UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
"JÚLIO DE MESQUITA FILHO"
Campus de Botucatu

FCA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRONÔMICAS
UNESP | BOTUCATU

DARLIN ULISES GONZALEZ ZARUMA

POMAR DE SEMENTES POR MUDAS EM *Eucalyptus camaldulensis* e *Hymenaea stigonocarpa*: UMA OPÇÃO PARA O MELHORAMENTO E À CONSERVAÇÃO GENÉTICA EM ESPÉCIES ARBÓREAS EXÓTICAS E NATIVAS

Botucatu

2020

DARLIN ULISES GONZALEZ ZARUMA

POMAR DE SEMENTES POR MUDAS EM *Eucalyptus camaldulensis* **e** *Hymenaea stigonocarpa***: UMA OPÇÃO PARA O MELHORAMENTO E À CONSERVAÇÃO GENÉTICA EM ESPÉCIES ARBÓREAS EXÓTICAS E NATIVAS**

Tese apresentada à Faculdade de Ciências Agronômicas da UNESP - Campus de Botucatu, como parte dos requisitos para obtenção do título de Doutor em Ciência Florestal.

Orientador: Prof. Dr. Mario Luiz Teixeira de Moraes

Botucatu

2020

Z38p

Zaruma, Darlin Ulises Gonzalez
Pomar de sementes por mudas em Eucalyptus camaldulensis e Hymenaea stigonocarpa: uma opção para o melhoramento e à conservação genética em espécies arbóreas exóticas e nativas / Darlin Ulises Gonzalez Zaruma. -- Botucatu, 2020
130 p. : il., tabs., mapas

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agronômicas, Botucatu
Orientador: Mario Luiz Teixeira de Moraes

1. Plantas Melhoramento genético. 2. Genética quantitativa. 3. Florestas. 4. Bancos de sementes. I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca da Faculdade de Ciências Agronômicas, Botucatu. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

Câmpus de Botucatu

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA TESE: POMAR DE SEMENTES POR MUDAS EM Eucalyptus camaldulensis e Hymenaea stigonocarpa: UMA OPÇÃO PARA O MELHORAMENTO E CONSERVAÇÃO GENÉTICA EM ESPÉCIES ARBÓREAS EXÓTICAS E NATIVAS

AUTOR: DARLIN ULISES GONZALEZ ZARUMA
ORIENTADOR: MARIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Doutor em CIÊNCIA FLORESTAL, pela Comissão Examinadora:

Prof. Dr. MARIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES
Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio Economia / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira - UNESP

Prof. Dr. CELSO LUIS MARINO
Genética / Instituto de Biociências de Botucatu - UNESP

Prof. Dr. JOAO ANTONIO DA COSTA ANDRADE
Biologia e Zootecnica / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira - UNESP

Dr. JOSÉ CAMBUIM
Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira - UNESP

Dr. EDUARDO PINHEIRO HENRIQUES
Timóteo/MG / .

Botucatu, 27 de fevereiro de 2020

A Deus e à Virgem Maria del Cisne
A minha mãe, Trânsito
por seu carinho e ternura sem fronteiras.

DEDICO

Aos que são minha inspiração, alegria e orgulho...
Minha avó (in memoriam), Carmen Salinas,
A meu pai, Miguel Gonzalez,
Meus irmãos, Pablo e Lisbeth e
Minhas sobrinhas Karlita, Kelly, Doménica e Huguito Andrés.

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

Ao meu orientador Prof. Dr. Mário Luiz Teixeira de Moraes, pelos ensinamentos, paciência, amizade e caminhadas baixo a luz do Cruzeiro do sul. Agradeço a confiança e oportunidade de formar parte de sua equipe, grato!

Aos membros das bancas examinadoras do exame de qualificação e defesa, Profa. Dra. Magali Ribeiro da Silva, Prof. Dr. Celso Luís Marino, Prof. Dr. João Antônio da Costa Andrade, Dr. Jose Cambuim e ao Dr. Eduardo Pinheiro Henriques, pela colaboração e sugestões.

Aos professores, técnicos e funcionários do Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio Economia, Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira – FEIS/UNESP; Instituto de Biociências, Departamento de Genética, Botucatu – IBB/UNESP e Faculdade de Ciências Agronômicas, Botucatu – FCA/UNESP.

A Profa. Dra. Karina Martins, Prof. Dr. Alan Rodrigo Panosso, Prof. Dr. Alexandre Sebbenn, Dr. Ricardo de Oliveira Manoel, Dra. Silvelise Pupin, Dr. Bruno César Rossini, Dra. Patrícia Ferreira Alves, Dra. Marcela A. de Moraes, Blga. Maiara R. Cornacini e Tec. Selma Maria Bozzite de Moraes pelo auxílio nas análises estatísticas e laboratoriais.

Ao Geóg. Fernando Brandao de Andrade e a Companhia Energética de São Paulo – CESP, Divisão de Gerenciamento Ambiental de Ecossistemas, UHE Eng. Sérgio Motta (Porto Primavera), que prestaram grande colaboração com o desenvolvimento da pesquisa na Reserva Particular do Patrimônio Natural - RPPN Cisalpina, Brasilândia/MS

Aos Eng. Ximena Aguirre e Hugo Plaza pelo apoio, carinho e confiança para continuar os estudos.

Aos amigos da equipe do Laboratório de Silvicultura e Genética de Populações, pela ajuda no campo e ótimas conversas: Selma Maria Bozzite de Moraes, Jose Cambuim, Alonso Ângelo da Silva, Alexandre Marques da Silva, Murilo Serra, Silvelise Pupin, Jose Carlos, Franciele Alves, Daniele Zulian, Thaisa Yuriko, Lara Comar, Luciane Sato e Juliana Martins, que contribuíram de maneira ímpar na coleta dos dados para concluir os estudos.

Aos amigos André Stuani, Daniele Zulian e família, Priscila Rocha, Deivid Lopes Machado, Leonardo Augusto Martins, Alonso Ângelo e família, José Cambuim e família, Alexandre Marques e família, José Carlos e família, Paulinho e família, Murilo Serra da Silva, Maiara Cornacini, Marcelo Alcantara, Alexandre e Valdeir pela amizade, confiança e apoio durante este tempo de convivência, grato!

Aos compadres Celso Yaguana, Deicy Lozano, Tito Ramirez, Elsa Naranjo e afilhados Andres e Tito Emiliano, pelo apoio e torcida ao longo desses anos.

Aos funcionários e técnicos da Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da FEIS/UNESP pela colaboração e auxílio na pesquisa de campo: Buchada Queiroz, Alvino da Silva, Alexandre Flores, Zé Raimundo, Juliano, César, Zé Hernandes, Juninho, Mazola, Júlio, Ailton, Baiano, Ederson, Eduardo, Tejim, Carlão, Jau e em especial a José Cambuim, Alexandre Marques da Silva e Alonso Ângelo, muito obrigado pela amizade e apoio incondicional em minha formação.

Aos professores e amigos da Engenharia Florestal da Universidade Nacional de Loja, por participarem dessa importante etapa de minha formação acadêmica.

Aos meus amigos de Loja: Patricio Jaramillo, Gabriel Morocho, Fernando Ochoa, Luís Viteri, valeu pela força e torcida à distância.

Á Secretaria Nacional de Ciência y Tecnologia del Ecuador – SENESCYT pelo suporte financeiro na concessão da bolsa para realizar os estudos.

A todos, meus sinceros agradecimentos! MUCHAS GRACIAS!!

RESUMO

As espécies florestais possuem grande importância econômica, pois oferecem diversos produtos fundamentais para a sociedade, mas dada a impossibilidade de se separar ações de melhoramento das de conservação de recursos genéticos, técnicas como os testes combinados de progênies e procedências, tanto para espécies exóticas ou nativas, visam a seleção de árvores pelo valor genético e a transformação dos experimentos em PSM (pomares de semente por mudas). Os pomares de sementes são os vetores de produção de sementes de alta qualidade genética, que ligam as atividades de melhoramento das árvores às práticas de conservação. No anterior contexto, sementes de polinização aberta provenientes de uma população base de *Eucalyptus camaldulensis* e de um fragmento de Cerrado com *Hymenaea stigonocarpa*, foram coletadas e plantadas na Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira (FEIS/UNESP), em Selvíria-MS. O objetivo deste trabalho foi verificar a variação genética e ganhos genéticos a partir do desbaste dentro de progênies de *E. camaldulensis* aos 10 anos de idade e estimar parâmetros genéticos populacionais, por meio de marcadores moleculares do tipo microssatélites para *H. stigonocarpa*, com vistas ao melhoramento genético e conservação, respectivamente. Para análise quantitativa, os caracteres altura (ALT), diâmetro a altura do peito (DAP), volume (VOL), densidade básica (DBM) e sobrevivência (SOB) foram utilizados. Assim os valores observados para sobrevivência (>90%) de *E*. *camaldulensis* indicam boa adaptação da espécie ao local e estimativas consideradas de alta magnitude para o coeficiente de variação genética aditiva individual, herdabilidade em nível de medias de progênies e acurácia. A estratégia de seleção dentro de progênies, com desbaste de 40% dos indivíduos com base no caráter DAP, revelou baixos ganhos com seleção. Em quanto *H*. *stigonocarpa* mostrou altos níveis de diversidade genética para adultos (54 alelos) e progênies (40 alelos), e uma estrutura genética espacial de até 75 m. o sistema de reprodução foi pôr cruzamento (0,99) entre parentes (0,125), resultando em um coeficiente de coancestria de 0,140, com progênies de meios-irmãos. Em conclusão, este estudo gerou informações sobre a variabilidade genética e permite orientar ações para transformá-los em pomares de sementes por mudas.

Palavras chave: Cerrado. Sementes florestais. Endogamia. Diversidade genética. Parâmetros genéticos.

ABSTRACT

Forest species are of great economic importance, as they offer several fundamental products for society, but given the impossibility of separating actions to improve those from the conservation of genetic resources, techniques such as the combined testing of progenies and provenances for both exotic and native species, aim at the selection of trees by their genetic value and the transformation of the experiments in PSM (seed orchards by seedlings). Seed orchards are the vectors of seed production of high genetic quality, which link tree improvement activities to conservation practices. In the previous context, open pollination seeds from a base population of *Eucalyptus camaldulensis* and a fragment of Cerrado with *Hymenaea stigonocarpa*, were collected and planted at the Faculty of Engineering of Ilha Solteira (FEIS/UNESP), in Selvíria-MS. The objective of this work was to evaluate the genetic variation and genetic gains from thinning within *E. camaldulensis* progeny at 10 years of age, and to estimate population genetic parameters, using microsatellite molecular markers for *H. stigonocarpa*, with a view to genetic improvement and conservation, respectively. For quantitative analysis, the characters height (H), diameter at breast height (DBH), volume (VOL), basic density (DBM) and survival (SUR) were used, thus the values observed for survival (> 90%) indicate good adaptation of the species to the place. Estimates considered to be of high magnitude were obtained for the coefficient of individual additive genetic variation, heritability of the mean of progenies and accuracy. The selection strategy within progenies, with thinning of 40% of the individuals based on the DAP character, revealed gains in the selection. High levels of genetic diversity for adults (54 alleles) and progenies (40 alleles) have been recorded, and a spatial genetic structure of up to 75 m. The average crossing rate was 0.99, indicating a breeding system for breeding the species. The crossing rate between relatives was 0.125, resulting in a coancestry coefficient of 0.140, with half-sib progenies. This study generated information on genetic variability and allows guiding actions to transform them into seed orchards for seedlings.

Keywords: Savanna. Forest seeds, Inbreeding. Genetic diversity. Parameters genetics.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Representação esquemática de um programa básico de melhoramento envolvendo ciclos de seleção recorrente, estabelecimento de um pomar de sementes e/ou testes clonais de genótipos promissores..... 25

Figura 2 - Mapa de de ocorrência natural na Austrália e aptidão climática no Brasil de *Eucalyptus camaldulensis*..... 31

Figura 3 - Representação esquemática das etapas do programa de conservação e melhoramento de *Eucalyptus camaldulensis*, Selvíria-MS. 32

Figura 4 - Distribuição das populações de *Hymenaea stigonocarpa* na vegetação de cerrado e as cores representam os diferentes haplótipos..... 37

CAPITULO 1

Figura 1 - Localização geográfica da população base e do teste de progênies de *Eucalyptus camaldulensis* na FEPE/FEIS/ UNESP), no município de Selvíria-MS..... 44

Figura 2 - Medias anuais de temperatura (°C) e precipitação (mm) mensuradas no período de 1986 a 2008, na estação climática de Ilha Solteira-SP. 45

Figura 3 - Formação de grupos com base nas distâncias de Mahalanobis (D2) para os caracteres de crescimento em progênies de *Eucalyptus camaldulensis*, nos experimentos (A) 1 pl/parc e (B) 5 pl/parc aos 10 anos de idade, no município de Selvíria-MS..... 67

CAPITULO 2

Figura 1 - Distribuição espacial de árvores de *Hymenaea stigonocarpa* no fragmento de Cerrado na Reserva Particular do Patrimônio Natural-RPPN Cisalpina, Brasilândia/MS, n: 710..... 80

Figura 2 - Distribuição diamétrica dos indivíduos de *Hymenaea stigonocarpa* encontrados na parcela circular de 9 ha na RPPN-Cisalpina, Brasilândia/ MS, em 2018 (n= 710 indivíduos, DAP≥ 5 cm)..... 88

Figura 3 - Formação de grupos com base nas distâncias de Mahalanobis (D2) para os caracteres de crescimento em progênies de *Hymenaea stigonocarpa*, em uma planta por parcela, aos 05 anos de idade, no município de Selvíria-MS. 90

Figura 4 - Estrutura genética espacial intrapopulacional em árvores adultas na RPPN-Cisalpina de *Hymenaea stigonocarpa*. A linha contínua refere-se à estimativa do coeficiente de coancestria médio e as linhas pontilhadas referem-se à estimativa do intervalo de confiança do erro a 95% de probabilidade da hipótese de ausência de estrutura genética espacial (H_0: $\hat{\theta}_{xy}$ =0)..... 92

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Estimativas de herdabilidade em nivel de medias de progenies (h_m^2) para altura (ALT), diâmetro a altura do peito (DAP), volume (VOL), forma de fuste (FOR) e densidade básica da madeira (DBM), em *Eucalyptus camaldulensis* em diferentes idades (em anos)..... 32

Tabela 2 - Valores médios para os caracteres silviculturais: altura total (ALT), diâmetro à altura do peito (DAP), sobrevivência (SOB) e Densidade básica da madeira (DBM) em testes de proveniências/progênies e plantações florestais de *Eucalyptus camaldulensis*. 34

Tabela 3 - Relação dos trabalhos genético populacionais existentes para *Hymenaea stigonocarpa* e os valores das estimativas genéticas encontradas..... 39

CAPITULO 1

Tabela 1 - Estimativas do tamanho efetivo populacional (Ne) e parâmetros genéticos para os caracteres: ALT (altura total), DAP (diâmetro à altura do peito), VOL (volume) na população base de *Eucalyptus camaldulensis*, aos 32 anos no município de Selvíria, MS. 56

Tabela 2 - Estimativas de parâmetros genéticos para Estabilidade e Adaptabilidade Temporal pelo Método MHPRVG para ALT (altura total), DAP (diâmetro à altura do peito) e VOL (volume) da população base de *Eucalyptus camaldulensis*, aos 32 anos no município de Selvíria/MS. 58

Tabela 3 - Classificação das matrizes de *Eucalyptus camaldulensis* com base no DAP, para estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG) e simultaneamente por produtividade, estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG) aos 32 anos no município de Selvíria, MS. 59

Tabela 4 - Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres: altura (ALT, m), diâmetro à altura do peito (DAP, cm), volume (VOL, m^3 arv^{-1}) e densidade básica da madeira (DBM, $g.cm^{-3}$) em testes de progênies de *Eucalyptus camaldulensis*, aos 10 anos de idade no município de Selvíria/MS. 62

Tabela 5 - Correlações genéticas entre caracteres silviculturais de *Eucalyptus camaldulensis*, aos 10 anos de idade, no município de Selvíria-MS.. 66

Tabela 6 - Ganho genético para o caráter DAP (diâmetro à altura do peito), em testes de progênies de *Eucalyptus camaldulensis*, aos 10 anos de idade no município de Selvíria, MS..... 68

CAPITULO 2

Tabela 1 - Características de nove locos microssatélites para *Hymenaea stigonocarpa* utilizados para caracterização genética dos indivíduos..... 85

Tabela 2 - Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos para: altura total (ALT, m), diâmetro à altura do peito (DAP, cm) e sobrevivência (SOB, %) para *Hymenaea stigonocarpa*, aos cinco anos de idade, em Selvíria/MS..... 89

Tabela 3 - Diversidade genética e índice de fixação (*F*) em nove locos microssatélites para adultos e progênies de *Hymenaea stigonocarpa*. *K* é o número total de alelos; *R* é a riqueza alélica; H_o e H_e são as heterozigosidade observada e esperada, respectivamente..... 91
Tabela 4 - Estimativas de parâmetros do sistema de reprodução em nível de população de *Hymenaea stigonocarpa*..... 93
Tabela 5 - Estimativa de parâmetros do sistema de reprodução em nível de progênies de *Hymenaea stigonocarpa*, em Selvíria/MS..... 94

SUMÁRIO

	INTRODUÇÃO GERAL	21
	REVISÃO DE LITERATURA	23
	Melhoramento florestal	23
	População base	23
	População de melhoramento	24
	Pomar de sementes	25
	Pomar de sementes por mudas	26
	Pomares de sementes clonais	27
	Conservação de Recursos Genéticos florestais	28
	Conservação *in situ*	28
	Conservação *ex situ*	29
	Conservação *on farm*	29
	Eucalyptus camaldulensis Dehnh	30
	Hymenaea stigonocarpa Mart. ex Hayne	36
	CAPÍTULO 1 - VARIAÇÃO GENÉTICA PARA CARACTERES SILVICULTURAIS DE *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. COM FINS DE MELHORAMENTO GENÉTICO	40
	RESUMO	40
	ABSTRACT	41
1.1	INTRODUÇÃO	42
1.2	MATERIAL E MÉTODOS	43
1.2.1	Caracterização da área experimental	43
1.2.1.1	População Base	45
1.2.1.2	Teste de progênies	46
1.2.2	Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos	47
1.2.2.1	Análise Univariada	47
1.2.2.1.1	População base	47
1.2.2.1.2	Teste de progênies de uma planta por parcela	50
1.2.2.1.3	Teste de progênies de várias plantas por parcela	51
1.2.2.2	Análise agrupada	52
1.2.2.3	Correlações Genéticas e Análise Multivariada	52
1.2.3	Estimativa de ganho com seleção	53
1.3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	54
1.3.1	População base	54
1.3.2	Teste de progênies	59
1.3.2.1	Altura	60
1.3.2.2	Diâmetro a altura do peito	61
1.3.2.3	Volume	63
1.3.2.4	Densidade Básica da Madeira	64
1.3.3	Correlação e análise multivariada	66
1.3.4	Ganhos com seleção	67
1.4	CONCLUSÕES	69
	REFERÊNCIAS	70

	CAPÍTULO 2 - DIVERSIDADE GENÉTICA DE *Hymenaea stigonocarpa* **Mart. ex Hayne USANDO MARCADORES MOLECULARES MICROSSATÉLITES (SSR)**.....	76
	RESUMO.....	76
	ABSTRACT.....	77
2.1	INTRODUÇÃO.....	78
2.2	MATERIAL E MÉTODOS.....	79
2.2.1	População natural.....	79
2.2.2	Teste de progênies.....	81
2.2.2.1	Análise quantitaiva.....	81
2.2.2.2	Análise multivariada.....	82
2.2.3	Análise molecular.....	83
2.2.3.1	Amostragem e coleta de material vegetal.....	83
2.2.3.2	Extração de DNA.....	83
2.2.3.3	Amplificação de locos microssatélites.....	84
2.2.3.4	Genotipagem.....	85
2.2.3.5	Diversidade genética.....	86
2.2.3.6	Estrutura genética espacial.....	86
2.2.3.7	Sistema de reprodução.....	86
2.2.3.8	Coancestria, tamanho efetivo populacional e número de matrizes para coleta de sementes.....	87
2.3	RESULTADOS.....	88
2.3.1	População natural.....	88
2.3.2	Teste de progênies.....	88
2.3.2.1	Genética quantitativa.....	88
2.3.2.2	Análise multivariada.....	90
2.3.3	Genética molecular.....	90
2.3.3.1	Diversidade genética	90
2.3.3.2	Estrutura genética espacial.....	91
2.3.3.3	Sistema de reprodução.....	92
2.3.3.3.1	Nível populacional.....	92
2.3.3.3.2	Nível de famílias.....	93
2.4	DISCUSSÃO.....	95
2.4.1	Sobrevivência e crescimento do teste de progênies.....	95
2.4.2	Diversidade genética e índice de fixação.....	96
2.4.3	Estrutura genética espacial.....	97
2.4.4	Sistema de reprodução em nível populacional.....	97
2.4.5	Sistema de reprodução em nível de progênies.....	98
2.5	CONCLUSÃO.....	98
	REFERÊNCIAS.....	100
	CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	105
	REFERÊNCIAS	107
	APÊNDICE A - Atributos químicos do solo da população base e teste de progênies de *Eucalyptus camaldulensis*, Selvíria, MS.....	117
	APÊNDICE B - Valores utilizados para estimar a densidade básica da madeira das árvores resmanescentes de *Eucalyptus camaldulensis* para cada uma das progênies.....	118

APÊNDICE C - Estimativas de variância para altura total (ALT), diâmetro à altura do peito (DAP) e volume (VOL) da população base de *Eucalyptus camaldulensis*, aos 32 anos no município de Selvíria, MS..... 120
APÊNDICE D - Relação das 25 matrizes da população base de *Eucalyptus camaldulensis* que compõe a população de melhoramento (pomar de sementes) e que formaram descendentes para o teste de progênies, estabelecidos em Selvíria, MS..... 121
APÊNDICE E - Estimativa de correlação de Spearman a x d para altura total (ALT), diâmetro à altura do peito (DAP) e, volume (VOL) da população base de *Eucalyptus camaldulensis*, aos 32 anos no município de Selvíria, MS..... 122
APÊNDICE F – Estimativas de variância para Estabilidade e Adaptabilidade Temporal pelo Método MHPRVG para ALT (altura total), DAP (diâmetro à altura do peito) e VOL (volume) da população base de *Eucalyptus camaldulensis*, aos 32 anos em Selvíria/MS..... 126
APÊNDICE G - Estimativas de variância para altura total (ALT), diâmetro à altura do peito (DAP), volume (VOL) e densidade básica da madeira (DBM) nas análise de uma, cinco plantas por parcela e análise conjunta de *Eucalyptus camaldulensis*, aos 10 anos de idade no município de Selvíria, MS..... 127
APÊNDICE H - Formação de grupos com base nas distâncias de Mahalanobis (D2) para os caracteres de crescimento em progênies de *Eucalyptus camaldulensis*, aos 10 anos de idade, no município de Selvíria-MS..... 128
APÊNDICE I **-** Relação de famílias e indivíduos genotipados em um teste de progênies de *Hymenaea stigonocarpa*, aos 5 anos de idade, no município de Selvíria-MS..... 129
APÊNDICE J - Estimativas de variância para: altura total (ALT, m), diâmetro à altura do peito (DAP, cm), e sobrevivência (SOB, %) para *Hymenaea stigonocarpa*, aos cinco anos de idade, em Selvíria/MS..... 130

INTRODUÇÃO GERAL

A provisão de sementes florestais com qualidade genética é um dos principais desafios das próximas décadas, dado a situação atual da redução diária das áreas naturais onde albergasse a base genética necessária para enfrentar as mudanças climáticas, principalmente o desequilíbrio do regime de chuvas e atender a demanda de bens e serviços ambientais. Nesse sentido o melhoramento florestal tem priorizado estratégias de adaptação, plasticidade e produtividade de espécies florestais exóticas, bem como para valorar a conservação das espécies florestais nativas.

Os programas de melhoramento florestal de espécies nativas e exóticas contribui significativamente para os incrementos em produtividade e qualidade das florestas plantadas e não menos importante, é a participação no manejo florestal. Em 2018 a área total de árvores plantadas no Brasil totalizou 7,83 milhões de hectares, os plantios de eucalipto ocupam 5,7 milhões de hectares, enquanto as áreas com pinus somam 1,6 milhão de hectares, e outras espécies, entre elas acácia, teca, seringueira, paricá, araucária, populus, representam cerca de 590 mil hectares (IBÁ, 2018).

O destaque do setor florestal na balança comercial brasileira proveniente dos produtos das exportações de árvores plantadas (celulose, papel, carvão vegetal, paines de madeira, pisos laminados) é resultado dos investimentos em pesquisa e melhoramento genético. Desse modo, dentro dos programas de melhoramento, monitorar e avaliar as populações base (*ex situ*) ou naturais (*in situ*) são de vital importância no melhoramento de espécies arbóreas, visto que o sucesso de plantios no curto e longo prazo depende da qualidade genética das sementes que o pomar produz (KAYA et al., 2006; TORIMARU et al., 2013; CHALOUPKOVÁ et al., 2016).

Neste sentido, pesquisas sobre este assunto vêm sendo de interesse de muitos pesquisadores de inúmeras instituições do Brasil. A Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira/UNESP, por exemplo, possui um programa de melhoramento com *Eucalyptus camaldulensis* a partir de uma população base instalada em 1986 com sementes provenientes de Austrália e posterior teste de progênies; em quanto a espécies nativas do bioma Cerrado vários testes de progênies estão em diversos tipos de delineamentos experimentais, tal é o caso de *Hymenaea stigonocarpa* uma espécie com uma variedade de benefícios

econômicos, ecológicos, sociais e culturais instalada a partir de sementes coletadas em uma reserva particular do patrimônio natural na região do Bolsão sul-mato-grossense. Para contribuir com isso, a mensuração de caracteres silviculturais e o emprego de ferramentas silviculturais, tem sido importante para estimar a variação genética, os ganhos com seleção de genótipos superiores, níveis de diversidade e estrutura genética etc.

.

REVISÃO DE LITERATURA

Melhoramento florestal

O melhoramento de espécies vegetais e animais de interesse para as sociedades baseia-se no uso da variação genética subjacente à variação fenotípica para características de interesse, a partir de um processo sequencial que começa com a avaliação de candidatos para características economicamente importantes (alelos favoráveis) e / ou adaptativas e continua com a seleção dos melhores candidatos e recombinação, em uma dada população (MURANTY et al., 2014). O melhoramento florestal visa ao aumento da produtividade e da qualidade de matéria-prima a cada ciclo de seleção, de modo a manter a base genética da população, para possíveis programas de melhoramento a médio e longo prazo (PIRES e RESENDE 2011).

Para o estabelecimento de um programa de melhoramento, atenção especial deve ser dada em relação ao material genético (espécies e populações) que será utilizado como parte de uma estratégia de melhoramento.

População base

Populações naturais ou teste de procedências não melhoradas podem ser usadas como população base, das quais árvores individuais são selecionadas no início do programa de melhoramento ou em estágios posteriores e está sujeita a mudanças evolutivas (FINKELDEY et al., 2006). A população base deve conter variabilidade genética e tamanho efetivo suficientemente adequado, a fim de formar a população de conservação e ou melhoramento genético a curto e longo prazo (RESENDE, 1999; BILIR et al., 2004; SURAJ et al., 2019).

A partir da definição do material genético a ser estudado é necessário dimensionar o tamanho da população base inicial a ser trabalhada. Existem várias considerações para a definição do tamanho adequado da população base. Resende (1999) explica que o ideal é começar com número elevado de famílias, a fim de permitir altas intensidades de seleção já nas primeiras gerações e, simultaneamente, manter o tamanho efetivo compatível com o melhoramento a longo prazo. Assim, para melhoramento, um número acima de 20 famílias seria adequado para representar uma

população. Entretanto, o início de um programa de melhoramento com um número de famílias desta magnitude (20 a 50) compromete, em muito, sua eficiência (DANUSEVICIUS e LINDGREN, 2005).

A formação de populações base a partir dos estudos de procedências permite conhecer adequadamente as variações e comportamento silvicultural, às características de adaptação e problemas ligados à amostragem populacional. A população base estabelecida fornece sementes recombinadas com qualidades genéticas e fisiológicas adequadas para a continuidade ao programa de melhoramento clássico, como também para os plantios comerciais (SILVA, 2010, SOUZA, 2016).

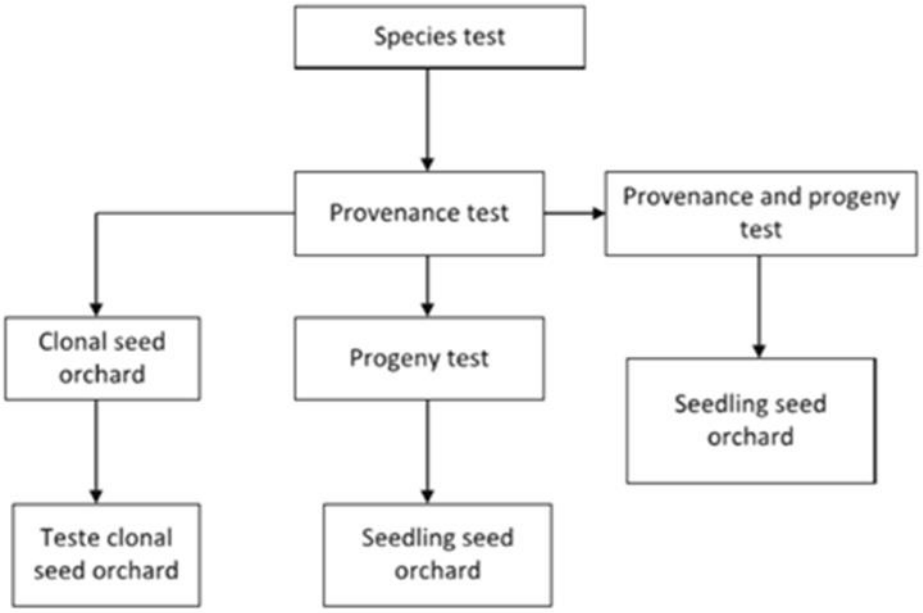
População de melhoramento

Para a formação da população de melhoramento, a população base pode ser trabalhada com seleção intrapopulacional por meio de seleção massal e seleção individual. Assim, podem-se formar áreas de coleta de sementes (ACS) e áreas de produção de sementes (APS) que constituem métodos de produção de sementes no melhoramento de populações submetidas à seleção massal. Os pomares de sementes clonais e os formados por mudas são métodos de melhoramento nos quais se utiliza a seleção individual. Assim, as informações obtidas servem para afirmar quais dos pais conhecidos apresentam a melhor combinação de genes com um efeito positivo sobre as características alvo (crescimento, forma da árvore, resistência, conteúdo químico etc.) (FERREIRA, 1980; FINKELDEY et al., 2006; SILVA, 2010; SOUZA, 2016).

O programa de melhoramento clássico, em geral, segue os seguintes passos: (i) seleção de espécies, (ii) seleção das procedências mais produtivas e adaptadas de cada espécie, (iii) e testes de progênie (Fig.1). As espécies são selecionadas de acordo com o objetivo principal das plantações (produção de papel e celulose, madeira serrada ou energia) e de acordo com os ambientes na região das plantações. O segundo estágio é a seleção das fontes de sementes mais produtivas e adaptadas (procedências). O último estágio é a seleção dos melhores indivíduos nas características-alvo dentro das melhores procedências. Esses indivíduos são diretamente testados e plantados como clones após a propagação vegetativa ou

usados como progenitores (FINKELDEY et al., 2006; MORAES et al., 2007; DEGEN e SEBBENN, 2014).

Figura 1 - Representação esquemática de um programa básico de melhoramento envolvendo ciclos de seleção recorrente, estabelecimento de um pomar de sementes e/ou testes clonais de genótipos promissores



Fonte: DEGEN e SEBBENN (2014, p. 16).

Pomar de sementes

Os programas de melhoramento florestal são projetados para aumentar os valores econômicos de futuras florestas através do plantio de estoques superiores com maior ganho genético e um alto nível de diversidade genética (EL-KASSABY, 1995), para isso um dos primeiros passos é o estabelecimento de pomares de sementes, os quais representam a ligação entre o melhoramento florestal e as atividades silviculturais subsequentes. Portanto o pomar de sementes é definido como uma plantação de árvores geneticamente superiores, isoladas para reduzir a polinização de árvores geneticamente inferiores; além de ser locais ideais para testar as suposições da transmissão da variação genética entre gerações dentro das populações (CYR et al., 2001; FUNDA e EL-KASSABY, 2012; KAMALAKANNAN et al., 2016; SONG et al., 2018).

O objetivo do estabelecimento de pomar de sementes é produzir rendimentos geneticamente melhoradas, consistentes, abundantes e accessíveis em condições isoladas (ROBERDS et al., 1991; NODOUSHAN, 2015). Espera-se que os pomares de sementes produzam plantações vigorosas e de alto rendimento, porque fornecem descendentes do acasalamento entre árvores superiores cuidadosamente selecionadas (KAMALAKANNAN et al., 2016). Para que os pomares de sementes cumpram seus objetivos pretendidos, o ideal é que elas funcionem como uma população perfeita e fechada. Os parâmetros de estabelecimento do pomar de sementes (natureza do material (plântula versus clone), tamanho e design, número de progenitores e sua representação) e fatores biológicos (energia e sucesso reprodutivos, fenologia reprodutiva e taxas de seleção e fluxo gênico), todos atuam individualmente e / ou em conjunto para influenciar a qualidade genética do material.

Os pomares de sementes são complexos dinâmicos categorizados em primeira, segunda e terceira geração, com base no número de ciclos de reprodução implementados. Assim os pomares de primeira geração são estabelecidos a partir de pais selecionados com base em seus fenótipos em povoamentos florestais ou plantações não melhoradas e seu valor genético é amplamente desconhecido. Esses pomares podem ser melhorados através do desbaste de progenitores inferiores, após os resultados obtidos no teste de progênie (NODOUSHAN, 2015).

Os pomares de sementes podem ser classificados de acordo com o tipo de material vegetal usado - plântulas ou clonal.

Pomar de sementes por mudas

Os pomares de sementes por mudas (SSO) surgem da conversão de um teste de progênie destinado à identificação de famílias superiores (ampla base genética) e são uma das abordagens mais amplamente usadas para produzir rapidamente sementes melhoradas devido à sua simplicidade e baixo custo em comparação com os pomares polinizados e clonais de controle (FINKELDEY et al., 2006; NODOUSHAN, 2015; PUPIN et al., 2019). As famílias que mostram expressões de características inferiores são prejudicadas pelo desbaste seletivo que estimula também o aumento da coroa. Após essa etapa de seleção combinada, são colhidas as sementes usadas para o estabelecimento das plantações. Se a conversão posterior de um teste de progênie for planejada, certas precauções no layout contribuem para

o sucesso da produção de sementes de qualidade superior (FINKELDEY et al., 2006). Assim, é necessário avaliar o desempenho da progênie com base no desempenho de características econômicas, como vigor no crescimento, forma do caule, densidade da madeira e resistência a doenças e pragas, com as provenientes de plantios comerciais (CHMURA et al., 2012; PUPIN et al., 2019).

Nas espécies de árvores polinizadas pelo vento ou pelos animais, a idade, tamanho e densidade do pomar determinam a produção de pólen e, portanto, o risco de ser inundado pelo pólen da floresta circundante. Obviamente, o isolamento à distância é importante. Em contraste com os pomares clonais, o sistema de dispersão efetiva do pólen pode ser analisado nesse tipo de pomar, onde todas as árvores têm outro genótipo, de modo que paternidades de determinadas árvores e não apenas clones podem ser atribuídos à prole (FINKELDEY et al., 2006; NODOUSHAN, 2015).

Pomares de sementes clonais

Estabelecidos clonalmente, utilizam propágulos vegetativos, como enxertos, estacas ou plântulas de cultura de tecidos, coletadas ou cultivadas dos melhores clones, em média, consiste em 30 a 50 pais diferentes, cada um dos quais representado por uma ou mais unidades/cópias propagadas vegetativamente, denominadas ramets. Em um experimento com clones, onde há menos genótipos em comparação com um pomar de sementes por mudas, é necessário adotar uma estratégia de desbaste que maximize o benefício, dando maior peso aos clones superiores e também mantendo uma diversidade adequada na colheita de sementes (KAMALAKANNAN et al., 2016).

Os clones de pomar de sementes são retirados de populações base ou populações de melhoramento. Essa população geralmente compreende muitos genótipos e representa alta diversidade genética. Os clones selecionados a partir de populações de base devem capturar quase toda a diversidade de genes na população de base e transmiti-la para a próxima geração (BILIR et al., 2004). Nos programas de melhoramento de árvores, espera-se que os pomares de sementes clonais (OSC) proporcionem maior ganho do que a área de produção de sementes (SPA) (SURAJ et al., 2019).

Conservação de Recursos Genéticos florestais

Os recursos genéticos naturais estão ameaçados por várias razões, incluindo destruição e fragmentação florestal, mudança climática global, práticas inadequadas de manejo, desbaste seletivo (redução do número de árvores reprodutivas), conversão de florestas com espécies arbóreas nativas por plantações arbóreas exóticas e outros usos da terra, por exemplo, para pastagem, que é considerada a ameaça mais séria à diversidade biológica em escala global. Todos esses desenvolvimentos colocam em risco a diversidade genética de espécies arbóreas nativas. Assim, a conservação genética está se tornando uma medida cada vez mais importante para manter a valiosa diversidade genética, pois é uma condição prévia necessária para sua regeneração e continuação da evolução biológica.

O objetivo da conservação genética é preservar a informação genética, em vez de apenas qualquer material de uma espécie e as metas de conservação da biodiversidade existem em três níveis independentes: ecossistemas, espécies e genes (FINKELDEY et al., 2006; DEGEN e SEBBENN, 2014), assim existem basicamente três maneiras de conservar a diversidade genética das populações arbóreas: a conservação de genes *in situ*, *ex situ* e *on-farm*.

Conservação *in situ*

Definida como a conservação em seus ecossistemas, a conservação *in situ*, tem sido tradicionalmente usada para a conservação de florestas com um tamanho suficientemente grande e de locais valorizados por sua vida selvagem (VIRCHOW, 1999). A conservação de genes *in situ* deve sempre ser a primeira escolha, porque essa conservação não é estática e permite que os processos genéticos da população, como a seleção genética, continuem. Mas há situações em que as populações correm um risco de extinção urgente em seus habitats naturais. Aqui, a conservação *ex situ* de genes é a única alternativa. Para isso, sementes ou outros materiais de reprodução são coletados nas partes remanescentes da população e utilizados para o estabelecimento de estandes ou pomares de sementes fora da faixa de distribuição natural. Para a realização prática da conservação *in situ* de genes, é muito importante conhecer o número mínimo de indivíduos e, portanto, o tamanho mínimo da área protegida (DEGEN e SEBBENN, 2014).

Conservação *ex situ*

A terminologia conservação *ex situ* é aplicada a todos os métodos de conservação em que as espécies ou variedades são retiradas de seus ecossistemas tradicionais e mantidas em um ambiente gerenciado por seres humanos (FINKELDEY et al., 2006). A conservação *ex situ* dos recursos genéticos vegetais desenvolveu-se amplamente a partir de esforços anteriores de botânicos e melhoristas para coletar e usar a diversidade genética das culturas em seus programas de melhoramento (VIRCHOW 1999). A conservação *ex situ* de espécies realizadas sob a forma de testes de procedência e progênies servem como fonte de material genético (por exemplo, pomares de sementes por mudas) para restauração florestal, além de permitir a avaliação de parâmetros genéticos para características quantitativas, a eficácia da estratégia de amostragem utilizada e manutenção dos níveis de variabilidade genética (SEBBENN et al., 2007; AGUIAR et al., 2019).

O número mínimo de indivíduos para a conservação *ex situ* de genes pode ser estimado com base no nível de diversidade genética que deve ser protegido. Devido ao efeito de amostragem (deriva genética), alelos raros se perdem. É importante que as sementes ou outro material reprodutivo sejam coletados de indivíduos que não são parentes. Assim, o número mínimo de 117 árvores para conservação *ex situ* significa colher sementes de pelo menos 117 árvores não relacionadas (DEGEN e SEBBENN, 2014).

Conservação *on farm*

A conservação *on farm* integra agricultores em um sistema de recursos genéticos vegetais e refere-se a agroecossistemas inteiros, incluindo espécies imediatamente úteis (culturas cultivadas, forrageiras e espécies agroflorestais), bem como seus parentes silvestres e daninhos que podem estar crescendo em áreas próximas. Na manutenção dos sistemas agrícolas, a conservação *on farm* aplica o princípio de conservação aos três níveis de biodiversidade: ecossistema, espécie e diversidade genética (intraespecífica). Ao conservar a estrutura do agroecossistema, com seus diferentes nichos e as interações entre eles, os processos evolutivos e as pressões ambientais que afetam à diversidade genética são mantidas. Quando

espécies - plantas, animais e micróbios - dentro do agroecossistema e diversidade genética dentro das espécies são mantidas, as diversas interações das populações de culturas são preservadas (VIRCHOW 1999; JARVIS et al., 2000).

A conservação *on farm* pode ser uma maneira importante de manter os sistemas locais de gerenciamento de culturas para a sustentabilidade do agroecossistema, assegurando processos de formação do solo, reduzindo a poluição química e outras emissões de resíduos das fazendas e restringindo a propagação de doenças de plantas (JARVIS et al., 2000). O desmatamento e a degradação florestal, especialmente nas paisagens agrícolas, são sérias ameaças à conservação da biodiversidade e à sustentabilidade da indústria madeireira. O plantio de árvores *on farm* foi identificado como tendo um grande potencial para aumentar os recursos florestais em paisagens agrícolas (ODURO et al., 2018).

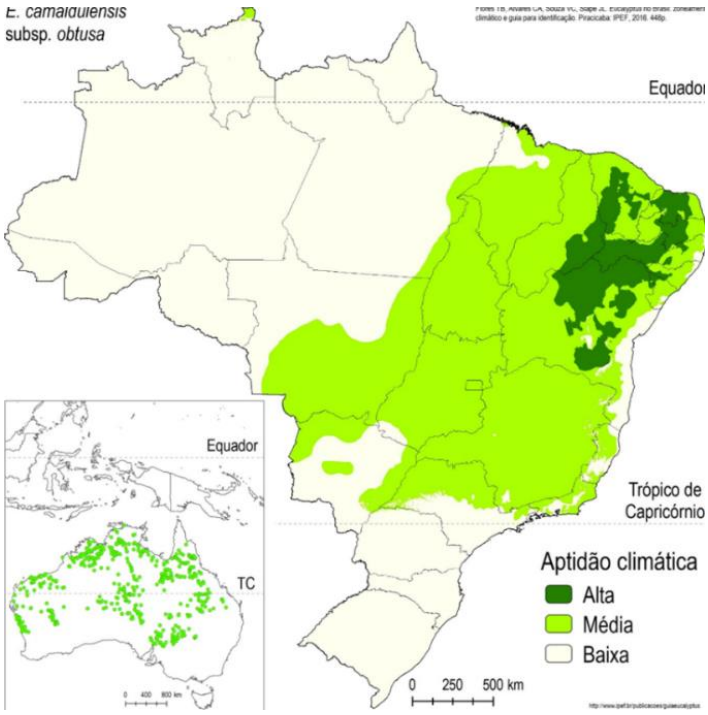
Eucalyptus camaldulensis **Dehnh**

Eucalyptus camaldulensis Dehnh. foi originalmente descrito em 1832, baseado em uma árvore cultivada em um jardim botânico privado perto de Nápoles, Itália (L'Hortus Camalduli di Napoli) (BROOKER et al., 2002). O nome do gênero, é derivado de duas palavras gregas, *eu*, bem, e *kalyptos*, coberto, referindo-se à tampa (opérculo) que protege a flor antes de abrir (THOMSON et al., 2018).

E. camaldulensis é considerada a espécie de maior distribuição geográfica do gênero, encontrando-se em todos os estados Australianos, exceto na Tasmânia (FONSECA et al., 2010); em toda a sua gama, engloba variação fenotípica e genética substancial com sete subespécies; é um dos eucaliptos mais amplamente plantados em uma variedade de países áridos, temperados e tropicais (BUTCHER et al., 2009). É uma árvore de crescimento rápido, possui forma reta, atinge de 25 a 30 m de altura e 1 a 2 m de diâmetro, possuindo também uma copa muito densa. O sistema radicular é bastante poderoso pela presença de lignotubérculos, o que explica sua resistência ao frio e à seca, chegando a suportar uma temperatura mínima de 6,7º C e máxima de 40,0 ºC (THOMSON et al., 2018). Sua ocorrência natural vai desde formações vegetais tropicais secas até floresta úmida; varia de regiões com 250 a 625 mm de precipitação, suporta estação seca de 4 a 8 meses, em temperaturas de 20 a 42ºC e altitudes que vão desde o nível do mar até 1.000 m (FLORES et al., 2016), e no Brasil

as regiões de aptidão climática para *E. camaldulensis* (Figura 2) (FLORES et al., 2016).

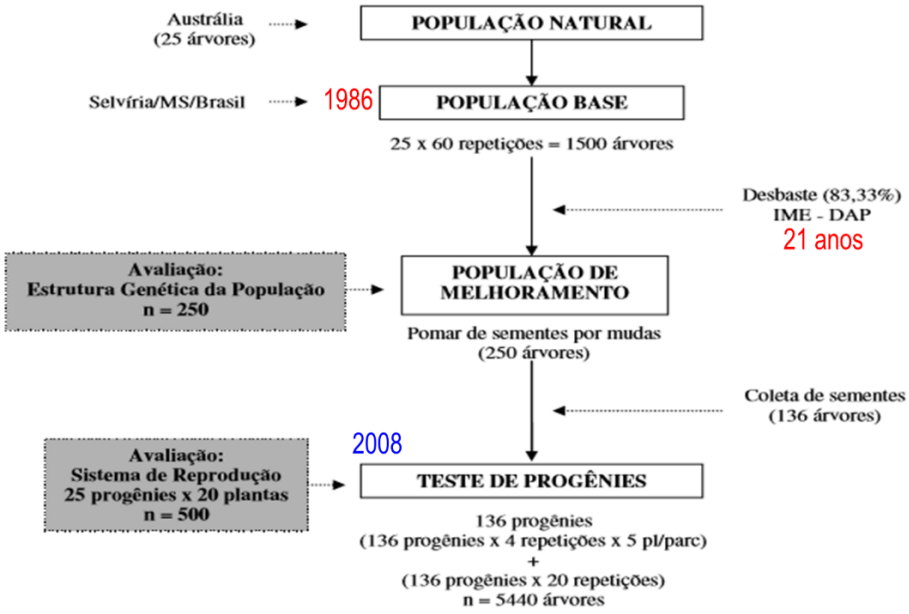
Figura 2 - Mapa de de ocorrência natural na Austrália e aptidão climática no Brasil de *Eucalyptus camaldulensis*



Fonte: FLORES et al. (2016, p. 80).

E. camaldulensis foi uma das primeiras espécies a ser plantada com sucesso fora da Austrália. De 1985 a 1987 o CSIRO (*Commonwealth Scientific and Industrial Research Organization*) da *Australian Tree Seed Centre* de Canberra enviou 71 kg de *E. camaldulensis* para 348 pesquisadores em 79 países (ELDRIDGE et al., 1993). No Brasil, é bem adaptado no Cerrado, onde foi intensamente plantado para a produção de madeira para carvão vegetal, principalmente nas décadas de 1980 e 1990 (FONSECA et al., 2010). A partir disso cresceu o interesse e programas de melhoramento foram instalados (Figura 3) para introduzir características interessantes da espécie em seus híbridos, pois além de aumentar a tolerância a seca promove aumento da densidade da madeira (SILVA et al., 2018).

Figura 3 - Representação esquemática das etapas do programa de conservação e melhoramento de *Eucalyptus camaldulensis*, Selvíria-MS



Fonte: Silva et al. (2010, p. 50).

A obtenção de estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos é fundamental para orientar os futuros trabalhos de melhoramento (CHINELATO et al., 2014). Diante de tal importância, estudos dessa natureza, para caracteres quantitativos em testes de progênies de polinização aberta, são observados na literatura (Tabela 1).

Tabela 1 - Estimativas de herdabilidade em nivel de medias de progênies (h_m^2) para altura (ALT), diâmetro a altura do peito (DAP), volume (VOL), forma de fuste (FOR) e densidade básica da madeira (DBM), em *Eucalyptus camaldulensis* em diferentes idades (em anos)

Idade (anos)	ALT (m)	DAP (cm)	VOL (m^3 arv^{-1})	Forma	DBM (g/cm^3)	Referência
2	0,28	0,21	-	-	-	Costa et al. (2012)
3	0,14 - 0,38	0,16- 0,36	-	-	0,16 - 0,17	Varghese et al. (2017)
3	-	0,53	-	-	-	Queiroz et al. (2019)
3	0,16	0,26	-	0,40	-	Azevedo et al. (2015)
4	0,14	0,28	-	0,16	-	Costa et al. (2016)
5,7	0,61	0,62	0,65	-	0,80	Paula et al. (2002)
6	-	0,60	-	-	-	Queiroz et al. (2019)
19	0,73	0,72	-	0,80	-	Moraes et al. (2007)
21	0,58	0,68	0,58	0,71	0,10 - 0,36	Santos et al. (2008)
21	-	-	-	-	0,11 - 0,36	Santos et al. (2010)

-: parâmetro não avaliado.

O sucesso dos plantios de *Eucalyptus camaldulensis* como espécie exótica é atribuído a sua superioridade em produção de madeira em relação a outras espécies em condições ambientais diversas (Tabela 2). A espécie se desenvolve em locais secos e estéreis, rápido crescimento e boa capacidade de rebrota, tolerância a inundações periódicas ou encharcamento de 4 a 5 meses, tolerância a salinidade do solo, alguma tolerância de geada, e da utilidade da madeira (ELDRIDGE et al., 1993).

Tabela 2 - Valores médios para os caracteres silviculturais: altura total (ALT), diâmetro à altura do peito (DAP), sobrevivência (SOB) e Densidade básica da madeira (DBM) em testes de proveniências/progênies e plantações florestais de *Eucalyptus camaldulensis*

Idade (anos)	ALT (m)	DAP (cm)	SOB (%)	DBM (g/cm³)	Altitude (m)	T (°C)	Precipitação (mm)	Referência
2,0	5,07	3,39	90,0	-	180 - 400	-	650 - 1400	Varghese et al. (2008)
2,0	8,10	5,90	59,0 - 97,0	-	150	28	1100	Pinyopusarek et al. (1996)
2,0	6,38	6,75	74,0	-	250	-	1100	Ginwal et al. (2004)
2,0	2,82	4,64	97,0	-	-	-	-	Costa et al. (2012)
3,0	7,42	5,27	89,0	0,550	181 - 400	-	651 - 1400	Varghese et al. (2008)
3,0	9,10	6,80	72,1	0,550	9 - 498	27	661 - 1078	Varghese et al. (2017)
3,0	3,5 - 4,4	4,40 - 4,80	55,0 - 97,0	-	93 - 340	9 - 25	358 - 648	Bush et al. (2013)
3,0	6,97	7,10	95,0	-	10	11- 32	893	Sun et al. (1995)
3,0	8,90	9,10	84,9	-	-	-	-	Shang et al. (2019)
3,0	6,24	6,60	91,3	-	750	20	2000	Azevedo et al. (2015)
3,0	9,33	10,63	-	-	750	20	2000	Queiroz et al. (2019)
3,9	-	-	-	0,344 - 0,558	-	-	-	XiuHua et al. (2019)
4,0	20,00	-	-	0,4700	-	-	-	Torres et al. (2016)
4,0	8,54	8,39	91,0	-	750	20	2000	Costa et al. (2016)
4,0	16,10	17,00	38,9	-	470	19 - 23	1500	Souza et al. (2017)
4,2	-	9,50	-	-	-	10 - 22		Piralho et al. (2014)
4,4	13,3 - 15,7	8,20 - 9,40	-	-	550	23	900 - 1200	Leles et al. (2001)
5,0	9,39	6,56	-	-	640	27	216	Vakshasya (1988)
5,0	12,93	11,53	70,0 - 90,0	-	-	10 - 40.	250 - 500	Akhtar et al. (2008)
5,0	8,70	6,70	74,0	-	-	13 -20	356	Mahmood et al. (2003)
5,0	14,1-10,5	13,40 - 8,80	72,0 - 86,0	0,539 - 0,528	60	24	2300	Kien et al. (2010)
5,7	11,99	10,28	-	0,598	-	-	-	Martins et al. (2002)
5,7	-	10,28	-	0,601	-	-	-	Paula et al. (2002)
6,0	10,47	12,40	-	-	750	20	2000	Queiroz et al. (2019)
6,0	9,01	7,02	-	-	26	23	730	Wate et al. (1999)
6,0	-	-	-	0,540	-	22	1450	Vale et al. (2002)
6,0	-	9,75	-	0,574	410	15 - 40	378	Malik e Abdelgadir (2015)
6,0	15,90	14,80	-	0,602	600	-	-	Pereira et al. (2000)

Tabela 2 (Cont...)

Idade (anos)	ALT (m)	DAP (cm)	SOB (%)	DBM (g/cm³)	Altitude (m)	T (°C)	Precipitação (mm)	Referencia
7,0	10,71	14,00	-	-	-	-	-	Quiqui et al. (2015)
7,0	15,13	14,66	75,0 – 96,0	-	600	18 - 22	1500	Quiqui et al. (2001)
7,0	11,45	9,05	55,3	-	-	-	-	Muñoz et al. (2013)
7,5	24,45	15,59	-	0,5841	-	-	-	Costa et al. (2017)
8,0	-	15,43 - 12,57	-		180 -400	22 - 42	750 - 1400	Kamalakannan et al. (2007)
8,0	-	-	-	0,6000	-	-	-	Andrade et al. (2009)
9,0	-	10,50 - 13,80	-	-	180 - 400	31- 40	650 - 1200	Varghese et al. (2009)
9,0	7,40	9,80	70,4	-	250		700	Mazanec (1999)
9,4	18,63	15,59	76,0	-	550	24	1400	Massote et al. (2007)
10,0		22,40	-	0,6350	-	-	-	Moglia et al. (2010)
10,0	14,63	33,52	-	-	-	-	-	Tanvir et al. (2002)
10,0	16,36	10,44	-	-	-	0 - 48	120 - 300	Tewari et al. (2002)
10,0	12,07	16,23	-	-	-	-	560	Salama et al. (1994)
10,0	-	-	-	0,443 - 0,593	232	17	550	Sesbou et al. (1978)
10,0	13,69	13,95	-	-	400	10 - 32	350	Siddiqui et al. (1979)
10,0	12,09	9,46	-	-	26	23	730	Wate et al. (2000)
10,5	-	-	-	0,6830	820	18 - 23	1450	Sturion et al. (1987)
10,5	19,00	16,60	-	0,6870	820	-	-	Pereira et al. (2000)
14,0	13,99	12,14	85,9	0,5776	26	23	730	Wate et al. (2001)
17,0	17,51	15,32	63,8	-	-	25	1209	Watanabe et al. (2009)
19,0	17,84	18,32	-	-	-	-	-	Moraes et al. (2007)
21,0	-	-	-	0,7260	-	-	-	Santos et al. (2010)
21,0	22,85	25,93	-	0,6400	-	-	-	Santos et al. (2008)
25,0	11,82	29,05	-	-	-	18 - 39	910	Fuwape et al. (2010)
43,0	22,36	58,00	-	0,5670	477	22	41	Sadegh et al. (2011)

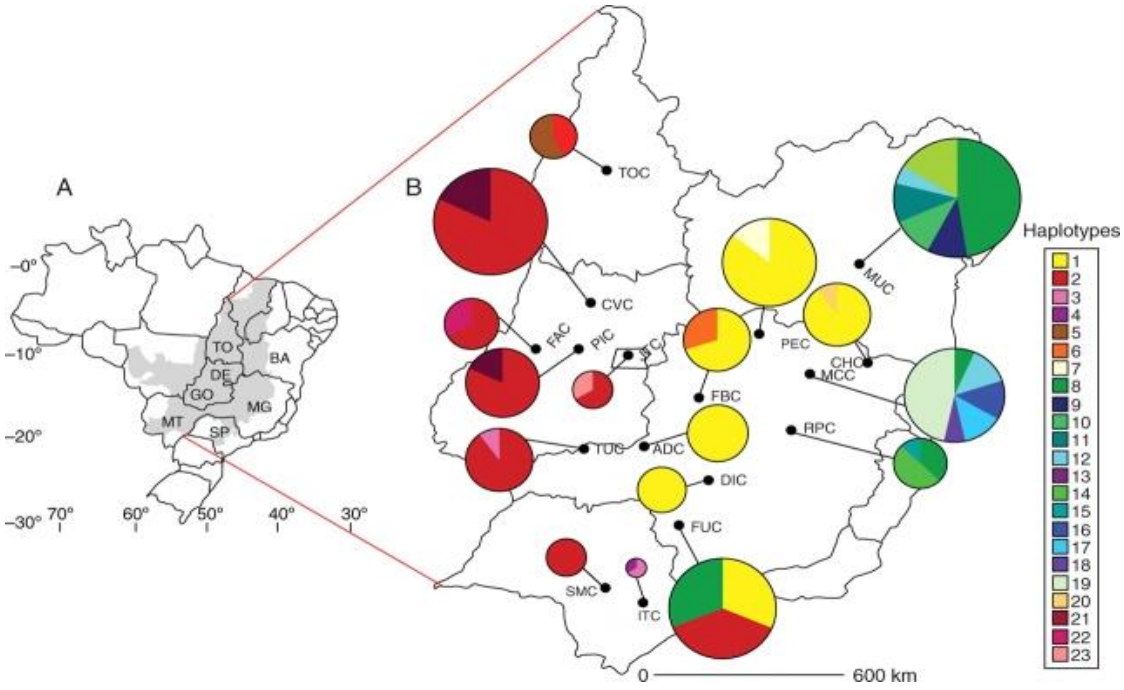
DAP: diâmetro a 1,30 m do solo; --: caráter não avaliado.

Hymenaea stigonocarpa **Mart. ex Hayne**

Espécie arbórea da família Fabaceae (Leguminosae – Caesalpinioideae), nativa do Cerrado e que pode alcançar até 20 m de altura e 50 cm de DAP (diâmetro a altura do peito) (CARVALHO, 2006). Possui tronco de cor acinzentada com fissuras sinuosas e descontínuas; folhas compostas, bifolioladas, alternas, espiraladas com folíolos ovados a largo-elípticos de até 25 cm de comprimento e 7 cm de largura, coriáceos e pilosos em ambas faces (SILVA-JÚNIOR, 2005). Suas flores são brancas, possuem 5 pétalas livres e apresentam até 5 cm de diâmetro; seus frutos são lenhosos e cilíndricos, de cor castanho-avermelhada quando maduros, apresentando até 12 cm de comprimento; as sementes são esferóides, globóides ou achatadas, de cor castanho-avermelhada, apresentando até 2,5 cm de diâmetro (SILVA-JÚNIOR, 2005).

Hymenaea stigonocarpa ocorre na Bolívia, Paraguai e nas seguintes regiões e estados brasileiros: Sudeste (MG, SP), Centro-Oeste (DF, MT, MS, GO), Nordeste (BA, CE, MA, PE, PI, RN), Norte (AM, PA, TO), apresentando, assim, ampla abrangência (LEE e LANGENHEIM, 1975; ALMEIDA et al., 1998; SILVA-JÚNIOR, 2005; CARVALHO, 2006). No Cerrado, ocorre nas fitofisionomias campo sujo, Cerrado, Cerrado *strictu sensu* e cerradão (SILVA-JÚNIOR, 2005), podendo apresentar densidades de 2 a 43 indivíduos por hectare para este domínio fitogeográfico (ALMEIDA et al., 1998; CARVALHO, 2006) e de 3 a 6 indivíduos por hectare em Cerrado sentido restrito do Distrito Federal (SILVA-JÚNIOR, 2005) (Figura 4). Esta espécie ocorre naturalmente em solos de fertilidade química baixa e terrenos bem drenados, é considerada heliófila e não tolera baixas temperaturas (CARVALHO, 2006). São conhecidas três variedades de *H. stigonocarpa*: *Hymenaea stigonocarpa* var. *stigonocarpa* Mart., *Hymenaea stigonocarpa* var. *brevipetiolata* N. F. Mattos e *Hymenaea stigonocarpa* var. *pubescens* Benth, porém, como ressaltado por Braga et al. (2019), podem ser observadas grandes variações morfológicas entre indivíduos dentro da mesma população e até entre folhas de um mesmo indivíduo, parecendo, assim, que a variação intra-específica não é demarcada de maneira adequada para as três variedades.

Figura 4 - Distribuição das populações de *Hymenaea stigonocarpa* na vegetação de cerrado e as cores representam os diferentes haplótipos



Fonte: Ramos et al. (2007, p. 3).

Hymenaea stigonocarpa apresenta madeira densa, dura e resistente, considerada de excelente qualidade e é muito apreciada na construção civil e naval, sendo empregada em cercas, esteios e postes, além de oferecer lenha e carvão de qualidade (ALMEIDA et al., 1998; CARVALHO, 2006). A casca produz resina para vernizes e corantes, além de ser utilizada na medicina popular para inflamações da bexiga e próstata, para o estômago, coqueluche, como depurativo, contra queimadura e tosse (SILVA-JÚNIOR, 2005; CARVALHO, 2006). A resina extraída do tronco é tida como afrodisíaca e tônica e também é usada na medicina popular. A polpa do fruto é utilizada na medicina popular como laxante, além de ser usada na alimentação humana, sendo consumida *in natura*, em forma de geleia, licor, farinha para bolos, pães e mingaus (ALMEIDA et al., 1998; CARVALHO, 2006).

O Jatobá-do-Cerrado pode ser utilizado na arborização urbana em geral (CARVALHO, 2006) e recomendado, ainda, para recuperação de áreas degradadas do Cerrado em condições de solo bem drenado (DURIGAN, 2003). Produz anualmente grande quantidade de frutos que servem de alimento para a fauna

(MORAES et al., 2007), sendo está uma importante característica ecológica da espécie para sua utilização em recuperação de áreas degradadas.

Apesar da sua importância econômica e ecológica, esta espécie foi muito explorada no passado pela indústria naval devido à qualidade da sua madeira quanto à durabilidade e resistência ao apodrecimento (MORAES et al., 2007). Somando a isso sua baixa densidade natural e a destruição generalizada dos seus habitats, segundo estes autores, a espécie é encontrada principalmente em pequenas populações remanescentes ou como árvores isoladas em campos e pastagens.

A floração e frutificação desta espécie ocorrem em diferentes períodos de acordo com a localização geográfica (CARVALHO, 2006). De maneira geral, porém, a floração ocorre de outubro a abril e a frutificação de abril a julho (ALMEIDA et al., 1998; SILVA-JÚNIOR, 2005). A folheação, de acordo com Silva-Júnior (2005) ocorre de julho a setembro. Suas flores são polinizadas por pelo menos quatro diferentes espécies de morcegos, incluindo *Glossophaga soricina* e outras tais como *Platyrhinus lineatus* e *Carolilia perspicillatta* (GIBBS et al., 1999). Considerando que morcegos têm o potencial para dispersar pólen a longas distâncias (DUNPHY et al., 2004; DICK et al., 2008; LACERDA et al., 2008), é possível que a dispersão de pólen seja em longas distâncias para a espécie.

Estudos em *H. stigonocarpa,* envolvendo cruzamentos controlados indicam que a espécie é predominantemente de cruzamento. Gibbs et al. (1999) observaram auto-compatibilidade; contudo, a espécie parece ter seleção pós-zigótica em flores auto-fecundadas. Estimativas da taxa de cruzamento baseadas em marcadores genéticos têm confirmado os resultados de cruzamentos controlados, mostrando que a espécie tem um sistema misto de reprodução (MORAES et al., 2007). Além disso, de acordo com constatação de Lewinsohn (1980), a espécie pode também se reproduzir vegetativamente, apresentando raízes gemíferas que facilitam este tipo de reprodução, que pode propiciar a formação de agrupamentos com vários indivíduos ligados subterraneamente. Frutos e sementes da espécie são disperses por zoocoria, provavelmente dispersos por antas e araras (RAMOS et al., 2007). Assim, tendo grande interação com a fauna a *H. stigonocarpa* pode ser útil nos plantios em áreas degradadas destinadas à recomposição da vegetação arbórea (SILVA et al., 1994; BOTELHO et al., 2000; LORENZI, 2002). Vários trabalhos de genética de populações foram feitos com *H. stigonocarpa*, levando em conta principalmente a estruturação genética desta espécie (Tabela 3).

Tabela 3 – Relação dos trabalhos genético populacionais existentes para *Hymenaea stigonocarpa* e os valores das estimativas genéticas encontradas

Marcadores moleculares	*n*	*A*	*He*	*Ho*	*f*	*θ*	*tm*	Referências
Alozímicos	69	1,80	0,264	0,236	0,106*	0,250*	-	Defavari et al. (2009)
Microssatélites	40	6,43	0,601	0,389	0,355	-	-	Ciampi et al. (2008)
Microssatélites	310	11,67	0,633	0,377	0,404*	0,157*	(0,873) - (0,857)**	Moraes et al. (2007)
Microssatélites	208	10,30	0,666	0,530	(-0,037) – (0,244)***	(0,173) – (0,225)***	(0,888) – (0,874)***	Moraes et al. 2011
Microssatélites	359	14,6	0,96	0,96	-0,11	0,252	0,77	Moraes et al. (2018)
	457	11,5	0,48	0,48	0,43			
Microssatélites	111	8,8	0,51	0,51	-0,13	0,235	0,81	Moraes et al. (2018)
	419	8,2	0,90	0,90	0,34			
	219	8,8	0,69	0,69	-0,11			
Microssatélites	353	3,469	0,5544	0,4951	0,231	0,152	-	Gonçalves et al. 2019
Microssatélites	157	4,8	0,40	0,30	0,26	-	-	Garcia et al. 2019
Microssatélites	335	6,42	0,573	0,531	0,07	-	-	Braga et al. 2019
	461	5,68	0,542	0,504	0,07			
	108	5,98	0,638	0,572	0,074			
Cloroplastidiais	**n**	**nk**	**h**	**Fst**	**Gst**	**Referência**		
Psbc e trnS	175	23	0,54	0,692	-	Ramos et al. (2007)		
Microssatélites	115	7	0,667	-	0,660*	Moreno et al. (2009)		

n: tamanho amostral; *A*: número médio de alelos encontrados; *He*: heterozigosidade média esperada; *Ho*: heterozigosidade média observada; *f*: índice de fixação; *θ*: coeficiente de coancestria; *tm*: taxa de fecundação cruzada (taxa multiloco); *nh*: número de haplótipos; *h*: diversidade haplotípica; *FST*: índice de diferenciação genética; *GST*: índice de divergência genética (esses dois índices de estruturação genética)*: P-valor significativo; **: Valores para árvores em população e árvores isoladas, respectivamente; ***: Valores para árvores em população e progênies, respectivamente.

CAPITULO 1 - VARIAÇÃO GENÉTICA PARA CARACTERES SILVICULTURAIS DE *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. COM FINS DE MELHORAMENTO GENÉTICO

RESUMO

Eucalyptus camaldulensis é uma espécie arbórea exótica com destaque pela tolerância ao déficit hídrico e alta temperatura. Alguns questionamentos têm surgido a respeito das populações introduzidas no Brasil, pois estes genótipos foram introduzidos a partir de populações naturais da Austrália. O objetivo foi estimar a variação genética e ganhos com seleção a partir do desbaste dentro de famílias em populações de *E. camaldulensis* para fines de melhoramento genético. Para tanto, foram utilizados uma população base (PB) e um teste de progênies (TP) proveniente dessa população. Os caracteres silviculturais foram mensurados aos 32 e 10 anos de idade na PB e TP respectivamente, e as análises foram realizadas via RELM/BLUP. A taxa média de sobrevivência foi alta (90,00%) indicando o estabelecimento da espécie às condições edafoclimáticas e experimentais do local. Enquanto ao crescimento apresentaram-se significativos entre progênies a um grau de liberdade pelo teste LRT na PB e TP. Com isso foram detectadas altas estimativas de coeficiente de variação genética aditiva individual variando entre 3,14 e 50,36; herdabilidade em nível de médias de progênies variando entre 0,07 e 0,97 e acurácia entre 0,26 e 0,94. As estimativas do tamanho efetivo populacional indicam que a população base apresenta um tamanho efetivo suficiente para a manutenção da variabilidade genética para a sequência do programa de melhoramento genético. O ganho com seleção a partir do desbaste dentro de progênies para diâmetro a altura do peito foi baixa (2,32%), porém foi a mais indicada para o primeiro passo da formação de um pomar de sementes por mudas a partir do teste de progênies. Assim, é possível dar continuidade ao Programa de Melhoramento, como também para seleção de matrizes na população base para coleta de sementes ou propágulos.

Palavras-chave: Eucalipto. Carácteres quantitativos. Pomar de sementes.

ABSTRACT

Eucalyptus camaldulensis is an exotic tree species that stands out for its tolerance to water deficit and high temperature. Some questions have been raised about the populations introduced in Brazil, as these genotypes were introduced from natural populations in Australia. The objective was to estimate genetic variation and selection gains from thinning within families in populations of *E. camaldulensis* for breeding purposes. For this, a base population (BP) and a progeny test (TP) from that population were used. The silvicultural characters were measured at 32 and 10 years of age in PB and TP respectively, and the analyzes were performed via RELM / BLUP. The average survival rate was high (90.00%) indicating the establishment of the species to the edaphoclimatic and experimental conditions of the place. While growing, there were significant differences between progenies to a degree of freedom by the LRT test in PB and TP. Thus, high estimates of the individual additive genetic variation coefficient varying between 3.14 and 50.36 were detected; heritability at the level of progeny averages ranging from 0.07 to 0.97 and accuracy between 0.26 and 0.94 in the two breeding populations. Estimates of the effective population size indicate that the base population has an effective size sufficient to maintain the genetic variability for the sequence of the breeding program. The gain with selection from thinning within progenies to diameter at breast height was low (2.32%), however it was the most suitable for the first step of the formation of a seed orchard by seedlings. Thus, it is possible to continue the Improvement Program, as well as to select matrices in the base population for the collection of seeds or propagules.

Keywords: Eucalyptus. Quantitative characters. Seed orchards.

1.1 INTRODUÇÃO

Eucalyptus camaldulensis Dehnh, é uma árvore de crescimento rápido, possui forma reta, atinge de 25 a 30 m de altura e 1 a 2 m de diâmetro, possuindo também uma copa muito densa. O sistema radicular é bastante poderoso pela presença de lignotubérculos, o que explica sua resistência ao frio e à seca, chegando a suportar uma temperatura mínima de -6,7º C e máxima de 40,0 ºC (THOMSON et al., 2018). Dentre as muitas espécies do gênero, o *E. camaldulensis* é considerada a espécie de maior distribuição geográfica do gênero, encontrando-se em todos os estados Australianos, exceto na Tasmânia (FONSECA et. al., 2010)

Sua ocorrência natural vai desde formações vegetais tropicais secas até floresta úmida; varia de regiões com 250 a 625 mm de precipitação, suporta estação seca de 4 a 8 meses, em temperaturas de 20 a 42ºC e altitudes que vão desde o nível do mar até 1.000 m (FLORES et al., 2016). O sucesso dos plantios de *E. camaldulensis* como espécie exótica é atribuído a sua superioridade em produção de madeira em relação a outras espécies em condições ambientais adversas. Os motivos são vários, que levam a benefícios em curto prazo: a espécie se desenvolve em locais secos, apresenta tolerância à seca e alta temperatura, rápido crescimento e boa capacidade de rebrota, tolerância a inundações periódicas ou encharcamento de 4 a 5 meses, tolerância a salinidade do solo, alguma tolerância a geada e utilidade da madeira (ELDRIDGE et al., 1993).

E. camaldulensis no Brasil é bem adaptado no Cerrado, onde foi intensamente plantado para a produção de madeira para carvão vegetal, principalmente nas décadas de 1980 e 1990 (FONSECA et al., 2010). A partir disso cresceu o interesse pela utilização do *E. camaldulensis* para fins de melhoramento genético, que objetivam introduzir características interessantes da espécie em seus híbridos, pois além de aumentar a tolerância à seca, promove aumento da densidade da madeira (SILVA et al., 2018). Flores et al. (2016) propuseram um mapa para regiões de aptidão alta, média e baixa para *E. camaldulensis* no Brasil. Apesar da zona de ocorrência natural se limitar a latitude de 7°30’S a 10°S em Austrália, a amplitude de distribuição no Brasil é alta e permite abranger regiões ao sul, até aproximadamente 23ºS, próximas ao trópico de capricórnio. Este fato leva a uma demanda proporcional de estudos de caracterização e conservação genética da espécie.

A expansão das áreas de plantio esbarra em um novo desafio aos melhoristas: desenvolver genótipos produtivos e adaptados a condições edafoclimáticas limitantes, como deficiência hídrica e extremos térmicos, tanto alto como baixo. No entanto, a ampla base genética e a diversificação das espécies no Brasil, viabiliza os programas de melhoramento, permitindo empregar espécies não convencionais para hibridação interespecífica (PAULA et al., 2011).

A estimativa de parâmetros genéticos é a ferramentas mais útil para estudos de caracteres e seleção de populações, propiciando condições de estabelecimento de estratégias para o melhoramento genético florestal (KAGEYAMA e GANDARA, 1998). O estabelecimento de eficientes estratégias é realizado pelo conhecimento inicial dos mecanismos genéticos responsáveis pela herança do caráter a ser melhorado, como exemplo, o número de genes que o constituem, as ações e efeitos gênicos, herdabilidade e as associações gênicas realizadas com outros caracteres de interesse (RESENDE, 2002).

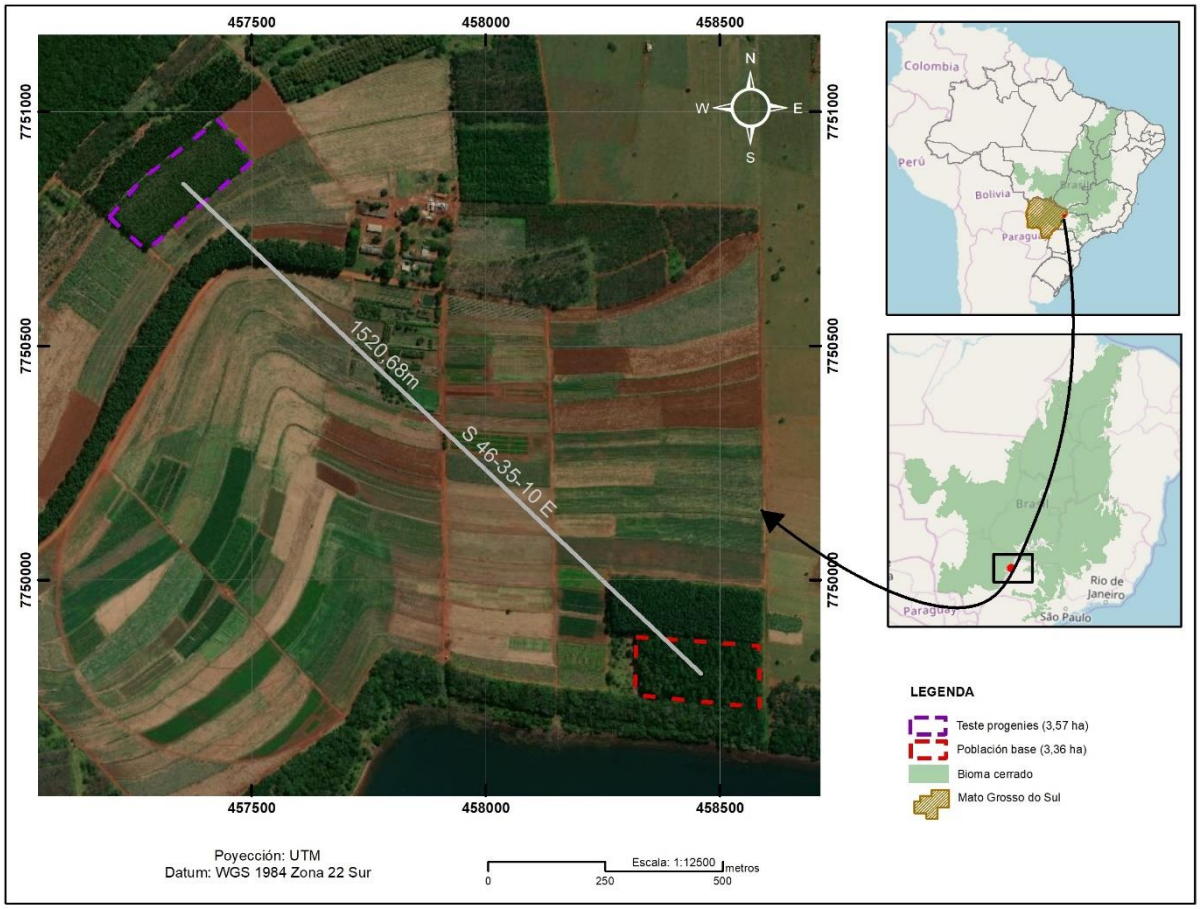
Com o intuito de fornecer subsídios para a conservação *ex situ* e programas de melhoramento genético, este trabalho foi realizado com os objetivos de: (i) verificar a variação genética para os caracteres silviculturais de *E. camaldulensis* na população base proveniente de uma população original na Austrália e teste de progênies com uma e cinco plantas por parcela, instalados a partir da população base; (ii) estimar possíveis ganhos na seleção para DAP por meio da utilização do Índice Multi-efeitos e baseado no tamanho efetivo, visando transformar os testes de progênies em um pomar de sementes por mudas.

1.2 MATERIAL E MÉTODOS

1.2.1 Caracterização da área experimental

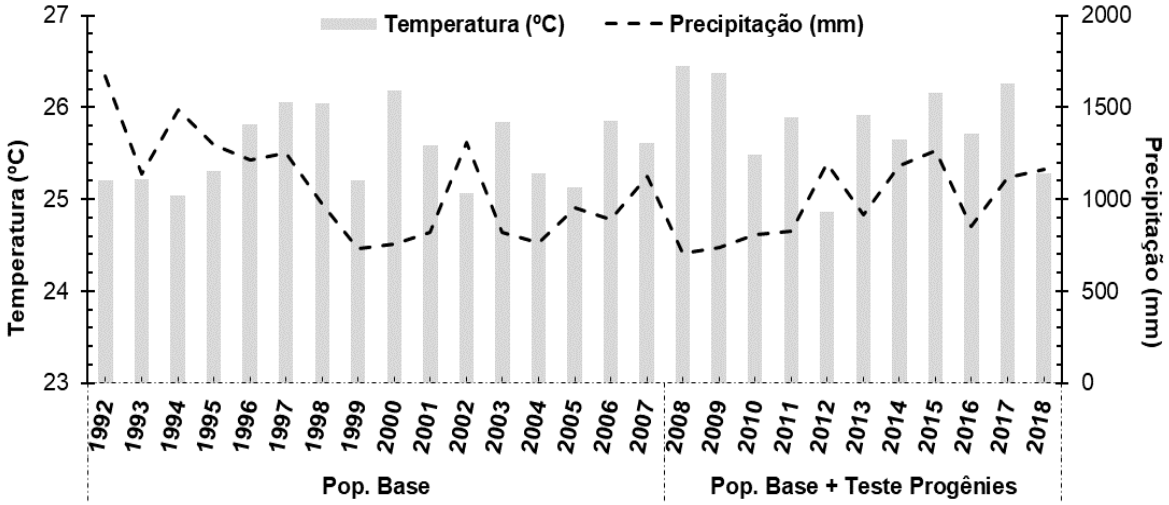
O estudo foi conduzido em duas áreas experimentais pertencentes a Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (Fepe), da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira (Feis/Unesp), localizada no município de Selvíria–MS (Figura 1) a 371 m acima do nível do mar.

Figura 1 - Localização geográfica da população base e do teste de progênies de *Eucalyptus camaldulensis* na FEPE/FEIS/UNESP), no município de Selvíria-MS



O solo das áreas experimentais foi classificado como Latossolo Vermelho Distrófico típico argiloso (SANTOS et al., 2018), com pH ácido e baixa matéria orgânica (LIMA et al., 2010; CARVALHO et al., 2012) (Apêndice A).O clima da região, segundo Köppen é do tipo Aw, subtropical úmido, com duas estações bem definidas, inverno seco e ameno, e verão quente e chuvoso (ROLIM et al., 2007). A temperatura e precipitação média anual no período desde a instalação da população base (1986) e teste de progênies (2008) até a avaliação (2018) na estação em Ilha Solteira-SP, foi de 24,9°C e 1419,5 mm, respectivamente (CLIMA FEIS, 2019). As medias referentes a temperatura e precipitação indicaram condições adequadas para desenvolvimento do *E. camaldulensis* (Figura 2).

Figura 2 – Medias anuais de temperatura (°C) e precipitação (mm) mensuradas no período de 1986 a 2008, na estação climática de Ilha Solteira-SP



Fonte: Adaptado de clima.feis.unesp.br. Acesso em: 16 jan. 2019.

1.2.1.1 População Base

O estudo foi realizado em uma população base de *Eucalyptus camaldulensis* instalada em 26/04/1986 e originária de sementes de polinização aberta de 25 árvores matrizes procedentes da Austrália (SANTOS et al., 2008).

O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados, com 25 tratamentos (matrizes), 60 repetições, totalizando 1500 indivíduos, sendo que cada parcela foi representada por uma árvore, no espaçamento de 4 x 4 metros. Após 21 anos de plantio (2007), considerando a variável DAP, foi realizado um desbaste seletivo dentro de progênies (intensidade de 83,33%), permanecendo dessa forma, 250 indivíduos, ou seja, em torno dos 10 melhores indivíduos de cada uma das 25 matrizes (SANTOS et al., 2008).

A coleta de dados, referentes aos caracteres quantitativos, foi realizada em 2018, aos 32 anos de idade. Assim, foi possível avaliar a população de melhoramento atual (POP-0) formada por 250 indivíduos selecionados em 2007, população que originou o teste de progênies (POP-1) formada por 136 indivíduos e população restante (POP-2) formada por 114 indivíduos.

Os caracteres avaliados foram: altura total (ALT, m); diâmetro a altura do peito (DAP, cm) e sobrevivência (SOB, %). A partir dessas variáveis, obteve-se o volume total com casca das árvores (VOL, $m^3\,arv^{-1}$) utilizando-se a equação 1.

$$VOL = \frac{\pi}{4}(DAP)^2.H.\bar{q} \quad (1)$$

em que: VOL: volume de madeira ($m^3 arv^{-1}$); π: 3,1416; DAP: diâmetro à altura do peito (cm); H: altura total da árvore (m); e $\bar{q}$: quociente de forma obtido para cada uma das árvores, tomando como base os discos retirados nas árvores desbastadas, dado pela equação 2:

$$q = \frac{D(1/2).HC_{c/c}}{DAP_{c/c}} \quad (2)$$

em que: $D(1/2)HC_{c/c}$: diâmetro do disco retirado na metade da altura comercial da árvore, com casca; e $DAP_{c/c}$: diâmetro do disco, com casca, a 1,30 m do solo.

1.2.1.2 Teste de progênies

Sementes de 136 dos 250 indivíduos de polinização livre em uma população base originária de 25 matrizes de *E. camaldulensis* procedentes da Austrália foram usadas para estabelecer dois testes de progênies (GONZAGA et al., 2016). Os testes foram instalados em outubro de 2008 em uma área de 3,18 hectares.

O delineamento experimental utilizado, em ambos os testes, foi o de blocos completos casualizados, espaçamento de 3,0 m x 1,8 m: a) 136 tratamentos (progênies), cinco plantas por parcela e quatro repetições e b) 133 tratamentos (progênies) uma planta por parcela e 20 repetições.

Aos dez anos foi realizado o desbaste de 40% das árvores dentro dos tratamentos/experimentos. Para isso, antes da intervenção foram coletados dados das variáveis: diâmetro a altura do peito (DAP) e sobrevivência. A partir do caráter DAP estimou-se o Índice Multi-efeitos e em conjunto com sobrevivência, realizou-se o desbaste dos indivíduos geneticamente inferiores. Em cada uma das árvores abatidas, foram retirados dois discos (DAP e outro na metade da altura comercial) com espessura média de 5 cm para estimar a densidade básica da madeira.

Para a determinação da densidade básica da madeira (DBM, g cm^{-3}), foi utilizado o método da balança hidrostática conforme Foelkel et al. (1971). Para isso os discos de madeira foram imersos em água, onde permaneceram por um período aproximado de três meses, até ficarem saturados. De cada disco foram obtidos os pesos úmidos (Pu) e imerso (Pi) com auxílio de uma balança digital. Posteriormente os mesmos foram secos em estufa a 103 ± 2ºC, para a determinação da massa seca (Ps). Dessa forma, a DBM foi obtida pela equação 3:

$$DBM = \frac{P_s}{P_u - P_i} \quad (3)$$

em que: DBM: densidade básica da madeira (g cm^{-3}); P_s: massa da madeira (g) a 0% de umidade; P_u: massa de madeira (g) úmida (saturada) e P_i: massa da madeira (g) imersa.

Após o desbaste, nas árvores em pé (remanescentes) foram mensurados os seguintes caracteres: altura total (ALT, m) e diâmetro a altura do peito (DAP, cm). A partir dessas variáveis, estimou-se o volume total com casca das árvores (VOL, m^3) utilizando-se a equação 1 e 2 e DBM para cada uma das progênies, com base na equação de regressão 4 (Apêndice B).

$$DBM = b_0 - b_1.ALT + b_2.DAP \quad (4)$$

em que: DBM: densidade básica da madeira (g cm^{-3}); DAP: diâmetro à altura do peito (cm); ALT: altura total da árvore (m); e $b_0;\ b_1 e\ b_2$: coeficientes de regressão.

1.2.2 Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos

1.2.2.1 Análise Univariada

As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pelo método REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita / melhor predição linear não viciada), empregando-se o *software* genético-estatístico SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2016). Para utilizar os modelos propostos, cada experimento foi analisado individualmente.

1.2.2.1.1 População base

a) *Estimativa de parâmetros genéticos*

Na análise da população base, o modelo empregado foi de progênies de meios-irmãos, delineamento blocos ao acaso, uma planta por parcela, um só local e uma única população, por meio do “modelo 95”, seguindo o procedimento (equação 5) proposto por Resende (2007b e 2016):

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

em que: y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

As estimativas de variância, coeficientes e parâmetros genéticos, cujas equações podem ser encontradas em Vencovsky e Barriga (1992); Resende (2002, 2007a) e Cruz (2005) foram:

i. Variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$)
ii. Variância residual ($\hat{\sigma}_e^2$)
iii. Variância fenotípica individual ($\hat{\sigma}_f^2$)
iv. Herdabilidade individual no sentido restrito ($\hat{h}_a^2$)
v. Herdabilidade em nível de medias de progênies ($\hat{h}_m^2$)
vi. Herdabilidade aditiva dentro de parcela ($\hat{h}_{ad}^2$)
vii. Coeficiente de variação genética aditiva individual (CV_g)
viii. Coeficiente de variação genotípica entre progênies (CV_{gp})
ix. Coeficiente de variação experimental (CV_e)
x. Coeficiente de variação relativa (CV_r)
xi. Acurácia entre progênies ($r_{\hat{a}a}$)

b) Estimativa de correlação de Spearman a x d

A partir dos resultados obtidos das análises dos caracteres ALT, DAP e VOL foi possível estimar a correlação entre o efeito genético aditivo predito (a: propagação por sementes) e o efeito genético de dominância predito (d: propagação vegetativa) para a seleção de indivíduos, pela correlação de Spearman (SIEGEL, 1975), utilizando a equação 6.

$$\hat{r}_s = 1 - \frac{6\sum d_i^2}{n^3 - n} \quad (6)$$

em que: $\sum d_i^2$ é a soma dos desvios do *ranking* ao quadrado e n é o número total de pares.

c) Produtividade, estabilidade e adaptabilidade temporal

As análises referentes à produtividade, estabilidade e adaptabilidade temporal foram obtidas com base no procedimento MHPRVG, empregando o *software* SELEGEN-REML/BLUP “modelo 62”. A estabilidade corresponde à Média Harmônica dos Valores Genotípicos no local (MHVG); a adaptabilidade refere-se à Performance Relativa dos Valores Genotípicos em relação à média de cada local (PRVG); e a estabilidade e adaptabilidade simultaneamente (produtividade representada pelo caráter DAP), corresponde à Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos (MHPRVG). Para tanto, utilizou-se os dados de DAP obtidos em 2006 e 2018 e o modelo estatístico, dado pela equação 7 (RESENDE, 2007b).

$$\mathrm{y} = \mathrm{Xm} + \mathrm{Za} + \mathrm{Wp} + \mathrm{Qi} + \mathrm{Ts} + \mathrm{e} \quad (7)$$

em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de parcela (aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x medições (aleatórios), s é o vetor dos efeitos permanentes (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

As estimativas de variância, coeficientes e parâmetros genéticos, cujas equações podem ser encontradas em Vencovsky e Barriga (1992); Resende (2002, 2007a) e Cruz (2005) foram:

i. Variância genotípica entre progênies ($\hat{\sigma}_g^2$)
ii. Variância da interação genótipos x medições ($\hat{\sigma}_{gm}^2$)
iii. Variância dos efeitos permanentes ($\hat{\sigma}_{perm}^2$)
iv. Variância residual temporária ($\hat{\sigma}_e^2$)
v. Variância fenotípica individual ($\hat{\sigma}_f^2$)
vi. Herdabilidade individual entre progênies ($\hat{h}_g^2$)
vii. Coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x medições ($\hat{C}_{gm}^2$)
viii. Coeficiente de determinação dos efeitos permanentes ($\hat{C}_{perm}^2$)
ix. Repetibilidade individual (r)

x. Correlação genotípica através das medições (r_{gmed})

xi. Média geral do experimento $(\hat{m})$

1.2.2.1.2 Teste de progênies de uma planta por parcela

Na análise das parcelas experimentais de 1 planta por parcela e 20 repetições, o modelo empregado foi de progênies de meios-irmãos, delineamento blocos ao acaso, uma planta por parcela, um só local e uma única população, por meio do "modelo 95", seguindo o procedimento (equação 8) proposto por Resende (2007b e 2016):

$$y = Xr + Za + e \quad (8)$$

em que: y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

As estimativas de variância, coeficientes e parâmetros genéticos, cujas equações podem ser encontradas em Vencovsky e Barriga (1992); Resende (2002, 2007a) e Cruz (2005) foram:

i. Variância genética aditiva $(\hat{\sigma}_a^2)$

ii. Variância residual $(\hat{\sigma}_e^2)$

iii. Variância fenotípica individual $(\hat{\sigma}_f^2)$

iv. Herdabilidade individual no sentido restrito $(\hat{h}_a^2)$

v. Herdabilidade em nível de médias de progênies $(\hat{h}_m^2)$

vi. Herdabilidade aditiva dentro de parcela $(\hat{h}_{ad}^2)$

vii. Coeficiente de variação genética aditiva individual (CV_g)

viii. Coeficiente de variação genotípica entre progênies (CV_{gp})

ix. Coeficiente de variação experimental (CV_e)

x. Coeficiente de variação relativa (CV_r)

xi. Acurácia da seleção de progênies $(r_{\hat{a}a})$

1.2.2.1.3 Teste de progênies de várias plantas por parcela

Na análise das parcelas experimentais de 5 plantas por parcela e quatro repetições, o modelo aplicado foi de progênies de meios-irmãos, delineamento blocos ao acaso, várias plantas por parcela, um só local e uma única população, por meio do "modelo 93" (equação 9) proposto por Resende (2007b e 2016):

$$y = Xb + Za + Wp + e \quad (9)$$

em que: y, b, a p e e são vetores de dados, blocos (fixos) genéticos aditivos (aleatórios), parcela (aleatórios) e dos erros aleatórios. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para referidos efeitos

As estimativas de variância, coeficientes e parâmetros genéticos, cujas equações podem ser encontradas em Vencovsky e Barriga (1992); Resende (2002, 2007a) e Cruz (2005) foram:

i. Variância genética aditiva *(*$\hat{\sigma}_a^2$)
ii. Variância ambiental entre parcelas *(*$\hat{\sigma}_c^2$)
iii. Variância residual (ambiental + não aditiva) ($\hat{\sigma}_e^2$)
iv. Variância fenotípica individual ($\hat{\sigma}_f^2$)
v. Herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos ($\hat{h}_a^2$)
vi. Herdabilidade em nível de médias de progênies ($\hat{h}_m^2$)
vii. Herdabilidade aditiva dentro de parcela ($\hat{h}_{ad}^2$)
viii. Coeficiente de variação genética aditiva individual (CV_{gi})
ix. Coeficiente de variação genotípica entre progênies (CV_{gp})
x. Coeficiente de variação experimental (CV_e)
xi. Coeficiente de variação relativa (CV_r)
xii. Acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa ($r_{\hat{a}a}$)
xiii. Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela ($\hat{C}_p^2$):

Cabe salientar, que para completar as analise dos testes de progênies, após a análise no modelo 93 e 95, respectivamente, procedeu-se a utilização dos modelos 111 (1 planta por parcela) e 110 (5 plantas por parcela) do SELEGEN, com a finalidade de corrigir a estimativa dos parâmetros genéticos com base na taxa de autofecundação (s=0,27), valor obtido a partir do *f* (0,152), obtido por Gonzaga et al. (2016) (equação 10).

$$s = \frac{2.f}{1+f} \quad (10)$$

em que: s é a taxa de autofecundação e f é o coeficiente de endogamia.

1.2.2.2 Análise agrupada

Com a finalidade de verificar a significância ou não entre experimentos, realizou-se uma análise conjunta empregando-se o "modelo 6" do SELEGEN, baseando-se no modelo estatístico (equação 11) proposto por Resende (2007b e 2016):

$$\mathrm{y} = \mathrm{Xr} + \mathrm{Za} + \mathrm{Wp} + \mathrm{Tb} + \mathrm{e} \quad (11)$$

em que: y é o vetor de dados; r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios); p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios); b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

1.2.2.3 Correlações Genéticas e Análise Multivariada

Após as análises, procedeu-se a utilização do "modelo 102", do SELEGEN para obtenção das correlações genéticas ($\hat{r}_{x,y}$) entre os caracteres, as quais tiveram sua significância avaliada pelo teste *t* de Student, de acordo com Ferreira (2009), em base a equação12.

$$\hat{r}_{x,y} = \frac{C\hat{O}V_{a(x,y)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{a(x)} \cdot \hat{\sigma}_{a(y)}}} \quad (12)$$

Distância generalizada de Mahalanobis (Modelo 104) (D^2), em base a equação 13.

$$\mathrm{D}^2_{\mathrm{ii}'} = \delta' \psi^{-1} \delta \quad (13)$$

em que: $\mathrm{D}^2_{\mathrm{ii}'}$ é à distância de Mahalanobis entre os genótipos i e i'; ψ é a matriz de variâncias e covariâncias residuais; $\delta' = [d_1, d_2, \ldots, d_v]$, sendo $\mathrm{d_j} = \mathrm{Y_{ij}} - \mathrm{Y_{i'j}}$; Y_{ij}: é a média do i-ésimo genótipo em relação a j-ésima variável (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

As estimativas das distâncias de Mahalanobis (D^2) permitiram agrupar as progênies, em cada um dos experimentos pelo Método de Tocher (CRUZ et al., 2004).

1.2.3 Estimativa de ganho com seleção

A estimativa de ganhos com seleção foi realizada em base ao DAP segundo metodologia proposta por Resende (2002), com base na equação 14.

$$\hat{I} = \hat{b}_1 Y_{ijk} + (\hat{b}_2 - \hat{b}_3).\bar{Y}_{i..} + (\hat{b}_3 - \hat{b}_1)\bar{Y}_{ij.} - \hat{b}_3\bar{Y}_{.j.} + (\hat{b}_3 - \hat{b}_2).\bar{Y}_{...} \quad (14)$$

em que: $\bar{Y}_{...}$: média geral do ensaio; Y_{ijk}: valor individual; $\bar{Y}_{i..}$: média da matriz no ensaio; $\bar{Y}_{ij.}$: média da matriz em determinado bloco (média da parcela); $\bar{Y}_{.j.}$: média do bloco; $\hat{b}_1$=$\hat{h}_d^2$: herdabilidade, no sentido restrito, dentro de parcelas: $\hat{h}_d^2 = \frac{(3/4).\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_d^2}$; $\hat{b}_2$=$\hat{h}_m^2$: herdabilidade, no sentido restrito, de matrizes: $\hat{h}_m^2 = \frac{[(3+n.b)/(4.n.b)].\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_p^2+\frac{\hat{\sigma}_e^2}{b}+\frac{\hat{\sigma}_d^2}{n.b}}$; $\hat{b}_3$ = $\hat{h}_p^2$: herdabilidade, no sentido restrito, de parcelas: $\hat{h}_p^2 = \frac{[3/(4.n)].\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_e^2+\frac{\hat{\sigma}_d^2}{n}}$;

O tamanho efetivo populacional ($\widehat{N_e}$) foi obtido com base em Resende (2002), dado pela equação 15:

$$\widehat{N_e} = (4.N_f.\bar{k}_f)/[\bar{k}_f + 3 + (\hat{\sigma}_{kf}^2/\bar{k}_f)] \quad (15)$$

em que: $\bar{k}_f$= número médio de indivíduos selecionados por progênie; $\hat{\sigma}_{kf}^2$= variância do número de indivíduos selecionados por progênie; N_f= nº de progênies selecionadas.

A diversidade genética (D), após a seleção, foi quantificada conforme Wei e Lindgren (1996), citados por Resende (2002), dado pela equação 16.

$$\mathrm{D} = \mathrm{N_{ef}}/\mathrm{N_{fo}} \quad (16)$$

em que $0 < D \leq 1$; N_{fo} = número original de matrizes, que no presente trabalho corresponde a 25; N_{ef} = número efetivo de matrizes selecionadas, sendo dado pela equação 17.

$$N_{ef} = \left(\sum k_f\right)^2 / \sum k_f^2. \quad (17)$$

O ganho com seleção (Gs) em % foi quantificada pela equação 18.

$$\widehat{Gs}(\%) = \frac{\left(\frac{\sum \hat{a}}{\sum k_f} x\ 100\right)}{\hat{m}} \quad (18)$$

em que: $\hat{a}$ corresponde ao índice multi-efeitos *(Î)*; $\hat{m}$ é a média geral do caráter, e k_f= número de indivíduos selecionados por progênie.

1.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

1.3.1 População Base

A média para sobrevivência é de 98,88% e de crescimento foi de 32,15 m para ALT, 44,19 cm para DAP e volume 4,41 m^3 arv^{-1} com 32 anos de idade (Tabela 1). A sobrevivência da população indica o estabelecimento da espécie às condições edafoclimáticas e experimentais do local.

Os caracteres de crescimento quando confrontados os valores encontrados com os dados registrados por Silva (2010) para altura (31,65 m), DAP (36,02 cm) e volume (2,77 m^3 arv^{-1}) aos 23 anos de idade na mesma população, observa-se crescimento dos 21 aos 32 anos. Segundo Foroughbakhch et al. (2017) o *E. camaldulensis* atinge seu máximo crescimento em altura e diâmetro entre 10 e 15 anos e, posteriormente, tornando-se mais lento, sugerindo uma rotação entre 20 e 25 anos.

As estimativas de variância (Apêndice C) e parâmetros genéticos (Tabela 1) para os caracteres avaliados aos 32 anos (2018) de *E. camaldulensis* mostram diferenças significativas para altura entre matrizes na POP-0 (250) a 1% de significância (LRT), indicando a presença de diferença significativa entre as progênies na população, a qual está sendo preservada ao longo do tempo. Alves et al. (2009) e Gonzaga et al. (2016), estudando essa população, manifestam que a grande quantidade de alelos encontrados mostra alta diversidade genética. A ausência de diferenças significativas da POP-1 (136), que deu origem ao teste de progênies, provavelmente pode ser atribuída à deriva ocasionada pela formação das subpopulações: POP-1 e POP-2 (Apêndice D), o qual é relacionado ao estado de floração e da variação de fertilidade entre as árvores durante a coleta de sementes (KAMALAKANNAN et al., 2007).

O coeficiente de variação experimental (CV_e) é o desvio padrão em porcentagem da média, portanto dá uma ideia da precisão dos dados (GARCIA, 1989); assim os caracteres ALT e DAP estão compreendidos no intervalo médio (10% a 20%), conforme a classificação de Pimentel-Gomes e Garcia (2002). Esses valores são menores aos encontrados por Moraes et al. (2007a), avaliando famílias de polinização aberta de *E. camaldulensis*, e semelhantes aos registrados por Silva (2010) após dois anos do desbaste (23 anos de idade) na mesma população.

No que se refere ao volume apresentou-se alto (>30%), resultado que segundo Santos et al. (2008) explicam pelo fato de ser um caráter composto pelo produto das variáveis altura total, DAP e também em função de variabilidade existente entre as progênies tem influência do ambiente.

Os valores do coeficiente de variação genética aditiva individual (CV_{gi}) evidenciam a presença de variabilidade genética (Tabela 1). Sebbenn et al. (1998) manifestam que um coeficiente de variação genética acima de 7% é considerado alto. Assim os resultados obtidos no presente trabalho apresentam-se altos na POP-0 para todos os caracteres, o que é um indicativo de encontrar indivíduos superiores dentro de cada família que proporcionaram ganhos com seleção, sendo expressa e detectada por meio do teste da razão de máxima verossimilhança (LRT).

Em relação ao coeficiente de variação relativa (CV_r), variaram de baixa magnitude 0,08% (DAP, POP-2) a média magnitude 0,41 (ALT, POP-1). O CV_r dos demais caracteres avaliados são de magnitude média. Segundo Vencovsky e Barriga (1992) quanto maior o valor do coeficiente de variação relativa (alta magnitude), o controle genético dos caracteres é alto e pouco influenciado por fatores ambientais.

As herdabilidades em nível de média de progênies ($\hat{h}^2_{mp}$) foram superiores às estimativas das demais herdabilidades, fato esperado quando se assume as progênies como sendo de meios-irmãos (ALVES et al., 2009), e apresentam valores altos (> 0,60) para os caracteres ALT, DAP e VOL, revelando controle genético nos caracteres estudados em nível de média de progênies e evidenciando ganhos mediante aplicação da seleção das melhores progênies como genitores.

Tabela 1- Estimativas do tamanho efetivo populacional (Ne) e parâmetros genéticos para os caracteres: ALT (altura total), DAP (diâmetro à altura do peito), VOL (volume) na população base de *Eucalyptus camaldulensis*, aos 32 anos no município de Selvíria, MS

Estimativas	POP-0 (250)			POP-1 (136)			POP-2 (114)		
	ALT (m)	DAP (cm)	VOL (m^3 arv^{-1})	ALT (m)	DAP (cm)	VOL (m^3 arv^{-1})	ALT (m)	DAP (cm)	VOL (m^3 arv^{-1})
$\hat{h}_a^2$	0,31±0,20	0,18±0,15	0,24±0,18	0,58±0,37	0,14±0,18	0,34±0,29	0,46±0,37	0,02±0,08	0,04±0,11
$\hat{h}_{mp}^2$	0,71	0,58	0,65	0,80	0,46	0,69	0,63	0,07	0,12
$r_{\hat{a}a}$	0,84	0,76	0,80	0,90	0,67	0,83	0,79	0,26	0,35
$\hat{h}_{ad}^2$	0,25	0,14	0,19	0,51	0,11	0,28	0,39	0,02	0,03
CV_{gi} (%)	9,99	7,87	20,40	13,91	5,94	20,89	12,14	3,14	9,91
CV_{gp} (%)	4,99	3,93	10,20	6,96	2,97	10,44	6,07	1,57	4,95
CV_e(%)	17,37	18,19	40,61	16,94	15,83	34,40	16,87	20,76	48,32
CV_r	0,29	0,22	0,25	0,41	0,18	0,30	0,36	0,08	0,10
$\hat{m}$	32,15	44,19	4,41	32,31	47,14	4,96	32,23	41,66	2,32
LRT (x^2)	3,94*	2,07 ns	3,3 ns	4,03*	0,35 ns	1,62 ns	2,43*	0,01 ns	0,06 ns
Ne		56			48			41	

*significativo a 5% com 1 grau de liberdade; $\hat{h}_a^2$: herdabilidade individual no sentido restrito; $\hat{h}_{mp}^2$: herdabilidade da média de progênies; $\hat{h}_{ad}^2$: herdabilidade aditiva dentro de parcela; $r_{\hat{a}a}$: acurácia; CV_{gi}: coeficiente de variação genética aditiva individual; CV_{gp}coeficiente de variação genotípica entre progênies; CV_ecoeficiente de variação experimental; CV_r coeficiente de variação relativa; $\hat{m}$- média geral; *LRT* - Teste da Razão de Verossimilhança; *Ne*: Tamanho efetivo da população.

A herdabilidade individual no sentido restrito ($\hat{h}_a^2$), que quantifica a importância relativa da proporção aditiva da variância genética que pode ser transmitida para a próxima geração, apresentou intervalo de variação de 0,02±0,08 (DAP, POP-2) a 0,58±0,37 (ALT, POP-1). Esses valores, com exceção da POP-2, todas as demais populações tiveram estimativas interpretadas por Resende (1999) como medianas ($0,15<\hat{h}_a^2\leq0,50$).

A herdabilidade para seleção dentro de progênies ($\hat{h}_{ad}^2$) apresentou uma amplitude de variação considerável, no intervalo de 0,02 (DAP, POP-2) a 0,51 (ALT, POP-1). Intervalo de variação para $\hat{h}_{ad}^2$ foram similares a $\hat{h}_a^2$ e inferiores a $\hat{h}_m^2$, designando que a seleção com base na média de famílias deve ser mais eficiente que a seleção dentro de famílias, considerando a mesma intensidade de seleção.

Os valores estimados para a acurácia ($r_{\hat{a}a}$) foram superiores a 0,76% para todos os caracteres estudados, exceto DAP (0,26, POP-2) e VOL (0,35, POP-2). Resende (2007a e 2007b) sugere que a acurácia seja no mínimo igual a 0,70, importante para apontar o grau de confiabilidade dos resultados obtidos na avaliação genética. Recomenda-se que o caráter DAP seja utilizado na seleção dos melhores indivíduos, aliado ao fato de que as estimativas obtidas foram de alta acurácia e a praticidade de obtenção da mensuração, além de ser diretamente relacionado com a produção volumétrica de madeira.

O tamanho efetivo populacional (N_e) representa o tamanho da amostra que garante a representatividade genética de uma população coletada em relação à população parental (VENCOVSKY, 1987). O N_e da população total POP-0 (Tabela 1) apresentou o maior valor (56); resultado semelhante ao obtido por Alves et al. (2009) que sugerem que para reter o tamanho efetivo de 100 nessa população, o número de árvores matrizes necessárias é 57. No entanto, Gonzaga et al. (2016) utilizando sete locos microssatélites na mesma população estimaram 47 árvores, devido a estrutura genética da população detectado pelo modelo misto de reprodução e analise de paternidade.

Quanto à seleção de indivíduos, a análise da correlação entre efeitos aditivos e dominantes de Spearman ($\hat{r}_s$), demonstrou valor de correlação >70% para os caracteres, assim ALT (0,81), DAP (0,78) e VOL (0,76), sugerindo que a ordem das progênies (indivíduos) é diferente para coleta de sementes que para propagação vegetativa (Apêndice E)

A variância dos efeitos permanentes foi superior para o caráter DAP (Apêndice F). As repetibilidades estimadas variaram entre 0,51 e 0,81 (Tabela 2), assim as estimativas da repetibilidade para o DAP, indicam boas possibilidades de ganho genético em programas de melhoramento. Contudo a alta correlação entre DAP em uma e outra idade (*Rgmed*), evidenciam a possibilidade de praticar a seleção em qualquer das idades desse caráter ($\hat{C}^2_{perm}$) (Tabela 2).

Tabela 2 - Estimativas de parâmetros genéticos para Estabilidade e Adaptabilidade Temporal pelo Método MHPRVG para ALT (altura total), DAP (diâmetro à altura do peito) e VOL (volume) da população base de *Eucalyptus camaldulensis***, aos 32 anos no município de Selvíria/MS**

Estimativas	Pop_0			Pop_1		
	ALT (m)	DAP (cm)	VOL (m^3)	ALT (m)	DAP (cm)	VOL (m^3)
$\hat{h}^2_g$	0,00±0,01	0,05±0,03	0,03±0,02	0,01±0,01	0,06±0,04	0,05±0,04
$\hat{C}^2_{gm}$	0,05	0,003	0,023	0,077	0,001	0,04
$\hat{C}^2_{perm}$	0,50	0,77	0,58	0,51	0,75	0,56
r	0,51±0,09	0,81±0,11	0,61±0,10	0,51±0,12	0,81±0,15	0,60±0,13
r_{gmed}	0,08	0,94	0,60	0,09	0,97	0,55
$\hat{m}$	29,23	38,36	1,95	29,48	40,87	2,20

$\hat{h}^2_g$: herdabilidade individual entre progênies; $\hat{C}^2_{gm}$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x medições; $\hat{C}^2_{perm}$: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes; *r*: repetibilidade individual; r_{gmed}: correlação genotípica através das medições; $\hat{m}$: Média geral do experimento.

Com base nos parâmetros de estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG) (representada pelo DAP), estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG), foi identificada a classificação das 25 matrizes da população base (Tabela 3).

As seis primeiras progênies (16, 21, 11, 13, 23 e 2) são semelhantes e as poucas alterações no ordenamento se devem ao fato da correlação positiva e da alta magnitude do comportamento genético das progênies.

Tabela 3 - Classificação das matrizes de *Eucalyptus camaldulensis* com base no DAP, para estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG) e simultaneamente por produtividade, estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG) aos 32 anos no município de Selvíria, MS

Ordem	FAM	MHVG	FAM	PRVG	PRVG*MG	FAM	MHPRVG	MHPRVG*MG
1	**16**	39,3057	16	1,0483	40,2074	**16**	1,0483	40,2071
2	**21**	38,7833	21	1,0339	39,657	**21**	1,0339	39,6559
3	**11**	38,4823	11	1,0264	39,3683	**11**	1,0264	39,3681
4	**13**	38,3912	13	1,0241	39,2815	**13**	1,0241	39,2814
5	**23**	38,2077	23	1,0193	39,0955	**23**	1,0193	39,0955
6	**2**	38,1399	2	1,0173	39,0173	**2**	1,0172	39,0171
7	18	38,1095	3	1,0162	38,9786	3	1,0162	38,9784
8	6	38,0957	18	1,0162	38,9776	18	1,0162	38,9771
9	3	38,0759	6	1,0159	38,9644	6	1,0159	38,9639
10	7	37,9984	7	1,0138	38,8842	7	1,0138	38,8842
11	10	37,5695	10	1,0021	38,4373	10	1,0021	38,4372
12	17	37,4097	17	0,9981	38,2833	17	0,9981	38,2833
13	19	37,3621	19	0,997	38,242	19	0,9970	38,242
14	15	37,3552	15	0,9968	38,2337	15	0,9968	38,2337
15	5	37,3537	5	0,9967	38,2303	5	0,9967	38,2302
16	25	37,1733	25	0,9919	38,0448	25	0,9919	38,0448
17	12	37,1021	12	0,9898	37,9639	12	0,9898	37,9639
18	8	36,8754	8	0,9839	37,739	8	0,9839	37,739
19	9	36,7806	9	0,9818	37,6558	9	0,9817	37,6555
20	24	36,7228	24	0,9806	37,6121	24	0,9806	37,611
21	1	36,6863	1	0,9794	37,5662	1	0,9794	37,5655
22	14	36,6692	14	0,9783	37,5245	14	0,9783	37,5245
23	20	36,6005	20	0,9765	37,4533	20	0,9765	37,4533
24	22	35,8871	22	0,9578	36,7374	22	0,9578	36,7372
25	4	35,8793	4	0,9578	36,7365	4	0,9578	36,7361

1.3.2 Teste de progênies

A média para sobrevivência foi de 93,8% e 91,95% para os experimentos de uma planta e cinco plantas por parcela, respectivamente. Esses resultados são semelhantes aos obtidos por Foroughbakhch et al. (2017) (92%) aos 10 anos de idade, e ratificado por Acuña et al. (2018) testando densidades de plantio elevadas, esses autores ainda relatam alto nível de persistência da espécie a importantes limitações nutricionais e hídricas. Além disso, a diversidade genética detectada por Gonzaga et al (2016) no teste de progênies desempenha um papel significativo na determinação

da adaptabilidade e adequação do genótipo a diversos ambientes (SURAJ et al., 2019).

Aos dez anos, os caracteres de crescimento apresentam-se significativos a um grau de liberdade (p<0,01) pelo teste LRT, indicando a existência de diferencia entre os experimentos e dentro de progênies (Tabela 4).

Para os caracteres avaliados (ALT, DAP e VOL) a variância residual representou a maior parte da variância fenotípica individual, o que demonstra que o ambiente associado a variância genética não aditiva teve influência na expressão do fenótipo frente aos fatores genéticos (Apêndice G).

1.3.2.1 Altura

A altura média das progênies teve boa performance nos experimentos (18,3 e 17,9 m) aos dez anos de idade quando comparados com os dados encontrados para *E. camaldulensis* na literatura por Tanvir et al. (2002) aos 10 anos de idade (14,63 m) e Moraes et al. (2007b) aos 19 anos de idade (17,84 m), portanto os indivíduos apresentam um bom desempenho em crescimento.

O coeficiente de variação genética individual (CV_{gi}) e as estimativas de herdabilidade individual no sentido restrito ($\hat{h}_a^2$) para esse caráter foram obtidas na análise de 1 pl/parcela. Costa et al. (2016) e Silva et al. (2016), ao fazerem avaliação do mesmo teste de progênies aos seis anos de idade, encontraram os maiores valores no delineamento de uma planta por parcela (5,38% e 6,72%). Desse modo, quanto maior o valor para o CV_{gi}, maior será a facilidade para encontrar indivíduos superiores que poderão proporcionar ganhos na seleção (AGUIAR et al., 2010).

As estimativas de herdabilidade individual, no sentido restrito ($\hat{h}_a^2$) segundo interpretação proposta por Resende (1999) (herdabilidades de 0,01 a 0,15 como baixas; de 0,15 a 0,50 são medianas; e acima de 0,50 são altas) foram de baixa a alta magnitude. Costa et al. (2016) encontraram para *E. camaldulensis* aos três anos de idade, em delineamento de três plantas por parcela, valores de 0,08 para esse parâmetro.

A herdabilidade aditiva dentro de parcelas ($\hat{h}_{ad}^2$) também apresentou o mesmo comportamento. Portanto, a expressão fenotípica desse caractere tanto em uma

planta por parcela (16%) e conjunta (21%) respectivamente, é dado por influência ambiental. O teste de LRT detectou diferenças significativas entre tratamentos.

A herdabilidade em nível de médias de progênies ($\hat{h}_m^2$) variou de 0,37 (5pl/parc) a 0,97 (Agrupada) – (Tabela 4). Em termos gerais, apresentam valores altos, o que evidencia possíveis ganhos entre progênies e experimentos. Esses resultados são superiores aos obtidos por Costa et al. (2016) e mostram o ótimo controle genético das progênies. Portanto, a seleção pode ser mais eficiente com base nas médias de progênies do que em plantas individuais (SILVA et al., 2016) e de acordo com Vencovsky e Barriga (1992), isso tende a acontecer quando se minimizam os efeitos ambientais pelo número de repetições e de plantas por parcela.

Os valores estimados para a acurácia ($r_{\hat{a}a}$) foram superiores a 0,61% nos três tipos de análise dos experimentos. Assim, quanto maior o seu valor, mais pleno é a confiança na avaliação dos indivíduos, por meio deste caráter. Resende (2007) sugere que a acurácia seja no mínimo igual a 0,70, importante para apontar o grau de confiabilidade dos resultados obtidos na avaliação genética.

1.3.2.2 Diâmetro a altura do peito

O diâmetro a altura do peito (DAP) das progênies de *Eucalyptus camaldulensis* aos 10 anos de idade teve uma média geral de 13,0 cm nos dois experimentos e agrupada (Tabela 4). Esses resultados concordam com os resultados obtidos por Varghese. et al. (2009) em progênies de *E. camaldulensis* em dois locais aos 9 anos de idade (10,5 e 13,8 cm); Tanvir et al. (2002) reportam valores médios entre 11,9 – 15,8 cm aos 10 anos de idade em 13 procedências e Moglia et al. (2010) com analises de anéis de crescimento em 106 progênies, determinam que o crescimento médio anual em DAP aos 6 anos foi de 2,93 cm ano^{-1} e aos 9 anos 2,5 cm ano^{-1}. Esses autores ainda explicam que depende da disponibilidade hídrica e temperatura o crescimento em diâmetro.

Os coeficientes de variação genética (CV_{gi} e CV_{gp}) são semelhantes aos obtidos por Costa et al. (2016) e Silva et al. (2016), indicando alta magnitude de variação genética entre as progênies.

Tabela 4 - Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres: altura (ALT, m), diâmetro à altura do peito (DAP, cm), volume (VOL, m^3 arv^{-1}) e densidade básica da madeira (DBM, $g.cm^{-3}$) em testes de progênies de *Eucalyptus camaldulensis*, aos 10 anos de idade no município de Selvíria/MS

Estimativa	1 pl/parc				5 pl/parc				Agrupada			
	ALT	DAP	VOL	DBM	ALT	DAP	VOL	DBM	ALT	DAP	VOL	DBM
$\hat{h}_a^2$	0,25±0,04	0,23±0,04	0,21±0,04	0,72±0,07	0,07±0,02	0,09±0,03	0,07±0,02	0,52±0,06	0,26±0,04	0,24±0,04	0,20±0,04	0,55±0,06
$\hat{h}_{aj}^2$	-	-	-	-	0,12	0,15	0,11	0,85	0,26	0,24	0,21	0,69
$\hat{C}_{parc}^2$	-	-	-	-	0,0045	0,0049	0,0040	0,005	0,0044	0,0043	0,0034	0,1961
$\hat{c}_{bloc}^2$	-	-	-	-	-	-	-	-	0,0106	0,0115	0,0111	0,0023
$\hat{h}_m^2$	0,69	0,67	0,65	0,89	0,37	0,43	0,36	0,84	0,97	0,96	0,97	0,58
$r_{\hat{a}a}$	0,8289	0,8174	0,8059	0,9436	0,6123	0,6557	0,5980	0,9163	0,9831	0,9820	0,9836	0,7648
$\hat{h}_{ad}^2$	0,16	0,15	0,14	0,60	0,04	0,06	0,04	0,40	0,21	0,19	0,16	0,63
CV_{gi} (%)	15,88	19,88	50,36	14,54	9,27	12,51	28,63	13,69	13,32	16,03	39,19	11,36
CV_{gp} (%)	7,94	9,94	25,18	7,27	4,63	6,26	14,32	6,85	6,66	8,01	19,60	5,68
CV_e(%)	23,95	31,30	82,74	11,41	11,95	14,41	38,37	5,98	1,75	2,18	5,09	6,77
CV_r	0,33	0,32	0,30	0,64	0,39	0,43	0,37	1,14	3,80	3,68	3,85	0,84
$\hat{m}$	18,3	13,2	0,2369	0,5429	17,9	13,0	0,2218	0,5381	18,1	13,05	0,2292	0,5404
LRT (x^2) prog	109,65**	97,94**	87,33**	560,76**	14,54**	20,67**	13,14**	205,61**	156,3**	139,7**	113,1**	436,54**
LRT(x^2) parc	-	-	-	-	0,06 ns	0,06 ns	0,04 ns	0,11ns	0,07 ns	0,07 ns	0,04ns	110,16**
Dif exp.	-	-	-	-	-	-	-	-	41,9**	18,8**	26,3**	2,64 ns

*, **significativo a 5% e 1%, com 1 grau de liberdade, respectivamente; $\hat{h}_a^2$: herdabilidade individual no sentido restrito; $\hat{h}_{aj}^2$: herdabilidade individual no sentido restrito; $\hat{C}_{parc}^2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; $\hat{c}_{bloc}^2$: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco; $\hat{h}_m^2$: herdabilidade em nível de médias de progênies; $\hat{h}_{ad}^2$: herdabilidade aditiva dentro de parcela; $r_{\hat{a}a}$: acurácia; CV_{gi}: coeficiente de variação genética aditiva individual; CV_{gp}coeficiente de variação genotípica entre progênies; CV_ecoeficiente de variação experimental; CV_r: coeficiente de variação relativa; $\hat{m}$- média geral; LRT - Teste da Razão de Verossimilhança.

As estimativas de CVr para o DAP são os mesmos que as de altura (1 pl/parc) e agrupada, mas como sua diferença não é significativa o DAP torna-se a opção mais viável para a seleção, devido a praticidade em sua avaliação.

A herdabilidade em nível de médias de progênies ($\hat{h}_m^2$) variou de 0,43 a 0,96 (Tabela 4), o que em termos gerais, indicam valores altos e, portanto, ótimo controle genético das progênies. Os resultados altos na análise agrupada possibilitam a exploração desse teste de progênies para formação de pomares de sementes por mudas e como fontes de propágulos para programas de melhoramento (SILVA et al., 2018). Costa et al. (2016) encontraram para *E. camaldulensis* aos três anos de idade, valores de 0,28 para $\hat{h}_m^2$ e 0,17 para $\hat{h}_a^2$ nesse caráter.

A herdabilidade individual no sentido restrito ($\hat{h}_a^2$) variou de 0,09±0,03 a 0,24±0,04 (Tabela 4). Assim, este parâmetro mostra a proporção aditiva da variância genética que pode ser transmitida para a próxima geração, portanto o caráter DAP constitui um papel importante nas avaliações de campo.

A herdabilidade aditiva dentro de parcelas ($\hat{h}_{ad}^2$) apresentou (Tabela 4) os valores de 0,06 a 0,19. Valores dessa magnitude viabilizam a seleção de indivíduos dentro de progênies, destacando-se a conjunta. Comparando os resultados de herdabilidade, os coeficientes de $\hat{h}_{ad}^2$ foram similares a $\hat{h}_a^2$ e inferiores a $\hat{h}_m^2$, designando que a seleção com base na média de progênies deve ser mais eficiente que a seleção dentro de progênies, considerando a mesma intensidade de seleção.

Os resultados obtidos para acurácia são considerados como altos 0,70≤ $r_{\hat{a}a}$ < 0,90), indicando alta precisão no acesso à variação genética verdadeira a partir da variação fenotípica observada nos caracteres (MORAES et al., 2007a).

1.3.2.3 Volume

O valor médio de volume no dois experimentos e análise agrupada foram equivalentes (0,24 m^3 arv^{-1}), valores superiores aos obtidos por Souza et al. (2017) e Massote et al. (2007) que reportam 0,1500 m^3 arv^{-1} e 0,1733 m^3 arv^{-1} para *E. camaldulensis* aos 4 e 9,4 anos de idade respectivamente, o que reforça a importância do desbaste com intuito de manter os melhores genótipos para sua recombinação. Tanvir et al. (2002) sugerem a rotação de 8-9 anos de *E. camaldulensis* para produção máxima em volume.

De acordo com as estimativas de parâmetros genéticos para volume, o coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas ($\hat{c}^2_{parc}$) apresentou valores de baixa magnitude, indicando que o delineamento de blocos casualizados foi eficiente no controle ambiental (Tabela 4). Quanto as acurácias foram altas (>60%) em todos os experimentos. Segundo Resende (2002) valores entre 0 e 25% são considerados baixos, 25 e 75% são bons e acima de 75% ótimos.

O caráter volume teve os maiores coeficientes de variação experimental (CV_e), em relação aos outros caracteres analisados. Segundo Santos et al. (2008) isso é esperado, pois o caráter é composto pelo produto das variáveis altura total e DAP, e também condições de variabilidade existente entre as progênies.

O coeficiente de variação relativa (CV_r) é um parâmetro que tem a vantagem de não ser influenciado pela média do caráter (VENCOVSKY, 1987). Os valores encontrados foram de média a alta magnitude em todas as populações, respectivamente. O caráter VOL apresentou valores superiores na análise conjunta, sendo possível afirmar que a seleção direta realizada nesse caráter será efetiva do ponto de vista genético (Tabela 4).

As estimativas de herdabilidade em nível de médias de progênies ($\hat{h}^2_m$) foram consideradas de medianos a altos (RESENDE, 1995), a oscilar entre 0,36 (1 pl/parcela) e 0,97 (agrupada). A herdabilidade individual no sentido restrito ($\hat{h}^2_a$), que quantifica a importância relativa da proporção aditiva da variância genética que pode ser transmitida para a próxima geração, variou de 0,07±0,02 (5 pl/parcela) a 0,21±0,04 (1 pl/parcela) (Tabela 4). Contudo, são valores considerados como medianos a altos (RESENDE, 1995) reforçando as diferenças genéticas existentes entre os indivíduos. O teste de LRT detectou diferenças entre tratamentos (progênies), e, portanto, a possibilidade de se obter ganhos com a seleção explorando a variabilidade genética existente entre as progênies em cada experimento.

1.3.2.4 Densidade Básica da Madeira

A densidade da madeira é de fundamental importância para fins comerciais, pois afeta o rendimento e a qualidade do produto final (VAISHNAV et al., 2018). A densidade básica média das progênies aos 10 anos teve uma média geral de 0,5404 g cm^{-3}, dessa forma, o material poderia atender a demanda de celulose (0,48 a 0,57

g cm^{-3}) (FOELKEL, 1978). Na literatura resultados superiores foram obtidos para *E. camaldulensis* aos 10 anos de idade, variando de 0,635 g cm^{-3} a 0,705 g cm^{-3} (STURION et al., 1987; TANVIR et al., 2002; MOGLIA et al., 2010). Da mesma forma, encontraram-se relatos para materiais entre quatro e oito anos, variando de 0,470 g cm^{-3} a 0,600 g cm^3 (MARTINS et al., 2002; ANDRADE et al., 2009; TORRES et al., 2016). Quando comparado aos obtidos em clones da espécie destinados a produção de carvão vegetal, encontraram-se resultados entre 6 a 7,5 anos, variando de 0,540 g cm^{-3} a 0,605 g cm^{-3} (VALE et al., 2002; COSTA et al., 2017).

Inagaki et al. (2012) verificaram que diferenças na densidade básica são observadas entre espécies, idade, locais, árvores e dentro da árvore. Contudo, as avaliações individuais dentro das progênies evidenciaram que podem ser obtidos maiores valores com a seleção dos melhores genótipos, o qual é ratificado por Trugilho et al. (2010) que manifestam que a densidade básica, volume individual e massa seca estão sob um forte controle genético.

As estimativas para o coeficiente de variação experimental (CV_e) oscilam entre 5,98% a 11,41% (Tabela 4), indicando que é um caráter pouco influenciado pelo ambiente. Santos et al. (2008) encontraram resultados semelhantes nessa estimativa na mesma espécie aos 21 anos de idade, e ainda sugerem que a densidade básica da madeira é o caráter que sofre menor influência do ambiente em relação ao DAP, ALT e VOL.

O coeficiente de variação relativa (CV_r) que indica a relação entre o coeficiente genotípico do indivíduo e o coeficiente de variação experimental utilizado para estimá-lo variou de 0,64 a 1,14. Dessa forma, a DBM seria o indicado para seleção nas populações.

O coeficiente de variação genética aditiva individual (CV_{gi}) (Tabela 4) mostrou magnitude alta da variância genética (SEBBENN et al., 1998) em especial no experimento de uma planta por parcela. O coeficiente de determinação dos efeitos ambientais entre parcelas ($\hat{C}_p^2$) apresentou valores baixos, ou seja, baixa variação ambiental entre parcelas (RESENDE, 2002).

A herdabilidade estimada no sentido restrito ($\hat{h}_a^2$), variou de 0,52±0,06 a 0,72±0,07, portanto considerada alta (RESENDE, 1999), o que resultou em acurácia superior a 76,48%, portanto atestando precisão e controle das causas de variação ambiental (RESENDE e DUARTE, 2007). O efeito de progênies foi significativo no 1 e

5 pl/parcela, indicando a existência de diferença entre os tratamentos (progênies), a qual foi detectada pelo teste da razão de verossimilhança (LRT) (Tabela 4).

1.3.3 Correlação e análise multivariada

As correlações genéticas entre ALT e DAP foram altas (>0,82) nos dois experimentos (Tabela 5). Entretanto, as correlações entre características de crescimento (ALT e DAP) e densidade básica da madeira (DBM) foram baixas (<0,50), concordando com as correlações genéticas relatadas por Varghese et al. (2017) em teste de progênies aos três anos de idade no sul da Índia (ALT= 0,20 e DAP= 0,41) e Kien et al. (2010) em três ensaios clonais aos 5 anos de idade no Vietnã (ALT= 0,14; DAP= 0,16) com *E. camaldulensis*; sugerindo ainda esses autores que a seleção para crescimento não influenciará a densidade.

As correlações genéticas entre caracteres permitem inferir se a seleção direta baseada em um caráter irá favorecer outros, proporcionando ganhos indiretos (FALCONER, 1987). A seleção a partir do diâmetro implicará em resposta positiva no outro, além de ser de rápida mensuração, o DAP é preferível para avaliação em campo e predição das estimativas de seleção.

Tabela 5 - Correlações genéticas entre caracteres silviculturais de *Eucalyptus camaldulensis*, aos 10 anos de idade, no município de Selvíria-MS

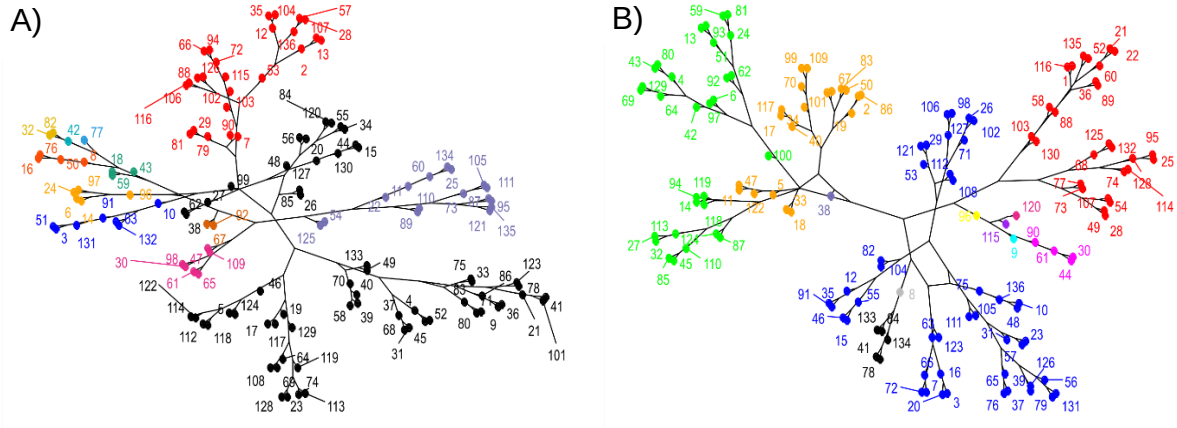
VAR.	1 pl/parcela			5 pl/parcela		
	DAP	VOL	DBM	DAP	VOL	DBM
ALT	$0,94^{ns}$	$0,92^{ns}$	$0,49^{ns}$	$0,82^{ns}$	$0,83^{ns}$	$0,30^{ns}$
DAP	-	$0,96^{ns}$	$0,46^{ns}$	-	$0,94^{ns}$	$0,17^{ns}$
VOL	-	-	$0,47^{ns}$	-	-	$0,21^{ns}$

$^{ns:}$ não significativo a 5%, com 1 grau de liberdade, ALT: Altura total, DAP: Diâmetro a Altura do Peito, VOL: Volume e DBM: Densidade básica da madeira.

As estimativas de divergência genética pelo método de Tocher, usando a distância de Mahalanobis, nos experimentos de 1 pl/parc e 5 pl/parc mostrou 12 e 10 grupos distintos, respectivamente, com base em três caracteres ALT, DAP E VOL (Apéndice H) (Figura 3).

A distribuição do número de grupos nesse estudo foi semelhante ao observado em um teste de progênie com 44 famílias de *E. camaldulensis* aos 5,7 anos de idade em Paraopeba – MG (MARTINS et al., 2002) que obtiveram 16 grupos. Da mesma forma, um estudo de Costa et al. (2016) cobrindo as mesmas progênies do presente estudo (132) em Santo Antônio – MT aos 4 anos de idade também resultaram em 14 grupos distintos. Esses autores indicam que há grande diversidade e pode-se recomendar para cruzamentos (PEREIRA et al., 2013), desde que também exibam desempenho superior em relação as principais caraterísticas de importância econômica (MARTINS et al., 2002).

Figura 3- Formação de grupos com base nas distâncias de Mahalanobis (D2) para os caracteres de crescimento em progênies de *Eucalyptus camaldulensis*, nos experimentos (A) 1 pl/parc e (B) 5 pl/parc aos 10 anos de idade, no município de Selvíria-MS



1.3.4 Ganhos com seleção

A forma como o desbaste foi proposto, permitiu eliminar os indivíduos inferiores dentro das progênies; de tal modo que nessa primeira fase foi possível manter 100% da diversidade genética ($\widehat{D}$= 1,00) (Tabela 6). Kamalakannan et al. (2007) inferiram que uma estratégia conservadora para manter a diversidade adequada seria necessária em pomares de primeira geração de eucaliptos, onde as árvores estão em estágios iniciais de domesticação, para sustentar melhorias nas gerações subsequentes.

Tabela 6 - Ganho genético para o caráter DAP (diâmetro à altura do peito), em testes de progênies de *Eucalyptus camaldulensis*, aos 10 anos de idade no município de Selvíria, MS

5 pl/parc				**1 pl/parc**	
kf_o= 20				kf_o= 20	
Ordem	**Prog**	***kf***	**Ordem**	**Prog**	***Kf***
1	1	10	**1**	2	12
2	2	12	**2**	3	12
3	3	12	**3**	4	12
4	4	12	**4**	5	12
5	5	12	**5**	6	12
6	6	12	**6**	7	12
7	7	12	**7**	8	12
8	8	12	**8**	9	12
9	9	12	**9**	10	12
10	10	12	**10**	11	12
.	.	.	.	.	.
.	.	.	.	.	.
127	127	11	**127**	130	12
128	128	12	**128**	131	12
129	129	12	**129**	132	12
130	130	12	**130**	133	12
131	131	12	**131**	134	12
132	132	12	**132**	135	12
133	133	12	**133**	136	12
134	134	12	.	.	.
135	135	12	.	.	.
136	136	12	.	.	.
	n	1615		*N*	1594
	N fo	136		*N fo*	133
	N f	136		*N f*	133
	$\overline{K}_f$	11,875		$\overline{K}_f$	11,985
	$\hat{\sigma}^2 kf$	0,1694		$\hat{\sigma}^2 kf$	0,0301
	N_e	434		*Ne*	425
	µ (cm)	12,96		µ (m)	13,16
	â (cm)	0,10856		â (m)	0,3053
	$\hat{G}_S$ (%)	0,84		$\hat{G}_S$ (%)	2,32
	$(\Sigma K_f)^2$	2608225		$(\Sigma K_f)^2$	2540836
	ΣK^2_f	19201		ΣK^2_f	19108
	N ef	136		*N ef*	133
	N fo	136		*N fo*	133
	$\widehat{D}$	1,00		$\widehat{D}$	1,00

n: nº de indivíduos selecionados; N_{fo}: nº original de progênies no teste; N_f: nº de progênies selecionadas; k_{fo}: nº de indivíduos selecionados por progênie; $\overline{kf}$: nº médio de indivíduos selecionados por progênie; N_e: tamanho efetivo; μ: média geral; *a*: efeito genético aditivo; $\hat{G}s$: ganho na seleção; N_{ef}: nº efetivo de progênies selecionadas; *D*: diversidade genética.

A relação entre ganho genético e diversidade deve ser bem compreendida antes do desbaste de um pomar para gerenciar adequadamente a endogamia e planejar a coleta de sementes (KAMALAKANNAN et al., 2016).

No entanto, mesmo procedendo-se um desbaste brando, foi possível obter ganhos com seleção mesmo baixos para DAP que variaram de 0,84% para o experimento de 5 pl/parcela, e 2,32% no experimento de 1 pl/parcela (Tabela 6). Kamalakannan et al. (2007) concluíram que ganhos além da primeira geração dependeriam da precisão na seleção dos melhores genótipos e no manejo da endogamia nos pomares de sementes. O tamanho efetivo foi semelhante entre os experimentos, esperasse que das 1615 árvores no experimento de 5 pl/parcela, 434 (26,9%); e das 1594 árvores no experimento de 1 pl/parcela, 425 (26,7%) sejam indivíduos não parentes e não endogâmicos.

1.4 CONCLUSÕES

Eucalyptus camaldulensis tem alta taxa de sobrevivência e variação nos caracteres silviculturais da população base e teste de progênies, e sua variabilidade genética pode ser ampliada por recombinação, através de cruzamentos entre e dentro de populações para formar híbridos e plantios na região.

A análise dos carácteres silviculturais no teste de progênies através de uma planta por parcela apresenta maiores e mais precisas estimativas de variação genética, correlação e agrupamento dos genótipos, em relação à cinco plantas por parcela e agrupada.

O desbaste seletivo dentro de progênies proporcionou ganhos genéticos baixos, porém sem perda da diversidade genética e visando transformar o teste de progênies em um pomar de sementes por mudas.

REFERÊNCIAS

ACUÑA, E.; CANCINO, J.; RUBILAR, R.; SANDOVAL, S. Aboveground biomass growth and yield of first rotation cutting cycle of *Acacia* and *Eucalyptus* short rotation dendroenergy crops. **Revista Árvore**, Santa Maria, v. 41, n. 6, p. 1-10, 2018.

AGUIAR, A. V.; SOUSA, V. A.; SHIMIZU, J. Y. Seleção genética de progênies de *Pinus greggii* para formação de pomares de sementes. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 30, p. 107-117, 2010.

ANDRADE, M. C. N.; MINHONI, M. T. A.; SANSIGOLO, C. A.; ZIED, D. C. Densidade básica da madeira de sete espécies e três clones de eucalipto antes e durante o cultivo de shiitake. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringa, v. 31, n. 2, p. 235-240, 2009.

ALVES, P. F.; SILVA, J. M.; PAULA, D. R.; MENDES, H. S. J; SILVA, C. L. S. P.; FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M.; MORAES, M. L. T. Diversidade genética e sistema de reprodução em uma população base de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. procedente de Katherine River, Austrália. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 21, n. 2, p. 169-179, 2009.

CARVALHO, M. P.; MENDONÇA, V. Z.; PEREIRA, F. C. B. L.; ARF, M. V.; KAPPES, C.; DALCHIAVON, F. C. Produtividade de madeira de eucalipto correlacionada com atributos do solo visando ao mapeamento de zonas específicas de manejo. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 42, n. 10, p. 1797-1803, 2012.

COSTA, B. R; SILVA, J. C.; SKOWRONSKI, L.; CONSTANTINO, M.; PISTORI, H. PINTO, J. V. C. Genetic Divergence in *Eucalyptus camaldulensis* progenies in the Savanna Biome in Mato Grosso, Brazil. **PLoS ONE**, China, v. 11, n. 9, p. 1-9, 2016.

COSTA, A. C. S.; LEAL, C. S.; SANTOS, L. C.; CARVALHO, A. M. M. L.; OLIVEIRA, A. C.; PEREIRA, B. L. C. Propriedades da madeira de cerne e alburno de *Eucalyptus camaldulensis*. **Ciência da Madeira**, Pelotas, v. 8, n. 1, p. 10-20, 2017.

CLIMA FEIS, CANAL CLIMA DA UNESP ILHA SOLTEIRA. **Dados Climáticos**, 2019.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, UFV, 2004. 480p.

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

ELDRIDGE, K.; DAVIDSON, J.; HARWOOD, C.; WYK, G. **Eucalypt domestication and breeding**. Clarendon Press: Oxford, p. 60-71, 1993.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, UFV. Imprensa Universitária, 1987, 279p.

FERREIRA, D. F. **Estatística Básica**. Lavras: Editora UFLA, 2009. 664 p.

FONSECA, D. M.; RESENDE, M. D. V; ALFENAS, A. C.; GUIMARÂES, L. M. S.; ASSIS, T. F.; GRATTAPAGLIA, D. **Manual Prático de Melhoramento Genético do Eucalipto**. Viçosa, MG: UFV, v. 1, 2010. 200p.

FLORES, T. B.; ALVARES, C. A.; SOUZA, V. C.; STAPE, J. L. ***Eucalyptus* no Brasil: zoneamento climático e guia para identificação**. Piracicaba, IPEF, 2016, 448p.

FOROUGHBAKHCH, R.; CARRILLO-PARRA, A.; HERNÁNDEZ-PIÑERO, J. L.; GUZMÁN-LUCIO, M. A. Growth and yield of a *Eucalyptus* subtropical plantation in a Northeastern Mexico degraded land soil. **Madera y Bosques**, Xalapa, v. 23, n. 3, p. 71-85, 2017.

FOELKEL, C. E. B.; BRASIL, M. A. M.; BARRICHELO, L. E. G. Métodos para determinação da densidade básica de cavacos para coníferas e folhosas. **IPEF**, Piracicaba, v. 1, n. 2/3, p. 65-74, 1971.

FOELKEL, C. E. B. Madeira de eucalipto: da floresta ao digestor. **IPEF-Boletim Informativo**, Piracicaba, v. 6, n. 20, p.1-25, 1978.

GARCIA, C. H. **Tabelas para classificação do coeficiente de variação**. IPEF, Piracicaba, (Circular Técnica 171). 1989. 12p.

GONZAGA, J. M. S.; MANOEL, R.O.; SOUZA, A.C.B.; SOUZA, A. P.; MORAES, M. L. T.; FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M. Pollen contamination and nonrandom mating in a *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh seedling seed orchard. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 65, n. 1, p. 1-11, 2016.

INAGAKI, T.; SCHWANNINGER, M.; KATO, R.; KURATA, Y.; THANAPASE, W.; PUTHSON, P.; TSUCHIKAWA, S. *Eucalyptus camaldulensis* density and fiber length estimated by near-infrared spectroscopy. **Wood Science and Technology**, New York, n. 46, v. 3, p.143-155, 2012.

KAGEYAMA, P. Y.; GANDARA, F. B. Consequências genéticas da fragmentação sobre populações de espécies arbóreas. **Série Técnica IPEF**, Piracicaba, v. 12, n. 32, p. 65-70, 1998.

KAMALAKANNAN, R.; VARGHESE, M.; LINDGREN, D. Fertility variation and its implications on relatedness in seed crops in seedling seed orchards of *Eucalyptus camaldulensis* and *Eucalyptus tereticornis*, **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 56, n. 1-6, p. 253-259, 2007.

KAMALAKANNAN, R., VARGHESE, M., SURAJ, P.G.; ARUTSELVAN, T. Options for converting a clone trial of *Eucalyptus camaldulensis* into a clonal seed orchard

considering gain, fertility and effective clone number. **Journal of Forestry Research**, Colombo, v. 27, n. 1, p. 51-57, 2016.

KIEN, N. D.; JANSSON, G.; HARWOOD, C.; ALMQVIST, C. Clonal variation and genotype by environment Interactions in growth and wood density in *Eucalyptus camaldulensis* at three contrasting sites in Vietnam. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 59, n. 1-6, p. 17-28, 2010.

LIMA, C. G. R.; CARVALHO, M. P.; NARIMATSU, K. C. P.; SILVA, M. G.; QUEIROZ, H. A. Atributos físico-químicos de um Latossolo do cerrado brasileiro e sua relação com características dendrométricas do eucalipto. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, Viçosa, v. 34, n. 1, p. 163-173, 2010.

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

MASSOTE, M. W.; GRISI, M. R. L.; VENTURIN, N.; MANABU, H. E.; YOSHITANI, M. Desempenho silvicultural de clones e espécies/procedências de *Eucalyptus* na região noroeste de Minas Gerais. **CERNE**, Lavras, v. 13, n. 4, p. 368-375, 2007.

MOGLIA, J. G.; GIMÉNEZ, A. M.; GONZÁLEZ, D.; GEREZ, R. Caracterización de los anillos de crecimiento y su relación con la densidad básica de la madera en *Eucalyptus camaldulensis*. **Quebracho - Revista de Ciencias Forestales**, Santiago del Estero, v. 18, n. 1-2, p. 47-57, 2010.

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

MORAES, M. A.; ZANATTO, A. C. S.; FREITAS, M. L. M. Variação genética para caracteres silviculturais em progênies de procedente de Victoria River, Austrália. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, n. 31, p. 229-232, 2007b.

PAULA, R. C.; PAULA, N. F.; MARINO, C. L. Melhoramento de espécies perenes para condições de estresses abióticos. In: **Melhoramento de plantas para condições de estresses abióticos**. FRIESCHENETO, R.; BÓREM, A. Visconde do Rio Branco: Suprema. 2011, p. 227-250.

PEREIRA, T. B.; CARVALHO, J. P. F.; BOTELHO; C. E.; RESENDE, M. D. V.; REZENDE, J. C.; MENDES, A. N. G. Eficiência da seleção de progênies de café F4 pela metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). **Bragantia**, Campinas, v. 72, n. 3, p. 230-236, 2013.

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

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

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

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

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 561p.

RESENDE, M. D. V. SELEGEN-REML/BLUP. **Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b. 360p.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle experimental de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

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

ROLIM, G. S.; CAMARGO, M. B. P.; LANIA, D. G.; MORAES, J. F. L. Classificação climática de Köppen e Thornthwaite e sua aplicabilidade na determinação de zonas agroclimáticas para o estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 4, p. 711-720, 2007.

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

SANTOS, H. G.; JACOMINE, P. K. T.; ANJOS, L. H. C.; OLIVEIRA, V. A.; LUMBRERAS, J. F.; COELHO, M. R.; ALMEIDA, J. A.; ARAUJO FILHO, J. C.; OLIVEIRA, J. B.; CUNHA, T. J. F. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 5 ed. Brasília, DF: Embrapa, 2018. 353p.

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.

SIEGEL, S. **Estatística não-paramétrica para as ciências do comportamento**. São Paulo: McGraw-Hill do Brasil, 1975.

SILVA, J. M. **Avaliação da variabilidade genética em uma população base de** *Eucalyptus camaldulensis* **Dehnh. para fins de conservação e melhoramento**

genético. 2010. 153 f. Tese (Doutorado em Agronomia). Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2010.

SILVA, W. M.; MORAES, M. L. T.; PUPIN, S.; SILVA, J. M.; SEBBENN, A. M.; PAVAN, B. E. Influência do tamanho de parcelas experimentais na seleção de progênies de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 44, n. 112, p. 979-986, 2016.

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

SOUZA, F. M. L.; PUPO, C. H.; SEREGHETTI, G. C.; SANSÍGOLO, C. A.; FERREIRA, J. P.; SILVA, R. B.; GARCIA, D. P. Características de crescimento, densidade básica e composição química da madeira de *Eucalyptus* spp na região de Ribas do Rio Rardo-MS. **Brazilian Journal of Biosystems Engineering**, Tupã, v. 11, n. 4, p. 350-359, 2017.

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

SURAJ, P. G.; NAGABHUSHANA, K.; KAMALAKANNAN, R.; VARGHESE, M. Impact of fertility variation on genetic diversity and phenotypic traits in second generation seed production areas and clonal seed orchards of *Eucalyptus camaldulensis*, **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 68, n. 1, p. 29-40, 2019.

TANVIR, M. A.; SIDDIQUI, M. T.; SHAH, A. H. Growth and Price Trend of *Eucalyptus camaldulensis* in Central Punjab. **International Journal of Agriculture & Biology**, Pakistan, v. 4, n. 3, p. 344-346. 2002.

TORRES, P. M. A.; PAES, J. B.; NASCIMENTO, J. W. B.; BRITO, F. M. S. Caracterização Físico-Mecânica da Madeira Jovem de *Eucalyptus camaldulensis* para Aplicação na Arquitetura Rural. **Floresta e Ambiente**, Seropédica, v. 23, n. 1, p. 109-117, 2016.

THOMSON, L.; DORAN, J.; CLARKE, B. **Trees for life in Oceanía: conservation and utilisation of genetic diversity**. ACIAR Monograph No. 201. Australian Centre for International Agricultural Research, Canberra, 2018, 278p.

TRUGILHO, P. F.; CHAVES, A. D. M.; PADUA, F. A.; ALMADO, R. P.; RODARTE, B. A. E. Estimativa de carbono fixado na madeira de um clone hibrido *Eucalyptus urophylla* e *Eucalyptus grandis*. **Cerne**, Lavras, v. 16, p. 33-40, 2010.

VALE, R. S.; MACEDO, R. L. G.; VENTURIN, N.; MORI, F. A.; MORAIS, A. R. Efeito da desrama artificial na qualidade da madeira de clones de eucalipto em sistema agrossilvipastoril. **Revista Árvore**, Santa Maria, v. 26, n. 3, p. 285-297, 2002.

VARGHESE, M.; HARWOOD, C. E.; BUSH, D. J.; BALTUNIS, B.; KAMALAKANNAN R.; SURAJ, P. G.; HEGDE, D.; MEDER, R. Growth and wood properties of natural provenances, local seed sources and clones of *Eucalyptus camaldulensis* in

southern India: implications for breeding and deployment. **New Forests**, Dordrecht, v. 48, p. 67-82. 2017.

VARGHESE, M.; RAVI, N.; KAMALAKANNAN, R.; HARWOOD, C. E. Effect of silvicultural treatments on growth, fertility and capsule traits in seedling seed orchards of *Eucalyptus camaldulensis* and *Eucalyptus tereticornis*. **New Forests**, Dordrecht, v. 37, pp. 99-107, 2009.

VAISHNAV, V.; ANSARI, S. A. Detection of QTL (quantitative trait loci) associated with wood density by evaluating genetic structure and linkage disequilibrium of teak. **Journal of Forestry Research**, Colombo, v. 30, n. 6, p. 2247-2258, 2018.

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

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E; VIEGAS, G. P. **Melhoramento e produção do milho.** 2. Ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. pp. 137-214.

CAPITULO 2 - DIVERSIDADE GENÉTICA DE *Hymenaea stigonocarpa* Mart. ex Hayne USANDO MARCADORES MOLECULARES MICROSSATÉLITES (SSR)

RESUMO

Hymenaea stigonocarpa (Fabaceae), é uma espécie arbórea de reconhecido valor econômico, ecológico, social e cultural no bioma Cerrado. No entanto, o avanço do desmatamento do bioma nas últimas décadas, tem reduzido as populações a fragmentos de Cerrado ou como árvores isoladas em campos e pastagens. Devido a isso, entender os impactos da fragmentação florestal são chaves para desenhar estratégias para a conservação *in situ* e *ex situ* dos recursos genéticos. Este trabalho visou investigar o sistema de reprodução, a estrutura genética espacial e diversidade genética por médio de nove marcadores moleculares microssatélites (SSR) em adultos e progênies. Foram amostradas 48 árvores adultas do fragmento e suas progênies (648 indivíduos) instaladas no teste. Os resultados mostram altos níveis de diversidade genética para adultos (68 alelos) e progênies (166 alelos) e uma estrutura genética espacial de75 m. A taxa média de cruzamento foi de 0,99 indicando um sistema de cruzamento por reprodução. A taxa de cruzamento entre parentes foi de 0,125 e coeficiente de coancestria de 0,140. Estes resultados demonstram que embora a área tenha passado por um processo histórico de antropização, possuem uma diversidade relevante que permite orientar ações para transformá-lo em um pomar de sementes por mudas. Para se estabelecer uma conservação genética *ex situ* da espécie, com um tamanho efetivo de 150, sugere-se a coleta de sementes de pelo menos 45 árvores.

Palavras-chave: Cerrado. Sementes florestais. Fragmentação florestal. Parentesco.

ABSTRACT

Hymenaea stigonocarpa (Fabaceae), is a tree species of recognized economic, ecological, social and cultural value in the Cerrado biome. However, the advance of deforestation in the biome in recent decades has reduced populations to fragments of the Cerrado or as isolated trees in fields and pastures. Because of this, understanding the impacts of forest fragmentation are key to designing strategies for *in situ* and *ex situ* conservation of genetic resources. This work aimed to investigate the reproduction system, the spatial genetic structure and genetic diversity by means of nine microsatellite molecular markers (SSR) in adults and progenies. Were sampled 48 adult trees of the fragment and their progenies (648 individuals) installed in the test. The results show high levels of genetic diversity for adults (68 alleles) and progenies (166 alleles) and a spatial genetic structure of 75 m. The average breeding rate was 0.99, indicating a breeding system for breeding the species. The crossing rate between relatives was 0.125 and the average coancestry coefficient was of 0.140. These results demonstrate that although the area has gone through a historical process of anthropization, it has a relevant diversity that allows orienting actions to transform it into a seed orchard for seedlings. In order to establish an *ex situ* genetic conservation of the species, with an effective size of 150, it is suggested to collect seeds from at least 45 trees.

Key words: Cerrado. Forest seeds. Forest fragmentation. Breeding. Seeds orchards.

2.1 INTRODUÇÃO

As regiões entre os trópicos abrigam a grande maioria da biodiversidade mundial. No entanto, a intensificação das atividades antrópicas está gerando uma redução substancial do tamanho das populações, podendo levar a extinções locais, perda de diversidade genética, fluxo gênico restrito, elevada endogamia, sob o agravante efeito das mudanças climáticas (AGUILAR et al., 2006; EWERS e DIDHAM 2006; FINGER et al., 2014). A diversidade genética é um dos principais componentes da diversidade biológica e peça chave da maioria das espécies para resistir a estes desafios. Consequentemente, compreender como a fragmentação interfere na variação genética das espécies, é uma estratégia importante para mitigar os efeitos das mudanças climáticas globais e para o sucesso ecológico dos programas de restauração (KETTLE, 2014; ZUCCHI et al., 2017).

Hymenaea stigonocarpa Mart. ex Hayne, é uma espécie arbórea decídua e hermafrodita, nativa do Cerrado, ocorre naturalmente em solos de fertilidade química baixa e terrenos bem drenados, sendo considerada heliófila e não tolerante á baixas temperaturas (CARVALHO, 2006). A floração ocorre de outubro a abril e a frutificação de abril a julho (ALMEIDA et al., 1998; SILVA-JÚNIOR, 2005) e são polinizadas por pelo menos quatro diferentes espécies de morcegos (GIBBS et al., 1999).

A importância econômica da espécie está associada ao uso da madeira para construção naval e civil; a sua casca que fornece um corante amarelo utilizado em vários segmentos; e a seus frutos que são comestíveis. É também importante para a fauna, servindo de alimento para periquitos, antas, papagaios, bugios, roedores, lobinhos e araras (LORENZI, 1992; SILVA et al., 1994; BOTELHO et al., 2000).

Estudos de sistema de reprodução permitem o entendimento da biologia adaptativa e evolutiva das espécies (DEGEN e SEBBENN, 2014). *H. stigonocarpa* é predominantemente de cruzamento (GIBBS et al., 1999; MORAES e SEBBENN, 2011) porém, Moraes et al. (2007) e Moraes et al. (2018) relataram sistema de reprodução misto, isto conforme o aumento do isolamento dos indivíduos. Entretanto, as informações disponíveis sobre a distância de dispersão do pólen e semente indicam que ocorre em árvores isoladas em distancias maiores que 8 km (MORAES e SEBBENN, 2011; MORAES et al., 2018) e para árvores dentro de fragmentos, variando de 860 m até 1451 m (MORAES e SEBBENN, 2011; GARCIA et al., 2019).

No entanto, existem algumas questões que carecem de informações sobre *H. stigonocarpa*, bem como em quase todas as outras espécies arbóreas nativas do Brasil que é a depressão por endogamia. Em populações naturais de espécies arbóreas, a endogamia pode ser gerada pelo comportamento dos polinizadores, visitando principalmente flores de uma mesma árvore, devido à estruturação interna das populações, em grupos de indivíduos aparentados, localizados espacialmente próximos, ou pela redução do tamanho das populações (SEBBENN et al., 2011).

Com base na importância da espécie, a conservação dela é de estrema seriedade para o bioma cerrado. Desse modo, este trabalho foi realizado com o objetivo de conhecer a diversidade e estrutura genética, o sistema de reprodução e a coancestria de uma população natural de *H. stigonocarpa*, conservada *in situ* em uma reserva particular e *ex situ*, na forma de teste de progênies, por meio de marcadores microssatélites. Especificamente, foram exploradas as seguintes questões: i) As árvores matrizes localizadas espacialmente próximas apresentam algum grau de parentesco? ii) A redução do tamanho da população pela fragmentação afetou o sistema de reprodução? e iii) O número de árvores coletados permite reter o tamanho efetivo de 150?.

2.2 MATERIAL E MÉTODOS

O estudo foi conduzido em árvores adultas e progênies de *Hymenaea stigonocarpa*, situadas em uma população natural e teste de progênies respectivamente.

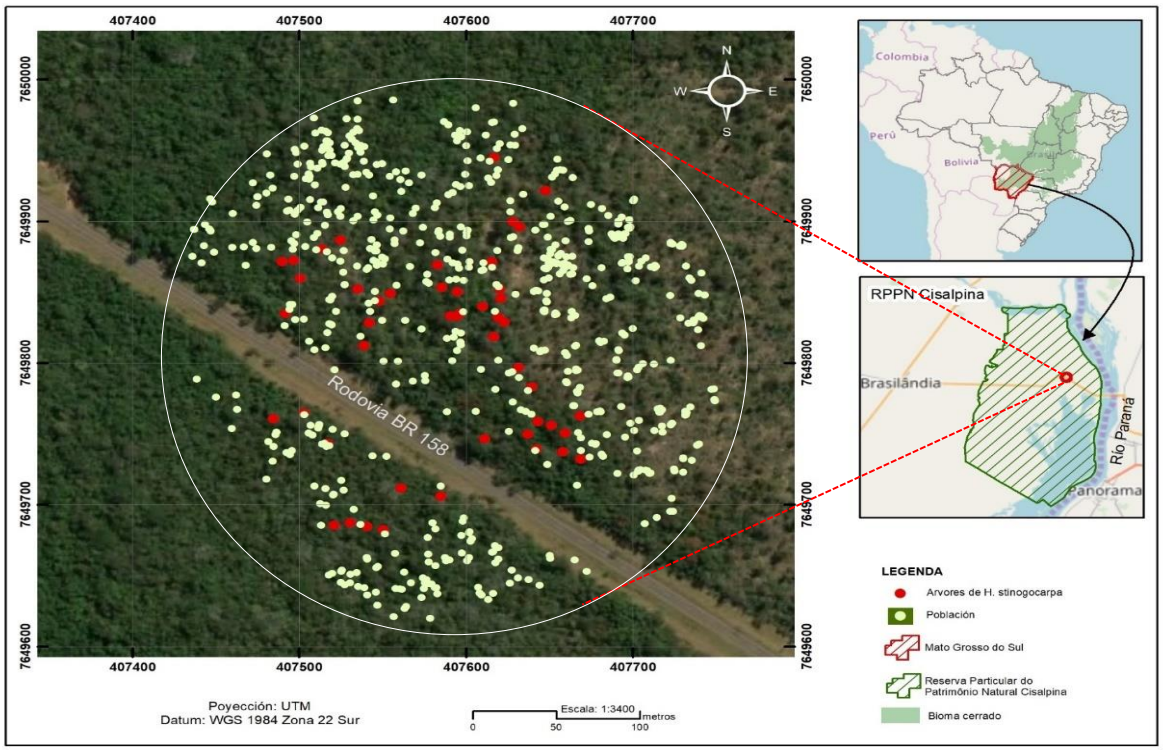
2.2.1 População natural

A população natural de *Hymenaea stigonocarpa* está situada em um fragmento de transição entre mata ciliar e cerrado na Reserva Particular do Patrimônio Natural-RPPN Cisalpina, Brasilândia/MS. A área de amostragem foi de aproximadamente 9 há, onde foram inventariados 710 indivíduos (≥ 5cm de DAP) e coletadas sementes em 48 árvores matrizes de polinização aberta em 2012 (Figura 1).

Essa reserva está situada na planície de inundação do rio Paraná, sob influência do reservatório da usina Hidrelétrica Engenheiro Sérgio Motta, com uma extensão de 2.200 hectares, altitude de 265 m e precipitação média anual de

1.262 mm. O relevo é predominantemente ondulado e suave ondulado (ALMEIDA et al., 2019). A vegetação constitui um dos últimos remanescentes significativos das formações vegetais características da planície aluvionar do rio Paraná e está composta por um mosaico de Floresta Estacional Decidual aluvial (ANDRADE, et al., 2009). Observou-se as espécies mais representativas: *Qualea parviflora* Mart. (pau terra folha fina), *Alibertia edulis* (Rich.) A. Rich. ex DC. (marmelo-cachorro), *Dimorphandra mollis* Benth. (fava d'anta), *Hancornia speciosa* Gomes (mangaba), *Matayba elaeagnoides* Radlk. (camboatá), *Mabea fistulifera* Mart. (canudo de pito), *Diptychandra aurantiaca* (Mart.) Tul. (balsemin), *Vochysia cinnamomea* Pohl (quina doce), *Andira cujabensis* Benth. (angelim do cerrado), *Caryocar brasiliense* Cambess. (pequi), *Dipteryx alata* Vogel (baru), *Bowdichia virgilioides* Kunth (sucupira preta), *Pouteria ramiflora* (Mart.) Radlk. (Curiola), *Annona crassiflora* Mart. (marolo vermelho), *Cupania vernales* Cambess (camboatá), *Aspidosperma tomentosum* Mart. (guatambu do cerrado), *Handroanthus heptaphyllus* (Vell.) Mattos (ipê-roxo), Kielmeyera coriacea Mart. & Zucc. (pau-santo), *Qualea* spp. Mart. (Pau-terra), *Diospyros hispida* A.DC (caqui-do cerrado)

Figura 1 – Distribuição espacial de árvores de *Hymenaea stigonocarpa* no fragmento de Cerrado na Reserva Particular do Patrimônio Natural-RPPN Cisalpina, Brasilândia/MS, n: 710



2.2.2 Teste de progênies

A partir das sementes coletadas em 48 árvores matrizes na RPPN-Cisalpina em 2012 foi instalado em junho de 2013 um teste de progênies na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da Faculdade de Engenharia, Campus de Ilha Solteira (Fepe/Feis/Unesp), localizada na margem direita do rio Paraná, Selvíria-MS (20º19' S, 51º26' W), altitude média de 335 metros e precipitação média anual de 1354 mm. O clima da região é caracterizado como Aw, subtropical úmido, com inverno seco e ameno, e verão quente e chuvoso (ROLIM et al., 2007), temperatura média anual de 22,4ºC e precipitação média anual de 1.354 mm (DAMIÃO et al., 2010). O solo é classificado segundo o Sistema Brasileiro de Classificação de Solos como Latossolo Vermelho Distrófico (SANTOS et al., 2018).

O delineamento experimental foi de blocos casualizados com 41 famílias, 45 repetições, uma planta por parcela, no espaçamento de 1,5 m x 3,0 m. Foram avaliados, aos 5 anos após o plantio, os seguintes caracteres: altura de plantas (ALT, m), diâmetro a altura do peito (DAP, cm) e sobrevivência (SOB, %).

2.2.2.1 Análise quantitativa

As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram analisadas pela metodologia do modelo linear misto (aditivo univariado) – REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada), aplicado aos testes de progênies de polinização aberta (assumindo progênies de meios-irmãos), delineamento em blocos ao acaso, uma planta por parcela, "modelo 95", seguindo o procedimento (equação 1) e, empregando-se o *software* genético-estatístico SELEGEN-REML/BLUP, desenvolvido por Resende (2007b e 2016).

$$y = Xr + Za + Wp + e \quad (1)$$

em que: y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetições (assumidos como fixos) somados a média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para referidos efeitos.

As estimativas de variância, parâmetros genéticos e coeficientes de variação, cujas equações podem ser encontradas em Vencovsky e Barriga (1992); Resende (2002, 2007a) e Cruz (2005) foram:

i. Variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$)
ii. Variância residual ($\hat{\sigma}_e^2$)
iii. Variância fenotípica individual ($\hat{\sigma}_f^2$)
iv. Herdabilidade individual no sentido restrito ($\hat{h}_a^2$)
v. Herdabilidade em nível de médias de progênies ($\hat{h}_m^2$)
vi. Herdabilidade aditiva dentro de parcela ($\hat{h}_{ad}^2$)
vii. Coeficiente de variação genética aditiva individual (CV_g)
viii. Coeficiente de variação genotípica entre progênies (CV_{gp})
ix. Coeficiente de variação experimental (CV_e)
x. Coeficiente de variação relativa (CV_r)
xi. Acurácia da seleção de progênies ($r_{\hat{a}a}$)

2.2.2.2 Análise multivariada

Após a análise no "modelo 95", procedeu-se a utilização do modelo 102, do SELEGEN para obtenção das correlações genéticas entre os caracteres, as quais tiveram sua significância avaliada pelo teste *t* de Student, de acordo com Ferreira (2009), em base as equações 2 e 3.

Correlações genéticas ($\hat{r}_{x,y}$):

$$\hat{r}_{x,y} = \frac{C\hat{O}V_{a(x,y)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{a(x)} \cdot \hat{\sigma}_{a(y)}}} \quad (2)$$

Distância generalizada de Mahalanobis (Modelo 104) (D^2):

$$D_{ii'}^2 = \delta' \psi^{-1} \delta \quad (3)$$

em que: $D_{ii'}^2$ é à distância de Mahalanobis entre os genótipos i e i'; ψ é a matriz de variâncias e covariâncias residuais; $\delta' = [d_1, d_2, ..., d_v]$, sendo $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$; Y_{ij} : é a média do i-ésimo genótipo em relação a j-ésima variável (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

As estimativas das distâncias de Mahalanobis (D^2) permitiram agrupar as progênies, em cada uma das progênies e procedências pelo Metodo de Tocher (CRUZ et al., 2004). O método citado adota como critério de inclusão de novas progênies no

grupo as seguintes expressões:

Se $\left(D^2_{(Grupo)i} \middle/ \eta\right) \leq \alpha \Rightarrow$ inclui-se a progênie no grupo;

Se $\left(D^2_{(Grupo)i} \middle/ \eta\right) > \alpha \Rightarrow$ a progênie “i” não deve ser incluída no grupo;

em que: η = número de progênies que constitui o grupo original; α = limite de acréscimo, na média da distância intragrupo, para formação ou inclusão de um novo elemento no grupo.

2.2.3 Análise molecular

2.2.3.1 Amostragem e coleta de material vegetal

Foram genotipados ao total 696 indivíduos: 48 árvores adultas reprodutivas mapeadas em 2012 na RPPN-Cisalpina e 648 progênies de 36 dessas árvores plantadas na forma de teste na Fepe (em média 18 indivíduos), isto em decorrência da sobrevivência e do número adequado de amostragem para genotipagem (15-25 ind/prog) (Apêndice I).

As amostras foliares foram coletadas entre a fase juvenil e o período deiscente, posteriormente, foram colocadas em sacos de papel, armazenadas em sílica-gel para remoção da umidade, e transportadas ao laboratório de Genética de Populações e Silvicultura (Unesp/Ilha Solteira).

2.2.3.2 Extração de DNA

A extração de DNA das amostras foliares foi baseada no protocolo com CTAB (DOYLE e DOYLE, 1987) com modificações para *Hymenaea stigonocarpa*. As folhas foram picotadas (46 mg) e colocadas em microtubo, de 1.5 mL, na sequência imersas em nitrogênio líquido e maceradas, com uso de *beads* magnéticas e macerador mecânico, em seguida foi adicionado 1000 µL tampão de extração [2% Brometo de Cetil Trimetil de amônio – CTAB; 5 M Cloreto de sódio (NaCl); 1 mM Tris-HCL, pH= 8.0; 1 % Polivinilpirrolidona (PVP – 40, 360), 0.5 M de ácido Etilenodiamino Tetra-Acético-EDTA], 4 µL de β-mercaptoetanol e 10 µL de Proteinase K e posteriormente incubado em banho-maria a 65ºC por 60 minutos, homogeneizando-as a cada

10 minutos. Após o período de incubação, as amostras passaram por um processo de purificação, em que 500 µL da mistura de clorofórmio e álcool isoamílico (CIA, 24:1), 100 µL CTAB 10% foi adicionado ao microtubo.

As amostras foram homogeneizadas no agitador de tubos e centrifugadas a 12.000 xg, a 20ºC por 10 min; os sobrenadantes obtidos foram coletados (3x180 µL) e transferidos, para um microtubo contendo 400 µL de CIA, as amostras foram homogeneizadas no agitador de tubos e centrifugadas a 12.000 xg, a 20ºC por 10 min., para posterior coleta dos sobrenadantes 400 µL, e transferido para um microtubo novo, onde foi adicionado 200 µL de Acetato de sódio 3 M (pH = 5,2) e mantidas em freezer por 2 horas para a precipitação do DNA.

Após o tempo transcorrido, as amostras foram centrifugadas a 10000xg por 10 minutos, para a então formação do precipitado. Em seguida o isopropanol foi descartado e substituído por álcool 70% e centrifugado por 5 minutos a 12.000 xg. Essa etapa foi repetida mais uma vez. Por fim, foi descartado o álcool 70% e substituído por álcool absoluto e centrifugado por 5 minutos a 12.000 xg. A partir de então, a fase líquida foi descartada e o precipitado colocado para secar em temperatura ambiente. Depois de seco, este foi dissolvido em 44 µL de TE (Tris HCL 10 mM, pH 7,4; EDTA 1 mM) e 6 µL de RNase (110 µg μL^{-1}) e incubados por 30 minutos a 37ºC, em banho-maria. A quantificação do DNA foi realizada em espectrofotômetro NanoDrop 2000c Em seguida o DNA foi diluído a uma concentração final de 50 mg/100 mL e armazenado em freezer a -20°C.

2.2.3.3 Amplificação de locos microssatélites

Para a análise do polimorfismo inicialmente foram utilizados nove conjuntos de primers, sendo seis espécie-específicos (Hym 03, Hym 05, Hym 13, Hym 14, Hym 17 e Hym 23) desenvolvidos para o presente estudo e outros três complementares (Hc 33, Hc 35 e Hc 40) desenvolvidos por Ciampi et al. (2008) (Tabela 1).

A amplificação de regiões de microssatélites por meio de reações da polimerase em cadeia (PCR), foi realizada utilizando-se 5 µl de GoTaq Master Mix®; 2,6 µl de água ultrapura Mili-Q autoclavada; 0,5 µL de BSA (*Bovine Serum Albumin*); 0,3 µl do *primer forward* (2 pmol); 0,3 µl do *primer reverse* (8 pmol); 0,3 µl do *primer* fluorescente com cauda M13 (8 pmol FAM, NED, VIC ou PET, *Applied Biosystems*); e 1 µl do DNA (concentração de 50 ng).

Tabela 1 - Características de nove locos microssatélites para *Hymenaea stigonocarpa* utilizados para caracterização genética dos indivíduos

Loco SSR	Sequências do *Primer*	Pb	T_m
Hym 03	F: AGTGCTCTCTTTAGACGCCACCA R: TAGCCGTGATGTACCGTCAG	115	58
Hym 05	F: TGCTGGCTTCTCCATAGCTT R: AGTACGTACCCAACGCACCTATT	114	58
Hym 13	F: AGTTGAAGAAGGCTGTGTTTCCA R: CTGCGAGGACGTCCATAAAT	150	58
Hym 14	F: AGTCATTTGGTGCCCCTTTTCTA R: GGCAATTTCACGTTTCAAAAA	150	58
Hym 17	F: AGTTGGAATTTGCTCAGAGGATCA R: TCTTTGGATTCCTCCTTCATGT	122	58
Hym 23	F: AGTTTCATGTGAAAGAGAGACAAACA R: CTTTCTCAAACCTTGAAATGCT	232	54
Hc 33	F: GAACAAATCAACTTTCTTTGAAGC R: TTGACGCTTATTTTGCACCA	108 - 160	58
Hc 35	F: CTTGCACCTTTCACCCATTT R: CTCTTTGCTTCCCTCTCCCT	268 - 294	58
Hc 40	F: CCTCTCTCCCAAATTCACGA R: TGCAATAGAATTTCCGAGGC	155 - 209	60

F: forward; R: reeverse; Pb: pares de base; T_m: temperatura de anelamento (ºC).

As reações de amplificação para todos os iniciadores foram realizadas em termociclador e programados nas seguintes condições: temperatura inicial de 94°C por 5 min (desnaturação), seguido de 35 ciclos que envolvem temperaturas de 94°C por 1 min, temperatura especifica de anelamento de cada par de *primer* por 1.30 min, 72°C por 1 min. (etapa de amplificação do loco). Além disso, mais 12 ciclos de 94°C por 30 seg, 53°C por 1.30 min, e 72°C por 1 min (anelamento e extensão da cauda M13); uma extensão de 72°C por 20 min e, finalização com 12 °C α. Uma amostra de 8 indivíduos/placa, teve seus produtos da amplificação separados por eletroforese, a 120 V, em gel de agarose a 3,5%, por 60 min, e contendo tampão TBE (Tris-Borato-EDTA) 0,5 X.

2.2.3.4 Genotipagem

Para a genotipagem, o produto final da PCR foi submetido a eletroforese capilar no sequenciador automático Applied Biosystems, HITACHI 3500 Genetic Analyzer do Instituto de Biotecnologia (IBTEC), Universidade Estadual Paulista (UNESP), Campus

de Botucatu. A reação foi realizada utilizando-se 1,0 µl do produto da amplificação de até quatro primers, 0,25 µl de LIZ, e 5,75 µl de formamida (Hi-Di), totalizando 10 µl de solução. A leitura dos alelos foi realizada com o *software* GeneMapper® v.5.0, para posteriores análises estatísticas das árvores adultas e progênies.

2.2.3.5 Diversidade genética

A análise da diversidade genética dos adultos e progênies foi caracterizada para cada loco pelos índices: número total de alelos por loco (*k*), riqueza alélica (*R*), heterozigosidade observada (H_o) e heterozigosidade esperada (H_e) de acordo com o equilíbrio de Hardy-Weinberg ($\hat{H}_e = 1 - \sum \hat{p}_i^2$). A presença de endogamia foi avaliada pelo índice de fixação ($\hat{F} = 1 - (\hat{H}_o / \hat{H}_e)$, por meio do método de Weir e Cockerham (1984), e sua significância estatística foi estimada utilizando permutação de alelos entre indivíduos (1000), utilizando uma correção para Bonferroni (95%, α= 0,05). Todas as análises foram realizadas utilizando o programa *FSTAT*, v.2.9.3.2 (GOUDET, 1995).

2.2.3.6 Estrutura genética espacial

A estrutura genética espacial dos genótipos foi calculada usando o coeficiente de coancestria ($\hat{\theta}_{xy}$), proposto por J Nason e descrito em Loiselle et al. (1995), entre pares de árvores dentro de dez classes de distância. Foram realizadas 10000 permutações. A significância estatística do coeficiente $\hat{\theta}_{xy}$ foi obtida comparando os limites do intervalo de confiança a 95% de probabilidade da estimativa média $\hat{\theta}_{xy}$ para cada classe de distância, calculado do erro padrão, em relação à hipótese de ausência de coancestria (H_0: $\hat{\theta}_{xy}$ =0). O coeficiente de coancestria e o erro padrão foram estimados usando o software SPAGEDI versão 1.3 (HARDY e VEKEMANS, 2002).

2.2.3.7 Sistema de reprodução

As análises do sistema de reprodução foram baseadas nos modelos misto de reprodução (RITLAND e JAIN, 1981) e de cruzamentos correlacionados (RITLAND,

1989), e as estimativas foram obtidas utilizando o programa “Multilocos MLTR” v.2.4. (Ritland, 2002). As análises foram realizadas em nível de população e de famílias, utilizando o método de máxima verossimilhança EM (*Expectation-Maximization*). Os parâmetros estimados foram: taxa de cruzamento multiloco ($\hat{t}_m$); taxa de cruzamento uniloco ($\hat{t}_s$); taxa de cruzamento entre aparentados ($\hat{t}_m - \hat{t}_s$); correlação de autofecundação ($\hat{r}_s$); correlação multiloco de paternidade $\left(\hat{r}_{p(m)}\right)$. O intervalo de confiança de 95% para cada estimativa foi obtido por meio de 1000 reamostragens *bootstraps*, utilizando como unidades de reamostragens as progênies para as análises populacionais e as plantas dentro de cada progênie na análise em nível de família.

2.2.3.8 Coancestria, tamanho efetivo populacional e número de matrizes para coleta de sementes

Os parâmetros do sistema de reprodução foram utilizados para estimar outros parâmetros demográficos e genéticos. O número efetivo de doadores de pólen $\widehat{N}_{ep} = \frac{1}{r_{p(m)}}$, proporção média de pares de irmãos de autofecundação (P_{IA}), irmãos de autofecundação e cruzamento (P_{AC}), meios-irmãos (P_{MI}), irmãos completos (P_{IC}) contido nas progênies e o coeficiente médio de coancestria (Θ) entre plantas dentro de progênies, calculado pela equação 4, conforme propôs Ritland (1989).

$$\hat{\Theta} = 0{,}125(1 + \hat{F}_m)[4\hat{s} + (\hat{t}_m^2 + \hat{s}\hat{t}_m\hat{r}_s)(1 + \hat{r}_p)] \quad (4)$$

A representatividade genética das progênies foi estimada pelo tamanho efetivo médio dentro de progênie (N_e) conforme a equação 5 proposta por Cockerham (1969).

$$\widehat{N}_e = \frac{0{,}5}{\left[\hat{\theta}_{xy}\left(\frac{n-1}{n}\right) + \frac{1+\hat{F}_O}{2n}\right]} \quad (5)$$

O número de árvores-matriz (m) para a coleta de sementes foi calculado assumindo que infinitas sementes serão coletadas de cada árvore (n = α) e que o objetivo é reter na amostra total o tamanho efetivo de referência ($N_{e(referência)}$) de 150, conforme a equação 6 proposta por Sebbenn (2006):

$$\hat{m} = \frac{\hat{N}_{e(referência)}}{\hat{N}_e} \quad (6)$$

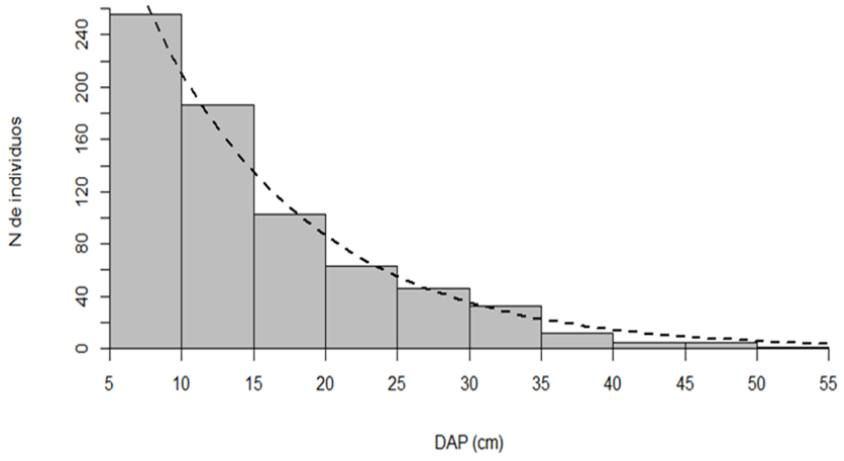
Os intervalos de confiança a 95% de probabilidade foram estimados por 1000 reamostragens *bootstraps*.

2.3 RESULTADOS

2.3.1 População natural

As árvores matrizes de *Hymenaea stigonocarpa* apresentam altura média de 14,76 m (variando de 8,8 a 19,6 m); diâmetro a altura do peito em média de 30,4 cm (variando de 14,6 a 47,7 cm); e distância média de 110,96 m entre indivíduos (variando de 3,95 a 276,28 m). Entretanto, ao redor delas cobrindo uma área de aproximadamente 9 hectares, foram registrados 662 indivíduos, com valor médio para DAP de 13,4 cm (3,2 a 54,1 cm) e para altura de 9,4 m (2,6 a 21,9 m). A densidade estimada foi de 0,1677 árvores por hectare e a distribuição das classes diamétrica (Figura 2), revelou o maior número de indivíduos nas primeiras duas classes (5 – 10 e 10 – 15 cm).

Figura 2 - Distribuição diamétrica dos indivíduos de *Hymenaea stigonocarpa* encontrados na parcela circular de 9 ha na RPPN-Cisalpina, Brasilândia/ MS, em 2018 (n= 710 indivíduos, DAP≥ 5 cm)



2.3.2 Teste de progênies

2.3.2.1 Genética quantitativa

Para os caracteres avaliados (ALT, DAP e SOB) a variância residual representou a maior parte da variância fenotípica individual, o que demonstra que o ambiente associado a variância genética não aditiva teve influência na expressão do

fenótipo frente aos fatores genéticos (Apêndice J). O efeito de progênies apresentou diferenças significativas a 1% de probabilidade, o qual foi detectado pelo teste de razão de verossimilhança (LRT), indicando existência de variação entre as progênies.

A taxa de sobrevivência das progênies aos cinco anos de idade foi de 75,0%, e os valores médios de crescimento para altura foi de 2,59 m e para diâmetro a altura do peito de 3,85 cm. A herdabilidade em nível de média de progênies ($\hat{h}_m^2$) apresentou valores altos (> 0,75) para os caracteres, fato esperado quando se assume as progênies como sendo de meios-irmãos. O coeficiente de variação experimental (CV_e), variou de 48,38% a 59,12%, o que indica boa precisão nas estimativas dos parâmetros genéticos. A presença de variabilidade genética pode ser confirmada e quantificada pelo coeficiente de variação genética aditiva individual (CV_{gi}) encontrado nas progênies, ou seja, indivíduos superiores dentro de cada família que proporcionarão ganhos com seleção (Tabela 2).

Tabela 2 - Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos para: altura total (ALT, m), diâmetro à altura do peito (DAP, cm) e sobrevivência (SOB, %) para *Hymenaea stigonocarpa*, aos cinco anos de idade, em Selvíria/MS

Estimativas	ALT (m)	DAP (cm)	SOB (%)
$\hat{h}_a^2$	0,46±0,11	0,28±0,10	0,48±0,09
$\hat{h}_m^2$	0,86	0,79	0,87
$\hat{h}_{ad}^2$	0,39	0,07	0,41
$r_{\hat{a}a}$	0,93	0,89	0,93
CV_{gi} (%)	42,44	26,75	37,97
CV_{gp} (%)	21,22	13,37	18,98
CV_e (%)	59,12	48,38	51,60
CV_r	0,35	0,28	0,37
m	2,59	3,85	0,75
LRT (χ^2)	66,27**	25,69**	102,33**

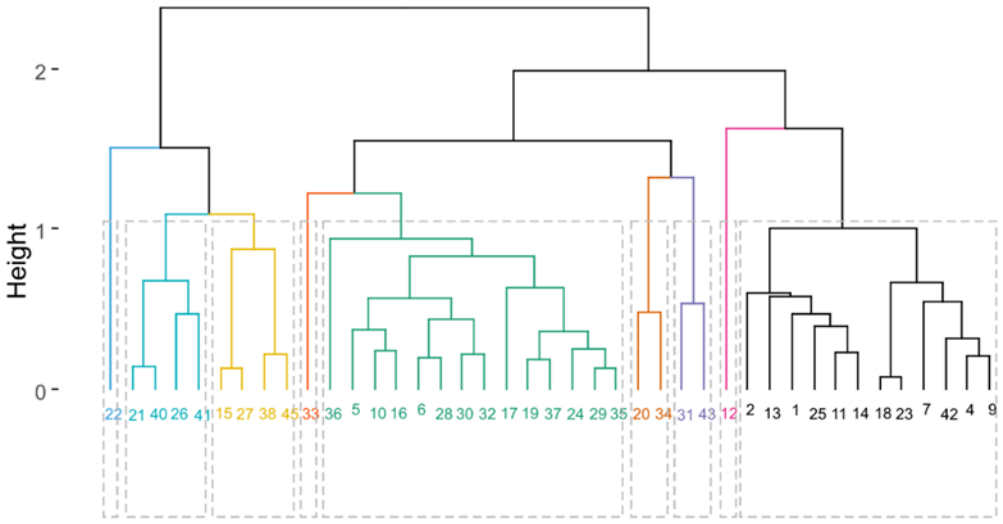
** significativo a 1%; $\hat{h}_a^2$ herdabilidade individual dos efeitos aditivos; $\hat{h}_m^2$ herdabilidade da média de progênies; $r_{\hat{a}a}$ acurácia; $\hat{h}_{ad}^2$ herdabilidade aditiva dentro de parcela; CV_{gi} coeficiente de variação genética aditiva individual; CV_{gp} coeficiente de variação genotípica entre progênies; CV_e coeficiente de variação experimental; CV_r coeficiente de variação relativa; $\hat{m}$ média geral ; LRT: Teste da razão de verossimilhança.

2.3.2.2 Análise multivariada

As correlações genéticas entre os caracteres aos cinco anos de idade, mostram que a seleção a partir da altura implicará resposta positiva em diâmetro (0,78), entretanto que envolvendo o caráter sobrevivência foi de 0,33 e -0,0036 com altura e DAP.

As estimativas de divergência genética pelo método de Tocher, usando a distância de Mahalanobis, mostrou 9 grupos (Figura 3), confirmando a presença de variabilidade no germoplasma e divergência entre as progênies; assim, o grupo V reuniu o maior número de progênies, demostrando que eles são similares entre si.

Figura 3 - Formação de grupos com base nas distâncias de Mahalanobis (D2) para os caracteres de crescimento em progênies de *Hymenaea stigonocarpa*, em uma planta por parcela, aos 05 anos de idade, no município de Selvíria-MS



2.3.3 Genética molecular

2.3.3.1 Diversidade genética

Para as árvores da população natural foram observados 68 alelos (*k*) nos 9 locos microssatélites, variando de 4 (Hc 33) a 14 (Hym 23) e nas progênies 166 alelos, variando de 12 (Hc 33) a 31 (Hc 40). A heterozigosidade média observada e esperada foram maiores nas progênies que nas adultas. Valores positivos e significativos para o índice de fixação (*F*) foram detectados para adultos e progênies, indicando excesso

de homozigotos (endogamia) em comparação ao esperado pelo modelo de Equilíbrio de Hardy-Weinberg (Tabela 3).

Tabela 3 - Diversidade genética e índice de fixação (*F*) em nove locos microssatélites para adultos e progênies de *Hymenaea stigonocarpa*. ***K* é o número total de alelos; *R* é a riqueza alélica; H_o e H_e são as heterozigosidade observada e esperada, respectivamente**

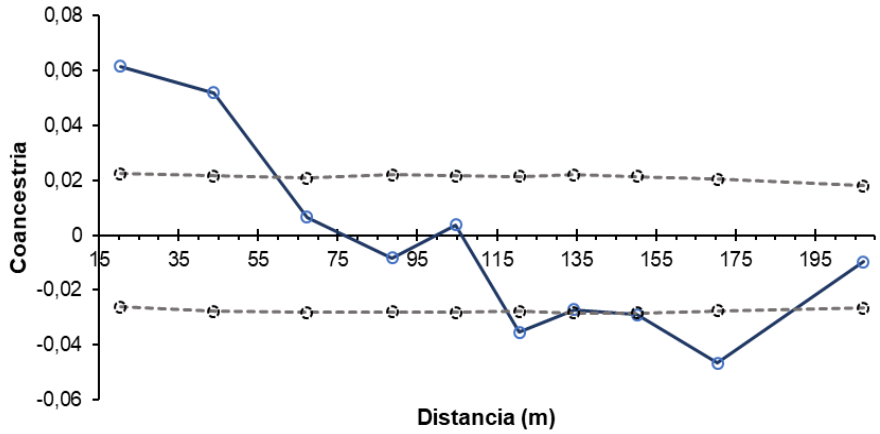
Loco	**Adultos** (*n* = 48)				
	k	***R***	H_o	H_e	***F***
Hym 03	5	5,00	0,333	0,706	0,492*
Hym 05	8	7,96	0,438	0,459	-0,026
Hym 13	6	5,96	0,292	0,627	0,537*
Hym 14	7	6,96	0,292	0,593	0,511*
Hym 17	6	6,00	0,708	0,715	-0,029
Hym 23	14	14,00	0,708	0,849	0,118*
Hc 33	4	4,00	0,146	0,248	0,414*
Hc 35	9	9,00	0,563	0,746	0,192*
Hc 40	9	8,87	0,417	0,657	0,368*
Média	7,55	7,53	0,433	0,622	0,286*
DP	2,96	2,96	0,194	0,177	0,227
Total	68	-	-	-	-
	Progênies (*n* = 644)				
Hym 03	10	9,8	0,338	0,706	0,498*
Hym 05	13	12,6	0,611	0,600	-0,069
Hym 13	15	14,2	0,336	0,430	0,177*
Hym 14	29	27,2	0,579	0,835	0,249*
Hym 17	14	14,0	0,742	0,856	0,020*
Hym 23	28	27,1	0,682	0,872	0,123*
Hc 33	12	11,4	0,209	0,269	0,129*
Hc 35	14	14	0,409	0,743	0,222*
Hc40	31	28,4	0,490	0,736	0,322*
Média	18,4	17,6	0,488	0,671	0,185*
DP	8,32	7,6	0,180	0,205	0,166
Total	166	-	-	-	-

** P< 0.05. DP é o desvio padrão*.

2.3.3.2 Estrutura genética espacial

A estrutura genética espacial (EGE) revelou que a maior concentração de indivíduos semelhantes geneticamente foi encontrada num raio de 20 m, tendendo a diminuir até os 75 m (Figura 4), a coancestria estimada foi de 0,06, indicando que árvores localizadas espacialmente próximas tendem a ter algum grau de parentesco.

Figura 4 - Estrutura genética espacial intrapopulacional em árvores adultas na RPPN-Cisalpina de *Hymenaea stigonocarpa*. A linha contínua refere-se à estimativa do coeficiente de coancestria médio e as linhas pontilhadas referem-se à estimativa do intervalo de confiança do erro a 95% de probabilidade da hipótese de ausência de estrutura genética espacial (H_0: $\hat{\theta}_{xy}$ =0)



2.3.3.3 Sistema de reprodução

2.3.3.3.1 Nível populacional

As estimativas da taxa de cruzamento multilocos ($\hat{t}_m$ = 0,997) foram perto da unidade (1,0), o que indica ausência de autofecundação (Tabela 4). A taxa de cruzamento uniloco ($\hat{t}_s$ = 0,872) foi menor do que a unidade e menor do que a taxa de cruzamento multiloco (0,997). Consequentemente, a diferença entre a taxa de cruzamento multiloco e uniloco ($\hat{t}_m - \hat{t}_s$), que mede a taxa de cruzamento entre parentes foi maior do que zero (0,125), indicando a ocorrência de cruzamentos entre árvores que são parentes. A correlação de paternidade ($\hat{r}_{p(m)}$ = 0,112) sugere que algumas árvores são meias-irmãs. O número efetivo de doadores de pólen foi alto ($\widehat{N}_{ep}$ = 8,92). O coeficiente de coancestria foi de 0,140 e tamanho efetivo de variância foi de 3,36, desta forma para reter um tamanho efetivo de 150, seria necessário que a coleta fosse realizada em média de 45 árvores matrizes (43-46).

Tabela 4 - Estimativas de parâmetros do sistema de reprodução em nível de população de *Hymenaea stigonocarpa* (IC: intervalo de confiança)

Indices	média (IC a 95%)
Taxa de cruzamento multiloco: $\hat{t}_m$	0,997 (0,991-1,000)
Taxa de cruzamento uni-locos: $\hat{t}_s$	0,872 (0,854-0,893)
Taxa de cruzamento entre parentes: $\hat{t}_m$ - $\hat{t}_s$	0,125 (0,107-0,137)
Correlação de autofecundação: $\hat{r}_s$	0,109 (0,106-0,110)
Correlação de paternidade: $\hat{r}_{p(m)}$	0,112 (0,078-0,128)
Número efetivo de doadores de pólen: $\widehat{N}_{ep}$	8,92 (7,8-12,8)
Proporção de pares de irmãos de autofecundação: $\hat{P}_{IA}$	0,003 (0,00-0,00)
Proporção de pares de irmãos de autofecundação e cruzamento: $\hat{P}_{AC}$	0,01 (0,00-0,02)
Proporção de pares de meios-irmãos: $\hat{P}_{MI}$	0,88 (0,87-0,91)
Proporção de pares de irmãos completos: $\hat{P}_{IC}$	0,11 (0,08-0,13)
Coancestria média dentro de progênies: $\hat{\Theta}$	0,140 (0,137-0,141)
Tamanho efetivo de variância: $\widehat{N}_e$	3,40 (3,30-3,50)
Número matrizes para a coleta de sementes: $\widehat{m}$	45 (43-46)

2.3.3.3.2 Nível de famílias

A diversidade genética apresentou um índice de fixação das árvores matrizes ($\hat{F}_m$) variando de - 0,12 a 0,81, índice de fixação dentro das progênies ($\hat{F}_o$) variando de – 0,12 a 0,20 (Tabela 5). As estimativas das variáveis do sistema de reprodução foram significativamente maiores do que zero. A taxa de cruzamento multiloco ($\hat{t}_m$) variou de 0,91 a 0,98 (Tabela 14). A correlação de paternidade entre e dentro de frutos ($\hat{r}_{p(m)}$) variou de 0,05 a 0,20. O número efetivo de doadores de pólen ($\widehat{N}_{ep}$), apresentam comportamento diferentes entre as famílias. O coeficiente de coancestria ($\hat{\Theta}$) apresenta valor mínimo de 0,1408 e máximo de 0,2576, mostrando que as progênies dentro de cada família apresentam uma estrutura de meios-irmãos e irmãos-completos. À medida que aumenta o valor do coeficiente de coancestria, maior o grau de parentesco, e assim a redução do tamanho efetivo de variância, que apresentou valores entre 1,84 a 3,08.

Tabela 5 – Estimativa de parâmetros do sistema de reprodução em nível de progênies de *Hymenaea stigonocarpa*, em Selvíria/MS

Progênie	$\hat{F}_m$	*n*	*k*	*Ho*	$\hat{F}_o$	$\hat{t}_m \pm DP$	$\hat{t}_m$ - $\hat{t}_s$	$\hat{r}_{p(m)}$	$\hat{N}_{ep}$	$\hat{\Theta}$	$\hat{N}_e$
1	-0,12	18	4,55	0,581	0,01	0,98±0,00	0,07±0,01	0,09±0,03	10,8	0,1424	3,08
2	0,18	18	5,22	0,547	0,04	0,98±0,00	0,07±0,01	0,09±0,03	11,4	0,1670	2,67
4	0,14	18	4,66	0,444	0,11	0,98±0,00	0,10±0,01	0,08±0,02	11,9	0,1606	2,74
5	0,69	18	4,77	0,563	-0,04	0,98±0,00	0,09±0,01	0,09±0,02	10,8	0,2402	1,97
6	0,11	18	4,44	0,423	0,05	0,93±0,04	0,05±0,04	0,20±0,06	5,1	0,1837	2,47
7	0,21	18	5,00	0,550	-0,04	0,91±0,05	0,04±0,04	0,09±0,03	10,8	0,1898	2,43
9	0,04	18	5,11	0,526	-0,02	0,98±0,00	0,05±0,00	0,19±0,05	5,3	0,1604	2,80
10	0,55	18	4,55	0,527	0,05	0,98±0,00	0,09±0,01	0,16±0,06	6,1	0,2339	2,00
11	0,29	18	3,11	0,324	0,20	0,94±0,04	0,07±0,03	0,17±0,05	6,0	0,2053	2,20
12	0,11	19	4,22	0,399	0,09	0,94±0,04	0,08±0,03	0,09±0,02	11,4	0,1669	2,68
13	0,35	19	4,55	0,439	0,06	0,91±0,05	0,02±0,05	0,15±0,04	6,9	0,2200	2,12
14	0,05	18	3,44	0,429	0,04	0,91±0,05	0,02±0,04	0,14±0,04	7,3	0,1704	2,64
15	0,36	18	4,77	0,438	0,07	0,98±0,00	0,09±0,01	0,09±0,03	11,6	0,1921	2,37
16	0,12	18	4,66	0,416	0,07	0,98±0,00	0,09±0,01	0,09±0,03	10,6	0,1597	2,77
18	0,34	19	5,33	0,556	-0,06	0,98±0,00	0,08±0,01	0,10±0,04	9,9	0,1910	2,43
19	-0,01	18	6,22	0,543	0,10	0,98±0,00	0,08±0,01	0,08±0,02	12,5	0,1408	3,06
21	0,23	18	6,66	0,639	0,06	0,98±0,00	0,09±0,02	0,05±0,02	18,9	0,1699	2,63
22	0,81	17	6,11	0,668	0,00	0,97±0,00	0,08±0,01	0,09±0,02	11,2	0,2576	1,84
23	0,41	18	6,11	0,641	0,00	0,98±0,00	0,07±0,01	0,05±0,01	18,9	0,1946	2,36
24	0,07	18	5,77	0,556	0,07	0,98±0,00	0,09±0,02	0,06±0,01	15,9	0,1491	2,93
25	0,30	18	5,55	0,570	-0,03	0,98±0,00	0,06±0,01	0,09±0,02	11,4	0,1848	2,48
26	0,04	18	5,66	0,560	-0,07	0,98±0,00	0,09±0,01	0,07±0,02	14,9	0,1447	3,08
27	0,31	18	5,55	0,437	0,14	0,98±0,00	0,09±0,01	0,06±0,02	15,6	0,1823	2,45
28	0,45	18	5,66	0,533	0,12	0,98±0,00	0,07±0,01	0,06±0,02	17,2	0,2004	2,27
29	0,01	18	5,33	0,474	0,17	0,98±0,00	0,13±0,01	0,13±0,04	8,0	0,1480	2,90
30	0,37	18	5,55	0,559	0,02	0,98±0,00	0,07±0,01	0,08±0,03	12,7	0,1929	2,37
31	0,73	19	4,66	0,457	0,07	0,98±0,00	0,09±0,01	0,15±0,05	6,7	0,2566	1,84
32	0,14	17	5,11	0,458	0,06	0,97±0,00	0,06±0,01	0,05±0,01	18,5	0,1569	2,80
33	0,19	18	5,00	0,444	0,14	0,98±0,00	0,08±0,01	0,07±0,02	13,5	0,1674	2,63
35	0,44	19	5,66	0,530	0,06	0,98±0,00	0,07±0,01	0,06±0,01	16,9	0,1989	2,31
36	0,13	18	5,11	0,446	0,10	0,98±0,00	0,10±0,01	0,12±0,05	8,5	0,1643	2,69
38	0,22	18	5,66	0,613	0,00	0,98±0,00	0,09±0,01	0,07±0,02	15,2	0,1696	2,66
40	0,48	18	5,66	0,656	-0,03	0,98±0,00	0,06±0,01	0,15±0,06	6,5	0,2219	2,11
42	0,20	18	6,22	0,710	-0,12	0,98±0,00	0,07±0,01	0,07±0,02	13,5	0,1677	2,73
43	0,41	18	6,20	0,641	-0,06	0,98±0,00	0,05±0,01	0,08±0,03	12,2	0,1991	2,33
45	0,04	18	5,33	0,580	-0,03	0,98±0,00	0,10±0,01	0,08±0,02	12,7	0,1467	3,02

$\hat{F}_m$: índice de fixação das árvores matrizes; *n*: tamanho da amostra; *k*: número total de alelos; *Ho*: Heterozigosidade observada; $\hat{F}_o$: índice de fixação das progênies; $\hat{t}_m$ = taxa de cruzamento multiloco; $\hat{t}_m$ - $\hat{t}_s$: taxa de cruzamento entre parentes; $\hat{r}_{p(m)}$: correlação de paternidade entre frutos; $\hat{N}_{ep}$: número efetivo de doadores de pólen; $\hat{\Theta}$: coancestria dentro de progênies; $\hat{N}_e$: tamanho efetivo dentro de famílias. ± erro padrão da média 95% de probabilidade

2.4 DISCUSSÃO

Na RPPN-Cisalpina os indivíduos de *Hymenaea stigonocarpa* com altura média de 14,8 m e DAP de 30,4 cm, são maiores quando comparados aos obtidos por Moreno et al. (2009), em 115 árvores da mesma espécie (ALT: 5,27 m e CAB: 39,9 cm), ainda esses autores sugerem que fatores edafoclimáticos, perturbações ambientais como o fogo e entre outros, influem na adaptação e desenvolvimento da espécie nas áreas. Feitosa et al. (2009) manifestam que a área apesar de intensamente explorada em anos pretéritos, está passando por um significativo processo de regeneração e ainda é provável que as espécies sofram uma adaptação local ou readaptação devido à elevação do nível das águas subterrâneas, isto é confirmado pelas observações de algumas reboleiras (agrupamento de 3 a 7 plantas) de *H. stigonocarpa*, possivelmente causado por fenômenos micro evolutivos, tais como agregação, dispersão e propagação vegetativa (DEFAVARI et al., 2019).

2.4.1 Sobrevivência e crescimento do teste de progênies

As progênies apresentam aos cinco anos de idade sobrevivência de 75,0%, comparado aos outros estudos são semelhantes aos obtidos por Gonçalves et al. (2019) de 73,5% aos 4 anos em uma coleção de germoplasma oriunda de 24 subpopulações, e superiores aos registrados por Moraes et al. (2018) (64,0%) em um teste de progênies aos 18 meses de idade e inferiores aos obtidos por Zaruma et al. (2013) (94,0%) em um teste de progênies proveniente de Inocência/MS aos 5 anos de idade obtiveram, ainda esses autores confirmam a expectativa que autofecundação resulta em maior depressão por endogamia do que o cruzamento entre parentes, o qual se reflete na sobrevivência.

Os valores médios de altura (2,59 m) e diâmetro a altura do peito (3,85 cm) são inferiores quando comparados aos obtidos por Zaruma et al. (2013) (DAP: 5,26 cm) com 5 anos de idade em um teste de progênies de *H. stigonocarpa* instalado a pleno sol. A diferença dos resultados pode ser explicado pelo efeito da sombra gerada pela espécie secundaria consorciada, sabendo que *H. stigonocarpa* ocorre em regiões com maior incidência de luz solar (LOCOSSELLI et al., 2013) e segundo Allard (1971) quando ocorrem cruzamentos entre aparentados e autofecundação, as progênies tendem a ser menos vigorosas e menos férteis do que progênies de cruzamentos.

O coeficiente de variação relativa (CV_r) para a altura (ALT) sugere este caráter como o mais favorável para fazer seleção na fase juvenil, pois de acordo com Vencovsky e Barriga (1992), valores próximos a um são indicados para seleção. E importante destacar que, as progênies apresentam bom desempenho e variação genética proporcional a população de referência (RPPN-Cisalpina), o que permite que o teste de progênies possa ser utilizado em programas de conservação e melhoramento genético, com sucesso.

2.4.2 Diversidade genética e índice de fixação

A população estudada de *H. stigonocarpa* apresenta alta diversidade genética, semelhante a aquela encontrada por Moraes et al. (2018) com 99 alelos em 1565 indivíduos de populações distribuídas em fragmentos e árvores isoladas na pastagem. As estimativas são superiores as obtidas por Moraes e Sebbenn (2011) com 62 alelos (6 locos) em 28 árvores agrupadas e Garcia et al. (2019) com 31 alelos (6 locos) em 157 indivíduos. A alta diversidade genética entre populações pode ser explicada pela presença de duas variedades de *H. stigonocarpa* (*H. stigonocarpa* var. *stigonocarpa* e *H. stigonocarpa* var. *brevipetiolata*) na região (Braga et al. 2019), fato corroborado pelas caracteristicas observadas em campo e inclusive nos individuos que compoem o teste de progênies, e que segundo Moraes et al. (2018) não existem barreiras ao fluxo gênico e à dispersão de pólen entre as variedades botânicas. Além disso RAMOS et al. (2008) sugerem que a população do oeste de São Paulo, o limite sudoeste da distribuição geográfica do cerrado, se originou de múltiplas linhagens de populações de Goiás (GO) e Mato Grosso (MT).

O número de alelos por loco (*k*) são semelhantes aos obtidos na mesma espécie por Moraes et al. (2007) em árvores adultas (7,00), mas superiores aos obtidos nas progênies (11,7). Contudo, as progênies apresentam 40 alelos exclusivos, provavelmente ao fato de que a área reprodutiva da população é maior do que a amostrada (MORAES et al., 2007). Portanto além dos indivíduos amostrados outras árvores contribuíram para o pool de pólen no evento reprodutivo de 2012.

A heterozigosidade média observada (0,433) e esperada (0,622) são intermediarios aos observados por Garcia et al. (2019) (0,29 e 0,40); Ciampi et al. (2008) (0,389 e 0,601); Goncalves et al. (2019) (0,495 e 0,554) e Moraes et al. (2018) (0,96 e 0,87), respectivamente, em diferentes populações do Cerrado. Entretanto, em

uma população próxima á area de estudo (Água Clara-MS) Braga et al. (2019) observaram, em *H. stigonocarpa* var. *stigonocarpa*, valores de 0,589 e 0,642, e em *H. stigonocarpa* var*. brevipetiolata,* valores de 0,633 e 0,707. O contraste dos resultados, segundo Oliveira et al. (2006), é esperado, já que primers transferidos de *H. coubariil* para *H. stigonocarpa* não garante semelhança de polimorfismo.

O índice de fixação (*F*) obtido é semelhante ao relatado por Braga et al. (2019) (0,105). Contudo, o índice *F* foi maior nos adultos do que nas progênies, o que sugere estrutura de parentesco na população de referência. Moraes et al. (2007) sugerem que a presença de alelos nulos e cruzamentos endogâmicos podem ter contribuído para os altos índices obtidos no presente estudo.

2.4.3 Estrutura genética espacial

A população de *Hymenaea stigonocarpa* estudada apresenta estrutura genética espacial (EGE), resultado semelhante aos encontrados por Moreno et al. (2009) utilizando cpSSR universais com níveis de coancestria em torno de 0,8. Outros estudos com *H. stigonocarpa* reportam EGE de 5 m, 250 m, 700 m, 1000 m e 114 km (DEFAVARI et al., 2009; MORAES e SEBBENN, 2011; MORAES et al., 2018; GARCIA et al., 2019; BRAGA et al., 2019). Ainda esses autores explicam que isso pode ser atribuído à ausência de dispersores de sementes, do qual surge a hipótese do efeito antrópico no início da inundação da área, além de que a espécie apresenta propagação vegetativa. Portanto, coleta de sementes para produzir material reprodutivo para fins de restauração ambiental e programas de melhoramento florestal, deve ser considerado a EGE (DEGEN e SEBBENN, 2014).

2.4.4 Sistema de reprodução em nível populacional

A taxa de cruzamento multilocos ($\hat{t}_m$) foi alta e indicou a predominância do sistema de reprodução por cruzamento, o qual é confirmado por Gibbs et al. (1999) ao classificar a espécie como de cruzamento. Porém Moraes et al. (2007) evidenciaram certa taxa de autofecundação, especialmente em árvores isoladas.

A taxa de cruzamento entre parentes ($\hat{t}_m - \hat{t}_s$ =0,125) e a correlação de paternidade ($\hat{r}_{p(m)}$) confirmam a ocorrência de cruzamentos entre parentes e cruzamentos correlacionados, o que pode ser explicado pela EGE e sugere que a

densidade de *H. stigonocarpa* observada no fragmento, favoreceu o comportamento dos polinizadores (morcegos), levando-os a visitar várias flores de árvores diferentes, minimizando a autofecundação (MORAES et al., 2018). A proporção de parentescos e o coeficiente de coancestria observado dentro de progênies ($\hat{\Theta}$ = 0,140), está dentro do estipulado para progênies de meias-irmãs em nível populacional, com isso as estimativas de variância, herdabilidade e ganhos na seleção, como progênies de meios irmãos não estarão superestimados (MORAES et al., 2007).

As estimativas de tamanho efetivo populacional são essenciais para a previsão dos efeitos da deriva genética e da endogamia em pequenas populações (APSIT et al., 2001). Assim a estimativa do número de árvores matrizes para a coleta de sementes (SEBBENN, 2002) para reter uma amostra com um tamanho efetivo de 150 (SEBBENN, 2003) foi semelhante as árvores coletadas para instalar o teste de progênies (45). Contudo, os resultados obtidos na população natural de *H. stigonocarpa* mostram que há a possibilidade de utilizá-las em programas de conservação e melhoramento genético.

2.4.5 Sistema de reprodução em nível de progênies

Em geral o índice de fixação das árvores matrizes ($\hat{F}_m$) foi superior ao de progênies ($\hat{F}_o$) e isso está relacionado ao fato de que as árvores matrizes encontram-se em duas situações: excesso de heterozigotos em relação ao esperado pelo equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW), quando o valor é negativo (famílias 1 e 19), e excesso de homozigotos em relação ao esperado no EHW, quando o valor é positivo. O conhecimento do sistema de reprodução das espécies é de fundamental importância, pois determina a estrutura genética na geração descendente (MORAES e SEBBENN, 2007).

2.5 CONCLUSÃO

A diversidade genética na população natural e teste de progênies de *Hymenaea stigonocarpa* é alta, embora o nível de perturbação da área em anos passados. A reprodução ocorre predominantemente por cruzamentos e entre indivíduos com grau de parentesco, por tanto a coleta de sementes, visando maximizar a diversidade

genética na RPPN-Cisalpina devem ser realizadas a partir de árvores distantes entre si no mínimo de 75 m.

REFERÊNCIAS

APSIT, V. J.; HAMRICK, J. L.; NASON, J. D. Breeding Population Size of a Fragmented Population of a Costa Rican Dry Forest Tree Species, **Journal of Heredity**, Cary, v. 92, n. 5, p. 415-420, 2001.

ANDRADE, F. B.; ALÉSSIO, J. D.; RODRIGUES, M. L. M.; FEITOSA, M. V.; PERETTI, C. L.; MUSTAFÁ, A. L. Plano de manejo para a Reserva Cisalpina em Brasilândia/MS: metodologia e planejamento adotado. CESP, 2009. 11p.

ALMEIDA, S. P.; PROENÇA, C. E. B.; SANO, S. M.; RIBEIRO, J. F. **Cerrado: espécies vegetais úteis**. Embrapa - CPAC, Planaltina, 1998. 464p.

ALMEIDA, D. P.; PINTO, A. L.; GARCIA, P. H. M. Previsão de secas para a reserva particular do patrimônio natural (RPPN) Cisalpina, Brasilândia/MS, de 2017 a 2020. **Ciência Geográfica**, Bauru, v. 23, n. 1, 2019. p. 89-99.

ALLARD, R. W. **Princípios do Melhoramento Genético das Plantas**. Ed. Edgard Blucher LTDA, 1971. 381p.

AGUILAR, R.; ASHWORTH, L.; GALETTO, L.; AIZEN, M. A. Plant reproductive susceptibility to habitat fragmentation: review and synthesis through a meta-analysis. **Ecology Letters**, Oxford, v. 9, n. 8, p. 968-980, 2006.

BOTELHO, A. S.; FERREIRA, R. A.; MALAVASI, M. M.; DAVIDE, A. C.; MAYWORM M. A. S.; NASCIMENTO, A. S.; SALATINO, A. Aspectos morfológicos de frutos, sementes, plântulas e mudas de jatobá-do-cerrado (*Hymenaea stigonocarpa* Mart. ex Hayne) – fabaceae. **Revista Brasileira de Sementes**, Brasília, v. 22, n. 1. p. 144-152, 2000.

BRAGA, R. D.; PINTO, R. B.; CHAVES, L. J.; DINIZ-FILHO, J. A.; SOARES, T. N.; COLLEVATTI, R. G.; TELLES, M. P. Hierarchical genetic and spatial structure among varieties and populations of *Hymenaea stigonocarpa* (Fabaceae) in Brazilian savannah. **Tree Genetics & Genomes**, Berlin, v. 15, n. 84, p. 16, 2019.

CARVALHO, P. E. R. **Espécies Arbóreas Brasileiras**. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília. 2006. 627 p.

CIAMPI, A. Y.; AZEVEDO, V. C. R.; GAIOTTO, F. A.; RAMOS, A. C. S.; LOVATO, M. B. Isolation and characterization of microsatellite loci for *Hymenaea courbaril* and transferability to *Hymenaea stigonocarpa*, two tropical timber species. **Molecular Ecology Reserch**, Chichester, v. 8, p. 1074-1077, 2008.

COCKERHAM, C. C. Variance of gene frequencies. **Evolution**, Lancaster, v. 23, p. 72–84, 1969.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, UFV, 2004. 480p.

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

DAMIÃO, J. O.; HERNANDEZ, F. B. T.; SANTOS, G. O.; ZOCOLER, J. L. **Balanço hídrico da região de Ilha Solteira, Noroeste Paulista**. In: CONGRESSO NACIONAL DE IRRIGAÇÃO E DRENAGEM. Uberaba-MG,6 a 8 de dezembro de 2010.

DEFAVARI, G. R.; TARAZI, R.; MORENO, M. A.; FERRAZ, E. M.; GANDARA, F. B.; KAGEYAMA, P. K. Estrutura genética espacial intrapopulacional de *Hymenaea stigonocarpa* Mart. Ex Hayne na Estação Ecológica de Itirapina, SP. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 37, n. 81, p. 89-98, 2009.

DEGEN, B.; SEBBENN, A. M. Genetics and tropical forests. In: PANCEL, L.; KOHL, M (Ed.) **Tropical forestry handbook**. 2nd edn. New York: Springer Verlag, p. 1-30, 2014.

DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. **Phytochemistry**, Irvine, v. 19, p. 11-15, 1987.

EWERS, R. M.; DIDHAM, R. K. Confounding factors in the detection of species responses to habitat fragmentation. **Biological Reviews**, England, v. 81, n. 1, p. 117-142. 2006.

FEITOSA, M. V.; ANDRADE, F. B.; RODRIGUES, M. L. M. Plano de manejo para a RPPN Cisalpina em Brasilândia/MS: avaliação da metodologia e planejamento adotado. In: SEMINÁRIO NACIONAL DE PRODUÇÃO E TRANSMISSÃO DE ENERGIA ELÉTRICA-SNPTEE, 20., 2009, Recife/PE. **Anais** [...]. Recife/PE, 2009.
FERREIRA, D. F. **Estatística Básica**. Lavras: Editora UFLA, 2009. 664p.

FERREIRA, D. F. **Estatística Básica**. Lavras: Editora UFLA, 2009. 664p.

FINGER, A.; RADESPIEL, U.; HABEL, J. C.; KETTLE, C. J. Forest fragmentation genetics: what can genetics tell us about forest fragmentation? In: KETTLE, C.J.; KOH, L.P. (eds) **Global forest fragmentation**. CABI, Wallingford, UK. 2014. p. 50-68.

GARCIA, A. S.; BRESSAN, E. A.; BALLESTER, M. V. R.; FIGUEIRA, A.; SEBBENN, A. M. High rates of pollen and seed flow in *Hymenaea stigonocarpa* on a highly fragmented savanna landscape in Brazil. **New Forests**. Dordrecht, v. 50, n. 6, p. 991-1006, 2019.

GIBBS, P. E.; OLIVEIRA, P. E.; BIANCHI, M. B. Postzygotic control of selfing in *Hymenaea stigonocarpa* (Leguminosae-Caesalpinioideae), a bat-pollinated tree of the Brazilian cerrados, **International Journal of Plant Sciences**. v. 160, p. 1-7, 1999.

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

GONÇALVES, A. R.; CHAVES, L. J.; TELLES, M. P. C. Genetic variability and effective population size in *Hymenaea stigonocarpa* (Fabaceae) germplasm collection: tools for breeding programs and genetic conservation. **Genetica, Switzerland**, v. 147, n. 5-6, p. 359-368, 2019.

HARDY, O. J.; VEKEMANS, X. SPAGeDI: a versatile computer program to analyze spatial genetic structure at the individual or population levels. **Molecular Ecology Notes**, Oxford, v. 2, p. 618-620, 2002.

KETTLE, C. J. Fragmentation genetics in tropical ecosystems: from fragmentation genetics to fragmentation genomics. **Conservation Genetics**. v. 15, n. 6, p. 1265-1268, 2014.

LOISELLE, B. A.; SORK, V. L.; NASON, J.; GRAHAM, C. Spatial genetic structure of a tropical understory shrub, *Psychotria officinalis* (Rubiaceae). **American Journal of Botany,** Columbus, v. 82, p. 1420-1425, 1995.

LOCOSSELLI, G. M.; BUCKERIDGE, M. S.; MOREIRA, M. Z.; CECCANTINI, G. A multi-proxy dendroecological analysis of two tropical species (*Hymenaea* spp., Leguminosae) growing in a vegetation mosaic. **Trees**, Berlin, v. 27, p. 25-36, 2013.

LORENZI, H. **Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil**. Nova Odessa: Editora Plantarum, v. 2, 1992. 240 p.

MORAES, M. L. T.; KAGEYAMA, P. Y.; SEBBENN, A. M. Sistema de reprodução em pequenas populações fragmentadas e em árvores isoladas de *Hymenaea stigonocarpa.* **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 74. p. 75-86, 2007.

MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Pollen dispersal between isolated trees in the Brazilian savannah: A case study of the Neotropical tree *Hymenaea stigonocarpa*. **Biotropica**, Hoboken, v. 43, n. 2, p. 192-199, 2011.

MORAES, M. A.; KUBOTA, T. Y. K.; ROSSINI, B. C.; MARINO, C. L.; FREITAS, M. L. M.; MORAES, M. L. T.; SILVA, A. M.; CAMBUIM, J.; SEBBENN, A. M. Long-distance pollen and seed dispersal and inbreeding depression in *Hymenaea stigonocarpa* (Fabaceae: Caesalpinioideae) in the Brazilian savannah. **Ecology and Evolution**, Australia, v. 8, n. 16, p. 1-17, 2018.

MORENO, M. A.; TARAZI, R.; FERRAZ, E. M.; GANDARA, F. B.; KAGEYAMA, P. Y. Estrutura genética espacial em populações de *Hymenaea stigonacarpa* Mart. ex Hayne mediante a utilização de marcadores microssatélites cloroplastidiais. **Scientia Forestalis**, São Paulo, v. 37. n. 84, p. 513-523, 2009.

OLIVEIRA, E. J.; PÁDUA, J. G.; ZUCCHI, M. I.; VENCOVSKY, R.; VIEIRA, M. L. C. Origin, evolution and genome distribution of microsatellites. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 29, n. 2, p. 294-307, 2006.

RAMOS, A. C. S.; LEMOS-FILHO, J. P.; RIBEIRO, R. A.; SANTOS, F. R.; LOVATO, M. B. Phylogeography of the tree *Hymenaea stigonocarpa* (Fabaceae: Caesalpinioideae) and the influence of quaternary climate changes in the Brazilian Cerrado. **Annals of Botany**, Oxford, v. 100, p. 1219-1228, 2008.

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

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 561p.

RESENDE, M. D. V. SELEGEN-REML/BLUP. **Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b. 360p.

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

RITLAND, K.; JAIN, S. A. model for the estimation of outcrossing rate and gene frequencies using independent loci. **Heredity**, London, v. 47, p.35-52, 1981.

RITLAND, K. Correlated matings in the partial selfer *Mimulus guttatus*. **Evolution**, Lancaster, v. 43, p. 848-859, 1989.

RITLAND, K. Extensions of models for the estimation of mating systems using n independent loci. **Heredity**, London, v. 88, p. 221-228, 2002.

ROLIM, G. S.; CAMARGO, M. B. P.; LANIA, D. G.; MORAES, J. F. L. Classificação climática de Köppen e Thornthwaite e sua aplicabilidade na determinação de zonas agroclimáticas para o estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 4, p. 711-720, 2007.

SANTOS, H. G.; JACOMINE, P. K. T.; ANJOS, L. H. C.; OLIVEIRA, V. A.; OLIVEIRA, J. B.; COELHO, M. R.; LUMBRELAS, J. F.; CUNHA, T. J. F.; ALMEIDA, J. A. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. 3. ed. Brasília, DF: Embrapa, 2018. 353p.

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. Tamanho amostral para conservação *ex situ* de espécies arbóreas com sistema misto de reprodução. **Revista do Instituto Florestal**, v.15, p.109-124, 2003.

SEBBENN, A. M. Sistema de reprodução em espécies arbóreas tropicais e suas implicações para a seleção de árvores matrizes para reflorestamentos ambientais. In: HIGA, A. R.; SILVA, L. **Pomares de sementes de espécies nativas**, Curitiba: FUPEF, 2006. p.193-198.

SEBBENN, A. M.; CARVALHO, A. C. M.; FREITAS, M. L. M.; MORAES, S. M. B.; GAINO A. P. S. C.; SILVA, J. M.; JOLIVET, C.; MORAES, M. L. T. Low levels of realized seed and pollen gene flow and strong spatial genetic structure in a small, isolated and fragmented population of the tropical tree *Copaifera langsdorffii* Desf. **Heredity**, England, v. 106, n. 1, p. 134-145. 2011.

SILVA, J. A.; SILVA, D. B.; JUNQUEIRA, N. T. V.; ANDRADE, L. R. M. Frutas nativas dos cerrados. Brasília: EMBRAPA-CPAC: EMBRAPA-SPI, 1994. 166p.

SILVA-JÚNIOR, M. C. **100 Árvores do Cerrado - Sentido Restrito: Guia de Campo**. Rede de Sementes do Cerrado, Brasília, 2005. 360p.

WEIR, B. S.; COCKERHAM, C. C. Estimating F statistics for the analysis of population structure. **Evolution**. v. 38, n. 6, p. 1358-1370, 1984.

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

ZARUMA, D. U. G.; PUPIN, S.; KUBOTA, T. Y. K.; SILVA, E. C. B.; MORAES, M. A.; SILVA, A. M; CAMBUIM, J.; SILVA, A. M; MORAES, M. L. T. Variação Genética para Caracteres de Crescimento em Progênies de *Hymenaea stigonocarpa* aos 5 Anos de Idade em Selvíria, MS. In: 7º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 2013, Uberlândia, Minas Gerais. **ANAIS do 7º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas**. Viçosa: Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas, 2013. v. 1. p. 1438-1441.

ZUCCHI, M.I.; SUJII, P.S.; MORI, G.M.; VIANA, J.P.G.; GRANDO, C.; AGUIAR-SILVESTRE, E.; BRANCALION, P.H.S. Genetic diversity of reintroduced tree populations in restoration plantations of the Brazilian Atlantic Forest. **Restoration Ecology**, Malden, v. 26, n. 4, p. 694-701, 2017.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Existe variação genética significativa entre as progênies de *Eucalyptus. camaldulensis* para todos os caracteres avaliados na população base e teste de progênies, indicando a possibilidade de obter-se ganhos pela seleção dos melhores genótipos, sem restringir a base genética das duas populações e abrir perspectivas para exploração da população de melhoramento como pomar de sementes por mudas.

A diversidade genética da população natural de *Hymenaea stigonocarpa* tem potencial para a conservação genética *ex situ* e uso em programas de melhoramento genético. A reprodução ocorre por cruzamentos, sendo parte entre indivíduos parentes e aleatórios. Portanto necessita-se coletar sementes de um mínimo de 45 árvores com distância mínima de 75 m, para reter um tamanho efetivo de 150 e diminuir a probabilidade de coletar sementes de árvores parentes.

REFERÊNCIAS

ANDRADE, M.C.N.; MINHONI, M.T.A.; SANSIGOLO, C.A.; ZIED, D.C. Densidade básica da madeira de sete espécies e três clones de eucalipto antes e durante o cultivo de shiitake. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 31, n. 2, p. 235-240, 2009.

AGUIAR, B. I.; FREITAS, M. M.; TAVARES, Y. R.; TAMBARUSSI, E. V.; ZANATTO, B.; GANDARA, F. B.; PALUDETO, J. Z.; SILVA, D. O.; SILVA, J. R.; MORAES, M. T.; LONGUI, E. L.; ZANATA, M.; SEBBENN, A. M. Genetic control of silvicultural traits in *Balfourodendron riedelianum* (ENGL.) ENGL. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 8, n. 1, p. 73-78, 2019.

AKHTAR, J.; SAQIB, Z. A.; QURESHI, R. H.; HAQ, M. A.; IQBAL, M. S.; MARCAR, N. E. The effect of spacing on the growth of *Eucalyptus camaldulensis* on salt-affected soils of the Punjab, Pakistan. **Canadian Journal of Forest Research**, Ottawa, v. 38, n. 9, p. 2434-2444, 2008.

ALMEIDA, S. P.; PROENÇA, C. E. B.; SANO, S. M.; RIBEIRO, J. F. **Cerrado: espécies vegetais úteis**. Embrapa - CPAC, Planaltina, 1998. 464p.

AZEVEDO, L.; COSTA, R. B.; MARTINEZ, D. T.; TSUKAMOTO F.; BRONDANI, G. E.; BARETTA, M. C.; AJALA, W. V. Seleção genética em progênies de *Eucalyptus camaldulensis* em área de cerrado matogrossense. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 45, n. 11, p. 2001-2006, 2015.

BILIR, N.; KANG, K. S.; ZANG, D.; LINDGREN, D. Fertility Variation and Status Number Between a Base Population and a Seed Orchard of *Pinus brutia.* **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 53, n. 1-6, p. 161-163, 2004.

BOTELHO, S. A.; FERREIRA, R. A.; MALAVASI, M. M.; DAVIDE, A. C.; MAYWORM, M. A. S.; NASCIMENTO, A. S.; SALATINO, A. Aspectos morfológicos de frutos, sementes, plântulas e mudas de jatobá-do-cerrado (*Hymenaea stigonocarpa* Mart. ex Hayne) - Fabaceae. **Revista Brasileira de Sementes**, Brasília, v. 22, n. 1, p. 144-152, 2000.

BUSH, D.; MARCAR, N.; ARNOLD, R.; CRAWFORD, D. Assessing genetic variation within *Eucalyptus camaldulensis* for survival and growth on two spatially variable saline sites in southern Australia. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 306, p. 68-78, 2013.

BUTCHER, P.; MCDONALD, M.; BELL, J. Congruence between environmental parameters, morphology and genetic structure in Australia's most widely distributed eucalypt, *Eucalyptus camaldulensis*. **Tree Genetics & Genomes**, Germany, v. 5, n. 189, p. 189 – 210, 2009.

BRAGA, R. S.; PINTO, R. B.; CHAVES, L. J.; DINIZ-FILHO, J. A. F.; SOARES, T. N.; COLLEVATTI, R. G.; PIRES, C.T. M. Hierarchical genetic and spatial structure

among varieties and populations of *Hymenaea stigonocarpa* (Fabaceae) in Brazilian savannah. **Tree Genetics & Genomes**, Germany, v. 15, n. 6, p. 1-16, 2019.

BRITO DA COSTA, R.; DA SILVA, J.C; SKOWRONSKI, L.; CONSTANTINO, M.; PISTORI, H.; PINTO, J. V. D. C. Genetic divergence in *Eucalyptus camaldulensis* progenies in the savanna biome in Mato Grosso, Brazil. **PLoS ONE**, United Kingdom, v. 11, n. 9, p. 1-9, 2016.

BROOKER, M. I. H.; CONNORS J. R.; SLEE, A. V.; DUFFY, S. E. **Eucalypts of southern Australia**. Collingwood: CSIRO Publishing; 2002. CD-ROM.

CARVALHO, P. E. R. **Espécies Arbóreas Brasileiras**. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília. 2006. 545 p.

COSTA, A.; SANICK, L. C., CARVALHO, S. L.; MACEDO, L. C. A.; COSTA O. A, A.; CORRADI, P. B. Propriedades da madeira de cerne e alburno de *Eucalyptus camaldulensis*. **Revista Ciência da Madeira**, Pelotas, v. 8, n. 1, p. 10-20. 2017.

CYR, D. R.; ATTREE, S. M.; EL-KASSABY, Y. A.; ELLIS, D. D.; POLONENKO, D. R.; SUTTON B. C. S. Application of somatic embryogenesis to tree improvement in conifers. In MOROHOSHI, N.; KOMAMINE, A. Molecular breeding of woody plants. **Progress in Biotechnology**, New York, v. 18, n. 1, p. 305–312, 2001.

CHINELATO, F. C. S.; MORAES, C. B.; CARIGNATO, A.; TAMBARUSSI, E. V.; ZIMBACK, L.; PALOMINO, E. C.; MORI, E. S. Variabilidade genética em progênies de guapuruvu *Schizolobium parahyba*. **Scientia Agropecuaria**, Trujillo, v. 5, n. 2, p. 71-76, 2014.

CHALOUPKOVÁ, K.; STEJSKAL, J.; EL-KASSABY, Y. A.; LSTIBUREK, M. Optimum neighborhood seed orchard design. **Tree Genetics & Genomes**, Berlin, v. 12, n. 6, p. 1-7, 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***,* Alemanha, v*.* 131, n. 4, p. 1229–1243, 2012.

DANUSEVICIUS, D.; LINDGREN, D. Optimization of breeding population size for long-term breeding, **Scandinavian Journal of Forest Research**, Stockholm, v. 20, n. 1, p. 18-25, 2005.

DEGEN, B.; SEBBENN, A. M. Genetics and tropical forests. In: PANCEL, L.; KOHL, M (Ed.) **Tropical forestry handbook,** 2nd ed, New York: Springer Verlag, p. 1–30, 2014.

DEL QUIQUI, E. M.; MARTINS, S. S.; SHIMIZU, J. Y. Avaliação de espécies e procedências de *Eucalyptus* para o Noroeste do Estado do Paraná. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 23, n. 5, p. 1173-1177, 2001.

DICK, C. W.; HARDY, O. J.; JONES, F. A.; PETIT, R. J. Spatial scales of pollen and seed-mediated gene flow in tropical rain forest trees. **Tropical Plant Biology**, United States, v. 1, n. 1, p. 20-33, 2008.

DUNPHY, B. K.; HAMRICK, J. L.; SCHWAGERL, J. A comparison of direct and indirect measures of gene flow in the bat-pollinated tree *Hymenaea courbaril* in the dry forest life zone of south-western Puerto Rico. **International Journal of Plant Sciences**, Chicago, v. 165, n. 3, p. 427-436, 2004.

DURIGAN, G. Bases e diretrizes para a restauração da vegetação de Cerrado. In: KAGEYAMA, P. Y.; OLIVEIRA, R. E.; MORAES, L. F. O.; ENGEL, V. E.; GANDARA, F. B. **Restauração ecológica de sistemas naturais**, Botucatu: FEPAP, 2003. p. 187-204.

ELDRIDGE, K.; DAVIDSON, J.; HARWOOD, C.; WYK, G. **Eucalypt domestication and breeding**. Clarendon Press: Oxford, p. 60-71, 1993

EL-KASSABY, Y. A. Evaluation of the tree-improvement delivery system: factors affecting genetic potential. **Tree Physiology,** Oxford, v. 15, n. 7-8, p. 545-550, 1995.

FERREIRA, M. **Terminologia de melhoramento genético florestal**. Brasília: Embrapa, 1980, 88 p.

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

FONSECA, D. M.; RESENDE, M. D. V; ALFENAS, A. C.; GUIMARÂES, L. M. S.; ASSIS, T. F.; GRATTAPAGLIA, D. **Manual Prático de Melhoramento Genético do Eucalipto**. Viçosa, MG: UFV, v. 1, 2010. 200p

FUNDA, T.; EL-KASSABY, Y. A. Seed orchard genetics. **Cab Reviews**: **Perspectives in Agriculture, Veterinary Science, Nutrition and Natural Resources**, Canada, v. 7, n. 13, p. 1-23, 2012.

FUWAPE, J. A.; TELLA, I.; AKINDELE, S.; SAKA, M.G. Regression models for estimating charcoal yield in a *Eucalyptus camaldulensis* plantation in the semi-arid region of northeastern Nigeria. **Bowen Journal of Agriculture**, Nigeria, v. 5, n. 1, p. 20-31, 2009.

FLORES, T. B.; ALVARES, C. A.; SOUZA, V. C.; STAPE, J. L. ***Eucalyptus* no Brasil: zoneamento climático e guia para identificação**. Piracicaba, IPEF, 2016. 448p.

GIBBS, P. E.; OLIVEIRA, P. E.; BIANCHI, M. B. Postzygotic control of selfing in *Hymenaea stigonocarpa* (Leguminosae-Caesalpinioideae), a bat-pollinated tree of the Brazilian cerrados. **International Journal of Plant Sciences**, Chicago, v. 160, p. 1-7, 1999.

GINWAL, H. S.; KUMAR, P.; SHARMA, V. K.; MANDAL, A. K. Seed source variation in growth performance of *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. of australian origin in India. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 53, n. 1-6, p. 182-186, 2004.

IBÁ, Indústria brasileira de árvores. Relatório **IBÁ 2018**. 80p. 2017. Disponível em: <http:// https://iba.org/datafiles/publicacoes/relatorios/iba-relatorioanual2019.pdf> Acesso: 24 março. 2020.

JARVIS, D. I.; MYER, L.; KLEMICK, H.; GUARINO, L.; SMALE, M.; BROWN, A. H. D.; SADIKI, M.; STHAPIT, B.; HODGKIN, T. **A training guide for *in situ* conservation *on-farm*.** International Plant Genetic Resources Institute, Rome, v.1, 2000, 190p.

KAYA, N.; ISIK, K.; ADAMS, W. T. Mating system and pollen contamination in a *Pinus brutia* seed orchard. **New Forest**, Amsterdam, v. 31, n. 3, p. 409-416, 2006.

KAMALAKANNAN, R.; VARGHESE, M.; INDGREN, D. Fertility variation and its implications on relatedness in seed crops in seedling seed orchards of *Eucalyptus camaldulensis* and E*. tereticornis*. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 56, n. 1-6, p. 253-259, 2007.

KAMALAKANNAN, R., VARGHESE, M., SURAJ, P. G.; ARUTSELVAN, T. Options for converting a clone trial of *Eucalyptus camaldulensis* into a clonal seed orchard considering gain, fertility and effective clone number. **Journal of Forestry Research,** Colombo, v. 27, n. 1, p. 51-57, 2016.

KIEN, N. D.; JANSSON, G.; HARWOOD, C.; ALMQVIST, C. Clonal variation and genotype by environment interactions in growth and wood density in *Eucalyptus camaldulensis* at three contrasting sites in Vietnam. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 59, n. 1-6, p. 17-28. 2010.

LACERDA, E. B. L., KANASHIRO, M.; SEBBENN, A. M. Long-pollen movement and deviation of random mating in a low-density continuous population of *Hymenaea courbaril* in the Brazilian Amazon. **Biotropica**, Washington, v. 40, n. 4, p. 462-470, 2008.

LEWINSOHN, T. M. **Predação de sementes em *Hymenaea* (Leguminosae: Caesalpinoideae): aspectos ecológicos e evolutivos**. Campinas, SP, 1980. 192 f. Dissertação (Mestrado em Biologia), Instituto de Biologia, Universidade de Campinas, 1980.

LEE, Y.; LANGENHEIM, J. H. **Systematics of the genus** *Hymenaea* **L. (Leguminosae, Caesalpinoideae, Detarieae)**. Los Angeles: University of California Press, v. 69, 1975. 190p.

LELES, P. S. S.; REIS, G.G.; REIS, M. G. F.; MORAIS, E. J. Crescimento, produção e alocação de matéria seca de *Eucalyptus camaldulensis* e *E. pellita* sob diferentes espaçamentos na região de cerrado, MG. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 59, p. 77-87, 2001.

LORENZI, H. **Árvores Brasileiras:** manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil. Nova Odessa: Ed. Plantarum, 2002. 352p.

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

MASSOTE, M. W.; GRISI, M. R. L.; VENTURIN, N.; MANABU, H. E.; YOSHITANI, M. Desempenho silvicultural de clones e espécies/procedências de *Eucalyptus* na região noroeste de Minas Gerais. **Cerne**, Lavras, v. 13, n. 4, p. 368-375, 2007.

MAHMOOD, K.; MARCAR, N.; NAQVI, M.; ARNOLD, R.; CRAWFORD, D.; IQBAL, S.; AKEN, K. Genetic variation in *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. for growth and stem straightness in a provenance–family trial on saltland in Pakistan. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 176, n. 1-3, p. 405-416, 2003.

MALIK, M. F. E. I.; ABDELGADIR, A.Y. Effect of growth rate on wood density of *Eucalyptus camaldulensis* wood of Coppice origin grown in White Nile State Sudan. **Journal of Forest Products & Industries**, Santa Clara, v. 4, n. 3, p. 86-93, 2015.

MAZANEC, R. Nine-year results from a *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh provenance trial in the Wellington catchment of Western Australia. **Australian Forestry**, Queen Victoria, v. 62, n. 2, p. 166-172, 1999.

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

MOGLIA, J. G.; GIMÉNEZ, A. M.; GONZÁLEZ, D.; GEREZ, R. Caracterización de los anillos de crecimiento y su relación con la densidad básica de la madera en *Eucalyptus camaldulensis*. **Quebracho - Revista de Ciencias Forestales**, Santiago del Estero, v. 18, n. 1-2, p. 47-57, 2010.

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

MUÑOZ, F. H. J.; CORIA, Á. V. M.; NÁJERA, R. M.; GARCÍA, M. J.; SÁENZ, R. J. T. Desarrollo de tres plantaciones comerciales de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh., establecidas en el municipio de Buenavista, Michoacán, México. **Foresta Veracruzana**, México, v.15, n.2, p. 23-30, 2013.

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

ODURO, K. A.; ARTS, B.; KYEREH, B.; MOHREN, G. Farmers' Motivations to plant and manage on-farm trees in Ghana. **Small-Scale Forestry**, Switzerland, v. 17, n. 3, p. 393 -410, 2018.

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.

PEREIRA, J. C. D.; STURION, J. A.; HIGA, A. R.; HIGA, R. C. V.; SHIMIZU, J. Y. Características da madeira de algumas espécies de eucalipto plantadas no Brasil. **Colombo: Embrapa Florestas**, Colombo, v. 38, 2000. 113p.

PIRES, I. E.; RESENDE, M. D. V. **Genética Florestal**. Viçosa: Editora UFV, 2011. 318p.

PIRRALHO, M.; FLORES, D.; SOUSA, V. B.; QUILHÓ, T.; KNAPIC, S.; PEREIRA, H. Evaluation on paper making potential of nine *Eucalyptus* species based on wood anatomical features. **Industrial Crops and Products**, Amsterdam, v. 54, p. 327-334. 2014.

PINYOPUSARERK, K.; DORAN, J. C.; WILLIAMS, E. R.; WASUWANICH, P. Variation in growth of *Eucalyptus camaldulensis* provenances in Thailand. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 87, n. 1-3, p. 63-73, 1996.

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.

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

RAMOS, A. C. S.; LEMOS-FILHO, J. P.; RIBEIRO, R. A.; SANTOS, F. R.; LOVATO M. B. Phylogeography of the tree *Hymenaea stigonocarpa* (Fabaceae: Caesalpinioideae) and the influence of quaternary climate changes in the Brazilian cerrado. **Annals of Botany**, London, n. 100, n. 6, p.1219-1228, 2007.

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

ROBERDS, J. H.; FRIEDMAN, S. T.; EL-KASSABY, Y. A. Effective number of pollen parents in clonal seed orchards. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 82, n. 3, p. 313 -320, 1991.

SALAMA, R. B.; BARTLE, G. A., FARRINGTON, P. Water use of plantation *Eucalyptus camaldulensis* estimated by groundwater hydrograph separation techniques and heat pulse method. **Journal of Hydrology**, Amsterdam, v. 156, p. 163-180, 1994.

SANTOS, F. W.; FLORSHEIM, S. M. B; LIMA, I. L; TUNG, E. S. C.; FREITAS, M. L. M.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Variação genética para a densidade básica

da madeira e caracteres silviculturais em uma população base de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 20, n. 2, p. 185-194, 2008.

SANTOS, F. W.; MORAES, M. L. T.; FLORSHEIM, S. M. B.; LIMA, I. L.; SILVA, J. M.; FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M. Variação genética para caracteres anatômicos e retração volumétrica e sua correlação com a densidade básica da madeira em uma população base de *Eucalyptus camaldulensis* Dehn. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v.38, n. 86, p. 159-170, 2010.

SADEGH, A. N. Variation of basic density in *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh wood grown in Iran. **Middle-East Journal of Scientific Research**, Pakistan, v. 11, n. 10, p. 1472-1474, 2012.

SESBOU, A.; NEPVEU, G. Variabilité infraspécifique du retrait avec collapse et de la densité du bois chez *Eucalyptus camaldulensis*. **Annales Des Sciences Forestières**, Versailles, v. 35, n. 4, p. 237-263, 1978.

SEBBENN, A. M.; FREITAS, M. L. M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAES, E.; MORAES, M.A. Conservação *ex situ* e pomar de sementes em banco de germoplasma de *Balfourodendron riedelianum*. **Revista do Instituto Florestal**, v. 92, p.101-112, 2007.

SIDDIQUI, K. M.; KHAN, M.; AKHTAR, S. Result of 10-year old *eucalyptus camaldulensis* provenance study at Peshawar, **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 28, n. 1, p. 24-26. 1979.

SILVA, J. A.; SILVA, D. B.; JUNQUEIRA, N. T. V.; ANDRADE, L. R. M. **Frutas nativas dos cerrados**. Brasília: EMBRAPA-CPAC: EMBRAPA-SPI, 1994. 166p.

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

SILVA, J. M. **Avaliação da variabilidade genética em uma população base de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. para fins de conservação e melhoramento genético**. 2010. 153 f. Tese (Doutorado em Agronomia). Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Ilha Solteira, 2010.

SILVA-JÚNIOR, M. C. **100 Árvores do Cerrado.** Brasília: Ed. Rede de Sementes do Cerrado, 2005. 278p.

SILVA, J. M. **Avaliação da variabilidade genética em uma população base de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. para fins de conservação e melhoramento genético**. 2010. 153 f. Tese de Doutorado em Agronomia. Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Ilha Solteira, 2010.

SOUZA, I. C. G. **Seleção e Melhoramento em Populações Clonais de *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden**. 2016. 71 f. Tese de doutorado. Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Instituto de Biociências de Botucatu, 2016.

SOUZA, F. M. L.; PUPO, C. H.; SEREGHETTI, G. C.; SANSÍGOLO, C. A.; FERREIRA, J. P.; SILVA, R. B.; GARCIA, D. P. Características de crescimento, densidade básica e composição química da madeira de *Eucalyptus* spp na região de Ribas do Rio Pardo - MS. **Revista Brasileira de Engenharia de Biossistemas**, Tupã, v. 11, n. 4, p. 350-359, 2017.

SONG, J.; RATCLIFFE, B.; KESS, T.; LAI, B. S.; KORECKÝ, J.; EL-KASSABY, Y.A. Temporal quantification of mating system parameters in a coastal Douglas-fir seed orchard under manipulated pollination environment. **Scientific reports**, London, v. 8, n.1, p. 1-6, 2018.

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

SHANG, X.; ARNOLD, R. J.; WU, Z.; ZHANG, P.; LIU, G.; LUO, J.; ZHAN, N. Combining quantitative data on growth, wood density and other traits with SSR markers to evaluate genetic diversity and structure in a planted population of *Eucalyptus camaldulensis* Dehn. **Forests**, Switzerland, v. 10, n. 12, p. 1090-1108, 2019.

SURAJ, P. G.; NAGABHUSHANA, K.; KAMALAKANNAN, R.; VARGHESE, M. Impact of fertility variation on genetic diversity and phenotypic traits in second generation seed production areas and clonal seed orchards of *Eucalyptus camaldulensis*, **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 68, n. 1, p. 29-40, 2019.

SUN, D.; DICKINSON, G. R. Salinity effects on tree growth, root distribution and transpiration of *Casuarina cunninghamiana* and *Eucalyptus camaldulensis* planted on a saline site in tropical north Australia. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 77, p. 127-138, 1995.

TANVIR, M. A.; SIDDIQUI, M. T.; SHAH, A. H. Growth and Price Trend of *Eucalyptus camaldulensis* in Central Punjab. **International Journal of Agriculture & Biology**, Pakistan, v. 4, n. 3, p. 344-346, 2002.

TEWARI, V. P.; VERMA, A.; KUMAR, V. S. K. Growth and yield functions for irrigated plantations of *Eucalyptus camaldulensis* in the hot desert of India. **Bioresource Technology**, Essex, v. 85, p 137-146, 2002.

THOMSON, L.; DORAN, J.; CLARKE, B. **Trees for life in Oceanía: conservation and utilisation of genetic diversity**. ACIAR Monograph No. 201. Australian Centre for International Agricultural Research, Canberra. 2018. 278p.

TORIMARU, T.; WENNSTRÖM, U.; ANDERSSON, B. Reduction of pollen contamination in Scots pine seed orchard crop by tent isolation. **Scandinavian Journal of Forest Research**, Stockholm, v. 28, n. 8, p. 715-723, 2013.

TORRES, P. M. A.; PAES, J. B.; NASCIMENTO, J. W. B.; BRITO, F. M. S. Caracterização Físico-Mecânica da Madeira Jovem de *Eucalyptus camaldulensis*

para Aplicação na Arquitetura Rural. **Floresta e Ambiente**, Seropédica, v. 23, n.1, p. 109-117, 2016.

VARGHESE, M.; HARWOOD, C. E.; HEGDE, R.; RAVI, N. Evaluation of provenances of *Eucalyptus camaldulensis* and clones of *E. camaldulensis* and E. tereticornis at contrasting sites in Southern India. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 57, n. 1-6, p. 170-179, 2008.

VARGHESE, M.; RAVI, N.; KAMALAKANNAN, R.; HARWOOD, C. E. Effect of silvicultural treatments on growth, fertility and capsule traits in seedling seed orchards of *Eucalyptus camaldulensis* and *E. tereticornis*. **New Forests**, Dordrecht, v. 37, n. 1, p. 99-107, 2009.

VARGHESE, M.; HARWOOD, C. E.; BUSH, D. J.; BALTUNIS, B.; KAMALAKANNAN, R.; SURAJ, P. G.; HEGDE, D.; MEDER, R. Growth and wood properties of natural provenances, local seed sources and clones of *Eucalyptus camaldulensis* in southern India: implications for breeding and deployment. **New Forests**, Dordrecht, v. 48, n. 1, p. 67-82, 2017.

VAKSHASYA, R. K. Growth and foliar variation among provenances of *Eucalyptus camaldulensis* Dehn. grown at Dehradun. **Proceedings Indian Academy of Sciences:** Plant Science, India, v. 98, n. 6, p. 507-513, 1988.

VALE, R. S.; MACEDO, R. L. G.; VENTURIN, N.; MORI, F. A.; MORAIS, A. R. Efeito da desrama artificial na qualidade da madeira de clones de eucalipto em sistema agrossilvipastoril. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 26, n. 3, p. 285-297, 2002.

VIRCHOW, D. Genetic Resources: Status, Development, Losses, and Conservation Management. In: **Conservation of Genetic Resources**. Springer, Berlin, Heidelberg, p.11- 44, 1999.

WATE, P. A.; CHAMSHAMA, S. A. O.; MUGASHA, A. G. The survival, growth and wood basic densities of 14-year-old *Eucalyptus camaldulensis* at Michafutene, Mozambique. **Southern African Forestry Journal**, Pretoria, v. 186, n.1, p. 19-27, 1999.

WATANABE, Y.; MASUNAGA, T.; FASHOLA, O. O.; AGBOOLA, A.; OVIASUYI, P. K.; WAKATSUKI, T. *Eucalyptus camaldulensis* and *Pinus caribaea* growth in relation to soil physico-chemical properties in plantation forests in Northern Nigeria, **Soil Science and Plant Nutrition**, Tokyo, v. 55, n. 1, p. 132-141, 2009.

XIUHUA, S.; PEIJIAN, Z.; JIANZHONG, L.; ZHIHUA, W. Physical and mechanical properties of *Eucalyptus camaldulensis* juvenile wood, **Journal of Northwest A & F University - Natural Science**, China, v. 47, n. 5, p. 32-41, 2019.

APÊNDICE

APÊNDICE A - Atributos químicos do solo da população base e teste de progênies de *Eucalyptus camaldulensis*, Selvíria, MS

Atributos químicos	**População base**		**Teste de progênies**	
	Profundidade	***m***	**Profundidade**	***m***
pH	0 – 0,15 m	4,4	0 – 0,20 m	4,44
	0,15 – 0,30 m	4,3	0,20 – 0,40 m	4,48
matéria orgânica	0 – 0,15 m	20,4 g dm^3	0– 0,40 m	17,4 g dm^3
	0,15 – 0,30 m	13,1 g dm^3		

APÊNDICE B - Valores utilizados para estimar a densidade básica da madeira das árvores resmanescentes de *Eucalyptus camaldulensis* para cada uma das progênies

Prog	5 pl/parc					1 pl / parc				
	b0	b1	b2	r2	n	b0	b1	b2	r2	n
1	0,348125	0,007573	0,003785	.	.	**0,36511**	**0,005712**	**0,005634**	**0,4161**	**.**
2	0,147047	0,042865	-0,03152	0,89	8	0,270773	0,010624688	0,007244	0,598381	8
3	0,368258	0,006913	0,005906	0,86	7	0,37568	0,012805357	-0,00413	0,604924	7
4	0,344024	0,006317	0,003575	0,81	8	0,389256	-0,002966637	0,01485	0,806405	6
5	0,348125	0,007573	0,003785	.	.	0,395786	0,019850292	-0,01509	0,95006	6
6	0,224846	-0,00039	0,026628	0,93	5	**0,36511**	**0,005712**	**0,005634**	**0,4161**	**.**
7	0,231391	0,023544	-0,00473	0,64	7	0,31975	0,022047275	-0,01076	0,805617	5
8	0,286639	0,017081	-0,00707	0,89	8	0,489685	0,010686593	-0,01315	0,542141	7
9	0,173623	-0,00421	0,035482	0,89	6	0,249056	0,01630464	0,000331	0,705629	8
10	0,345718	0,003676	0,008076	0,85	7	**0,36511**	**0,005712**	**0,005634**	**0,4161**	**.**
11	0,29065	0,004618	0,01413	0,68	8	0,337301	0,006653498	0,008421	0,786766	8
12	0,40559	0,001493	0,008853	0,26	8	0,347872	0,015131758	-0,00395	0,915915	7
13	0,304158	-0,00626	0,025552	0,99	5	**0,36511**	**0,005712**	**0,005634**	**0,4161**	**.**
14	0,303699	0,03381	-0,02969	0,94	5	0,383006	0,000249031	0,014991	0,079172	6
15	0,415152	0,013288	-0,01056	0,55	8	0,4911	-0,007917884	0,011859	0,848197	8
16	0,302968	0,032697	-0,02993	0,87	6	0,643503	-0,017279623	0,015799	0,880645	7
17	0,348125	0,007573	0,003785	.	.	**0,36511**	**0,005712**	**0,005634**	**0,4161**	**.**
18	0,315287	-0,0111	0,03523	0,68	8	0,63556	-0,003740146	-0,01006	0,129838	8
19	0,379828	-0,0006	0,010864	0,72	7	0,29109	0,01644646	-0,00128	0,874318	8
20	0,326694	0,001283	0,019208	0,23	6	**0,36511**	**0,005712**	**0,005634**	**0,4161**	**.**
21	0,303501	0,016774	-0,00338	0,94	7	0,367553	0,007324929	0,000753	0,24611	8
22	0,310853	0,013723	-0,00064	0,66	7	0,234573	0,029309952	-0,01741	0,605843	8
23	0,272092	0,043259	-0,04191	0,64	6	0,42322	0,001822955	0,006438	0,346977	7
24	0,321759	0,004852	0,011854	0,88	5	0,249263	-0,005483094	0,037958	0,750601	7
25	0,330626	0,008316	0,002088	0,78	8	0,247129	0,004974984	0,017464	0,956219	5
26	0,348125	0,007573	0,003785	.	.	0,533332	0,008647764	-0,02015	0,38261	8
27	0,272313	0,014923	6,35E-05	0,89	7	0,4112	0,010714616	-0,00895	0,349646	8
28	0,449247	0,011271	-0,01051	0,73	8	0,272807	-0,001474927	0,024134	0,905559	7
29	0,348125	0,007573	0,003785	.	.	0,075195	0,039067563	-0,01225	0,164333	5
30	0,232939	-0,0087	0,044339	0,88	5	0,373016	-0,007786944	0,02824	0,863305	7
31	0,393863	0,003141	0,00341	0,29	8	0,324132	0,008379684	0,004676	0,858043	7
32	0,417716	-0,00503	0,014487	0,80	5	0,447791	0,018923711	-0,02632	0,725338	5
33	0,236758	0,012688	0,009012	0,89	8	0,383884	0,00882254	0,000536	0,752425	7
34	0,21715	0,038549	-0,02898	0,96	5	0,369334	0,009536908	-0,00198	0,390042	8
35	0,246943	0,020161	-0,00603	0,69	7	0,360579	0,005619714	0,008454	0,162966	6
36	0,322635	0,010093	0,001605	0,47	8	0,270938	-0,009960843	0,034055	0,41277	7
37	0,348125	0,007573	0,003785	.	.	**0,36511**	**0,005712**	**0,005634**	**0,4161**	**.**
38	0,23168	0,013832	0,006988	0,91	7	0,638678	-0,029597754	0,025226	0,636983	8
39	0,296179	0,011808	0,003972	0,69	8	0,33675	0,003840239	0,00855	0,526865	7
40	0,357955	0,015099	-0,00987	0,50	7	0,388094	-0,002237205	0,012595	0,319034	5
41	0,331695	0,014356	-0,00654	0,79	7	0,321018	-0,001326388	0,017754	0,346006	8
42	0,293867	0,02929	-0,02517	0,95	5	0,33294	0,003015537	0,010579	0,311706	6
43	0,302682	0,014273	-0,00447	0,75	7	0,63174	0,004068687	-0,02164	0,224203	8
44	0,293259	-0,02267	0,052732	0,84	7	0,458317	0,00055963	0,002133	0,040974	7
45	0,254972	0,016352	0,001995	0,93	7	0,306339	0,008660738	0,004704	0,82213	7
46	0,390161	0,002696	0,006479	0,35	7	0,435568	0,005533167	-0,00111	0,160722	8
47	0,422157	0,010693	-0,00431	0,24	6	0,24319	0,008312692	0,017325	0,823977	6
48	0,467099	-0,00242	0,007641	0,42	6	0,483834	0,00827533	-0,01074	0,56444	8
49	0,280284	0,008081	0,005759	0,82	7	0,274352	0,018816483	-0,00808	0,840127	8
50	0,207937	0,003008	0,025833	0,83	7	0,426441	0,003475361	0,000776	0,2223	8
51	0,344911	0,00598	0,004707	0,34	7	0,230876	0,007714862	0,015949	0,8918	8
52	0,364035	0,018282	-0,01084	0,94	8	0,429971	-0,00642132	0,016155	0,720949	8
53	0,273035	0,001619	0,01831	0,85	7	**0,36511**	**0,005712**	**0,005634**	**0,4161**	**.**
54	0,293358	0,005917	0,010748	0,72	7	0,279549	0,005098575	0,011361	0,66101	7
55	0,431827	0,028931	-0,03631	0,92	5	0,374829	0,006681046	0,001353	0,344076	8
56	0,316725	0,009794	0,006795	0,92	6	0,375396	0,012186892	-0,00471	0,669329	8
57	0,31308	0,012412	-0,00036	0,83	7	0,313588	0,009263191	0,00554	0,76568	6
58	0,326286	0,00531	0,00868	0,62	8	0,372361	0,007218594	0,001623	0,34548	6
59	0,308386	-0,00026	0,019832	0,83	5	0,733191	-0,037155243	0,029432	0,46893	6
60	0,232949	0,014524	0,00615	0,89	8	0,309596	0,005226692	0,01163	0,802601	7
61	0,190819	0,010373	0,017408	0,81	8	0,261329	0,020010968	-0,00215	0,359203	6
62	0,347704	-7,51E-05	0,016737	0,74	6	0,681019	-0,029825821	0,023253	0,438145	6
63	0,422507	0,008547	-0,00444	0,51	5	0,229633	0,018164792	-0,00185	0,818054	8
64	0,447366	-0,00425	0,010691	0,23	7	0,305679	0,013975535	0,00022	0,908885	8
65	0,2499	0,026048	-0,01343	0,50	8	0,323198	0,005480965	0,013018	0,901727	8
66	0,206095	0,028348	-0,00951	0,88	7	0,433112	0,007689127	-0,00288	0,426645	8
67	0,309297	0,017	-0,00451	0,57	7	-0,08403	-0,013639616	0,077959	0,881869	7

68	0,362617	0,02751	-0,02757	0,43	8	0,35448	0,021081585	-0,0146	0,841445	7
69	0,348125	0,007573	0,003785	.	.	**0,36511**	**0,005712**	**0,005634**	**0,4161**	**.**
70	0,306038	0,004348	0,013587	0,93	7	0,530958	0,007860252	-0,01266	0,262894	8
71	0,352313	-0,00068	0,016255	0,47	6	0,370075	0,009382272	0,002081	0,37477	7
72	0,22968	0,013952	0,007584	0,52	8	0,373905	0,003019619	0,009438	0,262283	7
73	0,392597	0,016561	-0,01182	0,71	7	0,44081	0,005529553	0,000464	0,504205	8
74	0,361174	-0,00432	0,015253	0,93	7	0,360192	0,006943325	0,003879	0,166572	8
75	0,494151	-0,00247	0,003079	0,02	5	**0,36511**	**0,005712**	**0,005634**	**0,4161**	**.**
76	0,28432	0,013694	0,00245	0,75	7	0,418362	0,016464794	-0,01602	0,419359	7
77	0,381421	-0,00065	0,009915	0,40	8	0,368171	0,021259371	-0,01581	0,500323	8
78	0,43053	0,007565	-0,00441	0,29	7	0,357121	0,024648077	-0,0206	0,785247	6
79	0,351243	0,008687	0,004224	0,76	7	0,344866	0,03133121	-0,02831	0,25912	7
80	0,33543	0,013907	-0,00663	0,89	5	0,310454	-0,002820406	0,024027	0,526207	7
81	0,263096	0,017383	-0,00035	0,85	8	0,284219	0,002480962	0,022108	0,829193	6
82	0,390415	0,020038	-0,0197	0,32	6	0,360982	0,013897779	-0,00587	0,329084	8
83	0,411302	0,018204	-0,01525	0,64	8	0,32265	0,006393711	0,009541	0,966553	7
84	0,635273	-0,01694	0,010553	0,20	7	0,37699	0,014220627	-0,00956	0,499295	8
85	0,219585	0,024519	-0,00674	0,66	5	0,378605	0,012237745	-0,00905	0,246956	6
86	0,339373	0,02461	-0,01908	0,63	8	0,277847	0,016215719	-0,00136	0,805901	8
87	0,348125	0,007573	0,003785	.	.	**0,36511**	**0,005712**	**0,005634**	**0,4161**	**.**
88	0,493249	0,01446	-0,01395	0,94	5	0,399795	-0,006565487	0,02205	0,82147	5
89	0,259078	0,013772	0,002528	0,49	8	0,235231	0,016201033	-0,00145	0,728084	6
90	0,059732	0,011203	0,034524	0,81	6	0,271384	0,027218017	-0,01378	0,750217	8
91	0,401938	-0,00841	0,022871	0,63	5	0,352999	0,002045946	0,011573	0,32969	7
92	0,281158	0,017513	-0,00121	0,42	8	0,171769	0,006676785	0,023782	0,801083	7
93	0,348125	0,007573	0,003785	.	.	**0,36511**	**0,005712**	**0,005634**	**0,4161**	**.**
94	0,316963	0,010713	0,000898	0,50	7	**0,36511**	**0,005712**	**0,005634**	**0,4161**	**.**
95	0,469845	0,00161	-8,59E-06	0,04	8	0,107995	0,044110694	-0,02572	0,618434	6
96	0,364004	0,00822	-0,00302	0,42	8	0,353528	0,002533955	0,007662	0,223091	7
97	0,479352	0,002271	-0,00017	0,12	7	0,301821	0,014424826	0,0033	0,487039	8
98	0,321634	0,002105	0,014376	0,70	7	0,235575	0,011406829	0,013765	0,610324	8
99	0,242555	0,011525	0,007927	0,87	8	0,748609	-0,028003097	0,016608	0,064689	7
100	0,348125	0,007573	0,003785	.	.	**0,36511**	**0,005712**	**0,005634**	**0,4161**	**.**
101	0,394089	0,012245	-0,00509	0,58	7	0,51599	-0,00880149	0,013112	0,674771	5
102	0,367738	0,016555	-0,0096	0,76	7	0,402709	-0,000813366	0,01379	0,536727	7
103	0,334733	0,000991	0,013102	0,91	5	0,335961	0,014688358	-0,00686	0,554366	7
104	0,324832	-0,00312	0,021859	0,90	7	0,330269	0,005858551	0,011075	0,738045	7
105	0,324232	0,000518	0,016051	0,86	6	0,416676	0,000251323	0,010086	0,748424	7
106	0,327667	-0,00225	0,019312	0,54	6	0,181333	0,018545869	0,002148	0,837581	7
107	0,363408	-0,00658	0,022934	0,88	6	0,373706	-0,002605059	0,016391	0,195524	7
108	0,267898	0,01053	0,008081	0,24	5	0,446381	-0,005097936	0,01381	0,638661	7
109	0,312428	0,019494	-0,00979	0,89	5	0,301405	-0,003059799	0,02559	0,682751	8
110	0,291629	0,005348	0,01378	0,87	5	0,410272	0,000997528	0,008367	0,513579	8
111	0,40043	0,00241	0,009251	0,44	8	0,467664	0,008007858	-0,00268	0,667476	8
112	0,339423	0,000668	0,016455	0,66	8	0,278233	0,005285008	0,011905	0,913586	8
113	0,333992	0,009909	0,002918	0,31	7	0,379506	0,007377603	0,001176	0,505805	7
114	0,441784	0,016514	-0,01979	0,96	6	0,346847	0,007542837	0,003433	0,527253	7
115	0,412746	-0,00055	0,005221	0,24	7	0,349396	0,007557459	0,004513	0,892786	6
116	0,267853	0,022807	-0,01165	0,62	6	0,263465	0,00762008	0,012177	0,710546	7
117	0,376758	0,0184	-0,01331	0,88	5	0,353008	0,012820769	-0,0018	0,758711	7
118	0,387058	0,00186	0,008729	0,62	6	0,440556	-0,015394218	0,029079	0,202037	8
119	0,424565	-0,00097	0,008045	0,30	7	0,449983	0,018214078	-0,02098	0,279489	8
120	-0,16893	0,032286	0,039497	0,94	6	0,396622	0,002517906	0,006177	0,164014	8
121	0,278551	0,016863	-0,00382	0,64	8	0,23989	0,013251033	0,005883	0,412474	8
122	0,293995	0,013447	0,004201	0,69	6	0,388627	-0,001323226	0,012772	0,396765	8
123	0,33845	0,006078	0,007089	0,80	8	0,387536	0,005970058	0,003217	0,407702	8
124	0,275252	0,003599	0,011856	0,88	7	0,168127	0,02101245	-0,00122	0,451309	7
125	0,332586	0,006139	0,004021	0,40	8	0,34521	0,004488434	0,009057	0,437975	8
126	0,398442	0,012742	-0,00784	0,58	8	0,273118	0,006314255	0,013872	0,443603	5
127	0,463265	-0,00139	0,007047	0,41	6	0,454987	0,011033796	-0,01243	0,411652	7
128	0,461711	0,011935	-0,01384	0,10	6	0,367316	0,009694374	0,000882	0,225871	8
129	0,207826	0,011418	0,009735	0,77	7	0,232171	0,014761054	0,006745	0,806374	6
130	0,340319	0,003801	0,008987	0,86	7	0,512026	-0,001229581	-0,00113	0,136709	7
131	0,347646	-0,00217	0,019855	0,70	8	0,283658	0,002100456	0,018918	0,602195	8
132	0,440546	0,000369	0,003329	0,10	7	0,224908	0,009444444	0,010688	0,81953	7
133	0,347448	0,005817	0,001715	0,70	7	0,430065	-9,98E-07	0,008409	0,252971	8
134	0,411202	0,015457	-0,01801	0,80	6	0,168775	0,022830663	-0,00109	0,496178	7
135	0,32493	0,011395	0,001214	0,90	8	0,323931	0,011493194	0,002131	0,907059	6
136	0,348125	0,007573	0,003785	.	.	**0,36511**	**0,0057120**	**0,005634**	**0,4161**	**.**

APÊNDICE C - Estimativas de variância para altura total (ALT), diâmetro à altura do peito (DAP) e, volume (VOL) da população base de *Eucalyptus camaldulensis*, aos 32 anos no município de Selvíria, MS

Estimativas	POP-0 (250)			POP-1 (136)			POP-2 (114)		
	ALT (m)	DAP (cm)	VOL (m^3/árv)	ALT (m)	DAP (cm)	VOL (m^3/árv)	ALT (m)	DAP (cm)	VOL (m^3/árv)
$\hat{\sigma}_a^2$	10,30598	12,08279	0,8092	20,23245	7,85055	1,0717	15,30364	1,70951	0,0529
$\hat{\sigma}_e^2$	23,48389	55,58492	2,5994	14,79926	49,83100	2,1023	18,06941	73,52035	1,2188
$\hat{\sigma}_f^2$	33,78987	67,66771	3,4086	35,03171	57,68156	3,1740	33,37306	75,22985	1,2717

APÊNDICE D - Relação das 25 matrizes da população base de *Eucalyptus camaldulensis* que compõe a população de melhoramento (pomar de sementes) e que formaram descendentes para o teste de progênies, estabelecidos em Selvíria, MS

POP-0 (250)		**POP-1 (136)**		**POP-2 (114)**	
Matriz	**k_f**	**Matriz**	**k_f**	**Matriz**	**k_f**
1	3	1	1	1	2
2	5	2	4	2	1
3	10	3	6	3	4
4	11	4	8	4	3
5	3	5	2	5	1
6	5	6	3	6	2
7	5	7	3	7	2
8	4	8	4	8	0
9	7	9	6	9	1
10	9	10	6	10	3
11	29	11	17	11	12
12	8	12	4	12	4
13	5	13	3	13	2
14	3	14	1	14	2
15	4	15	3	15	1
16	15	16	6	16	9
17	9	17	4	17	5
18	16	18	6	18	10
19	10	19	2	19	8
20	19	20	6	20	13
21	22	21	14	21	8
22	18	22	11	22	7
23	15	23	9	23	6
24	11	24	4	24	7
25	4	25	3	25	1
N	250		136		114
N_f	25		25		24

APÊNDICE E - Estimativa de correlação de Spearman a x d para altura total (ALT), diâmetro à altura do peito (DAP) e, volume (VOL) da população base de *Eucalyptus camaldulensis*, aos 32 anos no município de Selvíria, MS

N	Altura						DAP						VOL					
	BLC	FAM	a	R	d	R	BLC	FAM	a	R	d	R	BLC	FAM	a	R	d	R
1	1	13	4,27	1	1,99	1	10	16	4,32	1	1,54	2	10	16	0,86	1	0,40	1
2	14	23	3,93	2	1,69	3	15	16	3,76	2	1,17	13	14	23	0,73	2	0,32	2
3	3	13	3,82	3	1,69	4	12	16	3,41	3	0,94	22	1	3	0,67	3	0,30	4
4	1	6	3,71	4	1,61	6	2	21	3,33	4	1,48	3	15	16	0,64	4	0,25	8
5	3	7	3,48	5	1,81	2	14	11	3,17	5	1,43	5	7	23	0,63	5	0,26	7
6	2	9	3,24	6	1,60	7	19	11	3,17	6	1,43	6	9	23	0,62	6	0,25	9
7	7	23	3,23	7	1,23	19	1	3	3,14	7	1,44	4	2	21	0,54	7	0,29	5
8	1	3	2,86	8	0,96	34	6	16	3,10	8	0,73	36	12	16	0,53	8	0,17	20
9	2	3	2,80	9	0,92	35	7	16	3,05	9	0,70	37	3	13	0,52	9	0,20	15
10	2	18	2,69	10	1,34	13	17	21	2,98	10	1,25	10	1	18	0,51	10	0,28	6
11	7	12	2,67	11	1,00	29	1	16	2,94	11	0,62	44	16	11	0,51	11	0,31	3
12	8	18	2,61	12	1,29	14	5	11	2,93	12	1,26	9	10	3	0,49	12	0,18	19
13	10	3	2,58	13	0,77	46	4	16	2,89	13	0,59	46	1	13	0,49	13	0,18	16
14	15	23	2,58	14	0,79	43	16	11	2,86	14	1,22	12	4	16	0,48	14	0,14	33
15	9	23	2,51	15	0,75	48	14	23	2,86	15	1,32	8	17	21	0,45	15	0,23	11
16	7	10	2,49	16	1,35	12	1	18	2,77	16	1,57	1	5	13	0,44	16	0,15	31
17	9	3	2,46	17	0,70	55	9	23	2,71	17	1,22	11	1	16	0,43	17	0,11	47
18	6	9	2,40	18	1,04	27	3	21	2,68	18	1,05	17	15	23	0,43	18	0,12	44
19	6	10	2,38	19	1,28	15	4	11	2,67	19	1,09	16	4	11	0,42	19	0,25	10
20	9	10	2,36	20	1,27	17	3	16	2,60	20	0,40	72	13	23	0,40	20	0,10	49
21	4	7	2,35	21	1,06	23	5	13	2,57	21	1,02	19	19	11	0,38	21	0,22	12
22	4	3	2,33	22	0,60	66	7	23	2,41	22	1,02	20	3	16	0,37	22	0,07	68
23	12	23	2,30	23	0,61	64	7	11	2,40	23	0,91	24	2	3	0,37	23	0,09	54
24	4	12	2,16	24	0,66	57	20	21	2,29	24	0,79	29	5	7	0,35	24	0,16	26
25	10	23	2,13	25	0,50	72	21	11	2,19	25	0,78	31	3	7	0,35	25	0,16	28
26	14	18	2,05	26	0,92	36	13	16	2,18	26	0,12	107	2	5	0,34	26	0,22	13
27	2	5	2,04	27	0,98	32	10	3	2,15	27	0,78	30	13	18	0,34	27	0,16	25
28	5	6	2,00	28	0,47	76	22	21	2,11	28	0,67	39	22	21	0,33	28	0,16	27
29	13	18	1,97	29	0,86	40	14	16	2,09	29	0,06	115	7	16	0,33	29	0,04	83
30	1	2	1,93	30	1,36	11	18	11	2,02	30	0,66	40	8	18	0,33	30	0,16	29
31	5	9	1,83	31	0,66	58	13	23	2,00	31	0,75	33	2	18	0,33	31	0,16	30
32	3	6	1,75	32	0,30	91	11	21	1,99	32	0,59	47	1	2	0,33	32	0,18	17
33	11	4	1,70	33	0,92	37	5	23	1,99	33	0,74	35	7	3	0,33	33	0,07	69
34	15	18	1,64	34	0,65	60	16	21	1,99	34	0,59	48	14	11	0,31	34	0,17	21
35	8	19	1,64	35	1,48	9	5	7	1,99	35	0,91	25	13	16	0,30	35	0,02	95
36	5	17	1,63	36	1,67	5	3	13	1,96	36	0,61	45	3	21	0,29	36	0,13	39
37	10	18	1,62	37	0,63	61	9	16	1,93	37	-0,05	133	16	21	0,29	37	0,13	41
38	1	18	1,61	38	0,62	63	9	21	1,90	38	0,54	56	5	23	0,29	38	0,03	92
39	5	12	1,60	39	0,29	93	6	21	1,88	39	0,52	60	9	3	0,29	39	0,04	82
40	8	12	1,59	40	0,29	95	7	3	1,86	40	0,59	50	8	3	0,29	40	0,04	84
41	4	6	1,59	41	0,20	105	1	13	1,77	41	0,49	63	9	10	0,29	41	0,17	22
42	5	7	1,57	42	0,54	70	3	18	1,75	42	0,88	26	1	6	0,28	42	0,14	35
43	5	20	1,56	43	1,40	10	12	21	1,72	43	0,41	69	4	3	0,28	43	0,04	90
44	3	12	1,55	44	0,26	98	15	23	1,70	44	0,55	53	11	21	0,28	44	0,12	45
45	6	3	1,55	45	0,08	112	1	2	1,70	45	0,75	34	3	18	0,27	45	0,12	46
46	7	24	1,54	46	0,99	31	4	15	1,69	46	1,13	14	6	16	0,26	46	0,00	119
47	4	4	1,50	47	0,79	44	13	21	1,67	47	0,38	75	7	11	0,26	47	0,14	34
48	5	13	1,47	48	0,12	110	5	21	1,65	48	0,37	76	4	7	0,26	48	0,09	55
49	6	23	1,47	49	0,06	115	8	3	1,65	49	0,45	67	9	16	0,25	49	-0,01	125
50	10	16	1,47	50	1,26	18	2	3	1,63	50	0,43	68	5	11	0,24	50	0,13	40
51	6	18	1,45	51	0,52	71	2	5	1,57	51	1,10	15	20	21	0,24	51	0,10	52
52	3	23	1,42	52	0,03	118	2	11	1,55	52	0,35	78	13	21	0,24	52	0,10	53
53	5	19	1,33	53	1,27	16	8	21	1,53	53	0,29	83	4	15	0,23	53	0,18	18
54	4	23	1,29	54	-0,07	133	12	11	1,46	54	0,29	82	6	10	0,22	54	0,13	43
55	9	24	1,27	55	0,80	42	2	13	1,46	55	0,28	84	11	24	0,21	55	0,17	23
56	7	4	1,27	56	0,63	62	11	16	1,45	56	-0,37	171	4	23	0,21	56	-0,03	131
57	2	20	1,23	57	1,18	20	4	19	1,39	57	0,93	23	3	6	0,21	57	0,09	58
58	7	3	1,20	58	-0,15	144	13	18	1,38	58	0,64	42	2	9	0,20	58	0,17	24
59	5	3	1,20	59	-0,15	145	17	11	1,37	59	0,23	90	12	11	0,20	59	0,10	51
60	7	9	1,16	60	0,21	102	8	16	1,37	60	-0,42	178	12	21	0,19	60	0,06	70
61	1	12	1,16	61	0,00	126	2	18	1,37	61	0,63	43	7	12	0,18	61	0,14	36
62	4	16	1,14	62	1,04	26	11	24	1,33	62	1,03	18	21	11	0,18	62	0,09	56
63	6	12	1,10	63	-0,04	130	3	10	1,26	63	0,88	27	10	23	0,17	63	-0,05	151
64	1	1	1,09	64	0,78	45	8	18	1,22	64	0,53	58	2	13	0,17	64	-0,03	133
65	13	23	1,07	65	-0,21	153	3	2	1,20	65	0,41	70	10	18	0,17	65	0,05	79
66	3	5	1,06	66	0,32	89	11	18	1,18	66	0,51	61	14	16	0,16	66	-0,07	172
67	8	3	1,04	67	-0,25	156	3	7	1,17	67	0,36	77	3	23	0,16	67	-0,06	157
68	16	11	1,04	68	1,51	8	4	3	1,17	68	0,13	105	8	21	0,16	68	0,04	88
69	2	12	0,95	69	-0,14	141	9	3	1,14	69	0,11	109	12	23	0,16	69	-0,06	158
70	2	21	0,90	70	1,06	24	3	17	1,14	70	0,82	28	11	18	0,16	70	0,04	86

71	16	21	0,88	71	1,04	25	6	11	1,11	71	0,05	116	8	23	0,15	71	-0,06	160
72	2	4	0,84	72	0,34	87	4	7	1,08	72	0,30	81	18	11	0,15	72	0,07	67
73	17	21	0,78	73	0,98	33	24	11	1,03	73	0,00	122	4	19	0,15	73	0,13	42
74	3	19	0,76	74	0,89	38	29	11	1,03	74	0,00	123	8	16	0,14	74	-0,08	180
75	1	24	0,75	75	0,46	77	23	11	1,03	75	0,00	124	6	3	0,14	75	-0,06	156
76	15	16	0,73	76	0,76	47	26	11	1,03	76	0,00	125	4	10	0,14	76	0,07	66
77	1	16	0,69	77	0,74	50	27	11	1,03	77	0,00	126	5	17	0,13	77	0,15	32
78	10	4	0,69	78	0,24	100	28	11	1,03	78	0,00	127	6	23	0,13	78	-0,07	171
79	8	17	0,68	79	1,03	28	25	11	1,03	79	0,00	128	7	10	0,11	79	0,06	75
80	11	24	0,66	80	0,40	81	5	16	1,03	80	-0,65	200	14	18	0,10	80	0,00	106
81	6	24	0,65	81	0,39	83	15	11	1,01	81	-0,01	129	4	18	0,09	81	0,00	114
82	11	21	0,65	82	0,89	39	9	10	0,90	82	0,64	41	4	13	0,09	82	-0,08	178
83	3	9	0,59	83	-0,17	149	3	6	0,88	83	0,50	62	3	10	0,09	83	0,04	85
84	4	13	0,59	84	-0,46	172	4	23	0,86	84	-0,01	130	15	18	0,09	84	-0,01	121
85	15	20	0,58	85	0,75	49	2	2	0,84	85	0,17	99	9	21	0,09	85	-0,01	122
86	4	10	0,56	86	0,07	113	1	21	0,83	86	-0,18	151	1	1	0,08	86	0,10	50
87	3	18	0,56	87	-0,07	134	4	18	0,82	87	0,27	85	1	21	0,08	87	-0,01	126
88	9	4	0,55	88	0,15	108	7	21	0,82	88	-0,19	152	2	2	0,07	88	0,01	97
89	4	11	0,53	89	1,17	21	8	23	0,76	89	-0,08	138	3	19	0,07	89	0,08	61
90	11	20	0,48	90	0,68	56	4	10	0,76	90	0,54	54	5	19	0,07	90	0,08	62
91	11	18	0,45	91	-0,14	143	1	7	0,75	91	0,08	111	6	12	0,07	91	0,06	74
92	3	20	0,44	92	0,66	59	6	10	0,74	92	0,53	57	3	2	0,06	92	0,01	102
93	3	3	0,43	93	-0,66	186	10	18	0,73	93	0,21	93	5	16	0,06	93	-0,14	218
94	13	21	0,40	94	0,73	52	1	6	0,70	94	0,38	74	8	19	0,06	94	0,07	65
95	1	21	0,36	95	0,70	54	16	18	0,62	95	0,13	103	5	21	0,06	95	-0,03	132
96	2	17	0,36	96	0,82	41	5	17	0,60	96	0,46	65	5	6	0,05	96	-0,01	127
97	2	10	0,35	97	-0,07	135	10	21	0,55	97	-0,36	169	3	3	0,05	97	-0,12	202
98	1	5	0,35	98	-0,15	146	4	13	0,54	98	-0,33	167	11	16	0,05	98	-0,15	220
99	6	20	0,34	99	0,59	67	4	2	0,47	99	-0,08	137	6	11	0,05	99	0,00	104
100	19	20	0,34	100	0,59	68	10	23	0,45	100	-0,28	160	6	21	0,05	100	-0,03	138
101	8	20	0,33	101	0,58	69	5	2	0,45	101	-0,09	139	23	11	0,05	101	0,00	107
102	8	23	0,32	102	-0,71	190	10	19	0,45	102	0,31	80	28	11	0,05	102	0,00	108
103	3	16	0,27	103	0,45	78	3	23	0,41	103	-0,31	165	25	11	0,05	103	0,00	109
104	12	11	0,26	104	0,99	30	3	19	0,38	104	0,26	86	26	11	0,05	104	0,00	110
105	4	21	0,22	105	0,61	65	4	25	0,36	105	0,46	66	29	11	0,05	105	0,00	111
106	2	2	0,19	106	0,20	103	14	18	0,35	106	-0,05	134	27	11	0,05	106	0,00	112
107	12	16	0,18	107	0,40	82	3	11	0,33	107	-0,46	184	24	11	0,05	107	0,00	113
108	4	25	0,14	108	0,38	85	1	19	0,31	108	0,22	92	6	18	0,05	108	-0,03	135
109	2	13	0,13	109	-0,77	193	6	3	0,30	109	-0,45	181	4	25	0,04	109	0,07	63
110	5	23	0,11	110	-0,85	198	2	9	0,28	110	0,59	49	4	12	0,04	110	0,04	87
111	18	20	0,10	111	0,42	80	15	18	0,27	111	-0,10	142	5	3	0,04	111	-0,12	208
112	16	18	0,09	112	-0,39	166	11	22	0,25	112	1,33	7	17	11	0,03	112	-0,01	124
113	9	16	0,09	113	0,34	88	5	19	0,25	113	0,17	98	8	12	0,03	113	0,03	91
114	13	16	0,06	114	0,32	90	1	1	0,24	114	0,54	55	16	18	0,03	114	-0,05	150
115	8	10	0,02	115	-0,29	160	7	12	0,23	115	0,52	59	7	24	0,02	115	0,05	80
116	8	24	0,02	116	-0,03	129	14	21	0,22	116	-0,59	192	6	24	0,01	116	0,04	89
117	8	4	0,02	117	-0,20	152	12	23	0,16	117	-0,48	186	10	21	0,00	117	-0,07	165
118	4	18	0,01	118	-0,44	170	6	12	0,16	118	0,48	64	3	17	0,00	118	0,06	76
119	2	7	-0,02	119	-0,52	180	10	11	0,15	119	-0,59	193	5	2	0,00	119	-0,04	140
120	9	18	-0,06	120	-0,48	174	1	8	0,14	120	0,57	52	6	9	0,00	120	0,03	93
121	13	11	-0,16	121	0,72	53	10	24	0,13	121	0,24	89	8	17	-0,01	121	0,05	77
122	10	24	-0,18	122	-0,16	148	3	3	0,09	122	-0,59	194	7	21	-0,01	122	-0,07	170
123	11	23	-0,20	123	-1,06	216	6	17	0,09	123	0,12	106	2	10	-0,01	123	-0,03	134
124	10	21	-0,24	124	0,29	92	6	24	0,05	124	0,18	94	2	7	-0,01	124	-0,09	184
125	22	21	-0,30	125	0,26	97	8	24	0,03	125	0,17	100	15	11	-0,02	125	-0,04	146
126	12	21	-0,30	126	0,26	99	6	23	0,03	126	-0,57	190	4	6	-0,02	126	-0,06	159
127	4	24	-0,30	127	-0,24	155	22	11	0,02	127	-0,67	202	1	7	-0,02	127	-0,09	187
128	17	20	-0,35	128	0,13	109	12	20	0,02	128	0,76	32	9	18	-0,02	128	-0,08	175
129	2	1	-0,36	129	-0,18	151	2	7	0,02	129	-0,40	176	8	24	-0,02	129	0,02	96
130	1	25	-0,36	130	0,05	116	8	19	0,02	130	0,02	119	2	20	-0,02	130	0,14	37
131	3	4	-0,39	131	-0,48	173	1	17	0,01	131	0,07	113	2	16	-0,03	131	-0,20	235
132	1	9	-0,39	132	-0,82	194	4	24	0,01	132	0,15	101	10	24	-0,03	132	0,01	103
133	4	9	-0,41	133	-0,84	196	8	17	-0,03	133	0,04	118	5	18	-0,04	133	-0,09	185
134	8	21	-0,42	134	0,18	106	9	18	-0,03	134	-0,30	162	21	21	-0,04	134	-0,09	188
135	3	14	-0,43	135	0,39	84	5	18	-0,05	135	-0,31	164	8	10	-0,04	135	-0,05	149
136	4	15	-0,47	136	0,28	96	7	10	-0,05	136	0,01	121	2	11	-0,04	136	-0,06	162
137	19	11	-0,50	137	0,49	74	21	21	-0,06	137	-0,78	207	3	11	-0,05	137	-0,06	164
138	4	19	-0,52	138	0,04	117	13	11	-0,07	138	-0,73	205	4	24	-0,05	138	0,00	117
139	5	10	-0,54	139	-0,66	187	2	16	-0,08	139	-1,39	237	4	2	-0,05	139	-0,07	166
140	9	20	-0,57	140	-0,02	127	18	21	-0,13	140	-0,82	211	10	19	-0,05	140	0,00	116
141	6	17	-0,57	141	0,20	104	7	24	-0,15	141	0,04	117	6	17	-0,05	141	0,02	94
142	5	2	-0,60	142	-0,32	161	20	11	-0,16	142	-0,79	209	11	22	-0,05	142	0,20	14
143	1	20	-0,69	143	-0,10	138	2	10	-0,16	143	-0,07	136	9	4	-0,06	143	0,10	48
144	21	11	-0,69	144	0,36	86	2	19	-0,17	144	-0,10	143	5	9	-0,06	144	-0,01	120
145	8	16	-0,74	145	-0,21	154	5	6	-0,18	145	-0,21	155	1	8	-0,06	145	0,04	81
146	14	20	-0,79	146	-0,17	150	6	18	-0,19	146	-0,41	177	5	12	-0,07	146	-0,03	136
147	5	18	-0,80	147	-0,98	210	1	11	-0,20	147	-0,82	215	2	17	-0,07	147	0,01	101
148	2	25	-0,82	148	-0,26	157	6	22	-0,25	148	1,00	21	14	21	-0,08	148	-0,12	203
149	20	21	-0,84	149	-0,10	139	2	17	-0,26	149	-0,11	144	2	12	-0,08	149	-0,04	144
150	14	21	-0,85	150	-0,11	140	2	20	-0,26	150	0,57	51	1	5	-0,08	150	-0,07	168
151	1	8	-0,88	151	-0,08	136	8	10	-0,31	151	-0,17	149	7	9	-0,09	151	-0,02	130

152	7	11	-0,89	152	0,23	101	3	24	-0,31	152	-0,06	135	3	20	-0,09	152	0,09	57
153	3	21	-0,90	153	-0,14	142	8	12	-0,34	153	0,14	102	4	21	-0,09	153	-0,13	209
154	9	22	-0,92	154	1,13	22	5	3	-0,39	154	-0,91	223	13	11	-0,09	154	-0,09	190
155	1	4	-0,93	155	-0,84	197	4	12	-0,40	155	0,11	110	20	11	-0,10	155	-0,10	192
156	3	11	-0,97	156	0,18	107	2	8	-0,45	156	0,18	97	1	19	-0,10	156	-0,04	143
157	2	8	-0,99	157	-0,15	147	9	11	-0,46	157	-1,00	225	11	20	-0,11	157	0,08	59
158	1	10	-1,00	158	-0,98	209	4	21	-0,49	158	-1,06	229	8	20	-0,11	158	0,08	60
159	6	4	-1,04	159	-0,91	204	9	17	-0,51	159	-0,28	159	18	21	-0,11	159	-0,14	217
160	3	2	-1,04	160	-0,62	183	11	20	-0,51	160	0,41	71	12	20	-0,11	160	0,07	64
161	7	18	-1,07	161	-1,16	222	4	6	-0,52	161	-0,43	179	1	24	-0,12	161	-0,05	153
162	20	11	-1,08	162	0,10	111	2	25	-0,53	162	-0,14	145	1	25	-0,13	162	-0,04	142
163	12	20	-1,11	163	-0,38	163	3	20	-0,53	163	0,39	73	5	20	-0,13	163	0,06	71
164	3	10	-1,11	164	-1,04	214	1	25	-0,58	164	-0,17	148	3	14	-0,13	164	0,01	98
165	6	11	-1,14	165	0,06	114	9	4	-0,60	165	0,69	38	2	8	-0,13	165	0,00	118
166	5	24	-1,18	166	-0,83	195	7	19	-0,60	166	-0,39	173	3	5	-0,13	166	-0,10	195
167	7	16	-1,19	167	-0,52	179	8	20	-0,63	167	0,33	79	2	25	-0,14	167	-0,04	147
168	21	21	-1,23	168	-0,36	162	1	5	-0,63	168	-0,37	172	10	11	-0,14	168	-0,13	210
169	10	19	-1,23	169	-0,43	168	2	15	-0,66	169	-0,43	180	3	9	-0,14	169	-0,06	161
170	28	11	-1,23	170	0,00	119	4	17	-0,69	170	-0,40	175	2	19	-0,16	170	-0,07	173
171	29	11	-1,23	171	0,00	120	1	20	-0,75	171	0,25	87	6	22	-0,16	171	0,13	38
172	24	11	-1,23	172	0,00	121	6	9	-0,75	172	-0,10	141	11	23	-0,16	172	-0,27	242
173	26	11	-1,23	173	0,00	122	9	19	-0,82	173	-0,54	189	3	12	-0,16	173	-0,10	193
174	25	11	-1,23	174	0,00	123	2	12	-0,82	174	-0,18	150	9	24	-0,17	174	-0,08	181
175	23	11	-1,23	175	0,00	124	7	9	-0,84	175	-0,16	147	1	11	-0,17	175	-0,15	223
176	27	11	-1,23	176	0,00	125	11	11	-0,84	176	-1,25	233	1	9	-0,17	176	-0,08	179
177	3	1	-1,24	177	-0,77	192	1	24	-0,91	177	-0,46	183	22	11	-0,19	177	-0,16	225
178	18	21	-1,25	178	-0,38	164	7	20	-0,93	178	0,13	104	3	24	-0,19	178	-0,10	191
179	1	7	-1,30	179	-1,37	228	5	9	-0,93	179	-0,22	156	1	17	-0,20	179	-0,08	174
180	14	11	-1,31	180	-0,05	132	15	21	-0,94	180	-1,36	235	2	15	-0,20	180	-0,11	201
181	3	8	-1,33	181	-0,38	165	8	11	-0,95	181	-1,32	234	18	20	-0,20	181	0,01	99
182	14	16	-1,36	182	-0,63	184	3	14	-0,95	182	0,07	114	9	19	-0,20	182	-0,10	196
183	17	11	-1,37	183	-0,09	137	1	9	-0,98	183	-0,26	158	1	20	-0,20	183	0,01	100
184	4	2	-1,40	184	-0,86	199	5	12	-1,02	184	-0,31	163	11	4	-0,21	184	0,00	105
185	7	21	-1,45	185	-0,51	178	19	21	-1,02	185	-1,42	238	6	19	-0,21	185	-0,11	197
186	3	22	-1,52	186	0,74	51	1	15	-1,08	186	-0,72	204	4	17	-0,21	186	-0,09	182
187	9	19	-1,57	187	-0,66	185	5	20	-1,10	187	0,02	120	1	12	-0,21	187	-0,13	211
188	15	11	-1,62	188	-0,26	158	19	20	-1,15	188	-0,01	131	5	10	-0,21	188	-0,16	226
189	22	11	-1,62	189	-0,26	159	3	9	-1,19	189	-0,40	174	1	10	-0,22	189	-0,17	227
190	1	19	-1,69	190	-0,74	191	18	20	-1,27	190	-0,09	140	9	11	-0,22	190	-0,18	231
191	4	17	-1,72	191	-0,57	182	6	19	-1,36	191	-0,90	222	19	20	-0,23	191	0,00	115
192	5	11	-1,83	192	-0,40	167	1	4	-1,37	192	0,18	95	7	19	-0,23	192	-0,12	206
193	7	22	-1,89	193	0,49	73	18	22	-1,38	193	0,25	88	5	24	-0,23	193	-0,12	207
194	11	22	-1,90	194	0,48	75	3	5	-1,38	194	-0,87	219	4	9	-0,23	194	-0,12	204
195	3	17	-1,91	195	-0,69	189	8	22	-1,41	195	0,23	91	19	21	-0,23	195	-0,22	239
196	6	19	-1,92	196	-0,89	201	7	17	-1,44	196	-0,90	221	2	1	-0,23	196	-0,11	198
197	10	11	-1,92	197	-0,46	171	15	20	-1,46	197	-0,22	157	6	20	-0,24	197	-0,01	123
198	4	20	-1,92	198	-0,92	205	3	22	-1,49	198	0,18	96	1	15	-0,24	198	-0,14	216
199	18	22	-1,94	199	0,45	79	3	25	-1,51	199	-0,79	208	11	11	-0,24	199	-0,19	233
200	18	11	-1,98	200	-0,50	177	9	24	-1,51	200	-0,86	217	8	11	-0,24	200	-0,20	234
201	3	25	-2,00	201	-1,04	215	5	24	-1,52	201	-0,86	218	15	20	-0,25	201	-0,02	128
202	1	14	-2,01	202	-0,67	188	9	20	-1,56	202	-0,29	161	7	4	-0,26	202	-0,03	137
203	2	16	-2,02	203	-1,07	217	4	9	-1,57	203	-0,65	199	7	18	-0,26	203	-0,24	240
204	9	21	-2,07	204	-0,92	206	9	22	-1,58	204	0,11	108	8	4	-0,26	204	-0,04	139
205	12	18	-2,08	205	-1,83	240	10	22	-1,63	205	0,08	112	1	4	-0,26	205	-0,04	141
206	2	19	-2,10	206	-1,01	211	6	20	-1,67	206	-0,37	170	9	17	-0,26	206	-0,12	205
207	4	8	-2,11	207	-0,90	203	1	10	-1,69	207	-1,09	230	3	1	-0,27	207	-0,13	213
208	6	22	-2,19	208	0,29	94	15	22	-1,78	208	-0,02	132	9	22	-0,27	208	0,06	72
209	5	16	-2,21	209	-1,20	224	3	12	-1,79	209	-0,82	213	18	22	-0,27	209	0,06	73
210	6	16	-2,21	210	-1,20	225	2	1	-1,79	210	-0,82	212	3	25	-0,27	210	-0,14	215
211	5	21	-2,24	211	-1,04	213	3	1	-1,83	211	-0,84	216	9	20	-0,28	211	-0,04	145
212	7	19	-2,29	212	-1,14	220	17	20	-1,83	212	-0,47	185	3	22	-0,29	212	0,05	78
213	1	15	-2,29	213	-0,94	207	11	4	-1,86	213	-0,15	146	15	21	-0,29	213	-0,26	241
214	19	21	-2,30	214	-1,07	218	4	20	-1,91	214	-0,52	188	4	4	-0,29	214	-0,06	154
215	7	20	-2,30	215	-1,18	223	8	4	-1,94	215	-0,20	154	7	20	-0,31	215	-0,06	155
216	11	16	-2,37	216	-1,30	227	12	18	-2,00	216	-1,61	241	2	4	-0,31	216	-0,07	167
217	3	24	-2,42	217	-1,66	237	7	22	-2,05	217	-0,20	153	12	18	-0,32	217	-0,28	243
218	16	20	-2,45	218	-1,27	226	13	20	-2,10	218	-0,65	198	3	4	-0,32	218	-0,08	176
219	11	11	-2,54	219	-0,87	200	14	20	-2,10	219	-0,65	201	17	20	-0,34	219	-0,08	177
220	2	15	-2,55	220	-1,11	219	2	14	-2,13	220	-0,72	203	6	4	-0,34	220	-0,09	186
221	1	17	-2,60	221	-1,15	221	5	10	-2,14	221	-1,39	236	7	17	-0,35	221	-0,17	229
222	1	11	-2,65	222	-0,94	208	1	12	-2,14	222	-1,05	228	4	8	-0,35	222	-0,15	222
223	2	22	-2,66	223	-0,03	128	4	8	-2,17	223	-0,97	224	3	8	-0,35	223	-0,15	224
224	12	22	-2,70	224	-0,05	131	7	18	-2,17	224	-1,73	242	2	14	-0,37	224	-0,14	219
225	6	21	-2,91	225	-1,48	230	7	4	-2,17	225	-0,36	168	4	20	-0,37	225	-0,10	194
226	7	17	-3,10	226	-1,48	231	12	22	-2,22	226	-0,32	166	14	20	-0,39	226	-0,11	199
227	9	17	-3,22	227	-1,57	234	11	23	-2,28	227	-2,11	243	7	22	-0,39	227	-0,02	129
228	15	22	-3,29	228	-0,44	169	3	4	-2,32	228	-0,46	182	10	4	-0,40	228	-0,13	212
229	2	11	-3,33	229	-1,40	229	16	20	-2,36	229	-0,82	214	1	14	-0,41	229	-0,17	228
230	13	22	-3,36	230	-0,49	175	13	22	-2,51	230	-0,51	187	10	22	-0,43	230	-0,04	148
231	1	22	-3,37	231	-0,50	176	3	8	-2,54	231	-1,21	232	15	22	-0,44	231	-0,05	152
232	13	20	-3,43	232	-1,92	241	4	4	-2,55	232	-0,61	195	8	22	-0,45	232	-0,06	163

233	10	22	-3,43	233	-0,54	181	2	4	-2,60	233	-0,65	196	12	22	-0,47	233	-0,07	169
234	9	11	-3,47	234	-1,49	232	1	22	-2,61	234	-0,57	191	13	20	-0,49	234	-0,18	230
235	8	11	-3,56	235	-1,55	233	10	20	-2,66	235	-1,02	227	2	22	-0,49	235	-0,09	183
236	2	14	-3,60	236	-1,73	239	4	22	-2,72	236	-0,65	197	1	22	-0,50	236	-0,09	189
237	10	20	-3,70	237	-2,11	242	6	4	-2,85	237	-0,81	210	16	20	-0,51	237	-0,19	232
238	16	22	-3,97	238	-0,90	202	2	22	-2,89	238	-0,76	206	13	22	-0,52	238	-0,11	200
239	15	21	-4,06	239	-2,25	243	10	4	-2,97	239	-0,89	220	10	20	-0,53	239	-0,21	238
240	17	22	-4,14	240	-1,02	212	1	14	-3,24	240	-1,46	239	4	22	-0,56	240	-0,13	214
241	8	22	-5,02	241	-1,60	235	17	22	-3,26	241	-1,01	226	17	22	-0,58	241	-0,15	221
242	4	22	-5,02	242	-1,60	236	16	22	-3,43	242	-1,12	231	16	22	-0,66	242	-0,20	236
243	14	22	-5,10	243	-1,66	238	14	22	-4,04	243	-1,53	240	14	22	-0,66	243	-0,20	237
						0,81						**0,78**						**0,76**

APÊNDICE F - Estimativas de variância para Estabilidade e Adaptabilidade Temporal pelo Método MHPRVG para ALT (altura total), DAP (diâmetro à altura do peito) e VOL (volume) da população base de *Eucalyptus camaldulensis*, aos 32 anos em Selvíria/MS.

Estimativas	Pop_0			Pop_1		
	ALT (m)	DAP (cm)	VOL (m^3)	ALT (m)	DAP (cm)	VOL (m^3)
$\hat{\sigma}_g^2$	0,10	2,31	0,026	0,19	2,67	0,033
$\hat{\sigma}_{gm}^2$	1,14	0,15	0,017	1,92	0,08	0,027
$\hat{\sigma}_{perm}^2$	12,17	37,58	0,44	12,59	31,81	0,40
$\hat{\sigma}_e^2$	10,71	8,99	0,28	10,13	8,10	0,26
$\hat{\sigma}_f^2$	24,12	49,03	0,77	24,83	42,67	0,72

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica entre progênies; $\hat{\sigma}_{gm}^2$: variância da interação genótipos x medições; $\hat{\sigma}_{perm}^2$: variância dos efeitos permanentes; $\hat{\sigma}_e^2$: variância residual temporária; $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual.

APÊNDICE G - Estimativas de variância para altura total (ALT), diâmetro à altura do peito (DAP), volume (VOL) e densidade básica da madeira (DBM) nas análise de uma, cinco plantas por parcela e análise conjunta de *Eucalyptus camaldulensis*, aos 10 anos de idade no município de Selvíria, MS

Estimativas	1 pl/parc				5 pl/parc				Conjunta			
	ALT	**DAP**	**VOL**	**DBM**	**ALT**	**DAP**	**VOL**	**DBM**	**ALT**	**DAP**	**VOL**	**DBM**
$\hat{\sigma}_g^2$	2,11	1,71	0,0036	0,0015	0,69	1,32	0,0010	0,0014	5,80	4,38	0,0081	0,003
$\hat{\sigma}_{parc}^2$	-	-	-	-	0,10	1,29	0,0001	0,00003	0,10	0,08	0,0001	0,001
$\hat{\sigma}_{bloc}^2$	-	-	-	-	-	-	-	-	0,24	0,21	0,0004	0,00
$\hat{\sigma}_e^2$	19,20	16,97	0,0384	0,0038	22,35	11,74	0,0355	0,005	16,40	13,81	0,0312	0,001
$\hat{\sigma}_f^2$	21,31	18,67	0,0420	0,005	23,14	14,35	0,0367	0,006	22,54	18,48	0,0399	0,006

$\hat{\sigma}_a^2$: variância genética aditiva; $\hat{\sigma}_{parc}^2$: variância ambiental entre parcelas; $\hat{\sigma}_{bloc}^2$: variância dentro de blocos; $\hat{\sigma}_e^2$: variância residual; $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual.

APÊNDICE H - Formação de grupos com base nas distâncias de Mahalanobis (D2) para os caracteres de crescimento em progênies de *Eucalyptus camaldulensis*, aos 10 anos de idade, no município de Selvíria-MS

EXP	Grupo	Progênie	Total
1pl	I	2, 5, 6, 9, 11, 12, 13, 15, 17, 19, 20, 21, 23, 25, 27, 28, 30, 31, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 44, 45, 46, 48, 49, 52, 53, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 62, 63, 64, 65, 66, 68, 69, 70, 71, 72, 74, 75, 78, 79, 80, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 90, 91, 94, 95, 98, 99, 101, 102, 103, 104, 105, 106, 107, 108, 112, 113, 114, 115, 116, 117, 118, 119, 120, 121, 122, 123, 124, 125, 126, 127, 128, 129, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 136	100
	II	3, 7, 10, 29, 51, 67, 81, 92	8
	III	14, 24, 47, 97	4
	IV	22, 50, 54, 73, 76, 89, 110,111	8
	V	18, 43	2
	VI	8, 16	2
	VII	32, 42, 82	3
	VIII	4, 61	2
	IX	77	1
	X	96	1
	XI	109	1
	XII	26	1
5 pl	I	1, 2, 4, 5, 6, 7, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 55, 56, 57, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 89, 91, 92, 93, 94, 95, 97, 98, 99, 101, 102, 103, 104, 106, 107, 108, 109, 110, 111, 112, 113, 114, 116, 117, 118, 119, 121, 122, 123, 124, 125, 126, 127, 128, 129, 130, 131, 132, 133, 135, 136	120
	II	38, 58, 77, 88	4
	III	8, 105, 134	3
	IV	30, 90	2
	V	120	1
	VI	9	1
	VII	100	1
	VIII	3	1
	IX	96	1
	X	115	1

APÊNDICE I **-** Relação de famílias e indivíduos genotipados em um teste de progênies de *Hymenaea stigonocarpa*, aos 5 anos de idade, no município de Selvíria-MS.

Matriz	N	Matriz	N	Matriz	N
1	18	**17***	8*	**31**	18
2	18	**18**	18	**32**	17
4	18	**19**	18	**33**	18
5	18	**20***	7*	**34***	6*
6	18	**21**	18	**35**	18
7	18	**22**	18	**36**	18
9	18	**23**	18	**37***	14*
10	18	**24**	18	**38**	18
11	18	**25**	18	**40**	18
12	18	**26**	18	**41***	11*
13	18	**27**	18	**42**	18
14	18	**28**	18	**43**	18
15	18	**29**	18	**45**	18
16	18	**30**	18		

*progênies não genotipadas

APÊNDICE J - Estimativas de variância para: altura total (ALT, m), diâmetro à altura do peito (DAP, cm), e sobrevivência (SOB, %) para *Hymenaea stigonocarpa*, aos cinco anos de idade, em Selvíria/MS.

Estimativas	**ALT (m)**	**DAP (cm)**	**SOB (%)**
$\hat{\sigma}_a^2$	1,2082	1,0579	0,0803
$\hat{\sigma}_e^2$	1,4383	2,6678	0,0880
$\hat{\sigma}_f^2$	2,6466	3,7258	0,1684

$\hat{\sigma}_a^2$ variância genética aditiva; $\hat{\sigma}_e^2$ variância residual (ambiental + não aditiva); $\hat{\sigma}_f^2$ variância fenotípica individual;