o aumento das áreas de florestas plantadas (LEÃO, 2000; CASTRO et al., 2016).

As plantações de *Eucalyptus* inicialmente foram estabelecidas em regiões tropical e subtropical das localidades sul e sudeste do Brasil, cujos plantios são mais concentrados e consolidados. Nos estágios iniciais, os programas de melhoramento já conseguiram grandes desempenhos, com espécies e populações promissoras já identificadas. Depois, foram iniciados e intensificados os testes de progênes e os programas de seleção recorrente intrapopulacional. A partir de 1990, apareceram os programas de hibridação, e em 2000, iniciaram-se os programas de seleção recorrente recíproca, para o melhoramento do híbrido entre espécies divergentes, em especial, entre *E. grandis* × *E. urophylla* (FONSECA et al., 2010). Nas últimas décadas, os plantios florestais brasileiros começaram a se expandir para outras regiões, mais tropicais, do Nordeste e Centro-Oeste, por apresentarem terras mais baratas (GONÇALVES et al., 2013).

Hoje os programas de melhoramento de *Eucalyptus* buscam genótipos produtivos e tolerantes à seca, devido à expansão de plantios em terras consideradas como novas fronteiras florestais, por apresentarem déficit hídrico moderado a alto, e pelo agravamento dos períodos de secas (GONÇALVES et al., 2017). A seleção é baseada no fenótipo, para um ou mais caracteres econômicos, com prioridades de crescimento e produtividade: escolhe-se os genitores e, dentro dos programas de seleção recorrente recíproca, os cruzamentos ocorrem e, também, na seleção recorrente intrapopulacional, em população híbrida sintética e oriunda do

cruzamento entre clones elite, com incorporação de novos clones elite a cada geração (Seleção Recorrente Intrapopulacional em População Sintética) (ASSIS; RESENDE, 2011; NEALE; KREMER, 2011). Neste sentido, os métodos de melhoramento florestal são baseados na seleção recorrente, ao buscar o aumento gradual na frequência de alelos favoráveis (NAMKOONG; KANG; BROUARD, 1988).

Alguns conjuntos de fatores tornam-se importantes para contribuir na tomada de decisão de um melhorista: estratégia, intensidade, método de seleção, delineamento de cruzamento, correlação genéticas e fenotípicas entre caracteres, aplicação do índice de seleção, análises de interação entre genótipos e ambiente, estudos de adaptabilidade e estabilidade, são algumas das abordagens essenciais. As metodologias experimentais têm a preocupação quanto à disponibilidade de área, facilidade de manejo e delineamento experimental, pois estas afetam a precisão experimental, a acurácia e a eficiência de seleção, tornando tangíveis os ganhos genéticos preditos, ponderando ainda os aspectos da manutenção da diversidade genética, a fim de manter a viabilidade do programa em longo prazo (GAIOTTO; BRAMUCCI; GRATTAPAGLIA, 1997).

Novos estudos mostram a possibilidade da redução do ciclo e do aumento na eficiência de seleção, mediante a seleção assistida por marcadores (*Marker-assisted Selection* - MAS) e a seleção genômica ampla (*Genome-Wide Selection* - GWS) (NEALE; KREMER, 2011). A seleção assistida por marcadores (MAS) permite o aumento na eficiência na seleção em caracteres de baixa herdabilidade, restrita ao uso de marcadores, como um substituto ou para auxiliar na predição genética e na triagem genética, ao acelerar o melhoramento convencional (MURANTY et al., 2014; SABASHIN et al., 2014). A seleção genômica ampla (GWS), considerada ferramenta promissora, pretende melhorar a eficiência e a rapidez na obtenção dos resultados, com estimativas mais precisas, ao usar modelos estatísticos para a predição do valor genético genômico (VGG), apurado na avaliação de milhares de marcadores de DNA amplamente distribuídos pelo genoma (RESENDE et al., 2012; LIMA, 2014; SUONTAMA et al., 2019)

3.3. MELHORAMENTO DE *Eucalyptus* PARA A PRODUÇÃO DE CELULOSE

Os programas de melhoramento voltados à produção de celulose apresentaram grandes avanços em 1967, com a Aracruz Celulose S.A. e seus plantios no Espírito Santo e, a partir daí, apresentou um grande salto do melhoramento de Eucalipto (FERREIRA; SANTOS, 1997). Os principais fatores considerados para a seleção, por muitas décadas, envolveram espécies de rápido incremento médio e densidade básica da madeira (RAYMOND; MUNERY, 2001; GOMIDE et al., 2005) e, recentemente, foi levado em conta o incremento médio anual de celulose na floresta ($t \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$), representado pelo IMACel (SEGURA, 2015).

Outras características também devem ser levadas em conta, como indicado por Segura et al. (2017) e Baldin et al. (2020), como a qualidade da tecnologia da madeira (composição química e anatômica), que possibilita a geração de produtos com alta qualidade para diferentes segmentos de mercado.

A adoção de métodos não destrutivos para reduzir o custo e o tempo de análises da madeira vem se destacando nos tempos atuais (BALDIN et al., 2020): a espectroscopia no infravermelho próximo (*Near Infrared Spectroscopy*, NIRS) tem apresentado resultados satisfatórios quanto a eficiência no controle da qualidade industrial, capaz de prever suas propriedades químicas, anatômicas e mecânicas, por ser uma técnica rápida, acurada, possível de aplicar em um grande número de amostras (HEIN et al., 2012; MUNIZ et al., 2012; ROSSO et al., 2013; PECORARO et al., 2015).

O uso dessa tecnologia contribui na seleção de genótipos para a produção de celulose, não apenas ao considerar seu desempenho médio (IMA: $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$) e densidade básica, mas também a qualidade da polpa celulósica, ao determinar a relação de lignina e os teores de holocelulose, de grande importância para os programas de melhoramento genético, favorecendo os avanços na seleção de genótipos para esta indústria (RAMADEVI et al., 2016; ZHOU et al., 2016; ESTOPA, 2017).

3.3.1. Melhoramento para a produção madeireira voltado a serraria

Os *Eucalyptus* se tornaram alternativas cada vez mais importantes no abastecimento da indústria madeireira, pela redução da disponibilidade mundial de madeira de florestas tropicais, ao substituir, com vantagens, as espécies nativas tradicionais na movelaria de alta qualidade e no uso na construção civil (ARSHLEY; OZAKA, 2000; OLIVEIRA, 2000).

Sua excelente capacidade produtiva, adaptabilidade a diferentes ambientes, e sua expressiva diversidade foram os principais fatores que tornaram esse gênero importante como

fonte de matérias primas fabris, ao atender os requisitos tecnológicos industriais mais diversos (ASSIS, 1999).

Contudo, o uso de *Eucalyptus* nas serrarias, no Brasil, tem sido caracterizado pelo aproveitamento de plantios realizados com outras finalidades, manejados para a produção de toras, em que não se utilizam os genótipos desenvolvidos para esses fins, tornando-se grande oportunidade de desenvolvimento de programas para a qualificação da madeira para serrarias (PEDRINHO et al., 2019).

Com o objetivo da seleção de árvores para a produção de madeira serrada, Assis (2001) sugere a seleção pelas boas orientações das fibras (ou grã-direita), maior relação cerne/alburno, densidade básica adequada, baixo grau de defeito (bolsa de *Kino*) e defeitos de secagem (contrações, torções, retrações da madeira, rachaduras, empenamentos abaulamentos e colapso).

Para medir a elasticidade da madeira da árvore em pé, por um método não destrutivo, usa-se o *Treesonic*, aparelho desenvolvido pela *Fakopp Enterprise*, Ágfalva, Hungria, que, a partir da velocidade do som de um ponto ao outro de coleta, é capaz de determinar o módulo de elasticidade da madeira: quanto maior esse valor, maior será a resistência e a qualidade da madeira (MORA et al., 2009; NEWTON, 2018). É um aparelho que contribui para os programas voltados a seleção de genótipos para serraria, pois permite selecionar materiais com maior elasticidade, ao produzir madeira de melhor qualidade para movelaria e construção civil.

3.3.2. Escolha da espécie, teste de progênes e pomares de sementes

Os pomares de sementes por mudas (PSM) surgem da transformação de um teste de progênes, com a identificação das famílias superiores de ampla base genética, um dos meios mais utilizados do mundo para o estabelecimento de estratégias ao melhoramento de *Eucalyptus*, ao envolver a reprodução sexuada, para produzir rapidamente sementes melhoradas, de baixo custo, em comparação aos pomares clonais e de polinização controlada. Consiste na seleção de árvores superiores, para a produção de sementes geneticamente melhoradas, de alta variabilidade genética com a possibilidade de adaptações a ambientes específicos (FUNDA; EL KASSABY, 2012; NODOUSHAN, 2015; PUPIN et al., 2019).

As árvores com desempenho inferior são eliminadas nas estratégias de seleção, que classificam os indivíduos com base em uma só informação, eliminando se aqueles abaixo de um nível mínimo. Após a etapa de seleção, colhidas as sementes de árvores selecionadas, serão utilizadas para o estabelecimento de plantações (FINKELDEY et al., 2006). É, então, necessário avaliar o desempenho das progênes, com base nas características econômicas

(desempenho e crescimento, vigor, forma do caule, densidade da madeira e resistências a doenças e pragas) (CHMURA et al., 2012; PUPIN et al., 2019).

Os pomares de sementes podem ser produzidos a partir de genitores selecionados por meio de polinização aberta ou controlada, e também por clones selecionados e propagados vegetativamente (SCHMIDT, 1997; FOWLER, 2021). Embora os pomares de sementes apresentem baixo custo, não se pode conhecer os parentais masculinos fenotipicamente, mas os marcadores moleculares contribuem para as estimativas de taxas de cruzamentos dos pomares, o que permite encontrar as relações de parentesco entre progênies, capaz de avaliar os níveis de diversidade genética nos programas, a contaminação por pólen externo aos pomares e fluxo gênico, a reconstrução do *pedigree*, para o gerenciamento eficiente da endogamia e de cruzamentos promissores, ao substituir as estratégias demoradas e de alto custo dos programas de polinização controlada (EL-KASSABY; FUNDA; LIEWLAKSANEEYANAWIN, 2015; TELFER et al., 2015; BARRANDEGUY; GARCIA, 2016).

3.3.3. Estratégias de seleção

Os programas de melhoramento florestal buscam genótipos superiores, com bom desempenho, produtividade, maximização dos ganhos genéticos, mediante a seleção de indivíduos superiores, para obter indivíduos melhorados (MARTINS et al., 2005). Diante disso, as estratégias de seleção auxiliam o melhorista na tomada de decisão mais eficiente, que permite prever os ganhos genéticos, influenciados pelos números de indivíduos selecionados (PAIVA et al., 2002; MORAES et al., 2008; PIRES et al., 2011).

Para a aplicação de qualquer estratégia de seleção é importante definir as características desejadas: crescimento e forma, adaptação e qualidades madeireiras, p. ex., pois elas indicam a estrutura genética da população estudada, o que facilita a escolha do método de seleção mais adequado e a exploração da variabilidade existente (MORAES et al., 1997; MARTINS et al., 2001). Após a constatação da presença da variação genética, são utilizadas diferentes estratégias a fim de selecionar os melhores genótipos e obter os ganhos genéticos (PAULA et al., 2002).

Em plantas perenes é recomendado que a seleção seja baseada nos valores genéticos aditivos, pois sua finalidade é a recombinação. Para a clonagem, são usados os valores genotípicos não-aditivos (RESENDE, 2002). As estimativas dos parâmetros genéticos e os diferentes métodos de seleção buscam avaliar a magnitude e a variância genética disponível, ao quantificar os ganhos pela seleção e prever a melhor estratégia a ser utilizada (COSTA et al., 2000). Alguns métodos de seleção têm sido empregados na eucaliptocultura, em que se destacam a seleção individual e a seleção entre e dentro de progênies.

A seleção individual escolhe os melhores indivíduos, pelo ranqueamento com base no caráter avaliado, sem levar em conta o número de indivíduos que cada progênie poderá contribuir (MARTINS et al., 2005). A seleção entre progênies é realizada pela escolha das progênies com os melhores desempenhos, considerando todos os indivíduos e eliminando as progênies inferiores. Por outro lado, a seleção dentro de progênies mantém todas as progênies, selecionando o mesmo número de indivíduos por progênie (KAGEYAMA, 1980; KAGEYAMA; VENCOVSKY, 1983). Na estratégia de seleção entre e dentro de progênies, são selecionadas as melhores progênies e, em seguida, os melhores indivíduos dentro delas. Desta forma, o mesmo número de indivíduos em cada progênie é mantido (COTTERILL; DEAN, 1990).

3.3.4. Seleção precoce

Um programa de melhoramento usando seleção recorrente em *Eucalyptus* demanda de 7 a 10 anos para avaliação em território brasileiro, e os programas de melhoramento buscam a otimização do tempo demandado para a realização de um ciclo de seleção, ao promover a maximização dos ganhos em unidade de tempo (MARQUES JUNIOR, 1995; PEREIRA et al., 1997; BELTRAME et al., 2012) O seu sucesso também é dependente de ações em curto prazo (ANDRADE, 2020).

Reduzir o tempo necessário para a obtenção de ganhos genéticos por ciclo de melhoramento é de suma importância, o que aumenta, também, a sua precisão na seleção genética para as características desejadas (CORRÊA et al., 2017; DLAMINI et al., 2017).

A prática da seleção precoce se destaca como procedimento confiável para a redução do ciclo de seleção de indivíduos superiores, tanto clonais como de meios irmãos (DIAO et al., 2016; TAMBARUSSI et al., 2018), por evidenciar resultados satisfatórios para a formação de pomares de sementes a curto prazo (COUTINHO et al., 2017; TAMBARUSSI et al., 2017), proporcionando experimentos menos duradouros (DEAN et al., 1983).

Porém, sua eficácia está ligada à existência de correlações genéticas das características dos indivíduos juvenis com aquelas manifestadas nos adultos, mais eficientes em idades mais próximas a da rotação da cultura, o que contribui para aumentar a eficiência de seleção (MARQUES JUNIOR, 1995; AGUIAR et al., 2015; OLIVEIRA et al., 2015, MOURA QUEIROZ et al., 2019). A viabilidade da seleção precoce é indicada pela magnitude da correlação genética: quanto maior, mais eficiente (VARGAS-HERNANDEZ; ADAMS, 1992).

A seleção precoce é um caso particular de seleção indireta, pois prevê o comportamento de uma espécie, possível de aplicar seleção direta em um caráter, sem comprometer

significativamente o ganho em outros, uma vez que os programas são direcionados, normalmente aos caracteres de crescimento (DAP, altura total, volume), no qual a mensuração do DAP pode ser utilizada como referência na aplicação dos métodos de seleção, por ser o caráter de maior facilidade de mensuração (MOREIRA et al., 2014).

Para *Eucalyptus*, correlações para seleção precoce têm sido altas a partir do segundo ano de idade (KAGEYAMA, 1983). Moraes et al. (2014), Pinto et al. (2014) e Henriques et al. (2016), ao trabalharem com *E. urophylla*, observaram alta correlação de seleção a partir do 3º ano de idade, ou seja, é possível obter ganhos elevados com seleção a partir dos três anos de idade.

3.4 MARCADORES MICROSSATÉLITES

Diferentes tipos de marcadores moleculares têm sido aplicados para uma diversidade de propósitos como em estudos de genética populacional e seleção assistida por marcadores (MAS), por exemplo. Um dos marcadores de DNA constantemente usados em *Eucalyptus* são os microssatélites ou repetições de sequência simples (SSRs), conhecidos desde 1996, aplicáveis na genética da conservação, na avaliação da diversidade genética, na proteção de variedades e na construção de mapas genéticos de alta resolução, para vincular a variação fenotípica com a genotípica (QTLs), com grande importância para a análise do genoma das plantas (BYRNE et al., 1996; VARSHNEY et al., 2005; KALIA et al., 2011).

Os marcadores microssatélites são conhecidos como STR (*Short Tandem Repeats*), SSLP (*Simple Sequence Length Polymorphism*) ou, mais comum, SSR (*Simple Sequence Repeat*). Os SSRs têm distribuição onipresente no genoma, são loco-específicos, tem codominância, multialelismo, alta taxa de mutação, heterozigose, transferibilidade entre espécies, pode ser associado à expressão e à função do gene. São classificados pelo seu tamanho, tipo de unidade de repetição e localização no genoma. Dependendo do número de nucleotídeos por unidade de repetição, as regiões podem ser classificadas em mono-, di-, tri-, tetra-, penta- ou hexanucleotídeos (BYRNE et al., 1996; VARSHNEY et al., 2005; SANTOS; DUCROQUET; NODARI, 2011). Os dinucleotídeos são preferencialmente usados por apresentarem alto polimorfismo e maior variação entre os indivíduos, ao exibir, em média, dez alelos por loco e heterozigosidade entre 0,70 e 0,80 (FARIA et al., 2011; SUMATHI; YASODHA, 2014).

Para *Eucalyptus*, os SSRs principalmente genômicos foram desenvolvidos para espécies comercialmente importantes (*E. grandis*, *E. globulus*, *E. nitens* e *E. urophylla*). Foi observada alta sintonia do genoma existente entre as espécies, que beneficiou muitos táxons de *Eucalyptus*

deficientes em dados de DNA, o que indica excelente transferibilidade de SSR, com múltiplos propósitos: identificação de espécies, filogenia, autenticidade de híbridos, estudos de diversidade genética, mapeamento genético e localização de caracteres quantitativos (QTL) (MYBURG et al., 2007; SILVA et al., 2009; ACUNA et al., 2011; GRATTAPAGLIA et al., 2012).

Os pomares de sementes de *Eucalyptus* são estabelecidos com a presença de indivíduos com alta diversidade genética e baixos níveis de endogamia, o que permite alcançar altos níveis genéticos nas progênes. Os marcadores, então, desempenham um papel importante, como ferramentas auxiliares para o alcance desses objetivos, ao exibir o sistema de cruzamento, o grau de contaminação, a variação na taxa de cruzamento, o padrão de fluxo gênico e a contribuição paterna no pomar de sementes (SUMATHI; YASODHA, 2014).

A seleção assistida por marcadores (MAS) apresenta várias estratégias de melhoramento, como a seleção recorrente baseada em marcadores, cujos valores de cruzamento são obtidos apenas com base em uma lista explícita de marcadores e fenótipos candidatos indisponíveis, permitindo a reconstrução do *pedigree* para o gerenciamento eficiente da endogamia e de cruzamentos promissores, pois substitui as estratégias demoradas e de alto custo dos programas de polinização controlada (MUTARY et al., 2014).

3.5 DIVERSIDADE GENÉTICA

Os marcadores microssatélites têm se mostrado como ferramenta útil para a caracterização da diversidade genética, pois sustenta a diversidade entre e dentro de populações, espécies e ecossistemas, oferece oportunidade aos melhoristas de conhecer e entender melhor a diversidade genética da população, obter maior aproveitamento na utilização de um recurso genético, auxiliar na escolha de genitores divergentes para hibridação, assim como desenvolver novas cultivares e variedades melhoradas com características preferidas do mercado consumidor (GOVINDARAJ; VETRIVENTHAN; SRINIVASAN, 2015; LU et al., 2018a; YANG et al., 2020). É importante manter o equilíbrio entre o ganho genético e a diversidade na seleção, pois a diversidade genética é necessária para avançar os ciclos de melhoramento (SILVA et al., 2018).

A diversidade genética refere-se a riqueza de informações do *pool* gênico, definida como a quantidade total de variação genética, dentro ou entre unidades genéticas, em decorrência de vias evolutivas que consistem na base para responder às influências bióticas e abióticas (WANG; BARKLEY; JENKINS, 2009; EL-KASSABY, 2012; ERTEKIN, 2012).

Vários parâmetros, calculados em nível de locos, por meio de marcadores moleculares, podem ser obtidos para a avaliação da diversidade genética dentro das populações, tais como: número médio de alelos por loco, número total de alelos, riqueza alélica, tamanho efetivo populacional, coancestria, heterozigosidade observada e índice de fixação, heterozigosidade esperada em equilíbrio de Hardy-Weinberg. Entre populações, podem ser estimados os índices de diferenciação genética, como o F_{ST} e seus análogos (PORTH; EL-KASSABY, 2014).

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. ÁREA DO EXPERIMENTO

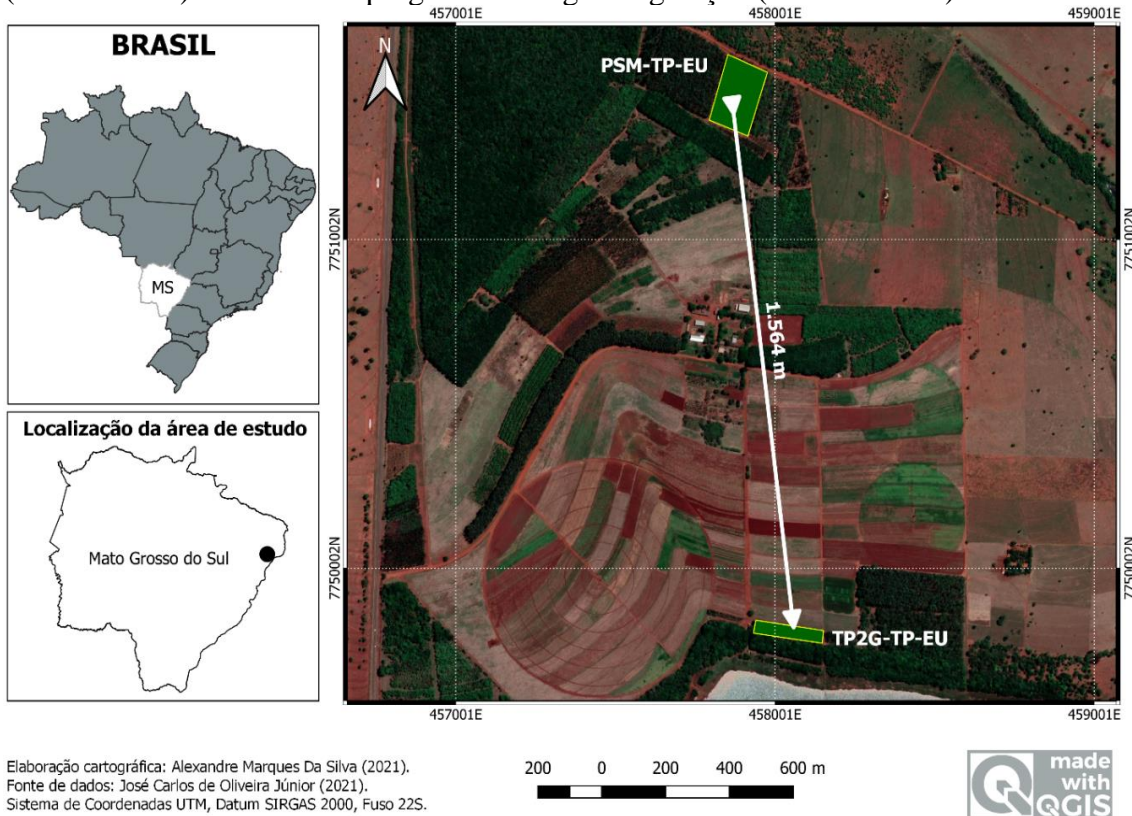
O estudo foi conduzido em dois experimentos do Banco Ativo de Germoplasma de Eucalipto da Unesp (BAG-EUCA), localizado na UNESP – Campus Ilha Solteira, da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira (FEIS/Unesp), em Selvíria, MS. O clima é Aw, conforme a classificação de Köppen: temperatura média anual de 24,5 °C e precipitação média anual de 1300 mm (SANTOS; HERNANDEZ, 2012; CANAL CLIMA DA UNESP, 2021). O relevo é moderadamente plano a ondulado e o solo é do tipo Latossolo Vermelho Distrófico típico argiloso, a moderado, hipidistrófico, álico, caulinitico, férrico, compactado, muito profundo e moderadamente ácido (SANTOS et al., 2018).

O primeiro dos experimentos é um Pomar de Sementes por Mudanças de *Eucalyptus urophylla* (PSM-TP-EU), cuja base genética é oriunda de um teste de progênies instalado na FEPE/FEIS/UNESP em março de 1992, com 64 progênies, cinco repetições e oito plantas por parcela linear, em espaçamento 3,0 m x 3,0 m, área experimental de 2,70 ha, nas coordenadas geográficas 20°20'04,98''S e 51°24'12,61'' W, a 370 m de altitude (Figura 2). Aos 20 anos após o plantio, passou por desbaste seletivo, com base nos valores genéticos aditivos individuais (BLUP - *Best Linear Unbiased Prediction*), considerando o DAP. O número de indivíduos selecionados por família foi variável ($k_f = 1$ a 18), permanecendo 298 indivíduos de 55 famílias no PSM-TP-EU. Em 2016, houve coleta de sementes em 23 árvores matrizes.

O segundo experimento utilizou as sementes colhidas em 2016 no PSM-TP-EU e se trata de um teste de progênies de segunda geração (TP2G-TP-EU). Este teste foi instalado em outubro de 2016, no delineamento em blocos casualizados, com 23 tratamentos, (progênies), 30 repetições, com uma planta por parcela, em espaçamento de 3,0 m x 1,5 m, em que algumas progênies não participaram das 30 repetições. A área experimental é de 0,96 ha, sob as coordenadas geográficas 20°20'58'' S e 51°24'04'' W, a 340 metros de altitude (Figura 2). Tanto as matrizes do PSM-TP-EU como as 605 plantas do TP2G-TP-EU foram genotipadas, com base em 12 marcadores microssatélites (EMBRA), empregados a fim de determinar os parâmetros do sistema de reprodução e o *pedigree* dos indivíduos do TP2G-TP-EU (PUPIN et al., 2019).

Para efeito de comparação do desenvolvimento das progênies em relação ao clone AEC 144 (mais plantado no MS), foi utilizado o desempenho deste quando plantado em novembro de 2016, de um experimento próximo ao TP2G-TP-EU. O clone-controle foi plantado um mês após a instalação do TP2G-TP-EU, e as mudas vieram diretamente de Itamarandiba-MG.

Figura 2 - Localização geográfica do Pomar de sementes por mudas de *Eucalyptus urophylla* (PSM-TP-EU) e do teste de progênies de segunda geração (TP2G-TP-EU) em Selvíria – MS



Fonte: Dados da pesquisa do autor.

4.2. CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA

Todos os indivíduos do PSM-TP-EU ($n = 298$) e TP2G-TP-EU ($N = 605$, inclusive replantio) foram genotipados com 12 locos microssatélites. Pela análise de paternidade, foi possível identificar o genitor paterno dos 605 indivíduos do TP2G, o que permitiu a construção do *pedigree* e a avaliação do TP2G de polinização aberta, como um pomar de polinização controlada.

4.3. DIVERSIDADE GENÉTICA POR MARCADORES MOLECULARES

A diversidade genética foi investigada pelos índices: número de alelos por loco (k), riqueza alélica (\hat{R}), heterozigosidade observada (\hat{H}_o), heterozigosidade esperada

(\hat{H}_e) nas proporções do equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW) e índice de fixação (\hat{F}). A significância de \hat{F} foi obtida por permutação de alelos entre indivíduos. A partir das frequências alélicas (f) foram determinados por contagem os números de alelos raros ($f < 0,05$) e alelos privados. Os parâmetros estimados foram obtidos usando o programa FSTAT 2.9.3.2 (GOUDET, 1995).

4.4. VARIAÇÃO GENÉTICA

Houve avaliação nos cinco primeiros anos de idade no TP2G-TP-EU em que foram avaliados os seguintes caracteres silviculturais: altura total da planta (ALT, m); diâmetro à altura do peito (DAP, cm); e sobrevivência (SOB, %) para o (TP2G-TP-EU). Para o cálculo de volume individual das árvores foi utilizado a seguinte fórmula (Eq. 1):

$$\frac{\pi * DAP^2}{40000} * Alt. f \quad (1)$$

onde: alt é referente à altura total; DAP: diâmetro a altura do peito e o f é o fator de forma (0,50).

O módulo de elasticidade da madeira (MOEd, MPa), foi analisado por meio do *Treesonic*, equipamento que mede a velocidade acústica do som (VAS), percorrido pela madeira, com forte correlação com a elasticidade (WALKER et al., 2019), aos cinco anos após o plantio. O aparelho foi posicionado a 45°, inserido no tronco da árvore, com dois receptores: um na base (a 0,5 cm do solo) e outro na parte superior (a 1 m de distância do primeiro receptor) (indicação na Figura 3). Após a inserção dos receptores, um martelo foi usado para atingir o receptor superior, a fim do aparelho medir a velocidade do som entre a distância dos receptores (os pontos inseridos, Figura 3), conforme recomendado no guia do fabricante (PROTO et al., 2017).

Para o cálculo da elasticidade foi utilizado primeiro o cálculo da velocidade do som, (Eq. 2):

$$V(m/s) = 1000.distância(mm) / (leitura TS + 1,4) \quad (2)$$

Após o cálculo da velocidade do som, foi então determinado o módulo de elasticidade (MOEd) (Eq. 3):

$$MOEd = (v^2).(densidade média kg/m^3) \quad (3)$$

Após o cálculo do módulo de elasticidade, os valores são transformados em mega pascal (MOEd MPa) para facilitar a comparação dos valores (Eq. 4):

$$MOEd MPa = MOEd.(10^{-0,6}) \quad (4)$$

Figura 3 – Utilização do *Treesonic* para a coleta de dados da velocidade acústica do som.



Fonte: Elaboração do próprio autor.

As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pelo método de máxima verossimilhança restrita e melhor predição linear não viciada (REML/BLUP), a partir de dados desbalanceados, pelo *software* genético-estatístico SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2016).

Os caracteres quantitativos foram analisados pela metodologia do modelo linear misto (aditivo univariado) – REML/BLUP, aplicado a testes de progênies, ao considerarmos progênies de meias-irmãs, delineamento em blocos casualizados, com uma planta por parcela, em um só local e uma única população (modelo 95 do SELEGEN) (RESENDE, 2007) (Eq.5):

$$y = Xr + Za + e \quad (5)$$

em que: y , r , a , e : correspondem aos vetores dos efeitos de dados, de repetições (fixos), genéticos aditivos (aleatórios) e de erros (aleatórios); X , Z : são as matrizes de incidência para r e a , respectivamente.

A estimativa da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$) (modelo 111 do SELEGEN), foi usada para avaliar os indivíduos em progênies de polinização aberta, em plantas com sistema reprodutivo misto. A partir dos parâmetros genéticos do sistema de reprodução estimados por Pupin (2018) e Pupin et al. (2019), foi utilizado o coeficiente de coancestria médio dentro de progênies, em nível de população ($\hat{\theta}_{xy} = 0,152$) para determinar o coeficiente de parentesco ($\hat{r}_{xy} = 2\hat{\theta}$) e o tamanho efetivo de variância (N_{e_v}). Assim como o coeficiente de endogamia dos indivíduos (\hat{f}_i) é igual ao coeficiente de coancestria entre os pais $\hat{\theta}_{xy}$, foi possível estimar o coeficiente de autofecundação (\hat{s}) (Eq. 6) (modelo 111 do SELEGEN).

$$\hat{s} = \frac{2\hat{f}_i}{1 + \hat{f}_i} \quad (6)$$

As estimativas dos componentes de variâncias e parâmetros genéticos, cujas equações podem ser encontradas em Vencovsky e Barriga (1992); Resende (2002, 2007) e Cruz (2005) foram: i) Herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}_a^2); ii) Herdabilidade em nível de médias de progênies (\hat{h}_m^2); iii) Herdabilidade aditiva dentro de progênie (\hat{h}_{ad}^2); iv) Coeficiente de variação genética aditiva individual (CV_{gi}); v) Coeficiente de variação genotípica entre progênies (CV_{sp}); vi) Coeficiente de variação experimental (CV_e); vii) Coeficiente de variação relativa (CV_r); viii) Acurácia da seleção de progênies (\hat{r}_{aa}); ix) Média geral (\hat{m}).

4.5. ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO

A partir dos valores genéticos aditivos dos indivíduos para recombinação foi simulado a seleção em três estratégias aos cinco anos, considerando intensidade de 30% dos 386 indivíduos sobreviventes (TP2G-TP-EU).

As estratégias de seleção para aumentar o DAP, com bases nos dados de cinco anos de idade foram:

- i) **seleção individual dos 115 melhores indivíduos, sem considerar a estrutura de progênies (S1)** – Foram consideradas as maiores estimativas do valor genético aditivo (\hat{a}), desconsiderando o número de indivíduos que cada progênie possa contribuir para formação da população melhorada ($k_f = \forall$), ou seja, k_f

pode assumir qualquer valor, desde que $k_f \neq 0$. Nesse caso, não há preocupação com a diversidade genética resultante na população após a seleção;

- ii) **seleção entre e dentro de progênies (S2)** – Seleção de 115 indivíduos, estabelecendo um valor fixo de k_f igual a nove indivíduos, considerando as 12 melhores progênies, onde apenas as sete melhores progênies contribuíram com 10 indivíduos, as demais contribuíram com nove;
- iii) **seleção dentro de progênies (S3)** – Foram consideradas todas as progênies com o valor fixo de $k_f = 5$ para as 23 progênies.

O ganho foi estimado pela expressão (Eq. 7):

$$\hat{G}_s(\%) = \frac{\left(\frac{\sum \hat{a}}{\sum k_f} \right) \times 100}{\hat{m}} \quad (7);$$

em que: \hat{a} corresponde ao valor genético aditivo, \hat{m} a média geral do DAP, caráter utilizado na seleção.

Também foram estimados os seguintes parâmetros para todas as estratégias de seleção:

- a) Tamanho efetivo ou número *status* (Eq. 8):

$$\hat{N}_e = \frac{4 \cdot N_f \cdot \bar{k}_f}{\bar{k}_f + 3 + \left(\frac{\hat{\sigma}_{k_f}^2}{\bar{k}_f} \right)} \quad (8)$$

em que: k_f é o número médio de indivíduos selecionados por progênies; $\sigma_{k_f}^2$ é a variância do número de indivíduos selecionados por progênies; e N_f é o número de progênies selecionadas.

- b) Número de progênies efetivamente selecionadas (Eq. 9):

$$N_{ef} = \frac{\left(\sum k_f \right)^2}{\sum k_f^2} \quad (9)$$

em que k_f é o número de indivíduos selecionados por progênie.

- c) Diversidade genética (Eq. 6):

$$\hat{D} = \frac{N_{ef}}{N_{fo}} \quad (10)$$

em que N_{ef} é o número de progênies efetivamente selecionadas e N_{fo} é o número original de progênies (23).

Para verificar a viabilidade de praticar a seleção precoce, uma correlação de Spearman foi feita, com o objetivo de investigar as alterações de posicionamento dos indivíduos (\hat{r}_s). Essa é uma correlação não paramétrica, que é usada para avaliar as relações entre variáveis ordinais, ao usar sua classificação, sem suposições (SHIMAKURA, 2016). Essa classificação, a fim de comparar a posição das progênes (e indivíduos) foi feita usando o valor genético aditivo resultante do Modelo 111, para cada uma das estratégias de seleção testadas.

As correlações genéticas entre os caracteres altura e DAP foram obtidas com base no modelo 102 do Selegen.

4.6. SELEÇÃO DE GENITORES

Para a seleção de genitores com base na capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação, foi feita uma avaliação de indivíduos em progênes de irmãs completas, obtidas sob cruzamentos fatoriais (população materna e paterna), em delineamento de blocos completos e uma planta por parcela, conforme Resende (2007) (modelo 87 do SELEGEN) (Eq. 11):

$$y = Xr + Zm + Wf + Tc + e \quad (11)$$

em que: \mathbf{y} é o vetor de dados; \mathbf{r} é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; \mathbf{m} é o vetor dos efeitos de genitores da população de machos (assumidos como aleatórios); \mathbf{f} é o vetor dos efeitos genéticos de genitores da população de fêmeas (assumidos como aleatórios); \mathbf{c} é o vetor dos efeitos aleatórios da capacidade específica de combinação dos genitores da população de machos com os genitores da população de fêmeas (assumidos como aleatórios); e \mathbf{e} é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeito

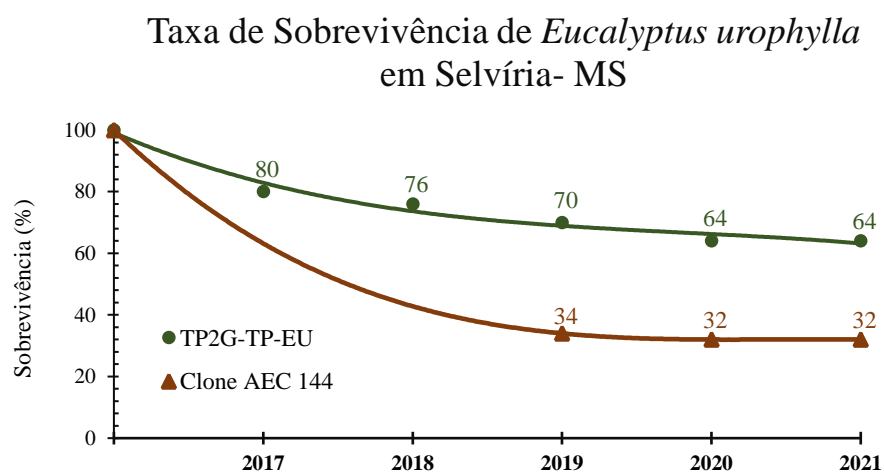
Com o pedigree dos indivíduos identificado (TP2G-TP-EU) e de posse do valor do DAP, os efeitos de dominância dos efeitos aditivos foram desmembrados e, com isso, estimar a CGC e a CEC. A variância epistática foi assumida como nula. As estimativas dos parâmetros genéticos foram analisadas pelas equações em Resende. (2007), que são: i) Herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}_a^2); ii) Coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação (\hat{c}_{cec}^2); iii) Herdabilidade individual para o efeito de árvores paternas (\hat{h}_m^2); iv) Herdabilidade individual para o efeito de árvores maternas (\hat{h}_f^2); v) Grau médio de dominância (\hat{d}).

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. TP2G-TP-EU: TAXA DE SOBREVIVÊNCIA E CRESCIMENTO

A sobrevivência da população de *E. urophylla* no quinto ano de idade foi de 64% no TP2G-TP-EU (Figura 4). Isso significa que o estabelecimento e adaptação às condições edafoclimáticas foram satisfatórias, pois o clone AEC 144 apresentou taxa de sobrevivência bem inferior (32%). Esse valor baixo encontrado para o clone pode estar associado a vários fatores como: dificuldade de controle de formigas cortadeiras no entorno do experimento, visto que é próximo da área da Mata Ciliar; a ausência de rustificação, uma vez que as mudas vieram diretamente de Itamarandiba-MG; e a forma de instalação do plantio, de maneira intercalar. Precisamos lembrar que saúvas e quenquês representam uma das principais pragas florestais, causadoras de grandes prejuízos nas florestas plantadas. Seu ataque é danoso em qualquer estágio da cultura e, dependendo da intensidade, resulta na morte até de indivíduos adultos, além de deixá-los mais suscetíveis ao ataque de outros insetos ou abertura para entrada de patógenos. (FERREIRA, 1989; BANSHO, et al., 1994; SILVA, 2011; BURATTO et al., 2012). Frequentes ataques de formigas cortadeiras ocorreram nos primeiros anos, principalmente no clone AEC 144, com perdas de muitos indivíduos, sem reposição no campo, apresentando grande número de falhas.

Figura 4 – Sobrevivência (%) de *Eucalyptus urophylla* e clone AEC 144 ao longo dos cinco primeiros anos de idade em Selvíria - MS.

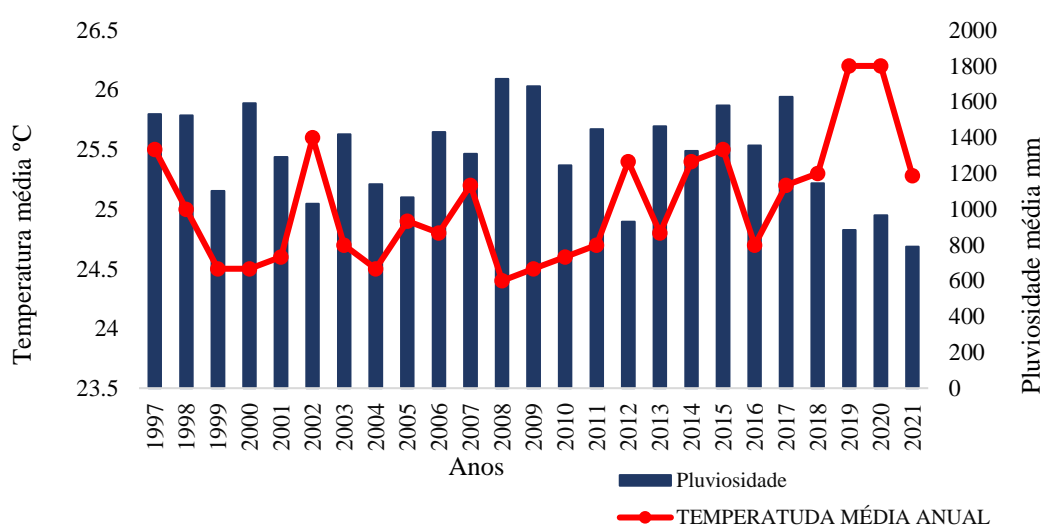


Fonte: Dados da pesquisa

Além da frequência dos ataques de formigas cortadeiras, o que segundo Ferreira (1989), causa sensibilidade nos indivíduos atacados, tornando-os mais suscetíveis às mudanças climáticas, houve variação no regime hídrico e temperatura média anual sendo que em 2016 e 2017, houve alta taxa de precipitação média anual (>1400 mm); em 2018, a precipitação foi superior a 1100 mm e nos três últimos anos (2019 a 2021), a pluviosidade foi abaixo do esperado. Até dezembro de 2021, quando da última avaliação a pluviosidade foi de 790,4 mm. Houve também elevação na temperatura média desde 2016, a qual deixou de ser inferior a 25 °C (Canal Clima da UNESP, 2021) (Figura 5). Mudanças climas têm um forte potencial de diminuir a produtividade da eucaliptocultura (BINKLEY et al., 2017).

Outro fator que pode ter influenciado a sobrevivência dos experimentos, é o espaçamento reduzido, uma vez que de acordo com Schneider et al. (2015). Quanto mais adensada o espaçamento de plantio, maior será a presença de falhas. Assim, Ferreira et al. (2014), ao utilizarem um clone *E. urophylla* × *E. grandis* em diferentes espaçamentos, constataram que a maior taxa de mortalidade ocorreu no menor espaçamento de (3,0 x 1,0 m), indicando que o uso de espaçamento adensado favorece o auto desbaste, devido à competição intraespecífica. Aliado a isso, tem-se ainda a diminuição da pluviosidade, ao aumento da temperatura e os ataques frequentes das formigas cortadeiras, como relatado anteriormente, que são fatores importantes para a ocorrência de falhas no experimento.

Figura 5 - Média anual de temperatura e precipitação na cidade de Selvíria-MS, no período de 1997 a 2021.



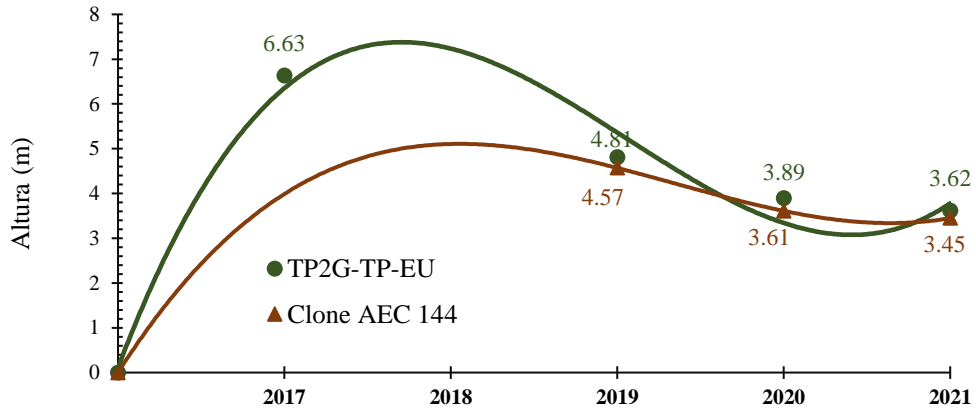
Fonte: Canal Clima da Unesp de Ilha Solteira, 2021.

As médias para altura de plantas para o TP2G-TP-EU, foi de 6,63 m em 2017; 14,42 m em 2019; 15,57m em 2020 e 18,08m em 2021. Para o diâmetro a altura do peito foram de 5,67 cm em 2017; 9,22 cm em 2018; 11,21 cm em 2019; 12,52 cm em 2020 e 13,57 cm em 2021. Em termos de incremento médio anual (IMA), esses valores representam 3,62m para altura (Figura 6) e 2,71 cm para DAP (Figura 7) aos cinco anos de idade. Para volume de madeira por hectare (Figura 8), o IMA foi de 48,14 m³.ha⁻¹.ano⁻¹, considerando a sobrevivência média de 64% aos 5 anos de idade.

Para o clone, o IMA para altura foi de 3,45 m, para o DAP de 2,70 cm e para o volume foi de 26,92 m³.ha⁻¹.ano⁻¹. A baixa produtividade do clone está associada à alta mortalidade, devida ao ataque de formigas cortadeiras. Também é preciso lembrar que o material clonal não faz parte do experimento, uma vez que ele está situado próximo e não funciona, exatamente, como tratamento controle, em comparação com o material do TP2G-TP-EU. O esperado, ao considerarmos que ele é um clone comercialmente utilizado, é que tivesse comportamento semelhante ou melhor ao material do TP2G, o que não ocorreu aqui.

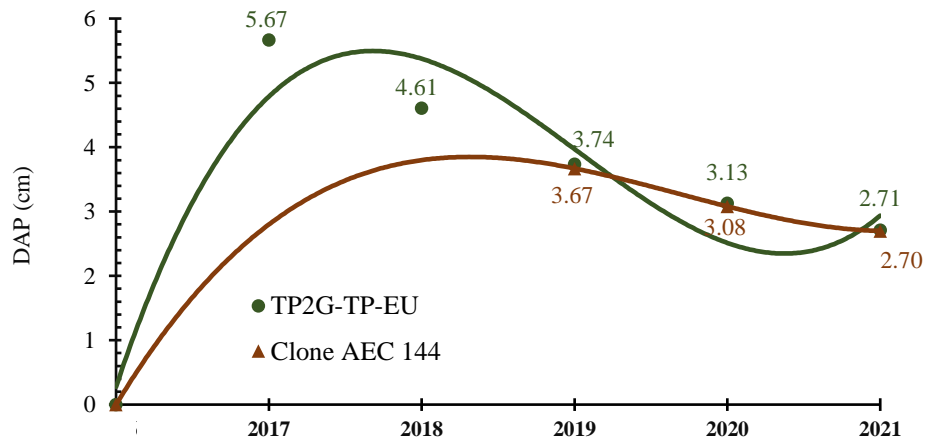
Comparando a produção volumétrica de madeira no teste de progênies com resultados obtidos por outros autores, observa-se que os valores são próximos ao presente estudo. Nesse sentido Silva et al. (2019) trabalhando com três clones de *Eucalyptus urophylla* x *Eucalyptus grandis*, na região de Chapadão do Sul, MS, em espaçamento de 3 m × 2 m aos 32 meses observaram IMA pra volume de madeira entre 41,33 m³.ha⁻¹.ano⁻¹ e 48,24 m³.ha⁻¹.ano⁻¹ e no espaçamento de 2 m × 2,5 m entre 44,32 m³.ha⁻¹.ano⁻¹ e 54,98 m³.ha⁻¹.ano⁻¹. Gazola (2014) ao avaliar o clone AEC 144, em Três Lagos (MS) sob diferentes adubações nitrogenadas, em espaçamento 2,5 m × 3 m encontrou IMA de 32,84 m³.ha⁻¹.ano⁻¹, em plantas sob o tratamento controle (ausência de adubação nitrogenada) e de 43,7 m³.ha⁻¹.ano⁻¹ para o melhor tratamento (140 kg.N.ha⁻¹). Esses valores mostram o potencial das progênies de segunda geração de *E. urophylla*, que apresentaram produtividades superiores ou próximas a esses, quando comparadas a clones de *Eucalyptus* no estado de Mato Grosso do Sul. Um detalhe importante é que a alta produtividade apresentada pelas progênies ocorreu em aplicação de adubo no experimento.

Figura 6 - Incremento Médio Anual (IMA, $m.an^{-1}$) para altura em progênies de segunda geração de *Eucalyptus urophylla* e o clone AEC 144 em Selvíria-MS, ao longo de cinco anos.



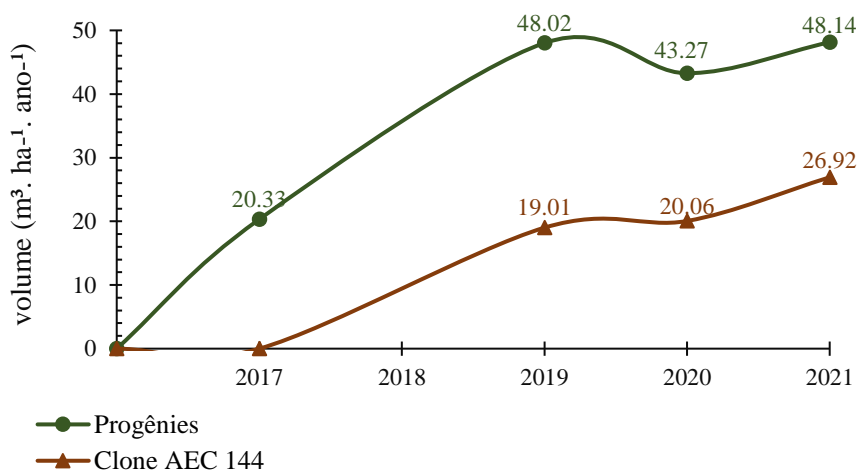
Fonte: Dados da pesquisa.

Figura 7 - Incremento Médio Anual (IMA, $m.an^{-1}$) para DAP em progênies de segunda geração de *Eucalyptus urophylla* e o clone AEC 144 em Selvíria-MS, ao longo de cinco anos.



Fonte: Dados da pesquisa.

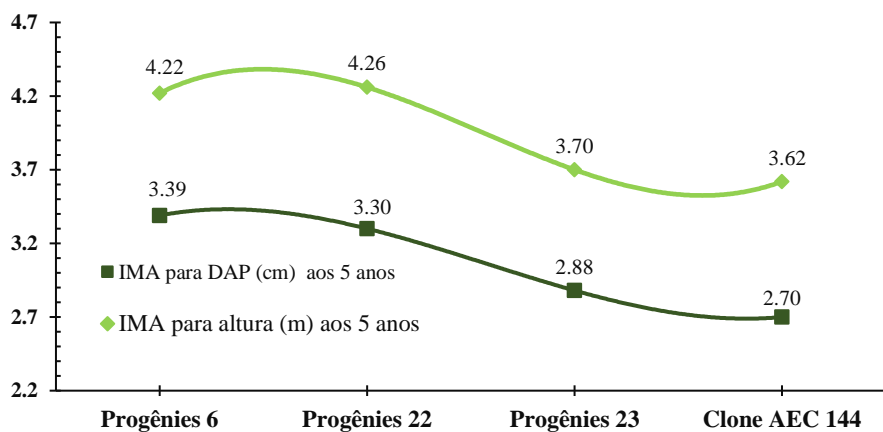
Figura 8 - Incremento médio anual (IMA, $\text{m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$) para volume de madeira em progênies de segunda geração e clone AEC 144 em Selvíria-MS, ao longo de cinco anos.



Fonte: dados da pesquisa.

A queda do IMA para DAP e altura, de um ano para o outro, pode estar associada ao espaçamento adensado de $3,0 \text{ m} \times 1,5 \text{ m}$ ($2222 \text{ árv. ha}^{-1}$), como explicado por Schneider et al. (2015). Inicialmente, os espaçamentos mais adensados promovem grande crescimento em altura, até o momento em que se inicia a competição entre indivíduos, o que diminui a produtividade posteriormente. Além disso, Kirongo et al. (2012) observaram que os espaçamentos influenciam a produtividade a partir de 36 meses após o plantio. Em testes clonais de *E. urophylla*, Pinto et al. (2014), aos três anos de idade, encontraram desempenhos semelhantes, com 15,34 m de altura (IMA = 5,11 m) e 11,09 cm de DAP (IMA = 3,70 cm). Para diferentes híbridos de *Eucalyptus* spp., em oito experimentos, Madhibha et al. (2013) encontraram médias de altura entre 7,1 m e 18,4 m (IMA = 5,26 m) e DAP entre 7,3 cm e 17,2 cm (IMA = 4,91 cm) aos 3,5 anos. Apesar dos IMA serem inferiores, os genótipos citados por esses autores encontram-se em ciclos mais avançados de melhoramento. Desta forma, o desempenho geral das progênies de segunda geração pode ser considerado promissor e, quando comparado ao clone AEC 144, apresentaram desempenho semelhante nas mesmas condições ambientais (Figura 9) sendo que as três melhores progênies (6, 22 e 23) apresentaram valores superiores, quando comparadas ao clone.

Figura 9 - Incremento Médio Anual (IMA) para Altura ($m.ano^{-1}$) e DAP ($cm.ano^{-1}$) das três melhores progênes de segunda geração de *Eucalyptus urophylla* comparado ao clone AEC 144 em Selvíria-MS, aos cinco anos de idade.



Fonte: Dados da pesquisa.

5.2. ANÁLISE DE *DEVIANCE* E PARÂMETROS GENÉTICOS

O teste LRT, para sobrevivência considerando o período entre 2017 e 2021 no teste de progênes de *E. urophylla* detectou valores significativos entre 1 e 5% de significância (Tabela 1). Isso é um indicativo de variação entre as progênes avaliadas, quanto à sobrevivência indicando a possibilidade de êxito na seleção.

Tabela 1 – Teste LRT e sobrevivência média (SOB, %) para progênes de segunda geração de *Eucalyptus urophylla*, instalado em Selvíria-MS, ao longo de cinco longos.

Parâmetro	2017	2018	2019	2020	2021
\hat{m}	0,80	0,76	0,70	0,64	0,64
LRT	0,71	9,44**	6,12*	9,67**	10,24**

LRT: teste da razão de verossimilhança entre progênes; ** significativo a 1% pelo teste de Qui-quadrado, com 1 grau de liberdade; * significativo a 5% pelo teste de Qui-quadrado, com 1 graus de liberdade.

Fonte: Dados da pesquisa do autor.

Com relação aos dados de altura e DAP (Tabela 2), a acurácia (\hat{r}_{aa}) foi elevada (> 70%) em todos os anos de avaliação. Para o coeficiente de variação experimental (CV_e), os valores encontrados variaram entre intermediários a altos (PIMENTEL GOMES; GARCIA, 2002). Isso significa que houve alta dispersão nos valores amostrais e pouca diferença para os anos de avaliação. Independentemente da variável analisada, quanto maior o valor da acurácia, mais precisa será a confiança quanto à avaliação dos indivíduos. Resende (2007) sugere que uma boa acurácia é $\geq 70\%$, o que indica boa relação entre o valor genético verdadeiro e o predito (BELTRAME et al., 2012).

O coeficiente de variação genética individual (CV_{gi}), responsável por expressar a porcentagem de variação genética aditiva existente dentro das progênes, variou de 12,37 a 21,13 % para altura e 14,97 a 19,95% para o DAP. O coeficiente de variação genética entre progênes (CV_{gp}) variou entre 6,18 e 10,56% para altura e de 7,49 e 9,97% para DAP. Coeficientes de variação genéticos acima de 7% são considerados bons (SEBBENN, 1998). Para o coeficiente de variação relativa (CV_r), que representa a relação entre os coeficientes de variação genética (CV_{gp}) e o coeficiente de variação ambiental (CV_e), quanto mais próxima de 1, maior será o controle genético do caráter; portanto, menor será a influência ambiental no fenótipo (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

O coeficiente de variação relativa variou entre 0,26 a 0,38 para altura; enquanto que, para o DAP, ficou entre 0,23 a 0,39.

Houve magnitude alta da variância genética individual e de progênes para DAP, o que sugere a possibilidade de ganhos por meio da seleção via caracteres de crescimento.

Ainda, as herdabilidades individuais (\hat{h}_a^2), responsável por quantificar a fração da variação fenotípica de natureza herdável, explorada na seleção (MORAES et al., 2015) ficaram entre moderadas para altura e de moderadas a baixa para DAP (Tabela 2) com base na classificação de Resende (2015): $0,01 < \hat{h}_a^2 < 0,15$ (baixa), $0,15 < \hat{h}_a^2 < 0,50$ (moderada), $0,51 < \hat{h}_a^2 < 0,80$ (alta) e $0,81 < \hat{h}_a^2 < 0,99$ (muito alta). Mesmo assim, os valores foram significativos, o que indica diferenças genéticas entre indivíduos. De acordo com Macedo et al. (2016), esses resultados podem ter origem em cruzamentos correlacionados, com certa taxa de endogamia, justificando assim, os baixos valores de herdabilidade individual.

Nestes casos, a seleção de indivíduos deve ser avaliada com cautela, pois não remete a grandes ganhos de seleção, ou seja, a seleção massal, com base no fenótipo não é indicada, mesmo ao compararmos com valores da literatura (HODGE; DVORAK, 2015), em que foram encontrados $\hat{h}_a^2 = 0,17$ para altura e $\hat{h}_a^2 = 0,15$ para DAP. Henriques et al. (2016), encontraram $\hat{h}_a^2 = 0,19$ para DAP.

A herdabilidade aditiva dentro de progênie (\hat{h}_{ad}^2) apresentou uma amplitude de variação relativamente baixa (Tabela 2). O intervalo de variação foi similar a (\hat{h}_a^2) e inferior a (\hat{h}_m^2). Como citado por Vencovsky e Barriga (1992), as herdabilidades em nível de média de progênes podem ser superiores às individuais, porque os efeitos ambientais são minimizados pelo número de repetições e de plantas por parcela. Portanto, a seleção pode ser mais eficiente com base nas médias de progênes do que em plantas individuais, indicando que a seleção com base nas

médias das famílias deve ser mais eficiente que a seleção dentro de famílias, quando considerada a mesma intensidade de seleção.

Tabela 2 - Estimativas e parâmetros genéticos em um teste de progênies de segunda geração de *Eucalyptus urophylla* para altura (ALT, m) e diâmetro à altura do peito (DAP, cm) nos cinco primeiros anos de idade, instalado em Selvíria-MS.

Parâmetro	2017		2018	2019		2020		2021	
	ALT	DAP	DAP	ALT	DAP	ALT	DAP	ALT	DAP
\hat{h}_a^2	0,32±0,11	0,33±0,12	0,21±0,09	0,22±0,10	0,16±0,08	0,16±0,09	0,13±0,08	0,20±0,10	0,13±0,08
\hat{h}_m^2	0,81	0,82	0,73	0,74	0,67	0,68	0,64	0,73	0,62
\hat{r}_{aa}	0,90	0,90	0,85	0,86	0,82	0,82	0,80	0,85	0,78
\hat{h}_{ad}^2	0,22	0,23	0,13	0,14	0,10	0,10	0,08	0,13	0,08
CV_{gi} (%)	21,13	19,95	18,91	15,14	16,59	12,37	14,97	14,73	15,24
CV_{gp} (%)	10,56	9,97	9,45	7,57	8,28	6,18	7,49	7,36	7,62
CV_e (%)	27,44	25,47	31,03	24,32	31,15	23,09	30,83	24,40	32,40
CV_r (%)	0,38	0,39	0,30	0,31	0,26	0,26	0,24	0,30	0,23
LRT	31,73**	27,39**	13,67**	14,43**	8,26**	6,88**	5,53*	9,28**	4,41*
\hat{m}	6,63	5,67	9,22	14,54	11,21	15,57	12,52	18,08	13,57

Nota: \hat{h}_a^2 herdabilidade individual no sentido restrito; \hat{h}_m^2 herdabilidade média entre progênies; \hat{r}_{aa} acurácia; \hat{h}_{ad}^2 herdabilidade dentro de progênies; CV_{gi} Coeficiente de variação genética aditiva; CV_{gp} Coeficiente de variação genética entre progênies; CV_e Coeficiente de variação experimental; CV_r Coeficiente de variação relativa; LRT teste da razão de verossimilhança entre progênies; ** significativo a 1% pelo teste de Qui-quadrado, com 1 grau de liberdade; * significativo a 5% pelo teste de Qui-quadrado, com 1 grau de liberdade.

Fonte: Dados da pesquisa do autor.

Com relação à velocidade acústica do som (VAS) e módulo de elasticidade (MOEd), as estimativas dos parâmetros genéticos estão na Tabela 3. Houve significância, com relação ao LRT. Santos et al. (2021), ao avaliarem progênies de Baru (*Dipteryx alata* Vogel, Fabaceae) também encontraram valores semelhantes. Também houve altas acurácias e baixa dispersão com relação ao coeficiente de variação experimental, coeficientes de variação genética de progênies e de indivíduos abaixo dos 10%. (2,26 a 8,73%).

O coeficiente de variação relativa foi de 0,27 para o VAS; enquanto que, para o MOEd, foi de 0,28. Esses valores podem indicar que a variação ambiental pode ter sido maior do que a genética.

Para as variáveis VAS e MOEd (Tabela 3) as magnitudes das herdabilidades foram moderadas, que indicam ganhos genéticos moderados para a seleção individual, resultados próximos aos de Blackburn (2014), que trabalhou com *E. nitens*, aos 19 anos de idade, em quatro ensaios, com herdabilidade individual de (\hat{h}_a^2) de: $0,16 \pm 0,08$ a $0,74 \pm 0,11$ (Meunna) e $0,39 \pm 0,09$ (Florentino).

Tabela 3 – Estimativas e parâmetros genéticos de progênies de segunda geração de *Eucalyptus urophylla* para as variáveis velocidade acústica do som (VAS, m/s) e módulo de elasticidade da madeira (MOEd, MPa) aos cinco anos de idade, instalado em Selvíria-MS.

Parâmetros	VAS	MOEd (MPa)
\hat{h}_a^2	$0,17 \pm 0,10$	$0,19 \pm 0,10$
\hat{h}_m^2	0,69	0,71
\hat{r}_{aa}	0,83	0,84
\hat{h}_{ad}^2	0,11	0,12
CV_{gi}	4,53	8,73
CV_{gp}	2,26	4,36
CV_e	8,20	15,14
CV_r	0,27	0,28
LRT	4,66**	5,16**
\hat{m}	3916	8,49

Nota: \hat{h}_a^2 herdabilidade individual no sentido restrito; \hat{h}_m^2 herdabilidade média entre progênies; \hat{r}_{aa} acurácia; \hat{h}_{ad}^2 herdabilidade dentro de progênies; CV_{gi} Coeficiente de variação genética aditiva; CV_{gp} Coeficiente de variação genético entre progênies; CV_e Coeficiente de variação experimental; CV_r Coeficiente de variação relativa; LRT teste da razão de verossimilhança entre progênies; ** significativo a 1% pelo teste de Qui-quadrado, com 1 grau de liberdade.

Fonte: dados da pesquisa.

Gonçalves et al. (2009) verificaram que o módulo de elasticidade da madeira em *E. urophylla* x *E. grandis* (MOEd) não é influenciado pelo espaçamento e nem pelos desbastes; então, pensando em ganhos a curto prazo, a clonagem dos melhores indivíduos seria uma boa opção, uma vez que essa técnica tem se mostrado eficaz desta forma (HENRIQUES et al., 2018). Para atender a demanda da região Leste do Mato Grosso do Sul, quanto à produção de madeira com maior elasticidade, foram selecionados os 10 melhores indivíduos, cuja média de MOEd apresentada foi de 11,15 MPa, o que corresponde a um aumento de 31,3% (MOEd) quando comparada a média geral de 8,49 MPa (Tabela 4).

Tabela 4 - Seleção dos 10 melhores indivíduos para clonagem para a produção de madeira voltado a serrarias, em um teste de progênies de segunda geração de *Eucalyptus urophylla*, instalado em Selvíria-MS, aos 5 anos de idade

Posição	Progênies	Bloco	MOEd (MPa)	(g)	DAP	Vol.ha ⁻¹ .ano
1	2	1	11,78	1,58	17,19	63,70
2	11	4	10,73	1,48	21,96	128,73
3	11	1	11,02	1,46	13,31	36,21
4	10	13	11,85	1,45	19,10	100,64
5	5	5	11,36	1,39	13,75	38,64
6	10	17	11,19	1,22	17,51	87,32
7	10	7	10,73	1,22	16,87	76,61
8	18	7	11,02	1,16	14,32	38,94
9	11	22	10,86	1,16	11,78	31,93
10	22	14	11,02	1,07	14,90	53,56
\hat{m}	-	-	11,15	-	15,99	65,62

Nota: MOEd: Módulo de elasticidade da madeira; MPa: unidade de media em Mega Pascal; g seleção com base no valor genotípico.

Fonte: dados da pesquisa.

Silva (2002) observou aumento do módulo de elasticidade da madeira em *Eucalyptus grandis* (aos 10 anos, MOEd = 10,13 MPa; 20 anos, MOEd = 14,91 MPa). Aos cinco anos, as progênies de *Eucalyptus urophylla* apresentaram valores satisfatórios para MOEd, próximos aos encontrados por Gonçalves et al. (2009) para *E. urophylla* x *E. grandis* aos 70 meses, entre 9,65 e 9,78 MPa, e em Müller et al. (2014), para *E. benthamii* aos seis anos (MOEd = 9,75 MPa). O esperado seria que esses valores aumentem com o passar do tempo, o que permitiria a seleção para a clonagem dos melhores indivíduos, e o fornecimento de madeiras com maior elasticidade, em menor tempo.

Comparando o módulo de elasticidade dos 11 melhores indivíduos para clonagem, com outras espécies consideradas produtoras de madeiras nobres, apresentada por Ferro et al. (2015), os valores foram próximos quando comparados a *Cedrella* sp. (10,83 MOEd MPa), *Erisma* sp. (13,23 MOEd MPa) indicando potencial desses clones para a produção madeireira voltada à serrarias.

5.3. GANHO COM SELEÇÃO POR DIFERENTES ESTRATÉGIAS

A estratégia de seleção S1 corresponde à seleção de 30% do total das progênes sobreviventes no experimento (115 melhores indivíduos, sem considerar estrutura de progênes), e teve as maiores expectativas de ganho (6,49%). Embora tenha apresentado alto ganho genético, a diversidade genética foi de média magnitude (0,43) (Tabela 5), o que indica que algumas progênes contribuíram com mais indivíduos do que outras. O tamanho efetivo populacional (N_e), que corresponde ao tamanho da amostra que irá garantir a representatividade genética da população reprodutiva foi de 30,56 indivíduos.

Já para a estratégia de seleção S2 (entre e dentro de progênes), o ganho esperado com seleção, diversidade genética e tamanho efetivo populacional foram razoáveis (4,87% e 0,52, 36,48 indivíduos, respectivamente). Enquanto isso, a estratégia de seleção S3 (dentro de progênes), manteve a diversidade genética em 100%, o tamanho efetivo populacional foi de 57, 50, mas com menor ganho esperado de seleção (2,50%) entre as estratégias avaliadas.

Em um programa de melhoramento, espera-se um planejamento de maneira a manter os ganhos genéticos a longo prazo, sendo necessária a conservação de uma base genética na população base, a fim de manter o limite seletivo por várias gerações (ANDREJOW, 2018). Entender a relação e a manutenção do tamanho efetivo populacional é de fundamental importância para o planejamento de estratégias tanto para o melhoramento quanto a conservação (CORNACINI et al., 2017; RESENDE. 2015).

O tamanho efetivo populacional considerado adequado por Pereira e Vencovsky (1988), para obtenção em ganho de seleção, é de baixa magnitude, entre 30 a 60 indivíduos, o que comprovou que, nas três estratégias de seleção, o tamanho efetivo pode ser considerado adequado, a fim de manter uma boa base genética.

A seleção S1 foi considerada a mais adequada para os avanços do ciclo de seleção, por atingir os maiores ganhos genéticos. Isso só foi possível de se indicar, uma vez que a população base do TP2G-TP-EU se encontra estabelecida no mesmo local, responsável por conservar a diversidade genética, com o objetivo de sustentar o programa de melhoramento genético.

Tabela 5 - Estratégias de seleção S1, S2 e S3 dos melhores indivíduos ($k_f = \forall$), em um teste de progênies de segunda geração de *Eucalyptus urophylla* para o caráter DAP (diâmetro a altura do peito) aos cinco anos, em Selvíria-MS. S1 = seleção de 30% dos melhores indivíduos (ou 115 melhores); S2 = seleção entre e dentro de progênies; S3 = seleção dentro das progênies.

Seleção praticada em 2021					
Seleção (S1)		Seleção (S2)		Seleção (S3)	
Progênies	k_f	Progênies	k_f	Progênies	k_f
2	3	6	10	1	5
3	2	22	10	2	5
5	2	12	10	3	5
6	19	23	10	4	5
7	2	21	10	5	5
9	13	9	10	6	5
10	4	14	10	7	5
11	2	10	9	8	5
12	10	5	9	9	5
13	1	16	9	-	-
14	9	17	9	-	-
16	4	11	9	-	-
17	5	-	-	20	5
21	8	-	-	21	5
22	18	-	-	22	5
23	13	-	-	23	5
n	115	n	115	n	115
N_{fo}	23	N_{fo}	23	N_{fo}	23
N_f	16	N_f	12	N_f	23
\bar{k}_f	7,18	\bar{k}_f	9,58	\bar{k}_f	5
$\hat{\sigma}_{kf}^2$	34,96	$\hat{\sigma}_{kf}^2$	0,26	$\hat{\sigma}_{kf}^2$	0
N_e	30,56	N_e	36,48	N_e	57,50
\hat{m} (cm)	13,57	\hat{m} (cm)	13,57	\hat{m} (cm)	13,57
\hat{a} (cm)	0,94	\hat{a} (cm)	0,71	\hat{a} (cm)	0,36
\hat{D}	0,43	\hat{D}	0,52	\hat{D}	1
\hat{G}_s (%) 2021	6,49	\hat{G}_s (%) 2021	4,87	\hat{G}_s (%) 2021	2,50

Nota: Número de indivíduos selecionados (n); nº original de famílias (N_{fo}); nº de famílias selecionadas (N_f); nº médio de indivíduos selecionados por família (\bar{k}_f); variância do nº de indivíduos selecionados por família ($\hat{\sigma}_{kf}^2$); tamanho efetivo populacional (N_e); média do experimento para o DAP (\hat{m}); índice multi-efeitos (\hat{a}); ganho de seleção (\hat{G}_s); diversidade genética (\hat{D}).

Fonte: Dados da pesquisa do autor.

A influência do ganho com seleção aqui teve comportamento semelhante às estratégias de Azevedo et al. (2015) e Engel et al. (2016): a seleção direta dos melhores indivíduos, por classificação (*ranking*) usando BLUPs, mostrou superioridade em relação à S2 (entre e dentro). Enquanto a seleção direta maximiza os ganhos, a seleção entre e dentro pode ser uma alternativa prática, à fim de proporcionar ganhos genéticos, sem restringir a base genética da população avaliada. Os maiores ganhos genéticos são obtidos ao praticar menor intensidade de seleção,

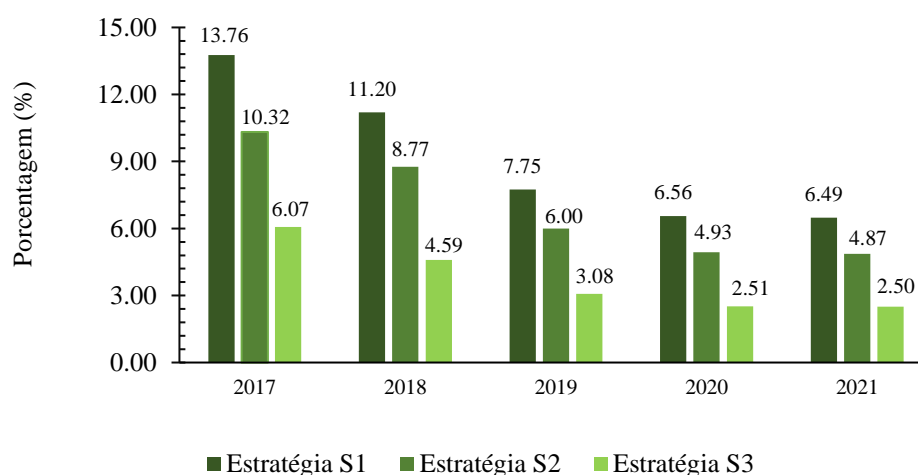
pois diminui o número de indivíduos selecionados e eleva a média da população selecionada. Neste esquema de seleção, os indivíduos selecionados são aqueles com os melhores genótipos, independentemente da família (ANDRADE et al., 2018).

Na seleção entre e dentro, as melhores famílias são selecionadas primeiro, e depois, os melhores indivíduos dentro dessas famílias, o que elimina um bom genótipo, em alguns casos, seja por não ter sido a melhor árvore da família, ou à eliminação da família inteira, com seleção de um indivíduo com genótipo inferior, escolhido em função de sua família (ROSADO et al., 2009).

Outro detalhe a se considerar é que a simulação de seleção nos anos anteriores não comprometeu o ganho esperado nos anos seguintes (Figura 10), ao identificar precocemente os melhores genótipos, como indicado por Moura Queiroz et al. (2019). Isto confirma a viabilidade da seleção precoce em idades juvenis. Além disso, Pinto et al. (2014) observaram que a predição do ganho via seleção precoce também proporcionou resposta similar à predição de ganhos diretos para a mesma variável.

Engel et al. (2016), ao avaliarem diferentes estratégias de seleção em *Eucalyptus macarthurii*, observaram a possibilidade da prática da seleção precoce a partir do segundo ano de idade, uma vez que a seleção não comprometeu os ganhos futuros, o que garante alta confiabilidade na seleção.

Figura 10 – Estimativas de ganho por simulação de seleção em *Eucalyptus urophylla* sob diferentes estratégias de seleção ao longo de cinco anos.



Fonte: Dados da pesquisa.

O ganho de seleção foi perdido ao longo do tempo, devido ao diferencial de seleção não ter aumentado tanto ao longo dos anos, quanto a média geral. Pode-se observar que o incremento de cada seleção foi próximo ao longo dos anos, como por exemplo, o ganho da estratégia S1 em 2018 foi de 11,20% sob a média geral de 9,22 cm do DAP presente no ano, com um aumento de 1,03 cm de incremento, quando comparado a seleção S1 de 2021 6,49% para o DAP de 13,57 cm, com um incremento de 0,88 cm. Isso é válido também para as estratégias de seleção S2 e S3.

5.4. ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÃO GENOTÍPICA

As estimativas de correlação genotípica entre as duas variáveis analisadas nas medições até os cinco anos apresentaram valores positivos e de alta magnitude, dentro da mesma idade, além de haver correlação em idades diferentes, com magnitudes acima de 0,63, ou seja, a seleção praticada para o DAP causa variação expressiva em ALT (Tabela 6). Essa alta correlação entre os caracteres de crescimento, em diferentes anos de medições era esperado, tendo em vista que muitas pesquisas evidenciaram essa associação genética em espécies florestais (PINTO et al., 2014; MORAES et al., 2015; PUPIN et al., 2017; ANDRADE et al., 2018). Desta forma, a seleção ocorre no sentido desejado do caráter correlacionado, com ganhos indiretos com a seleção, uma vez que o objetivo era o aumento no desempenho de progênies de segunda geração para ambos os caracteres avaliados.

Tabela 6 - Estimativas de correlação genética entre os caracteres de *Eucalyptus urophylla* com um, dois, três, quatro e cinco anos de idade. DAP: Diâmetro a altura do peito (cm), ALT: Altura total (m) em Selvíria-MS.

		2017	2018	2019		2020		2021	
		DAP	DAP	ALT	DAP	ALT	DAP	ALT	DAP
2017	ALT	0,89	0,86	0,85	0,88	0,79	0,80	0,78	0,78
	DAP	-	0,89	0,73	0,84	0,63	0,75	0,68	0,75
2018	DAP	-	-	0,84	0,94	0,73	0,84	0,74	0,81
2019	ALT	-	-	-	0,92	0,93	0,85	0,91	0,84
	DAP	-	-	-	-	0,86	0,95	0,88	0,94
2020	ALT	-	-	-	-	-	0,88	0,96	0,88
	DAP	-	-	-	-	-	-	0,89	0,99
2021	ALT	-	-	-	-	-	-	-	0,90

Fonte: Dados da pesquisa do autor.

A alta correlação para DAP e ALT pode ser ocasionada por pleiotropia no controle genético das características (OLIVEIRA et al., 2020), ou pelo efeito de ligação gênica entre os

locos (BATISTA et al., 2012). Portanto, todos os genes que controlam o crescimento e o desenvolvimento das árvores, como aqueles que influenciam a absorção de nutrientes, a fotossíntese e a respiração, influenciaram a altura e o DAP das árvores.

5.5. SELEÇÃO PRECOCE

A correlação genotípica (\hat{r}_{med}) entre as medições de 2017 a 2021 foi alta (Tabela 7), o que sugere forte relação na seleção de 2021, quando comparada aos outros anos de avaliação. Sendo assim, as melhores progênes de 2017 mantiveram seu bom desempenho e, conseqüentemente, seu posicionamento nos anos seguintes. Outros resultados foram observados por Dias et al. (2016), em que maiores correlações ocorreram no terceiro e quarto ano e em Lai et al. (2014), que verificaram maior eficácia para a prática da seleção precoce aos cinco anos de idade para o DAP. Indicativo favorável à seleção precoce, uma vez que se espera que esse comportamento seja mantido até a idade de corte dos indivíduos, como em Coutinho et al. (2019): uma alta correlação das melhores progênes em anos diferentes de seleção, conseguiu selecionar os melhores indivíduos aos oito anos, e na idade de corte (aos quinze anos), em que as melhores progênes mantiveram seu bom desempenho, ao mostrar a eficácia da seleção em idades mais jovens.

Tabela 7 – Ranqueamento das progênies de *Eucalyptus urophylla* com base no DAP, entre os anos de 2017 e 2021, em Selvíria-MS.

Seleção de Genótipos para DAP (cm)											
Todas as idades		2017		2018		2019		2020		2021	
Ordem	Genótipo	Ordem	Genótipo	Ordem	Genótipo	Ordem	Genótipo	Ordem	Genótipo	Ordem	Genótipo
1	6	1	6	1	6	1	6	1	6	1	6
2	22	2	22	2	22	2	22	2	22	2	22
3	23	3	11	3	23	3	23	3	23	3	23
4	11	4	23	4	11	4	11	4	11	4	11
5	7	5	7	5	7	5	7	5	7	5	2
6	2	6	2	6	2	6	2	6	2	6	7
7	13	7	13	7	13	7	13	7	13	7	13
8	9	8	9	8	9	8	9	8	9	8	9
9	14	9	14	9	14	9	14	9	14	9	14
10	16	10	16	10	16	10	16	10	16	10	16
11	21	11	8	11	21	11	21	11	21	11	21
12	8	12	21	12	8	12	8	12	8	12	8
13	4	13	4	13	4	13	4	13	4	13	4
14	19	14	19	14	19	14	19	14	19	14	19
15	15	15	15	15	15	15	15	15	15	15	15
16	17	16	5	16	17	16	17	16	17	16	17
17	5	17	17	17	12	17	12	17	12	17	12
18	12	18	10	18	5	18	5	18	5	18	5
19	10	19	12	19	10	19	10	19	10	19	10
20	3	20	3	20	3	20	3	20	3	20	3
21	18	21	18	21	18	21	18	21	18	21	18
22	20	22	20	22	20	22	20	22	20	22	20
23	1	23	1	23	1	23	1	23	1	23	1
\hat{r}_{med}	0,98										

Fonte: Dados da pesquisa do autor.

Em 2017, ao considerarmos a seleção dos melhores indivíduos via S1, dos 115 selecionados, 56 (ou 45%) permaneceram na seleção em 2021. Essa porcentagem de indivíduos aumentou com o passar dos anos, indicativo de que a seleção pode ter sido influenciada, majoritariamente, pelo efeito materno, perdido a partir do terceiro ano (Tabela 8).

Com relação ao valor genético aditivo, a correlação de Spearman mostrou que, para os cinco anos de avaliação, as estimativas de correlações variaram de moderadas a altas (2017/2021 = 0,59; 2018/2021 = 0,81; 2019/2021 = 0,82; 2020/2021 = 0,97) (Tabela 8). Mas, ao considerarmos os 20 primeiros indivíduos, em todos os anos, os resultados foram variáveis (2017/2021 = 0,41; 2018/2021 = 0,73; 2019/2021 = 0,75; 2020/2021 = 0,96). Isso mostra que as primeiras posições podem ser mais imprecisas e evidencia a alteração das posições, com alta correlação mantida a partir do segundo ano de avaliação. No entanto, essa alteração só aconteceu entre os indivíduos, as progênies foram mantidas.

Assim, para a formação de um pomar de sementes de polinização aberta, a estratégia S1 parece ser promissora, pois além do maior ganho de seleção, a correlação do desempenho dos indivíduos e das progênies nas medições foi consistente, o que indica boas perspectivas para a seleção precoce, a partir do segundo ano. Pinto et al. (2014) mostraram que a seleção precoce foi eficiente para clones de *Eucalyptus urophylla* correlacionadas entre três e seis anos, garantido por altas correlações das variáveis em anos diferentes, o que culminou em alta coincidência de seleção nas idades distintas. O mesmo foi observado por Moraes et al. (2014), com diferentes espécies de *Eucalyptus*, em que as correlações foram altas e significativas, indicando a viabilidade da seleção precoce. Henriques et al. (2016) indicaram a prática da seleção precoce em testes de progênies de *Eucalyptus urophylla* para os caracteres de crescimento e densidade de lenho a partir do terceiro ano de idade.

Tabela 8 - Classificação dos melhores indivíduos com base na seleção S1 para diâmetro a altura do peito de *Eucalyptus urophylla* de 2017 a 2021, em Selvíria-MS.

2017			2018			2019			2020			2021		
Posição	Fam.	Bloco	Posição	Fam.	Bloco	Posição	Fam.	Bloco	Posição	Fam.	Bloco	Posição	Fam.	Bloco
1	6	5	1	6	1	1	6	1	1	6	1	1	6	1
2	6	1	2	6	15	2	22	10	2	6	15	2	6	15
3	6	27	3	6	5	3	22	18	3	22	10	3	22	10
4	9	20	4	6	14	4	22	8	4	6	14	4	6	4
5	9	28	5	6	27	5	6	14	5	6	4	5	6	5
6	6	15	6	6	4	6	6	15	6	6	5	6	6	14
7	9	29	7	6	19	7	22	13	7	6	19	7	6	13
8	9	11	8	6	13	8	6	4	8	22	18	8	6	19
9	6	14	9	22	8	9	22	3	9	6	13	9	22	18
10	6	6	10	6	6	10	22	14	10	6	12	10	6	12
11	6	4	11	22	18	11	6	6	11	6	6	11	22	13
12	22	18	12	6	3	12	6	19	12	6	27	12	6	6
13	9	27	13	6	12	13	6	27	13	22	13	13	6	27
14	9	26	14	6	23	14	6	5	14	6	3	14	22	8
15	22	8	15	22	10	15	22	5	15	22	8	15	22	3
16	6	21	16	22	21	16	22	21	16	22	3	16	22	25
17	9	16	17	6	7	17	22	25	17	22	14	17	6	3
18	6	12	18	6	16	18	22	24	18	22	6	18	22	14
19	9	22	19	22	14	19	6	13	19	6	20	19	22	6
20	6	3	20	6	21	20	22	6	20	22	25	20	22	9
			2017 - 2021			2018 - 2021			2019 - 2021			2020 - 2021		
\hat{r}_s	20 ind.		0,41			0,73			0,75			0,96		
\hat{r}_s	sel. 30%		0,59			0,81			0,82			0,97		
porcentagem de coincidência			48%			81%			86%			95%		

Nota: Coeficiente de correlação de Spearman (\hat{r}_s), indivíduos (ind), seleção de 30% dos indivíduos (sel. 30%)

Fonte: Dados da pesquisa do autor.

5.6. SELEÇÃO DE GENITORES PARA DAP

Não houve diferença significativa entre machos e fêmeas, e também para a CGC com base no LRT (Tabela 9). A herdabilidade individual no sentido restrito dos machos (\hat{h}_m^2) foi inferior, quando comparada às fêmeas (\hat{h}_f^2) (Tabela 9), com maiores ganhos genéticos oriundo das mães (RESENDE, 2002), sugerindo que os ganhos poderão ser maiores pela seleção das mães, consideradas assim, os genitores mais promissores para melhorias no DAP.

O coeficiente de variação genotípica entre progênes (CV_{gp}) apresentou magnitude de 18%. O coeficiente da capacidade específica de combinação (\hat{c}_{cec}^2), segundo Resende (2007), é devido ao efeito de dominância e foi relativamente baixo (0,13). O grau médio de dominância (\hat{d}), que sugere dominância parcial, foi elevado (0,80), conforme Resende (2002), indicando que há locos em heterozigose e que estes contribuem consideravelmente para maior capacidade de resposta sobre as variações ambientais. Além disso, conforme Vencovsky (1969), esses parâmetros auxiliam os melhoristas na tomada de decisões sobre os métodos de seleção mais adequados a serem adotados.

Tabela 9- Parâmetros genéticos de um teste de progênes de segunda geração, de polinização livre de *Eucalyptus urophylla*, avaliado como polinização controlada, em Selvíria-MS.

PARÂMETROS GENÉTICOS	DAP (cm)
\hat{h}_m^2	0,04 ± 0,05
\hat{h}_f^2	0,21
\hat{c}_{cec}^2	0,13
\hat{h}_a^2	0,12
\hat{d}	0,80
CV_{gp} (%)	18,0
LRT (♂)	0,02 ^{ns}
LRT (♀)	3,97 ^{ns}
LRT (CEC)	1,45 ^{ns}

Nota: \hat{h}_m^2 : herdabilidade individual no sentido restrito na população de machos; \hat{h}_f^2 : herdabilidade individual no sentido restrito na população de fêmeas; \hat{c}_{cec}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação; \hat{h}_a^2 : herdabilidade individual no sentido restrito; \hat{d} : grau médio de dominância; CV_{gp} : coeficiente de variação genotípica entre as progênes; LRT: teste da razão de verossimilhança; (ns): não significativo a 1% pelo teste de Qui-quadrado, com 1 grau de liberdade.

Fonte: Dados da pesquisa do autor.

5.6.1. Capacidade geral de combinação

Na seleção de genitores, foram considerados aqueles com valores positivos e alta magnitude para CGC. A partir do ranqueamento, foram selecionados os 10 melhores indivíduos (Tabela 10). A CGC, conforme Teixeira et al. (2013), é decorrente do desvio médio de desempenho em relação à hibridação, e ao apresentar dominância, indica a predominância dos efeitos aditivos no controle do caráter. O ganho de seleção aqui, para as 10 primeiras fêmeas foi 0,59 cm, o equivalente a um aumento de 4,36%, em que a melhor foi a matriz 55. Já para os machos, 0,12 cm, 0,90% de aumento, com o melhor genitor masculino o 152 (Tabela 10).

Tabela 10 - Dez maiores valores genotípicos (g) para DAP na capacidade geral de combinação (CGC) para machos e fêmeas em um pomar de polinização aberta de *Eucalyptus urophylla* em Selvíria-MS.

Seleção para DAP					
Posição	Fêmea	g	Macho	g	
1	Matriz 55	1,42	Genitor 152	0,21	
2	Matriz 21	1,27	Genitor 177	0,16	
3	Matriz 101	0,91	Genitor 130	0,14	
4	Matriz 101	0,87	Genitor 64	0,13	
5	Matriz 101	0,37	Genitor 80	0,10	
6	Matriz 2612	0,35	Genitor 122	0,09	
7	Matriz 45	0,26	Genitor 31	0,09	
8	Matriz 236	0,21	Genitor 182	0,09	
9	Matriz 95	0,11	Genitor 49	0,09	
10	Matriz 155	0,09	Genitor 100	0,08	

Nota: Matriz: árvores matrizes para coleta de sementes, Genitor: Árvore masculina doadora de pólen.
Fonte: Dados da pesquisa do autor.

5.6.2. Capacidade específica de combinação

O ganho de seleção para CEC, considerando os 10 primeiros cruzamentos, foi de 1,47 cm, com aumento de 10,87%, entre a fêmea 21 e o macho 177, árvore 299 (Tabela 11), com DAP médio de 17,68 cm.

Tabela 11 - Dez maiores valores genotípicos (g) para DAP na capacidade específica de combinação (CEC) entre árvores matrizes de um pomar de sementes por mudas de *Eucalyptus urophylla* e populações de polinização aberta, em Selvíria-MS.

Seleção para DAP			
Posição	Fêmea	Macho	g
1	Matriz 21	Genitor 177, árvore 299	2,21
2	Matriz 65	Genitor 10, árvore 101	1,86
3	Matriz 101	Genitor 64, árvore 70	1,72
4	Matriz 101	Genitor 31, árvore 13	1,46
5	Matriz 10	Genitor 29, árvore 11	1,42
6	Matriz 155	Genitor 152, árvore 226	1,28
7	Matriz 1	Genitor 5, árvore 45	1,22
8	Matriz 95	Genitor 130, árvore 187	1,21
9	Matriz 55	Genitor 188, árvore 332	1,17
10	Matriz 55	Genitor 199, árvore 356	1,16

Nota: Matriz: árvores matrizes para coleta de sementes, Genitor: Árvore masculina doadora de pólen, Árvore: número do indivíduo no pomar de sementes por Muda.

Fonte: Dados da pesquisa do autor.

Segundo Teixeira et al. (2013) e Rodrigues et al. (2016), altas estimativas para CEC são importantes em cruzamentos superiores, que permitem obter maior variabilidade nas gerações segregantes, estimadas pelo desvio de comportamento em relação ao que seria esperado, com base na CGC dos genitores, ao avaliar as contribuições dos efeitos não aditivos, de interesse ao melhorista as combinações híbridas, com elevado CEC, envolvendo pelo menos um genitor CGC favorável. Para os dez cruzamentos selecionados para o DAP, sete envolveram pelo menos um genitor com alta CGC (Tabela 10).

5.6.3. Valor genotípico de cruzamentos

Foram selecionados os dez melhores indivíduos, com base no valor genotípico de cruzamento (V_{gc}) (Tabela 12), que engloba o efeito aditivo da fêmea, do macho e a CEC. 50% dos cruzamentos foram coincidentes, com base na CEC (Tabela 11). Pode-se notar a superioridade da matriz 55, que foi esteve em 60% dos cruzamentos, nas dez primeiras posições (Tabela 13). A superioridade dos dez melhores cruzamentos para DAP, em relação à média geral (13,57) foi de 6,81 cm superior, com média de 20,38 cm. O cruzamento que apresentou maior valor genotípico e, por tanto, bom desempenho foi entre os genitores Matriz 21, Genitor 177, árvore 299 e Matriz 21, Genitor 188, árvore 332 (Tabela 12).

Tabela 12 - Dez maiores valores genotípicos de cruzamento (Vgc) entre árvores matrizes de um pomar de sementes por mudas de *Eucalyptus urophylla* e populações de polinização aberta, em Selvíria-MS.

Seleção para DAP				
Posição	Fêmea	Macho	DAP	Vgc
1	Matriz 21	Genitor 177, árvore 299	17,18	14,79
2	Matriz 55	Genitor 188, árvore 332	23,87	14,79
3	Matriz 55	Genitor 335, árvore 356	20,09	13,77
4	Matriz 21	Genitor 31, árvore 129	23,55	13,64
5	Matriz 101	Genitor 29, árvore 13	25,27	13,60
6	Matriz 55	Genitor 152, árvore 226	20,56	13,45
7	Matriz 55	Genitor 35, árvore 17	21,96	13,44
8	Matriz 101	Genitor 64, árvore 70	14,95	13,37
9	Matriz 55	Genitor 83, árvore 99	18,27	13,33
10	Matriz 55	Genitor 164, árvore 261	18,16	13,30
Média	-	-	20,38	13,74

Nota: Matriz: árvores matrizes para coleta de sementes, Genitor: Árvore masculina doadora de pólen, Árvore: número do indivíduo no pomar de sementes por Muda

Fonte: Dados da pesquisa do autor.

5.6.4. Clonagem das árvores superiores

A partir dos valores genéticos ($a + d = g$), foram indicadas as 10 árvores superiores, para o estabelecimento de um teste clonal, com o objetivo de ter ganhos a curto prazo (HENRIQUES et al., 2018) (Tabela 12). O DAP médio para essas árvores foi de 22,83 cm, com 9,26 cm superiores à média geral (13,57 cm), uma superioridade de 68,23%. O melhor cruzamento, considerando maior DAP e valor genotípico, foi entre a Matriz 101 e o Genitor 31, árvore 13 (Tabela 11). Como apresentado por Moraes et al. (2015), altas correlações genéticas e fenotípicas entre DAP e altura, e também para volume, sugerem bons ganhos de seleção. Além disso, o DAP é um caráter de rápida mensuração em campo (ZARUMA. 2019), o que permite usá-lo como referência e predição de estimativas de seleção. Desta forma, é recomendado realizar a seleção para clonagem dos melhores genótipos com base no DAP, que resulta em ganhos genéticos consideráveis.

Tabela 13 - Ranqueamento das árvores com base no valor genético aditivo (a) e estimativas de valores genotípicos preditos (g) para progênies oriundas de um pomar de polinização aberta de *Eucalyptus urophylla*, em Selvíria-MS

Ordem	Prog.	Posição (a)	Rep.	Cruzamento				DAP	Vol.ha-ano	g
				Fêmea		Macho				
1	10	10	1	Matriz 101	Genitor 31, árvore 13	25,27	173,10	7,58		
2	6	1	4	Matriz 55	Genitor 188, árvore 332	23,87	159,10	6,74		
3	22	4	10	Matriz 21	Genitor 31, árvore 129	23,55	154,86	6,50		
4	22	7	8	Matriz 21	Genitor 177, árvore 299	20,12	111,23	6,46		
5	6	2	1	Matriz 55	Genitor 199, árvore 356	22,93	145,64	6,21		
6	14	54	26	Matriz 155	Genitor 152, árvore 226	23,40	159,86	6,04		
7	10	24	25	Matriz 101	Genitor 120, árvore 168	22,60	147,75	5,73		
8	9	57	20	Matriz 95	Genitor 130, árvore 187	22,92	124,97	5,69		
9	11	48	4	Matriz 101	Genitor 64, árvore 70	21,69	128,73	5,61		
10	6	6	13	Matriz 55	Genitor 35, árvore 17	21,96	120,11	5,52		
-	-	-	-	-	-	Média	22,83	142,53		

Nota: Prog: Progênies; Posição (a): ranqueamento das progênies pelo valor genético aditivo (a); g: valor genotípico.

Fonte: Dados da pesquisa do autor.

5.7. DIVERSIDADE GENÉTICA POR MARCADORES

Para ambas as estratégias de seleção apresentaram 133 alelos (K) nos 12 locos SSR. Para estratégia S1 (seleção individual dos 115 primeiros indivíduos) variando de 6 (EMBRA2) e 15 (EMBRA28) (Tabela 14). Para S2 e S3, variaram, entre 7 (EMBRA2) e 15 (EMBRA 28) na S2; 6 (EMBRA2) e 16 (EMBRA3) para S3. Em geral, o número de alelos por loco foi elevado, em que EMBRA28 foi o loco mais informativo para S1 e S2 (15 alelos), e o loco EMBRA3 (16 alelos) foi para a S3.

A riqueza alélica (\hat{R}), no geral, apresentou valores próximos a K , para as três estratégias estudadas, tanto que a heterozigosidade esperada (\hat{H}_e) foi elevada nas diferentes estratégias de seleção ($\hat{H}_e = 0,779 \pm 0,01$ para S1; $0,779 \pm 0,09$ para S2 e $0,784 \pm 0,10$ para a S3) e a observada (\hat{H}_o) foi próxima da esperada, com médias para S1, S2 e S3 de $0,724 \pm 0,012$; $0,711 \pm 0,12$ e $0,724 \pm 0,13$, respectivamente (Tabela 14). Elevada heterozigosidade esperada em *Eucalyptus urophylla* também foi apresentada por Lu et al. (2018a), ao trabalharem com diferentes ciclos de seleção, e em Lu et al. (2018b), em diferentes gerações de seleção, assim como em Maciel (2014), em diferentes clones de *Eucalyptus*.

Tabela 14 - Diversidade genética e índice de fixação sob diferentes estratégias de seleção em um teste de progênie de segunda geração de *Eucalyptus urophylla*, em Selvíria-MS.

	Estratégia de seleção S1					Estratégia de seleção S2					Estratégia de seleção S3				
	n = 115					n = 115					n = 115				
	<i>K</i>	\hat{R}	\hat{H}_o	\hat{H}_e	\hat{F}	<i>K</i>	\hat{R}	\hat{H}_o	\hat{H}_e	\hat{F}	<i>K</i>	\hat{R}	\hat{H}_o	\hat{H}_e	\hat{F}
EMBRA2	6	6,00	0,704	0,739	0,047	7	7,00	0,721	0,739	0,025 *	6	6,00	0,687	0,709	0,031
EMBRA28	15	14,99	0,888	0,903	0,017	15	15,00	0,861	0,903	0,046 *	15	15,00	0,887	0,911	0,026
EMBRA3	13	12,99	0,844	0,847	0,004	13	12,97	0,805	0,847	0,05 *	16	15,99	0,904	0,882	-0,025
EMBRA11	9	8,97	0,704	0,723	0,026	8	8,00	0,711	0,723	0,017 *	8	8,00	0,748	0,758	0,013
EMBRA10	13	12,98	0,772	0,818	0,056	13	13,00	0,712	0,818	0,129*	13	13,00	0,745	0,828	0,100
EMBRA63	10	9,97	0,574	0,572	-0,004	10	10,00	0,606	0,572	-0,06	10	9,99	0,504	0,515	0,021
EMBRA12	12	12,00	0,798	0,813	0,018	11	11,00	0,767	0,813	0,057	12	12,00	0,842	0,856	0,016
EMBRA157	11	10,98	0,650	0,837	0,224*	12	12,00	0,660	0,837	0,212	11	11,00	0,596	0,835	0,286*
EMBRA204	11	11,00	0,797	0,842	0,053	12	12,00	0,773	0,842	0,082	12	12,00	0,754	0,818	0,078
EMBRA128	11	10,92	0,418	0,728	0,462*	11	10,97	0,383	0,728	0,474*	10	10,00	0,522	0,787	0,337*
EMBRA38	12	11,94	0,737	0,735	-0,003	11	10,98	0,780	0,735	-0,061	10	10,00	0,754	0,736	-0,025
EMBRA210	10	10,00	0,804	0,791	-0,0016	10	10,00	0,754	0,791	0,047	10	10,00	0,746	0,775	0,038
Média	11,08	11,06	0,724	0,779	0,07*	11,08	11,08	0,711	0,779	0,08*	11	11,08	0,724	0,784	0,07*
DP	2,27	2,27	0,12	0,008	0,12	2,19	2,19	0,12	0,09	0,14	3	2,78	0,13	0,10	0,12
Total	133	-	-	-	-	133	-	-	-	-	133	-	-	-	-

Nota: *K* é o número total de alelos; \hat{R} é a riqueza alélica dos indivíduos genotipados nos 12 locos microssatélites; \hat{H}_o é a heterozigosidade observada; \hat{H}_e é a heterozigosidade esperada; \hat{F} é o índice de fixação; DP desvio padrão; * Significativo a 5% (*p*-valor = 0,00417, obtido por 240 permutações).

Fonte: Dados da pesquisa do autor.

Ao compararmos com as heterozigosidades de Pupin (2018), aos 12 meses de idade, foram \hat{H}_o ($0,686 \pm 0,115$) e \hat{H}_e ($0,781 \pm 0,099$), e mesmo após quatro anos, \hat{H}_e se manteve elevada, com destaque para \hat{H}_o , com um aumento em seus valores, isso é devido à alta mortalidade dos indivíduos homozigotos, ocorrida no experimento ao longo dos cinco anos de avaliação.

Segundo Maciel (2014), esses valores indicam que espécies alógamas florestais tendem a elevadas taxas de diversidade genética, mesmo em populações de ciclos avançados de melhoramento. Como descrito por Hamrick e Godt (1996), isso é decorrente da longevidade das espécies florestais, associados aos mecanismos eficientes de dispersão de pólen e sementes, dificultando a eliminação de alelos por deriva genética e, quando comparadas às espécies anuais, fazem com que suas populações sejam grandes.

Com relação às frequências alélicas para as diferentes estratégias de seleção, foram considerados alelos muito raros ($f \leq 0,01$), raros ($f \leq 0,05$) e comuns ($f > 0,05$). Para S1 foram 63 alelos comuns (47,37%); para S2, 62 (46,62%); e para S3, 65 (48,87%). Para os alelos raros, em S1 foram 48 (36,09%); em S2, 49 (36,84%); e em S3, 54 (40,60%). Para os muito raros, em S1 e S2 foram 22 (16,54%) e em S3, 14 (10,53%). A presença de alelos muito raros sugere sua vulnerabilidade, pois é menor a probabilidade de sua transmissão ou amostragem, podendo ser perdidos (SEBBENN, 2002; MARCUCCI-POLTRI et al., 2003). Todas as estratégias de seleção apresentaram frequência alélicas próximas, o que indica que, qualquer uma das estratégias não apresentará risco de perda de alelos.

O índice de fixação (\hat{F}) foi significativo para as três estratégias, indicando excesso de homozigotos em relação ao esperado. Os \hat{F} apresentaram divergências para alguns locos entre as estratégias. Entretanto, parece existir alelos fixados no EMBRA128, uma vez que, em todas as estratégias, o \hat{F} foi positivo e significativo. Esses resultados são semelhantes aos obtidos para *E. urophylla* também em (HENRIQUES.,2016), e *E. cladocalyx* (MORA et al., 2017). O marcador associado à densidade da madeira, EMBRA11 (FREEMAN et al., 2009), apresentou até nove alelos e alta heterozigosidade observada ($> 0,720$). O marcador associado à reprodução vegetativa, EMBRA12 (MARQUES et al., 2002), teve níveis de heterozigosidade elevados e números de alelos de 11(estratégia de seleção S2) e 13 (estratégias de seleção S1 e S3). Três locos da estratégia S1 (EMBRA63, EMBRA38 e EMBRA210), dois locos das estratégias S2 (EMBRA63 e EMBRA38) e dois locos da estratégia S3 (EMBRA3 e EMBRA38) apresentaram \hat{F} negativo, indicando o excesso de heterozigotos (MORAES, 2012).

6. CONCLUSÕES

- A população de segunda geração de *Eucalyptus urophylla* tem variabilidade genética, e é possível dar continuidade aos ciclos de seleção;
- Há potencial para o melhoramento genético de *E. urophylla*, com relação ao módulo de elasticidade;
- A estratégia de seleção individual (dos 115 primeiros indivíduos) foi a mais bem sucedida, pois proporcionou maior expectativa de ganho de seleção, permitindo avançar no programa de melhoramento genético, embora as outras estratégias também tenham suas qualidades;
- A herdabilidade individual das fêmeas (\hat{h}_f^2) foi maior, quando comparada a herdabilidade individual dos machos (\hat{h}_m^2), em que foi possível indicar cruzamentos com ganhos genéticos;
- As três estratégias de seleção: individual, entre e dentro e só dentro de progênie tem elevada heterozigosidade observada, com os mesmos níveis de conservação dos alelos, e permite aplicar a seleção individual para elevados ganhos genéticos, com a manutenção da diversidade alélica, ou seja, em relação à diversidade genética, qualquer estratégia pode ser aplicada.

REFERÊNCIAS

- ACUNA, C.; VILLALBA, P.; GARCIA, M.; HOPP, E.; MARCUCCI, S.: Functional markers development and genetic diversity analysis in *Eucalyptus globulus* with emphasis in wood quality candidate genes. **BMC Proceedings**, London, v. 5, n. 17, p.154, 2011.
- AGUIAR, A. V.; SOUSA, V. A.; MORAES, M. L. T.; FREITAS, M. L. M. Ferramentas aplicadas no melhoramento genético de *Pinus* para otimizar o ganho esperado. **Série Técnica IPEF**, Piracicaba, v. 19, n. 40, p. 40, 2015.
- ANDRADE, M. C. **Estratégias de melhoramento em *Eucalyptus pellita* F. Muell a partir da distância genética**. Dissertação de Mestrado, Pós Graduação em Ciências Florestais. Botucatu SP. 2020. disponível em: <http://hdl.handle.net/11449/192359>
- ANDRADE, M. C; SIQUEIRA, L; ODA, S; MEDEIROS, R. N; TAMBARUSSI, E. V. Genetic variability in progenies of *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla* for tolerance to hydric deficit.. **FLORESTA**, Curitiba, v. 48, n. 4, p. 543-552. 2018.
- ASHLAY, P. N.; OZARKA, B. furniture from young, plantation grown eucalypts. In: The future of *Eucalyptus* for wood products, **Proceedings**, Launceston. IUFRO, 2000, p. 150-158.
- ASSIS, T. F. Estratégias de melhoramento para obtenção de madeira de qualidade para laminação e serraria. In: Seminário de madeira de eucalipto: tendências e usos, 2001, Curitiba. **Anais**, Curitiba, 2001. p. 1-18.
- ASSIS, T. F. Melhoramento Genético de Eucalipto. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 18, p. 32-51, 1996.
- ASSIS, T. F.; RESENDE, M. D. V. Genetic improvement of forest tree species. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 11, p. 44-49, 2011.
- AZEVEDO, L. P. A.; COSTA, R. B.; MARTINEZI, D. T.; FILHO, A. A. T.; BRONDANI, G, E.; BARETTAI, M. C.; AJALA, W. V. Genetic selection in *Eucalyptus camaldulensis* progenies in savanna area of Mato Grosso State, Brazil. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 45, n. 11, p. 2001-2006, 2015.
- BALDIN, T.; TALGATTI, M.; SILVEIRA, A. G.; MARCHIORI, J. N. C.; SANTOS, G. A.; SANTOS, O. P.; VALENTE, B. M. R. T. Qualidade da madeira de *Eucalyptus benthami* para produção de celulose por espectroscopia no infravermelho próximo (NIRS), **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 48, n. 128, p. 1-13, 2020.
- BARATELLI, A. E. S.; NARDOQUE, S. A expansão da agricultura capitalista subsidiada pelas ações do estado em Maro Grosso do Sul. **Nera**, Presidente Prudente, v. 24, n. 60, p. 152-174, 2021.
- BARRANDEGUY, M. E.; GARCIA, M. V. Microsatellites as a tool for the study of microevolutionary process in native forest trees. In: ABDURAKHMONOV, I. Y. **Microsatellite markers**. [S. l]: InTech, 2016. 27 p. Disponível em: <<https://www.intechopen.com/books/microsatellite-markers>>. Acesso em: dia mês 2021.
- BANSHO, J. Y.; CARNEIRO, D. A.; CORDEIRO, L. Controle de formigas cortadeiras na KFPC-PR. **Anais**. Piracicaba: IPEF, p. 41-50, 1994.

BATISTA, C. M.; FREITAS, M. L. M.; MORAES, M. A.; ZANATTO, A. C. S.; SANTOS, P. C.; ZANATA, M.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Estimativas de parâmetros genéticos e a variabilidade em procedências e progênies de *Handroanthus vellosi*. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 32, n. 71, p. 269-276, 2012.

BELTRAME, R.; BISOGNIN, D. A.; MATTOS, B. D.; FILHO, A. C.; HASELEIN, C. R.; GATTO, D. A.; SANTOS, G. A. Desempenho Silvicultural e desempenho de clones de eucalipto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47, n. 6, p. 719 - 796. 2012.

BINKLEY, D.; CAMPOE, O. C.; ALVARES, C.; CARNEIRO, R. L.; CEGATTA, Í.; STAPE, J. L. The interactions of climate, spacing and genetics on clonal *Eucalyptus* plantations across Brazil and Uruguay. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 405, p. 271-283, 2017.

BLACKBURN, D.; HAMILTON, M.; WILLIAMS, D.; HARWOOD, C.; POTTS, B. Acoustic wave velocity as a selection trait in *Eucalyptus nitens*. **Forests**, Basiléia, v. 5, n. 4, p. 744-762, 2014.

BYRNE, M.; MARQUEZ-GARCIA, M.I.; UREN, T.; SMITH, D.S.; MORAN, G.F. Conservation and genetic diversity of microsatellite loci in the genus *Eucalyptus*. **Australian Journal Botany**, Melbourne, v. 44, n.3, p.331-341, 1996.

BURATTO, D. A.; CARDOSO, J. T.; ROLIM, F. A.; FILHO, W. R. Avaliação dos danos causados por formigas-cortadeiras do gênero *Acromyrmex* (Hymenoptera) aos plantios de *Pinus taeda* no planalto sul-catarinense. **Floresta**, Curitiba, v. 42, n. 4, p. 683-690, 2012.

CARVALHO, A. O.; ALFENAS, A. C.; MAFFIA, L. A.; CARMO, M. G. F. Resistência de espécies, progênies e procedências de *Eucalyptus* à ferrugem, causada por *Puccinia psidii* Winter. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 2, p. 139-147, 1998.

CASTELLANO, G. R.; CAMARINHO, R. J.; JUNIOR, J. C. A.; SIXEL, R. M. M.; SILVA, P. H. M. Crescimento de eucaliptos quase centenários no Horto de Rio Claro. **Circular Técnica do IPEF**, Piracicaba, v. 205, p.1 - 14. 2013.

CASTRO, C. A. O.; RESENDE, R. T.; BHERING, L. L.; CRUZ, C. D. Brief history of *Eucalyptus* breeding in Brasil under perspective of biometric advances. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 46, n.9, p.1585-1593, 2016.

CHMURA, D.J.; ROŻKOWSKI, R.; CHAŁUPKA, W. Growth and phenology variation in progeny of Scots pine seed orchards and commercial seed stands. **European Journal of Forest Research**, Heidelberg, v. 131, n. 4, p. 1229–1243, 2012.

CORNACINI, M.R.; SILVA, J.R.; LUZ, K.C.; CAMBUIM, J.; SANTOS, W.; MORAES, M.L.T.; AGUIAR, A.V. Selective thinning in provenance and progeny test of *Astronium fraxinifolium* Schott based on genetic variability. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v.45, n.115, p.581–591, 2017.

CORRÊA, T. R.; PICOLI, E. A. T.; SOUZA, G. A.; CONDÉ, S. A.; SILVA, N. M.; LOPES-MATTOS, K. L. B.; RESENDE, M. D. V.; ZAUZA, E. A. V.; ODA, S. Phenotypic markers in early selection for tolerance to dieback in *Eucalyptus*. **Industrial Crops and Products**, Maastricht, v. 107, p. 130-138, 2017.

COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; ARAUJO, A. J.; GONÇALVES, P. S.; BORTOLETO, N. Seleção combinada univariada e multivariada aplicada ao melhoramento genético de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 2, p. 381-388, 2000.

COUTINHO, R. T.; FILHO, J. C. B.; NETO, R. F.; FRIZZO, C. Viabilidade da seleção precoce de *Pinus taeda* L. em diâmetro a altura do peito em programa de melhoramento genético. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 45, n. 113, p. 205-219, 2017.

COTTERILL, P. P.; DEAN, C. A. **Successful tree breeding with index selection**. East Melbourne: CSIRO, 1990. 80 p.

CRUZ, C.D. **Princípios de genética quantitativa**. Editora UFV: Universidade Federal de Viçosa, 2005, 394p.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v. 2. Viçosa: Editora UFV, Imprensa Universitária, 2003. 585p

DEAN, C. A.; COTERRIL, P. P.; CAMERON, J. N. Genetic parameters and gains expected from multiple traits selection of radiate pine in eastern Victoria. **Australian Forest Research**, Melbourne, v. 13, n. 1, p. 271-278, 1983.

DIAO, S.; HOU, Y.; XIE, Y.; SUN, X. Age trends of genetic parameters, early selection and family by site interactions for growth traits in *Larix kaempferi* open-pollinated families. **BMC genetics**, Londres, v. 17, n. 1, p. 1-12, 2016.

DIAS, P. C.; XAVIER, A.; RESENDE, M. D. V.; BIERNASKI, F. A.; ESTOPA, R. A.; PIRES, I. E. Juvenile-mature genetic correlations in *Pinus taeda* clones propagated via somatic embryogenesis. **Árvore**, Viçosa, v. 40, n. 2, p. 255-267. 2016.

DLAMINI, L. N.; PIPATWATTANAKUL, D.; MAELIM, S. Growth variation and heritability in a second-generation *Eucalyptus urophylla* progeny test at Lad Krating Plantation, Chachoengsao province, Thailand. **Agriculture and Natural Resources**, Bangkok, v. 51, n. 3, p. 158-162, 2017.

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

EL-KASSABY, Y.A.; CAPPA, E.P.; LIEWLAKSANEYANAWIN, C.; KLAPSTE, J.; LSTIBUREK, M. Breeding without breeding: Is a complete pedigree necessary for efficient breeding. **PLOS ONE**, Londres, v. 6, n.10, p. 1-11, 2011.

EL-KASSABY, Y.A.; FUNDA, T.; LIEWLAKSANEYANAWIN, C. Increasing breeding without breeding (BwB) efficiency: Full – vs. partial-pedigree reconstruction in logepole pine. **Symbiosis Online Journal**, Glasgow, v. 2, n.1, p.1-6, 2015. Disponível em: <<http://www.symbiosisonlinepublishing.com/genetic-science/genetic-science07.pdf>>. Acesso em: dia mes 2021.

ENGEL, M. L.; HIGA, A. R.; ANDREJOW, G. P.; FLÔRES JUNIOR, P. C.; SOARES, O. D. Genetic gain from different selection methods in *Eucalyptus macarthurii* progenies in different environments. **Cerne**, Lavras, v. 22, N. 3, p. 299-308, 2016.

ERTEKIN, M. **Genetic diversity of seed orchard crops**. In: CALISKAN, M. The molecular basis of plant genetic diversity. (Ed.) InTech. 370p. 2012. Disponível em: <<http://cdn.intechopen.com/pdfs-wm/33923.pdf>>. Acesso em: 26 set 2021.

ESTOPA, R. A. **Fenotipagem via NIR e predição gênômica em *Eucalyptus benthamii*** (Tese de doutorado). Universidade Federal do Paraná, Curitiba. 2017. 106 f. Disponível em: <http://hdl.handle.net/1884/48867>.

FARIA, D. A.; MAMANI, E.M.C.; PAPPAS JR, G.J.; GRATTAPAGLIA, D. Genotyping systems for *Eucalyptus* based on tetra-, penta-, and hexanucleotide repeat EST microsatellites and their use for individual fingerprinting and assignment tests. **Tree Genetics & Genomes**, Heidelberg, v. 7, n. 1, p. 63-77, 2011.

FERREIRA, D. H. A. A.; LELES, P. S. S.; MACHADO, E. C.; ABREU, A. H. M.; ABILIO, F. M. Crescimento de clones de *Eucalyptus urophylla* x *Eucalyptus grandis* em diferentes espaçamentos. **Floresta**, Curitiba, v. 44, n. 3, p. 431-440. 2014.

FERREIRA, F. A. **Patologia florestal: principais doenças florestais no Brasil**. Viçosa: Sociedade Brasileira de investigações Florestais, 1989. 570 p.

FERREIRA, M.; SANTOS, P.E.T. **Melhoramento genético florestal dos Eucaliptos no Brasil: breve histórico e perspectivas**. In: IUFRO: Conferência Sobre Silvicultura e Melhoria de Eucalyptus, Salvador, 1997. Colombo: Embrapa. v.1, p.14-34.

FERRO, F. S.; ICIMOTO, F. H.; ALMEIDA, D. H.; CHRISTOFORO, A. L.; LAHR, F. A. R. Influência da posição dos instrumentos de medida na determinação do módulo de elasticidade da madeira na compressão paralela às fibras (E_{c0})¹. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 39, n. 4, p. 743-749, 2015.

FINKELDEY, R.; HATTEMER, H. H. **Tropical Forest Genetics**. Springer, Germany, 2006. 328p.

FIRMINO, A. C.; TOZZE JUNIOR, H. J.; SOUZA, I. C. G.; FURTADO, E. L. Resistencia de genótipos de eucalipto a *Ceratocystis* spp. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 41, n. 98, p. 165-173, 2013.

FLORES, T. B.; ALVARES, C. A.; SOUZA, V. C.; STAPE, J. L. ***Eucalyptus* no Brasil: zoneamento climático e guia para identificação**. Piracicaba: IPEF, 2016. 447 p.

FONSECA, S. M.; RESENDE, M. D. V.; ALFENAS, A. C.; GUIMARÃES, L. M. S.; ASSIS, T. F.; GRATTAPAGLIA, D. **Manual prático de melhoramento genético do eucalipto**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2010. 200 p.

FOWLER, J. A. P. Produção, tecnologia e uso das sementes de eucalipto no Brasil. In.: OLIVEIRA, E. B.; PINTO JÚNIOR, J. E. **O eucalipto e a Embrapa: quatro décadas de pesquisa e desenvolvimento**. 1. ed. Brasília: EMBRAPA, 2021. Cap. 21. p. 796 – 821.

FREEMAN, J.S. **The application of molecular markers to *Eucalyptus globulus* tree improvement**. 2006. 137 f. Tese (Doutorado) - Universidade da Tasmânia, Tasmânia, 2006.

FUNDA, T.; EL-KASSABY, Y.A. **Seed orchard genetics**. In: HEMMING, D. Plant sciences reviews. 2012. 280 p.

GAIOTTO, F.A.; BRAMUCCI, M.; GRATAPAGLIA, D. Estimation of outcrossing rate in breeding population of *Eucalyptus urophylla* with dominant RAPD and AFLP markers. **Theoretical and Applied Genetics**, Stuttgart, v. 95, n. 5, p. 842-849, 1997.

GAZOLA, R. N. Adubação nitrogenada, fosfatada e potássica na produtividade, ciclagem de nutrientes e no balanço nutricional do eucalipto. Tese (Doutorado em Agronomia) -Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira Unesp. Ilha Solteira, 2017. 185 f.

GONÇALVES, F. G.; OLIVEIRA, J. T. S.; LUCIA, R. M. D.; SARTÓRIO, R. C. Estudo de algumas propriedades mecânicas da madeira de um híbrido clonal de *Eucalyptus urophylla* X *Eucalyptus grandis*. **Árvore**, Viçosa, v. 33, n. 3, p. 501-509, 2009.

GOMIDE, J. L.; COLODETTE, J. L.; OLIVEIRA, R. C.; SILVA, C. M. Caracterização tecnológica, para produção de celulose, da nova geração de clones de *Eucalyptus* do Brasil. **Árvore**, Viçosa, v. 29, n.1, p. 129- 137, 2005.

GONÇALVES, J. L. M.; ALVARES, C. A.; ROCHA, J. H. T.; BRONDANI, C. B.; HAKAMADA, R. Eucalypt plantation management in regions with water stress. **Southern Forest: a Journal of Forest Science**, Grahamstown, v. 79, n. 3, p. 1-15, 2017.

GONÇALVES, J. L. M.; ALVARES, C. A.; HIGA, A. R.; SILVA, L. D.; ALFENAS, A. C.; STAHL, J.; FERRAZ, S. F. B.; LIMA, W. P.; BRANCALION, P. H. S.; HUBNER, A.; BOUILLET, J. P. D.; LACLAU, J. P.; NOUVELLON, Y. N.; EPRON, D. Integrating genetic and silvicultural strategies to minimize abiotic and biotic constraints in Brazilian eucalypt plantations. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 301, p. 6–27, 2013.

GONÇALVES, F. G.; OLIVEIRA, J. T. S.; LUCIA, R. M. D.; SARTÓRIO, R. C. Estudo de algumas propriedades mecânica da madeira de um híbrido clonal de *Eucalyptus urophylla* x *Eucalyptus grandis*. **Árvore**, Viçosa, v. 33, n. 3, p. 501-501, 2009.

GOUDET, J. FSTAT (Version 2.9.3.2): a computer program to calculate F-statistics. **Heredity**, v. 86, p. 485-486, 1995.

GOVINDARAJ, M.; VETRIVENTHAN, M.; SRINIVASAN, M. Importance of genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: an overview of its analytical perspectives. **Genetics Research International**, New York, p.1-14, 2015.

GRATTAPAGLIA, D.; VAILLANCOURT, R. E.; SHEPHERD, M.; THUMMA, B. R.; FOLEY, W.; KULHEIM, C.; MYBURG, A. A. Progress in Myrtaceae genetics and genomics: *Eucalyptus* as the pivotal genus. **Tree Genet Genomes**, Heidelberg, v. 8, n. 3, p. 463–508, 2012.

GUNN, B.V.; MCDONALD, M.W. *Eucalyptus urophylla* seed collections. In: **Forest Genetic Resources Information**. [S. l.], 1991. Disponível em: <<http://www.fao.org/docrep/006/u5380e/U5380E09.ht>. Acesso em: dia mês 2021.

HAMRICK, J. L.; GODT, M. J. W. Effect of life history traits on genetic diversity in plant species. **Philosophical Transactions: Biological Sciences**, Londres, v. 351, n. 1345, p. 1291-1298, 1996.

HEIN, P. R. G.; LIMA, J. T.; TRUGILHO, P. F.; CHAIX, G. Estimativa do ângulo microfibrilar em madeira de *Eucalyptus urophylla* × *E. grandis* por meio da espectroscopia no infravermelho próximo. **Floresta e Ambiente**, Seropédica, v. 19, n. 2, p. 194-199, 2012.

HENRIQUES, E. P. **Seleção genética de progênies de irmãos completos obtidos entre espécies de *Eucalyptus* sp., visando a produção de carvão vegetal**. 2016. 79 f. Tese (Doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrônômicas, Botucatu, 2016

HENRIQUES, E. P.; MORAES, C. B.; SEBBENN, A. M.; FILHO, M. T.; MORAES, M. L. T.; MORI, E. S. Estimativa de parâmetros genéticos para caracteres silviculturais e densidade do lenho em teste de progênies de *Eucalyptus urophylla*. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 44, n. 109, p. 105-113, 2016.

HENRIQUES, E. P.; NUNES, A. C. P.; MORAES, M. L. T.; RESENDE, M. D. V.; SEBBENN, A. M.; MORAES, M. A. Seleção genética em teste de progênies de irmãos completos de *Eucalyptus* para seleção de carvão vegetal. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 46, n. 119, p. 405-413, 2018.

HODGE, G.R.; DVORAK, W.S. Provenance variation and within- provenance genetic parameters in *Eucalyptus urophylla* across 125 test sites in Brazil, Colombia, Mexico, South Africa and Venezuela. **Tree Genetics & Genomes**, Heidelberg, v. 11, n. 3, p. 11-57, 2015.

IBÁ - Indústria Brasileira de Árvores. **Anuário Estatístico da Indústria Brasileira de Árvores: ano base 2020**. São Paulo Disponível em: <https://iba.org/datafiles/publicacoes/relatorios/relatorio-iba-2020.pdf>. Acesso em: 13 set. 2021.

IBÁ - Indústria Brasileira de Árvores. **Anuário Estatístico da Indústria Brasileira de Árvores: ano base 2021**. São Paulo Disponível em: <https://iba.org/datafiles/publicacoes/relatorios/relatorioiba2021-compactado.pdf>. Acesso em: 30 dez. 2021.

KAGEYAMA, P. Y. Melhoramento genético de pinheiros tropicais no Brasil. **Circular técnico IPEF**, v.8, n.29, p.17-21, 1983.

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

KAGEYAMA, P. Y.; VENCOSKY, R. Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n.24, p. 9-26, 1983.

KALIA, R. K.; RAI, M. K.; KALIA, S.; SINGH, R.; DHAWAN, A. K. Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants. **Euphytica**, Dordrecht, v. 177, n. 3, p. 309-334, 2011.

KIRONGO, B. B.; MBELASE, A. S.; SENELWA, K.; HITIMANA, J.; ETIÉGNI, L. Spacing and genotype on height and diameter growth of four eucalyptus under short rotation. **Jurnal Manajemen Hutan Tropika**, Darmaga, v.18 n.1, p.1-9, 2012.

KUDLAVICZ, M. **Dinâmica agrária e a territorialização do complexo celulose/papel na microrregião de Três Lagoas**. 2011. Dissertação (mestrado e Geografia) – Universidade Federal do Mato Grosso do Sul, Três Lagoas 2011. 177f.

LAI, M.; SUN, X.; CHEN, D.; XIE, Y.; ZHANG, S. Age-related trends in genetic parameters for *Larix kaempferi* and their implications for early selection. **BMC genetics**, Londres, v. 15, n.1, p. 1-8, 2014.

LEÃO, R. M. **A floresta e o homem**. Editora da Universidade de São Paulo: Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais, 2000. 448 p.

LIMA, B. M. **Bridging genomics and quantitative genetics of *Eucalyptus***: genome-wide prediction and genetic parameter estimation for growth and wood properties using high-density SNP data 2014. 92 f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. 2014.

LU, W.; ARNOLD, J. R.; ZHANG, L.; LUO, J. Genetic diversity and structure through three cycles of a *Eucalyptus urophylla* ST Blake breeding program. **Forests**, Basel, v. 9, n. 7, p. 1 - 21, 2018a.

LU, W. H.; QI, J.; LAN, J.; LUO, J. T. Genetic diversity of advanced generation breeding population of *Eucalyptus urophylla* in China. **Journal of Tropical Forest Science**, Kepong, v. 30, n. 3, p. 320-329, 2018b.

MACEDO, H. R.; FREITAS, M. L. M.; MORAES, M. L. T.; ZANATA, M.; SEBBENN, A. M. Variação, herdabilidade e ganhos genéticos em progênes de *Eucalyptus tereticornis* aos 25 anos de idade em Batatais-SP. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 41, n. 100, p. 533-540, 2013.

MACIEL, K. J. S. **Análise da diversidade e divergência genética em clones de *Eucalyptus* spp. potencialmente importantes para Goiás**. 2014. 64 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2014.

MADHIBHA, T.; MUREPA, R.; MUSOKONYI, C.; GAPARE, W. Genetic parameter estimates for interspecific *Eucalyptus* hybrids and implications for hybrid breeding strategy. **New Forests**, Heidelberg, v. 44, n. 1, p. 63-84, 2013.

MARCUCCI-POLTRI, S. N.; ZELENER, N.; RODRIGUEZ TRAVERSO, J.; GELID, P.; HOPP, H. E. Selection of a seed orchard of *Eucalyptus dunnii* based on genetic diversity criteria calculated using molecular markers. **Tree Physiology**, Oxford, v. 23, n. 9, p. 625-632, 2003.

MARQUES, C. M.; BRONDANI, R. P. V.; GRATTAPAGLIA, D.; SEDEROFF, R. Conservation and synteny of SSR loci and QTLs for vegetative propagation in four *Eucalyptus* species. **Theoretical and Applied Genetics**, Stuttgart, v. 105, n. 2-3, p. 474-478, 2002.

MARQUES JÚNIOR, O. G. **Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos e avaliação da eficiência da seleção precoce em *Eucalyptus cloeziana* F. Muell**. 1995. 69 f. dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) -Universidade Federal de Lavras, 1995.

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

MARTINS, I. S.; MARTINS, R. C. C.; CORREIA, H. S.; Comparação entre seleção combinada e seleção direta em *Eucalyptus grandis*, sob diferentes intensidades de seleção; **Floresta e Ambiente**, Seropédica, v. 8, n. 1, p. 36 – 43, 2001.

MORA, F.; ARRIAGADA, O.; BALLESTA, P.; RUIZ, E. Genetic diversity and population structure of a drought-tolerant species of *Eucalyptus*, using microsatellite markers. **Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology**, Nova Dehli, v. 26, n. 2, p. 274-281, 2017.

MORA, C. R.; SCHIMLECK, L. R.; ISIK, F.; MAHON, J. M.; CLARK, A.; DANIELS, R. F. Relationships between acoustic variables and different measures of stiffness in standing *Pinus taeda* trees. **Canadian Journal of Forest Research**, Ottawa, v. 39, n. 38, p. 1421–1429, 2009.

MORAES, C. B.; CARVALHO, E.V.; ZIMBACK, L.; LUZ, O. S. L.; PIERONI, G. B.; MORI, E. S.; LEAL, T. C. A. B. Genetic variability of half sibs *Eucalyptus* progenies for cold tolerance. **Árvore**, Viçosa, v. 39, n. 6, p. 1047- 1054, 2015.

MORAES, C. B.; FREITAS, T. C. M.; PIERONI, G. B.; RESENDE, M. D. V.; ZIMBACK, L.; MORI, E. S. Estimativas de parâmetro genéticos para seleção precoce de clones de *Eucalyptus* para regiões com ocorrência de geadas. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 42, n. 102, p. 219 - 227, 2014.

MORAES, M. A. **Uso de marcadores microsatélites para estimar parentescos dentro de progênes de polinização aberta de espécies arbóreas dioicas: um estudo de caso de *Myracrodon urundeuva* (F. F. & M. F. Allemão)**. 2012. 79 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) -Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira Unesp. Ilha Solteira, 2012.

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/CNPF, v.3, p.43-47, 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**, Garça, v. 7, n. 12, 2008.

MOREIRA, J. P.; SHIMIZU, J. Y.; SOUSA, V. A.; MORAES, M. L. T.; MOURA, N. F.; AGUIAR, A. V. Ganho esperado na seleção de progênes de *Pinus elliottii* var. *elliottii* em idade precoce para produção de madeira. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 34, n. 78, p. 99-109, 2014.

MOURA QUEIROZ, M; ARRIEL, D. A. A; TSUKAMOTO FILHO, A. A; OLIVEIRA, O. E; MORAES, P. M; SKOWRONSKI, L; COSTA, R. B. Early selection in *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. progenies in Savanna, Brazil. **African Journal of Biotechnology**, Lagos, v. 18, n. 16, p. 347-351, 2019.

MÜLLER, B. V.; ROCHA, M. P.; CUNHA, A. B.; KLITZKE, R. J.; NICOLETTI, M. F. Avaliação das Principais Propriedades Físicas e Mecânicas da Madeira de *Eucalyptus benthamii* Maiden et Cambage. **Floresta e Ambiente**, Seropédica, v. 21, n. 4, p. 535-542, 2014.

MUNIZ, G. I. B.; MAGALHAES, W. L. E.; CARNEIRO, M. E.; VIANA, L. C. Fundamentos e estado da arte da Espectroscopia no Infravermelho Próximo no setor de base florestal. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 22, n. 4, p. 865- 875, 2012.

MURANTY, H.; JORGE, V.; BASTIEN, C.; LEPOITTEVIN, C.; SANCHES, L. Potential for marker-assisted selection for forest tree breeding: lessons from 20 years of MAS in crops. **Tree Genetics & Genomes**, Heidelberg, v. 10, n. 6, p. 1491-1510, 2014.

MYBURG, A. A.; POTTS, B. M.; MARQUES, C. M.; KIRST, M.; GION, J. M.; GRATTAPAGLIA, D.; GRIMA-PETTENATI, J. *Eucalyptus* in genome mapping and molecular breeding in plants. In: CHITTARANJAN, K. (ed.). **Forests trees**. Heidelberg: Springer, v.7, n. p. 115–160, 2007.

NAMKOONG, G.; KANG, H. C.; BROUARD, J. S. **Tree breeding: principles and strategies**. New York: Springer, Verlag, 1988. 180 p.

NEALE, D. B.; KREMER, A. Forest tree genomics: growing resources and applications. **Nature Reviews Genetics**, Londres, v. 12, n. 2, p. 111-122, 2011.

NEWTON, P. F. Quantifying the effects of wood moisture and temperature variation on time-of-flight acoustic velocity measures within standing red pine and jack pine trees. **Forests**, Basel v. 9, n. 9, p. 527-543, 2018.

NICOLLE, D. **Classification of the eucalypts (Angophora, Corymbia and Eucalyptus)** Version 2. 2015. 56p. Disponível em: <<http://www.dn.com.au/Classification-Of-The-Eucalypts.pdf>>. Acesso em 20 nov. 2021.

NODOUSHAN, H. N. **Forests Trees Seed Orchard**. University of Tehran Press, Tehran University Press, p. 297, 2015.

NUNES, A. C. P.; SANTOS, G. A.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, L. D.; HIGA, A.; ASSIS, T. F. Estabelecimento de zonas de melhoramento para clones de eucalipto no Rio Grande do Sul. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 44, n. 111, p. 563-574, 2016.

OLIVEIRA, J. T.; HELLMAISTER, J. C.; TOMAZELO FILHO, M. Eucalyptus wood characterization for construction in Brazil. In: The future of *Eucalyptus* for wood products, 2000, Launceston. **Proceedings**, LAUNCESTON. IUFRO, 2000, p. 98-105.

OLIVEIRA, L. S.; DIAS, P. C.; ALMEIDA, M. Avaliação genética do enraizamento de miniestacas de uma procedência de *Eucalyptus cloeziana*. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 35, n. 84, p. 391-397. 2015.

OLIVEIRA, R. S.; RIBEIRO, C. V. G.; NERES, D. F.; PORTO, A. C. M.; RIBEIRO, D.; SIQUEIRA, L.; ZAUZA, E. A. V.; COELHO, A. S. G.; REIS, C. A. F.; ALFAES, A. C.; NOVAES, E. Evaluation of genetic parameters and clonal selection of *Eucalyptus* in the Cerrado region. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 20, n. 3, p. 9, 2020.

PAIVA, J. R.; RESENDE, M. D. V.; CORDEIRO, E. R. Índice multiefeitos (BLUP) e estimativas de parâmetros genéticos aplicados ao melhoramento da acerola. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 6, p. 799807, 2002.

PALUDZYSZYN FILHO, E.; SANTOS, P. E. T. **Programa de melhoramento genético de eucalipto da Embrapa Florestas: resultados e perspectivas.**: Embrapa Florestas, Colombo, (Séries Documentos, 214), p. 64, 2011.

PAULA, R. C.; PIRES, I. E.; BORGES, R. C. G.; CRUZ, C. D. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 2, p. 159-165, 2002.

PAVAN, B. E.; PAULA, R. C.; PERECIN, D.; SCARPINATI, E. A.; CANDIDO, L. S. Early selection in open-pollinated *Eucalyptus* families based on competition covariates. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 49, n. 6, p. 483-492, 2014.

PAYN, Y. G.; DVORAK, W. S.; JANSE, B. J.; MYBURG, A. A. Microsatellite diversity and genetic structure of the commercially important tropical tree species *Eucalyptus urophylla*, endemic to seven islands in eastern Indonesia. **Tree Genetics & Genomes**, Heidelberg, v. 4, n. 3, p. 519-530, 2008.

PECORARO, E.; PIZZO, B.; ALVES, A.; MACCHIONI, N.; RODRIGUES, J. C. Measuring the chemical composition of waterlogged decayed wood by near infrared spectroscopy. **Microchemical Journal**, Philadelphia, v. 122, p. 176-188, 2015.

PEDRINHO, D. R.; FERREIRA, A. D.; LAURA, V. A.; BONO, J. A. M.; PEREIRA, S. R.; MARQUES, S. P. M. Biometria de genótipos de eucalipto cultivados em solo arenoso na Região Central de Mato Grosso do Sul. **Embrapa Gado de Corte-Docmentos (INFOTECA-E)**, Campo Grande, doc. 265, p. 1-28, 2019.

PEREIRA, A. B. **Avaliação da eficiência da seleção precoce em famílias de meios irmãos de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. na região noroeste do estado de Minas Gerais.** 1996. 68 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) –Depto de Biologia, Universidade Federal de Lavras – UFLA, Lavras, MG.

PEREIRA, M. B.; VENCOVSKY, R. Limites da seleção recorrente: I. Fatores que afetam as frequências alélicas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.23, n.7, p. 769-780, 1988.

PIMENTEL-GOMES, F.; GARCIA, C. H. **Estatística aplicada a experimentos agrônômicos e florestais: exposição com exemplos e orientações para uso de aplicativos.** Piracicaba: FEALQ, 2002. 309 p.

PINTO, D. S.; RESENDE, R. T.; MESQUITA, A. G. G.; ROSADO, A. M.; CRUZ, C. D. Seleção precoce para características de crescimento em testes clonais de *Eucalyptus urophylla*. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 42, n. 102, p. 251-257, 2014.

PIRES, I. E.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, R. L.; RESENDE JUNIOR, M. F. R. **Genética florestal.** Viçosa: Arka, 2011. 318 p.

PORTH, I.; EL-KASSABY, Y.A. Assessment of the genetic diversity in forest tree populations using molecular markers. **Diversity**, Basel, v. 6, n. 2, p. 283-295, 2014.

PROTO, A. R.; MACRI, G.; BERNARDINI, V.; RUSSO, D.; ZIMBALATTI, G. Acoustic evaluation of wood quality with a non-destructive method in standing trees: A first survey in Italy. **IForest**, Potenza, v. 10, n.4, p. 700–706, 2017.

PUPIN, S. **Diversidade genética, sistema de reprodução e parentesco em progênes de *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake.** 2018. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" Faculdade de Engenharia, Ilha Solteira, 2018. 143 f.

PUPIN, S.; SEBBENN, A. M.; CAMBUIM, J.; SILVA, A. M.; ZARUMA, D. U. G.; SILVA, P. H. M.; MORAES, M. L. T. Effects of pollen contamination and non-random mating on inbreeding and outbreeding depression in a seedling seed orchard of *Eucalyptus urophylla*. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 437, n. 1, p. 272-281, 2019.

PUPIN, S.; ZARUMA, D. U. G.; SOUZA, C. S.; CAMBUIM, J.; COLETO, A. L.; ALVES, P. F.; PAVAN, B. E.; MORAES, M. L. T. Genetic parameters for growth traits, bark thickness and basic density of wood in progenies of *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 45, n. 115, p. 455-465, 2017.

RAMADEVI, P.; HEGDE, D. V.; VARGHESE, M.; KAMALAKANNAN, R.; GANAPATHY, S. P.; GURUMURTHY, D. S. Evaluation of lignin syringyl/guaiacyl ratio in *Eucalyptus camaldulensis* across three diverse sites based on near infrared spectroscopic calibration modelling with five *Eucalyptus* species and its impact on Kraft pulp yield. **Journal of Near Infrared Spectroscopy**, Londres, v. 24, n. 6, p. 529-536, 2016.

RAYMOND, C. A.; MUNERI, A. Nondestructive sampling of *Eucalyptus globulus* and *E. nitens* for wood properties. I. Basic density. **Wood Science and Technology**, Heidelberg, v. 35, n.1, p. 27-39, 2001.

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

RESENDE, M. D. V. **Genética quantitativa e de populações.** Viçosa: Suprema. 2015. 463 p.

RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos.** Colombo: Embrapa Florestas, 359p, 2007.

RESENDE, M. D. V. **Software Selegen – REML/BLUP: a useful tool for plant breeding.** **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.16, n.4, p.330-339, 2016.

RESENDE, M.D.V.; SILVA, F.F.; LOPES, P.S.; AZEVEDO, C.F. **Seleção genômica ampla (GWS) via modelos mistos (REML/BLUP), inferência bayesiana (MCMC), regressão aleatória multivariada (RRM) e estatística espacial.** Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2012. 291 p.

RIBEIRO, F. A.; FILHO, Z. F. J. Variação da densidade básica da madeira em espécies/procedências de *Eucalyptus* spp. **IPEF**, Piracicaba, n. 46, p.76-85, 1993.

ROCHA, M. G. B.; PIRES, I. E.; XAVIER, A.; CRUZ, C. D.; ROCHA, R. B. Avaliação genética de progênes de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla* utilizando os procedimentos REML/BLUP e E(QM). **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 16, n. 4, p. 369-379, 2006.

RODRIGUES, E. V.; LAVIOLA, B. G.; FALCÃO, R.; TEODORO, P.; MARANA, J. C.; ALVES, A. A. Seleção de famílias e genitores de *Jatropha curcas* L. para produção de grãos via modelos mistos. **Anais...** In: Encontro de pesquisa e inovação da EMBRAPA Agroenergia, 3., 2016, Brasília. Anais: Embrapa, 2016.

- ROSADO, A. M.; ROSADO, T. B.; RESENDE JUNIOR, 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, 2009.
- ROSSO, S.; MUNIZ, G. I. B.; MATOS, J. L. M.; HASELEIN, C. R.; HEIN, P. R. G.; LOPES, M. C. Density of *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden using near infrared spectroscopy. **Cerne**, Lavras, v. 19, n. 4, p. 647-652, 2013.
- SABASHINI, V.; SHANMUGAPRIYA, A.; YASODHA, R. Hybrid purity assessment in *Eucalyptus* F 1 hybrids using microsatellite markers. **3 Biotech**, Heidelberg, v. 4, n. 4, p. 367-373, 2014.
- SANTOS, H. G.; ALMEIDA, J. A.; FILHO, J. C. A.; OLIVEIRA, J. B.; CUNHA, T. J. F. **Sistema brasileiro de classificação de solos**, Brasília: EMBRAPA, 357p, 2018.
- SANTOS, G. O.; HERNANDEZ, F. B. T. Uso do solo e monitoramento dos recursos hídricos no córrego do Ipê, Ilha Solteira, SP. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, v. 17, n. 1, p. 60-68, 2012.
- SANTOS, K. L.; DUCROQUET, J. P. H. J.; NODARI, R. O. Caracterização genética de populações naturais de goiabeira serrana (*Acca sellowiana*) com marcadores moleculares heterólogos. **Biotemas**, Florianópolis, v. 24, n. 4, p. 75-83, 2011.
- SANTOS, T. S.; MARTINS, K.; AGUIAR, A. V.; BAPTISTA FILHO, M. J.; MENUCELLI, J. R.; FARIA, R. F. P.; MOURA, R. D.; MACHADO, J. A. R.; LONGUI, E. L. Growth and wood quality traits in a *Dipteryx alata* Vog. (Fabaceae) progeny and provenance test. **Forest Science**, Oxford, v. 67, n. 4, p. 468-477, 2021.
- SEBBENN, A. M. Número de árvores matrizes e conceitos genéticos na coleta de sementes para reflorestamentos com espécies nativas. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 14, n. 2, p. 115-132, 2002.
- SEBBENN, A. M.; SIQUEIRA, A. C. M. F.; KAGEYAMA, P. Y.; MACHADO, J. A. R. Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva – *Myroxylon peruiferum* L.F. Allemão. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 53, p. 31-38, 1998.
- SEGURA, T. E. S. **Avaliação das madeiras de *Corymbia citriodora*, *Corymbia torelliana* e seus híbridos visando à produção de celulose Kraft branqueada**. 2016. Tese de Doutorado. Universidade de São Paulo, Piracicaba. 199 f.
- SEGURA, T. E. S.; PIMENTA, L. R.; MATTIAZZO, F. B.; SILVA, F. M.; CRUZ, J. A.; SOUZA, L. O. Programa de controle da qualidade da madeira na Eldorado Brasil celulose. **O Papel**, São Paulo, v. 78, n. 7, p. 82-89, 2017.
- SCHMIDT, L. H. **Tree improvement glossary: illustrated glossary of terms used in forest tree improvement**. Humlebaek: Danida Forest Seed Centre, 1997. 57 p.
- SCHNEIDER, P. R.; FINGER, C. A. G.; SHCHINEIDER, P. A. P.; FLEIG, F. D.; CUNHA, T. A. Influência do espaçamento no auto desbaste de povoamento monoclonal de *Eucalyptus saligna* Smith. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 25, n. 1, p. 119-126, 2015.
- SHIMAKURA, S. Coeficiente de correlação de postos de Spearman. Disponível em <http://www.leg.ufpr.br/~silvia/CE001/node73.html>. Acesso em 23 de agosto de 2021.

SHIMIZU, J. Y. Estratégia complementar para conservação de espécies florestais nativas: resgate e conservação de ecótipos ameaçados. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, n. 54, p. 07-35, 2007.

SILVA, J. C. **Caracterização da madeira de *Eucalyptus grandis* Hill ex. Maiden, de diferentes idades, visando a sua utilização na indústria moveleira.** 2002. 160f. Tese (Doutorado em Ciências Florestais) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2002.

SILVA, J. C. **Manual Prático do fazendeiro florestal: produzindo madeira com qualidade.** 3. ed. Minas Gerais: Editora Viçosa, 2011, 106p.

SILVA, J. M.; SOUSA, A. C. B.; SOUZA A. P.; MORI, E. S.; FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M.; MORAES, M. L. T. Development and characterization of 14 microsatellite loci from an enriched genomic library of *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. **Conserv Genet Resources**, Dordrecht, v. 1, n. 1, p 465–469, 2009.

SILVA, P. H. M.; BRUNE, A.; PUPIN, S.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M.; PAULA, R. C. Maintenance of genetic diversity in *Eucalyptus urophylla* ST Blake populations with restriction of the number of trees per family. **Silvae Genetica**, Warsaw, v. 67, n. 1, p. 34-40, 2018.

SILVA, P. H. M.; PAULA, R. C.; MORAES, M. L. T. **Melhoramento de Populações de Eucaliptos.** IPEF, 2018. 108p

SILVA, W. G.; SANTOS, D. M. C. L.; LIMA, A. P. L.; MATTOS, F. D.; LIMA, S. F.; PAULA, R. C. M. Growth and volumetric production of *Eucalyptus* clones in different planting spaces. **Revista de Agricultura Neotropical**, Cassilândia, v. 6, n. 3, p. 38-4, 2019.

SPERANDIO, H. V.; CAMPANHARO, W. A.; CECÍLIO, R. A.; NAPPO, M. E. Zoneamento agroecológico para espécies de eucalipto no estado do Espírito Santo. **Caminhos de Geografia**, Uberlândia, v. 11, n. 34, p. 203-216, 2010.

SUMATHI, M.; YASODHA, R. Microsatellite resources of *Eucalyptus*: current status and future perspectives. **Botanical studies**, Heidelberg, v. 55, n. 1, p. 1-16, 2014.

SUONTAMA, M.; KLÁPŠTĚ, E.; TELFER, E.; GRAHAM, N.; STOVOLD, T.; LOW, C.; MCKINLEY, R.; DUNGEY, H. Efficiency of genomic prediction across two *Eucalyptus nitens* seed orchards with different selection histories. **Heredity**, Rotorua, v. 122, n. 3, p. 370-379, 2019.

TAMBARUSSI, E. V.; MARQUES, E. G.; ANDREJOW, G. M. P.; PERES, F. S. B.; PEREIRA, F. B. Análise dialélica na avaliação do potencial de híbridos de *Pinus elliottii* x *Pinus caribaea* para a formação de populações de melhoramento. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 46, n. 119, p. 395-403. 2018.

TAMBARUSSI, E. V.; LIMA, B. M.; QUEIROZ R. C.; PERES, F. S. B.; DIAS, C.D.; PAGLIARINI, M. K.; PEREIRA, F. B.; ROSA, J. R. B. F.; REZENDE, G. D. S. P. Estimativas de parâmetros genéticos para a seleção precoce em clones de *Eucalyptus* spp. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 45, n. 155, p. 507-517. 2017.

TEIXEIRA, J. E. C; BONINE, C. A. V.; DIAS, D. C.; SCARPINATTI, E. A.; AGUIAR, A. M.; TOLEDO, F. H. R. B.; TAMBARUSSI, E. V.; VENCOVSKY, R. Cruzamentos dialélicos

entre clones elite de *Eucalyptus grandis* e *Eucalyptus urophylla*. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v.41, n.100, p.497-505, 2013.

TELFER, E. J.; STOVOLD, G. T.; LI, Y.; SILVA-JUNIOR, O. B.; GRATTAPAGLIA, D.; DUNGEY, H. S. Parentage reconstruction in *Eucalyptus nitens* using SNPs and microsatellite markers: a comparative analysis of marker data power and robustness. **PLOS ONE**, San Francisco, v. 10, n. 7, p.1-18, 2015.

THU, P. Q.; DELL, B.; BURGESS, T. I. Susceptibility of 18 eucalypt species to the gall wasp *Leptocybe invasa* in the nursery and young plantations in Vietnam. **Scientia Asia**, Bangkok, v. 35, p. 113-117, 2009.

UNESP – Área de Hidráulica e Irrigação. Canal Clima. 2021. Disponível em: <http://clima.feis.unesp.br>. Acesso em: 31 de dezembro de 2021.

VARGAS-HERNANDES, J.; ADAMS, W. T. Age-age correlation and early selection for wood density in young coastal Douglas-fir. **Forest Science**, Bethesda, v. 38, n. 2, p. 467-478, 1992.

VARSHNEY, R. K.; GRANER, A.; SORRELLS, M. E. Genic microsatellite markers in plants: features and applications. **Trends in Biotechnology**, Oxford, v, 23, n. 1, p. 48–55, 2005.

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

VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In. KERR, W. E. (Org.) - **Melhoramento e Genética**. São Paulo: Melhoramentos, 1969. 301 p.

WALKER, T. D.; ISIK, F.; MCKEAND, S. E. Genetic variation in acoustic time of flight and drill resistance of juvenile wood in a large loblolly pine breeding population. **Forest Science**, Oxford, v. 65, n. 4, p. 469– 482, 2019.

WANG, M. L.; BARKLEY, N. A.; JENKINS, T. M. Microsatellite markers in plants and insects. Part I: Applications of Biotechnology. **Genes, Genomes and Genomics**, Bethesda, v. 3, n. 1, p. 54-67, 2009.

WILCKEN, C. F.; LIMA, A. C. V.; DIAS, T. K. R.; MASSON, M. V.; FERREIRA FILHO, P. J.; POGETTO, M. H. F. A. D. **Guia prático de manejo de plantações de eucalipto**. Botucatu: FEPAF, 2008. 25 p. Disponível em: <<http://www.iandebo.com.br/pdf/plantioeucalipto.pdf>> Acesso em: 10 de janeiro 2022.

WRIGHT, J. W. **Introduction to forest genetics**. New York: Academic Press. 1976. 463 p.

YANG, H.; LIAO, H.; ZHANG, W.; WEN, P. Genome-wide assessment of population structure and genetic diversity of *Eucalyptus urophylla* based on a multi-species single-nucleotide polymorphism chip analysis. **Tree Genetics & Genomes**, Heidelberg, v. 16, n. 3, p. 1-11, 2020.

ZARUMA, D. U. G.; CANUTO, D. S. O.; PUPIN, S.; CAMBUIM, J.; SILVA, A. M.; MORI, E. S.; SEBBENN, A. M.; MORAES, M. L. T. Variabilidade genética em procedências e progênies de *Dipteryx alata* Vogel para fins de conservação genética e produção de sementes. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 43, n. 107, p. 609-615, 2015.

ZARUMA, D. U. G. **Pomar de Sementes por Mudanças em *Eucalyptus camaldulensis* e *Hymenaea stigonocarpa*: uma opção para o melhoramento e à conservação genética em espécies arbóreas exóticas e nativas.** 132 f. Tese (Doutorado em Ciência florestal) - Faculdade de Ciências Agrônômicas da UNESP, Botucatu, 2019.

ZHOU, C.; JIANG, W.; VIA, B. K.; CHETTY, P. M.; SWAIN, T. Monitoring the chemistry and monosaccharide ratio of *Eucalyptus dunnii* wood by near infrared spectroscopy. **Journal of Near Infrared Spectroscopy**, Londres, v. 24, n. 6, p. 537-548, 2016.

APÊNDICE

Apêndice I – Estimativas de variâncias para altura (ALT), DAP, sobrevivência (SOB) com um, dois, três, quatro e cinco anos de idade, velocidade acústica do som (VAS) e modelo de elasticidade (MOED MPa) aos cinco anos de idade em um teste de progênies de segunda geração de *Eucalyptus urophylla*, em Selvíria – MS.

Variância	2017		2018	2019		2020		2021			
	ALT	DAP	DAP	ALT	DAP	ALT	DAP	ALT	DAP	VAS	MOEd (MPa)
$\hat{\sigma}_a^2$	1,96	1,28	3,04	4,85	3,45	3,71	3,51	7,10	4,28	3152	0,54
$\hat{\sigma}_g^2$	0,49	0,32	0,76	1,21	0,86	0,92	0,87	1,77	19,44	7888	0,13
$\hat{\sigma}_e^2$	3,16	2,08	8,18	12,51	12,20	12,93	14,91	19,47	20,50	103141	1,65
$\hat{\sigma}_f^2$	3,80	2,40	8,95	13,73	13,06	13,86	15,79	21,25	20,52	111030	1,79

Variância	SOB	SOB	SOB	SOB	SOB
$\hat{\sigma}_a^2$	0,0066	0,0276	0,0266	0,0376	0,0434
$\hat{\sigma}_g^2$	0,0016	0,0069	0,0066	0,0094	0,010
$\hat{\sigma}_e^2$	0,1585	0,1678	0,1972	0,2149	0,2148
$\hat{\sigma}_f^2$	0,1601	0,1747	0,2039	0,2243	0,2256

Nota: $\hat{\sigma}_a^2$ variância genética aditiva; $\hat{\sigma}_g^2$ variância genotípica individual; $\hat{\sigma}_e^2$ variação residual; $\hat{\sigma}_f^2$ variação fenotípica individual.

Fonte: Elaboração do próprio autor.

Apêndice II - Relação entre a quantidade de árvores matrizes (k_f) e a progênie (famílias) de *Eucalyptus urophylla*, no PSM-TP-EU, com $k_{fo} = 40$ e $N = 298$, em Selvíria-MS.

Progênie	k_{fo} (TP)	k_f (PSM)	Progênie	k_f (PSM)
1		9	32	2
2		3	34	3
3		3	35	2
4		1	36	1
5		5	37	6
7		1	38	2
8		2	39	13
9		9	40	6
10		9	41	18
11		9	42	12
12		1	44	15
13		4	45	4
14		14	46	3
15		11	47	1
17		2	48	9
18		10	49	6
19		6	51	3
20		9	52	2
21		3	53	3
22		5	54	1
23		10	55	12
25		3	56	4
26		1	58	2
27		5	61	1
28		9	62	5
29		7	63	2
30		3	64	3
31		3	TOTAL	298

Fonte: Elaboração do próprio autor.

Apêndice III - Relação entre a quantidade de indivíduos das progênie que compõem o TP2G-TP-EU, instalado em outubro de 2016, e sobreviventes em 2021, em Selvíria-MS.

Progênie	Nº Indivíduos instalados	Nº de indivíduos em 2021
1	25	27
2	30	38
3	30	19
4	9	7
5	30	17
6	27	19
7	19	14
8	20	12
9	30	25
10	30	17
11	25	13
12	30	11
13	30	16
14	30	20
15	30	27
16	23	17
17	30	20
18	30	28
19	30	44
20	13	17
21	28	13
22	26	18
23	30	20
Total de indivíduos	605	459

Nota: O número de indivíduos de cada progênie era irregular, no plantio inicial nem todas as progênie conseguiram contribuir com 30 indivíduos. Quando ocorreu o replantio aquelas que não tinham mais indivíduos para repor foram substituídas.

Fonte: Elaboração do próprio autor.

Apêndice V - Relação das árvores matrizes e identificação correspondente das progênie que compõe o TP2G-TP-EU, instalado em outubro de 2016, em Selvíria-MS.

Repetição*	TP-EU		PSM-TP-EU	TP2G-TP-EU
	Progênie*	Árvore*	Matriz**	Progênie***
Y	44	2	1	1
Z	41	2	10	2
V	28	3	20	3
X	55	2	35	4
W	42	6	45	5
Z	11	4	55	6
X	27	8	65	7
W	1	6	86	8
W	21	5	95	9
X	49	4	101	10
Y	9	3	104	11
W	19	7	116	12
Z	20	8	118	13
Y	39	7	155	14
Y	64	7	214	15
Z	23	6	236	16
V	32	8	241	17
Z	25	2	458	18
Z	3	3	533	19
W	47	3	2473	20
W	61	2	2612	21
Z	48	7	21	22
Z	1	8	212	23

*Identificação das árvores que compunham o teste de progênie de *Eucalyptus urophylla* (TP-EU) antes do desbaste seletivo; **Identificação das árvores matrizes pós-desbaste realizado em 2011 para formação do Pomar de Sementes por Mudanças (PSM-TP-EU); ***Identificação da progênie correspondente a partir da coleta de sementes realizado no PSM-TP-EU em 2016 para instalação do teste de progênie de segunda geração (TP2G-TP-EU).

Fonte: Elaboração do próprio autor.

ESTRADA

Linhas de Plantio

ÁREA DE EXPERIMENTAÇÃO AGRÍCOLA

Pl.	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	83
1	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
2	*	16,2	*	19,7	*	22,13	*	2,45	*	3,47	*
3	*	15,6	*	21,7	*	1,13	*	15,43	*	17,28	*
4	*	6,1	*	3,7	*	17,13	*	18,40	*	19,42	*
5	*	14,1	*	20,7	*	9,13	*	15,65	*	2,29	*
6	*	13,1	*	15,33	*	14,13	*	1,20	*	13,29	*
7	*	10,1	*	1,7	*	20,13	*	19,20	*	10,29	*
8	*	23,1	*	4,7	*	21,13	*	23,40	*	15,52	*
9	*	19,1	*	9,7	*	15,14	*	5,20	*	18,48	*
10	*	9,1	*	6,7	*	18,14	*	3,46	*	17,29	*
11	*	20,1	*	13,7	*	12,14	*	1,21	*	19,29	*
12	*	12,1	*	11,7	*	6,14	*	14,36	*	9,29	*
13	*	18,1	*	17,7	*	2,14	*	15,44	*	15,53	*
14	*	1,1	*	8,7	*	15,63	*	23,41	*	3,29	*
15	*	4,1	*	10,7	*	19,34	*	19,38	*	23,29	*
16	*	3,1	*	5,7	*	21,14	*	18,47	*	9,41	*
17	*	2,1	*	12,7	*	17,14	*	22,21	*	18,45	*
18	*	2,31	*	2,7	*	7,14	*	6,21	*	2,58	*
19	*	8,1	*	11,8	*	8,14	*	2,21	*	19,30	*
20	*	11,1	*	22,8	*	3,14	*	12,21	*	2,59	*
21	*	15,3	*	2,54	*	19,35	*	15,66	*	15,70	*
22	*	5,1	*	7,8	*	9,14	*	14,21	*	19,50	*
23	*	17,1	*	5,8	*	22,14	*	21,21	*	15,54	*
24	*	21,1	*	15,34	*	16,14	*	19,21	*	18,49	*
25	*	21,2	*	16,8	*	17,35	*	16,28	*	2,52	*
26	*	20,2	*	2,55	*	23,14	*	3,37	*	15,55	*
27	*	18,3	*	19,8	*	13,14	*	17,21	*	10,30	*
28	*	9,2	*	14,8	*	14,33	*	14,43	*	13,30	*
29	*	19,3	*	20,8	*	19,44	*	15,67	*	18,50	*
30	*	22,2	*	10,8	*	15,37	*	5,22	*	19,43	*
31	*	4,2	*	2,8	*	2,41	*	22,22	*	*	*
32	*	16,2	*	23,8	*	3,15	*	18,41	*	*	*
33	*	3,31	*	8,8	*	18,15	*	12,22	*	*	*
34	*	10,3	*	4,8	*	17,15	*	1,22	*	*	*
35	*	11,2	*	3,44	*	8,15	*	14,22	*	*	*
36	*	14,2	*	13,8	*	19,15	*	15,68	*	*	*
37	*	2,53	*	17,8	*	1,15	*	21,22	*	*	*
38	*	23,2	*	19,46	*	2,56	*	2,57	*	*	*
39	*	13,2	*	21,8	*	22,15	*	17,22	*	*	*
40	*	5,2	*	18,46	*	15,15	*	10,22	*	*	*
41	*	12,2	*	15,8	*	6,15	*	6,22	*	*	*
42	*	7,2	*	9,38	*	9,37	*	19,22	*	*	*
43	*	17,3	*	10,35	*	13,15	*	23,22	*	*	*
44	*	1,2	*	22,9	*	14,15	*	9,22	*	*	*
45	*	19,2	*	15,9	*	9,15	*	3,22	*	*	*

46	*	15,6	*	2,39	*	16,15	*	11,22	*	*	*
47	*	8,2	*	7,9	*	23,15	*	2,46	*	*	*
48	*	10,3	*	1,9	*	21,15	*	16,22	*	*	*
49	*	1,3	*	11,9	*	3,35	*	15,69	*	*	*
50	*	20,3	*	23,9	*	7,15	*	3,23	*	*	*
51	*	14,3	*	20,9	*	13,16	*	11,23	*	*	*
52	*	2,32	*	3,9	*	6,16	*	18,42	*	*	*
53	*	13,3	*	21,9	*	16,26	*	19,23	*	*	*
54	*	18,3	*	18,35	*	23,33	*	13,23	*	*	*
55	*	2,3	*	16,9	*	19,16	*	5,23	*	*	*
56	*	9,31	*	14,9	*	18,16	*	16,23	*	*	*
57	*	23,3	*	4,9	*	5,16	*	15,23	*	*	—
58	*	21,3	*	17,36	*	8,16	*	23,23	*	*	—
59	*	19,5	*	12,9	*	14,16	*	6,23	*	*	—
60	*	12,3	*	8,9	*	23,16	*	10,23	*	*	—
61	*	22,3	*	15,61	*	7,16	*	9,35	*	*	—
62	*	3,32	*	19,9	*	10,16	*	22,23	*	*	—
63	*	17,3	*	5,9	*	9,16	*	2,47	*	*	—
64	*	4,3	*	2,40	*	2,16	*	18,23	*	*	—
65	*	5,31	*	6,10	*	18,38	*	3,38	*	*	—
66	*	15,3	*	23,10	*	15,64	*	14,23	*	*	—
67	*	7,3	*	5,10	*	11,16	*	21,23	*	*	—
68	*	16,3	*	12,10	*	12,16	*	3,24	*	*	—
69	*	6,3	*	17,37	*	15,16	*	15,46	*	*	—
70	*	11,3	*	18,10	*	19,36	*	23,42	*	*	—
71	*	19,4	*	10,32	*	14,41	*	9,24	*	*	—
72	*	14,4	*	1,10	*	8,17	*	19,39	*	*	—
73	*	9,32	*	3,10	*	3,17	*	18,24	*	*	—
74	*	10,3	*	13,10	*	1,17	*	15,47	*	*	—
75	*	4,4	*	9,33	*	13,17	*	10,24	*	*	—
76	*	3,4	*	16,10	*	16,17	*	14,24	*	*	—
77	*	11,4	*	19,32	*	5,17	*	17,24	*	*	—
78	*	8,4	*	7,10	*	6,17	*	21,24	*	*	—
79	*	2,33	*	2,10	*	9,17	*	9,36	*	*	—
80	*	23,3	*	22,10	*	14,17	*	11,24	*	*	—
81	*	1,4	*	21,10	*	10,17	*	22,24	*	*	—
82	*	16,4	*	9,10	*	11,17	*	13,24	*	*	—
83	*	5,4	*	15,10	*	12,17	*	23,24	*	*	—
84	*	13,4	*	20,10	*	22,17	*	2,24	*	*	—
85	*	17,3	*	14,10	*	17,17	*	3,39	*	*	—
86	*	12,4	*	11,10	*	19,17	*	1,25	*	*	—
87	*	2,34	*	13,11	*	18,17	*	15,48	*	*	—
88	*	3,43	*	19,11	*	23,34	*	14,25	*	*	—

89	*	7,4	*	2,11	*	15,38	*	19,40	*	*	—
90	*	18,3	*	21,11	*	19,47	*	3,25	*	*	—
91	*	23,3	*	18,36	*	2,17	*	9,25	*	—	—
92	*	15,6	*	14,32	*	21,17	*	18,25	*	—	—
93	*	6,4	*	7,11	*	2,42	*	5,25	*	—	—
94	*	2,35	*	15,35	*	23,35	*	17,25	*	—	—
95	*	22,5	*	12,11	*	9,34	*	23,25	*	—	—
96	*	14,5	*	22,11	*	15,18	*	2,48	*	—	—
97	*	11,5	*	8,11	*	14,35	*	22,25	*	—	—
98	*	9,5	*	20,11	*	18,39	*	21,25	*	—	—
99	*	6,5	*	10,11	*	17,18	*	19,25	*	—	—
100	*	23,5	*	16,11	*	19,18	*	2,25	*	—	—
101	*	7,5	*	11,11	*	14,18	*	12,25	*	—	—
102	*	18,3	*	17,34	*	11,18	*	11,25	*	—	—
103	*	14,4	*	5,11	*	19,48	*	10,25	*	—	—
104	*	17,5	*	3,11	*	8,18	*	5,26	*	—	—
105	*	19,5	*	23,11	*	5,18	*	17,26	*	—	—
106	*	2,5	*	15,11	*	16,27	*	9,26	*	—	—
107	*	2,36	*	9,11	*	7,18	*	19,26	*	—	—
108	*	13,5	*	6,11	*	2,43	*	2,49	*	—	—
109	*	15,6	*	14,40	*	15,39	*	3,26	*	—	—
110	*	5,5	*	15,12	*	3,18	*	6,26	*	—	—
111	*	3,5	*	3,45	*	23,18	*	23,26	*	—	—
112	*	16,5	*	15,62	*	22,18	*	2,50	*	—	—
113	*	10,5	*	19,12	*	15,40	*	14,26	*	—	—
114	*	4,5	*	12,31	*	23,36	*	19,41	*	—	—
115	*	1,5	*	18,37	*	2,44	*	10,26	*	—	—
116	*	12,5	*	2,12	*	16,32	*	15,49	*	—	—
117	*	16,6	*	3,34	*	9,40	*	14,37	*	—	—
118	*	1,6	*	9,39	*	2,19	*	16,29	*	—	—
119	*	7,6	*	23,38	*	22,19	*	18,26	*	—	—
120	*	19,6	*	16,31	*	17,19	*	23,43	*	—	—
121	*	8,6	*	6,12	*	15,19	*	16,33	*	—	—
122	*	6,6	*	17,38	*	19,49	*	10,27	*	—	—
123	*	10,6	*	1,12	*	23,37	*	3,27	*	—	—
124	*	4,6	*	13,12	*	7,19	*	13,27	*	—	—
125	*	12,6	*	7,12	*	18,19	*	17,27	*	—	—
126	*	5,6	*	11,12	*	3,19	*	15,50	*	—	—
127	*	15,60	*	14,12	*	6,19	*	9,27	*	—	—
128	*	20,6	*	8,12	*	8,19	*	18,43	*	—	—
129	*	17,3	*	12,12	*	21,19	*	15,27	*	—	—
130	*	3,6	*	19,33	*	11,19	*	6,27	*	—	—
131	*	22,6	*	10,13	*	15,41	*	3,40	*	—	—

132	*	15,3	*	7,13	*	5,19	*	2,27	*	—	—
133	*	18,6	*	2,13	*	14,19	*	18,27	*	—	—
134	*	13,6	*	8,13	*	19,37	*	19,27	*	—	—
135	*	21,6	*	11,13	*	10,20	*	15,51	*	—	—
136	*	23,6	*	16,13	*	6,20	*	3,41	*	—	—
137	*	14,4	*	13,13	*	14,20	*	18,28	*	—	—
138	*	2,6	*	23,39	*	16,20	*	23,28	*	—	—
139	*	9,6	*	5,13	*	8,20	*	9,28	*	—	—
140	*	15,7	*	3,13	*	14,42	*	2,51	*	—	—
141	*	16,7	*	12,13	*	17,20	*	15,28	*	—	—
142	*	23,7	*	15,13	*	2,20	*	3,42	*	—	—
143	*	7,7	*	18,13	*	18,20	*	16,30	*	—	—
144	*	14,3	*	19,13	*	15,42	*	13,28	*	—	—
145	*	18,3	*	6,13	*	9,20	*	18,44	*	—	—
146	*	*	*	*	*	*	*	*	*	—	—

ESTRADA E CASA DE BOMBA

Apêndice VI – Croqui de instalação do teste de progênies de segunda geração de *Eucalyptus urophylla* (TP2G-EU) localizado em Selvíria – MS. Laranja = TP2G-TPR-EU + AEC 144 (*). Verde = TP2G-TP-EU.

Nota: Espaçamento de 3,0 m x 1,5 m.

Data da Instalação TP2G-TPR-EU: 19/10/2016 e TP2G-TP-EU: 05/10/2016.

Fonte: Dados da pesquisa.