

MATEUS CHAGAS ANDRADE

**ESTRATÉGIAS DE MELHORAMENTO EM *Eucalyptus pellita* F. MUELL A PARTIR
DA DISTÂNCIA GENÉTICA**

Botucatu

2020

MATEUS CHAGAS ANDRADE

**ESTRATÉGIAS DE MELHORAMENTO EM *Eucalyptus pellita* F. MUELL A PARTIR
DA DISTÂNCIA GENÉTICA**

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências
Agronômicas da Unesp Campus de Botucatu, para
obtenção do título de Mestre em Ciência Florestal.

Orientador: Prof. Dr. Evandro Vagner Tambarussi
Coorientadora: Dra. Aline Cristina Miranda
Fernandes

Botucatu

2020

A553e

Andrade, Mateus Chagas

Estratégias de melhoramento em *Eucalyptus pellita* F. Muell a partir da distância genética / Mateus Chagas Andrade. -- Botucatu, 2020

75 p. : tabs., fotos, mapas

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrônômicas, Botucatu

Orientador: Evandro Vagner Tambarussi

Coorientadora: Aline Cristina Miranda Fernandes

1. Melhoramento genético. 2. *Eucalyptus pellita*. 3. Análise por agrupamento. 4. Análise multivariada. I. Título.

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

Essa ficha não pode ser modificada.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

Título: **“ESTRATÉGIAS DE MELHORAMENTO EM *Eucalyptus pellita* F. MUELL A PARTIR DA DISTÂNCIA GENÉTICA”**

AUTOR: MATEUS CHAGAS ANDRADE

ORIENTADOR: EVANDRO VAGNER TAMBARUSSI

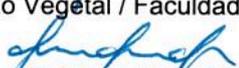
COORDINADORA: ALINE CRISTINA MIRANDA FERNANDES

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



Prof. Dr. EVANDRO VAGNER TAMBARUSSI
Engenharia Florestal / Universidade Estadual do Centro-Oeste


Prof. Dr. RINALDO CESAR DE PAULA
Produção Vegetal / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - UNESP - Jaboticabal


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

Botucatu, 03 de março de 2020.

A minha amada mãe Lindamir Chagas Andrade

(in memoriam),

dedico.

AGRADECIMENTOS

A Deus pelo dom da vida e proteção de todos os dias.

Ao meu orientador Evandro Vagner Tambarussi, pelo qual tenho muito respeito e admiração, por ser meu amigo e acreditar no meu potencial, todo apoio e orientação desde a graduação. Serei sempre grato.

À minha família por todo amor, carinho, apoio e paciência durante todo o período de estudos.

À minha namorada Iasmin, por todo amor, carinho, palavras de incentivo, conselhos, apoio em minhas decisões e pela paciência em me suportar nos dias de estresse. Te amo.

À minha coorientadora Aline Cristina Miranda Fernandes, pela amizade, orientação, por ser sempre solícita nos momentos de dúvida.

À empresa Suzano pela concessão dos dados, em especial ao Gerente Executivo de Genética e Melhoramento Florestal, Leandro de Siqueira por todo apoio, por acreditar e confiar na nossa parceria.

Aos meus colegas e amigos da República Alagoas, pela amizade e companheirismo durante esses dois anos.

Ao meu amigo Rafael Lima dos Santos pela amizade, parceria, apoio e companheirismo durante todo o período de estudos em Botucatu.

Aos meus colegas do Laboratório de Genética e Melhoramento Florestal – UNICENTRO, pelo companheirismo e convivência diária. Em especial ao João Gabriel e Matheus Perek, pela amizade e companheirismo desde os tempos da graduação, estágio e na pós-graduação.

À Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – FCA por abrir as portas do conhecimento e ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Florestal pelo acolhimento e permitir o meu crescimento no caminho profissional.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) – Código de Financiamento 001, pela bolsa de estudo concedida.

RESUMO

Eucalyptus pellita F. Muell é uma das espécies de importante interesse nos programas de melhoramento visando agregar alelos complementares, por meio da hibridação com espécies amplamente cultivadas, como o *E. grandis* e *E. urophylla*. Para isto, torna-se necessário o conhecimento da variabilidade genética e identificar possíveis grupos heteróticos de modo a orientar os programas de hibridação com o *E. pellita*. Neste sentido, a presente pesquisa objetivou estimar a variabilidade e a distância genética existente em procedências e progênies de *E. pellita*, por meio de caracteres quantitativos, a fim de subsidiar possíveis estratégias a serem executadas em um programa de melhoramento da espécie. Foi avaliado um teste de procedências e progênies, com 118 progênies pertencentes a sete procedências, além de um clone comercial como controle. O experimento foi delineado em blocos casualizados com cinco repetições, em parcelas lineares com nove plantas. Foram mensurados os caracteres quantitativos diâmetro a altura do peito (DAP), altura, volume individual e sobrevivência (%) aos sete anos de idade. Os dados foram submetidos a análise REML/BLUP, obtendo-se estimativas das componentes de variância, parâmetros genéticos e valores genéticos preditos (BLUP). Foi estimada a distância genética das procedências e progênies a partir da distância generalizada de Mahalanobis (D^2), e posterior formação de grupos heteróticos pelo método de agrupamento de Tocher e método da ligação média (UPGMA). Além disso, foi realizada a análise de componentes principais, para identificar o comportamento das procedências e progênies quanto aos caracteres de crescimento. Pelo teste LRT ($p < 0,01$) houve efeito significativo de procedências e progênies para os caracteres avaliados, exceto para procedências quando considerado o volume individual. De modo geral a variabilidade encontrada entre procedências e progênies foi de baixa magnitude. As herdabilidades individuais no sentido restrito (h_i^2) para os caracteres avaliados, variaram de 0,03 a 0,06, sendo a altura com a maior h_i^2 encontrada (0,06). Considerando o caráter volume, a maior divergência genética está dentro das progênies ($\hat{Q}_d = 0,96$) e a menor entre as procedências $\hat{Q}_{ST} = 0,01$. Portanto, ganhos de seleção tendem a ser maiores se a seleção for feita dentro de populações e progênies. As distâncias genéticas mínima e máxima entre pares de progênies foram, $D^2 = 0,101$ e $D^2 = 5,702$, respectivamente. O método de agrupamento de Tocher resultou na formação de 29 grupos divergentes entre as progênies. O método UPGMA resultou na formação dos mesmos 29 grupos, porém estes não foram totalmente correspondentes aos grupos formados pelo método de Tocher. Comparando os coeficientes de correlação cofenéticos, o agrupamento das progênies obtido pelo método de Tocher apresentou maior confiabilidade (0,89) em relação a UPGMA (0,63). O agrupamento das procedências pelo método de Tocher resultou em três grupos divergentes com CCC de 0,69, ao passo que o método UPGMA resultou em quatro grupos divergentes com CCC de 0,86, demonstrando maior confiabilidade do agrupamento. As procedências *Connl. A* e *“Orchard”* foram as mais divergentes em relação às demais avaliadas,

enquanto as procedências *M. Ray* e *Tully* apresentaram a maior similaridade. A altura foi o caráter de maior importância relativa para a estimativa da distância genética, tanto para progênies (73,9%) quanto para as procedências (81,6%). A análise de componentes principais (PCA) indicou maior divergência entre as procedências Connl. A e Orchard, corroborando com o que foi encontrado pelos métodos de agrupamento. Ainda pela análise de PCA, algumas progênies (67, 15, 120) tiveram bom desempenho para BLUP de volume. Os resultados obtidos geram informações importantes para que cruzamentos entre indivíduos contrastantes entre e dentro das procedências sejam realizados, a fim de obter híbridos de *E. pellita*, de modo a validar os possíveis grupos heteróticos obtidos a partir da distância genética e pelos métodos de agrupamento.

Palavras-chave: Análise multivariada. Melhoramento florestal. Grupos heteróticos. Híbridos.

ABSTRACT

Eucalyptus pellita F. Muell is an important species used in breeding programs to add complementary alleles through hybridization with widely cultivated species, such as *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla*. To guide hybridization programs with *E. pellita*, information about the genetic variability and the identification of possible heterotic groups of the species is necessary. As such, the present study aimed to estimate the variability and genetic distance among *E. pellita* provenances and progenies using quantitative traits. The goal was to inform possible strategies to be implemented in a species improvement program. A provenance and progeny test with 118 progenies belonging to seven *E. pellita* provenances was analyzed, with a commercial clone used as the control. The experiment was designed in randomized blocks with five replications in linear plots, and nine plants per plot. The following quantitative traits were measured at seven years of age: diameter at breast height (DBH), height, individual volume, and survival (%). The data were submitted to REML/BLUP analysis to obtain estimates of the variance components, genetic parameters, and predicted genetic values (BLUP). The genetic distance of the provenances and progenies was estimated from the generalized Mahalanobis distance (D^2). The formation of heterotic groups was subsequently identified using Tocher's clustering method and the unweighted pair group method with arithmetic mean (UPGMA). In addition, principal component analysis (PCA) was carried out to identify the behavior of the provenances and progenies in terms of growth traits. Based on the Likelihood-ratio Test (LRT; $p < 0.01$) there was a significant effect of provenances and progenies for the evaluated traits, except for provenances when considering individual volume. In general, the variability found between provenances and progenies was of low magnitude. Strict-sense individual heritabilities (h_i^2) for the evaluated traits ranged from 0.03 to 0.06, with height showing the highest h_i^2 (0.06). Considering volume, the greatest genetic divergence occurred within progenies ($\hat{Q}_d = 0.96$) and the smallest among provenances ($\hat{Q}_{ST} = 0.01$). Therefore, the gains tend to be greater if selection is made within populations and progenies. The minimum and maximum genetic distances between pairs of progenies were $D^2 = 0.101$ and $D^2 = 5.702$, respectively. Tocher's clustering method resulted in the formation of 29 divergent groups among the progenies. The results of UPGMA also showed the formation of 29 groups, but they

did not fully correspond to the groups identified by Tocher. Comparing the cophenetic correlation coefficients, the grouping of progenies obtained by Tocher showed greater reliability (0.89) compared to UPGMA (0.63). Grouping of the provenances based on Tocher clustering resulted in three divergent groups with a CCC of 0.69, whereas the UPGMA resulted in four divergent groups with a CCC of 0.86, demonstrating greater reliability of the later method. The provenances Connl. A and Orchard were the most divergent in relation to the others, while the provenances M. Ray and Tully showed the greatest similarity. Height was the most important trait for estimating genetic distance, both for progenies (73.9%) and provenances (81.6%). PCA indicated greater divergence between provenances Connl.A and Orchard, corroborating what was found by the grouping methods. PCA also showed that some progenies (67, 15, 120) performed well for volume based on the BLUP. The results generate important information that crosses between contrasting individuals among and within the provenances are carried out, in order to obtain *E. pellita* hybrids to validate the possible heterotic groups obtained from the genetic distance and by the grouping methods.

Keywords: Multivariate analysis. Forest improvement. Heterotic groups. Hybrids.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 – Mapa de aptidão climática para cultivo do <i>E. pellita</i> no Brasil.....	21
Figura 2 – Localização das populações de <i>E. pellita</i> em Queensland – Austrália e Papua-Nova Guiné.....	30
Figura 3 – Teste de procedência/progênie de <i>E. pellita</i> aos sete anos de idade em Mucuri-BA.....	31
Figura 4 – Correlações genéticas (A) e fenotípicas (B) entre os caracteres DAP, altura e volume individual em progênies de <i>E. pellita</i> aos 7 anos de idade em Mucuri - BA.....	39
Figura 5 – Box-plot de DAP (A), altura (B) e volume individual (C) de sete procedências de <i>E. pellita</i> e testemunha, aos 7 anos de idade em Mucuri-BA.....	41
Figura 6 – Percentual de sobrevivência de procedências de <i>E. pellita</i> e clone comercial (testemunha), avaliadas aos 7 anos de idade em Mucuri-BA.....	42
Figura 7 – Média de DAP, altura e volume individual de cada grupo heterótico formado pelo método de Tocher, para progênies de <i>E. pellita</i> , avaliadas aos 7 anos de idade em Mucuri-BA.....	52
Figura 8 – Dendrograma obtido pelo método UPGMA com base na distância generalizada de Mahalanobis (D^2), formando 29 grupos a partir dos valores genéticos (BLUP) de 118 progênies de <i>E. pellita</i> aos 7 anos de idade, Mucuri-BA.....	57
Figura 9 – Dendrograma obtido pelo método UPGMA com base na distância generalizada de Mahalanobis (D^2), para sete procedências de <i>E. pellita</i> aos sete anos de idade.....	58
Figura 10 – Coeficiente de correlação cofenético entre a matriz de distância de Mahalanobis (D^2) das progênies de <i>E. pellita</i> e a matriz cofenética do método de agrupamento de Tocher e método de agrupamento UPGMA.....	59
Figura 11 – Coeficiente de correlação cofenético entre a matriz de distância de Mahalanobis (D^2) das procedências de <i>E. pellita</i> e a matriz cofenética do método de Tocher e do método de agrupamento UPGMA.....	60

Figura 12 – Importância relativa dos caracteres para a estimativa da divergência genética em progênies e procedências de <i>E. pellita</i> aos 7 anos de idade.....	61
Figura 13 – Dispersão das progênies de <i>E. pellita</i> em função dos escores dos dois componentes principais, baseado nos valores genéticos preditos (BLUP) dos caracteres quantitativos DAP, altura e volume, aos 7 anos de idade em Mucuri-BA.....	62
Figura 14 – Dispersão das procedências de <i>E. pellita</i> em função dos escores dos dois componentes principais, baseado nos valores genéticos preditos (BLUP) dos caracteres quantitativos DAP, altura e volume, aos 7 anos de idade em Mucuri-BA.....	64

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Procedências de <i>E. pellita</i> originárias de Queensland – Austrália e Papua-Nova Guiné, presentes no teste de procedência/progênie instalado em Mucuri-BA.....	29
Tabela 2 – Efeitos aleatórios e fixos do modelo misto ajustado, a partir dos caracteres DAP, altura e volume individual, em teste de procedência/progênie de <i>E. pellita</i> , aos 7 anos de idade, em Mucuri – BA.....	38
Tabela 3 – Parâmetros genéticos e componentes de variância para os caracteres DAP, altura e volume individual, em teste de procedência/progênie de <i>E. pellita</i> , aos sete anos de idade, em Mucuri – BA.....	45
Tabela 4 – Estimativa de ganhos de seleção individual (%), nova média e tamanho efetivo populacional (N_e) para os caracteres DAP, altura e volume individual, em teste de procedência/progênie de <i>E. pellita</i> , aos sete anos de idade, em Mucuri – BA.....	46
Tabela 5 – Agrupamento das progênies de <i>E. pellita</i> aos 7 anos de idade, pelo método de otimização de Tocher, a partir da distância generalizada de Mahalanobis (D^2), baseado nos valores genéticos preditos (BLUP) para caracteres DAP, altura total e volume individual, em Mucuri-BA.....	49
Tabela 6 – Valores genéticos preditos (BLUP) das 30 melhores progênies de <i>E. pellita</i> pertencentes a sete procedências, aos sete anos de idade em Mucuri-BA.....	53
Tabela 7 – Agrupamento das procedências de <i>E. pellita</i> aos 7 anos de idade, pelo método de otimização de Tocher, a partir da distância generalizada de Mahalanobis (D^2), baseado nos caracteres DAP, altura total e volume individual, em Mucuri-BA.....	54

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	19
2	REVISÃO DE LITERATURA	21
2.1	<i>Eucalyptus pellita</i> F. Muell.....	21
2.2	Parâmetros genéticos quantitativos.....	23
2.3	Divergência genética em caracteres silviculturais.....	24
2.4	Análise de agrupamento e análise de componentes principais (PCA)	25
2.5	Grupos heteróticos	27
3	MATERIAL E MÉTODOS	29
3.1	Delineamento experimental.....	29
3.2	Avaliação do teste de procedência/progênie	31
3.3	Análise estatística e componentes de variância.....	32
3.4	Estimativa dos parâmetros genéticos.....	33
3.5	Tamanho efetivo populacional (N_e)	35
3.6	Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2)	35
3.7	Método de Otimização de Tocher	36
3.8	Método da ligação média (UPGMA)	37
3.9	Importância dos caracteres na estimativa da divergência genética	37
3.10	Análise de componentes principais (PCA)	38
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	39
4.1	Parâmetros genéticos, correlações, sobrevivência (%).....	39
4.2	Ganhos de seleção e tamanho efetivo populacional	46
4.3	Distâncias genéticas e agrupamentos.....	47
4.3.1	Agrupamento método de otimização de Tocher	48
4.3.2	Agrupamento método da ligação média (UPGMA)	55
4.4	Coeficientes de correlação cofenéticos	59
4.5	Importância dos caracteres na estimativa da distância genética.....	60
4.6	Análise de componentes principais	62
5	CONCLUSÕES	65
	REFERÊNCIAS.....	67
	APÊNDICE A – Distância média intergrupos de progênies de <i>E. pellita</i> aos sete anos em Mucuri-BA.....	75

1 INTRODUÇÃO

No Brasil, o *Eucalyptus* destaca-se como o gênero fundamental para a geração de recursos econômicos e é um dos gêneros mais estudados em termos de genética da família Myrtaceae (GRATTAPAGLIA et al., 2012). Espécies como *E. grandis* Hill ex Maiden, *E. urophylla* S.T. Blake e *E. saligna* Sm, são amplamente cultivadas para o uso na indústria de papel e celulose. No entanto, muitas espécies ainda estão sendo testadas para serem utilizadas em programas de melhoramento e assim obter genótipos potenciais para os objetivos das indústrias (ASSIS et al., 2015), sendo *Eucalyptus pellita* F. Muell uma dessas espécies.

E. pellita embora tenha crescimento, em geral, inferior às espécies de *Eucalyptus* mais utilizadas no Brasil, a sua moderada resistência à *Cryphonectria cubensis* (fungo causador do cancro do eucalipto) (ZANATA et al., 2010), tolerância à seca (MULLER et al., 2015), propriedades químicas vantajosas para a produção de celulose e papel (ARISANDI et al., 2019), densidade superior a 550 kg/m³, contribuem para que a espécie possa ser incluída em programas de melhoramento a fim de incorporar esses caracteres, principalmente em híbridos interespecíficos com as espécies de alto crescimento (ASSIS et al., 2015).

Em programas de melhoramento, as populações base são formadas a partir de teste de procedências e/ou progênies por permitir o acompanhamento de caracteres quantitativos como diâmetro a altura do peito (DAP), altura, volume, forma do fuste, e até mesmo a sobrevivência, e estes refletem o crescimento e a adaptação dos genótipos que compõe estas populações (ZARUMA et al., 2015).

As estimativas obtidas a partir da combinação de testes de procedências e progênies nos programas de melhoramento, permitem verificar a variabilidade genética dos genótipos, com o interesse principal na obtenção de ganhos com seleção e conservação de base genética. Estes testes permitem, ainda, a seleção de populações melhores adaptadas e mais produtivas para as regiões de interesse, e de forma simultânea a seleção das melhores progênies dentro das procedências, além indivíduos superiores para testes clonais (RESENDE et al., 2000).

Para melhor entendimento sobre o comportamento e desempenho dos genótipos, a fim de potencializar ganhos com a seleção, identificando genótipos mais produtivos, o uso de várias populações é necessário, para identificar as

especificidades dos genótipos às condições ambientais, de modo a obter indivíduos adaptados e produtivos (MORI et al., 1988).

Além disso, o conhecimento mais acurado sobre as populações de *E. pellita* é necessário, a fim de identificar possíveis misturas entre progênies ocorridas na coleta de sementes (MULLER et al., 2015). Neste sentido, o entendimento da divergência genética em populações de *E. pellita*, tende a contribuir com a continuidade dos programas de melhoramento desta espécie, definindo as futuras estratégias a serem tomadas.

Além do melhoramento de populações visando o avanço de gerações, o sucesso dos programas de melhoramento também é dependente de ações a curto prazo. A condução de hibridações entre genitores de populações divergentes, buscando a complementaridade de características entre genótipos que possuam boa capacidade geral e específica de combinação, é um exemplo (ROCHA et al., 2007). Portanto, metodologias que possibilitem orientar a definição de genitores a serem utilizados nas hibridações são necessárias, para que cruzamentos entre genótipos superiores e divergentes sejam realizados, permitindo maior concentração de alelos complementares durante os ciclos de melhoramento.

Para isto, os métodos de análise multivariada para a estimativa da divergência genética entre genótipos, são úteis para a definição dos genitores potenciais no programa de melhoramento, como os métodos de estimativa da distância genética entre indivíduos e dos métodos de agrupamento (CRUZ e CARNEIRO, 2003; RESENDE et al., 2014).

De acordo com Resende e Assis (2008) surgiu a necessidade, principalmente em regiões de fronteira florestal, unir características como alto crescimento, alta densidade básica, rendimento em celulose e principalmente a resistência a seca e doenças, em um único genótipo. Esse genótipo que pode reunir as características citadas, pode ser obtido por meio da hibridação entre espécies de alto crescimento como *E. grandis* e *E. urophylla*, com principalmente as espécies: *E. globulus*, *E. camaldulensis*, *E. pellita*, *E. dunnii*, *E. benthamii*, *E. viminalis*.

Neste contexto, este trabalho objetivou avaliar a variabilidade por meio de parâmetros genéticos e a distância genética entre procedências e progênies de *E. pellita* por meio de caracteres quantitativos, a fim de subsidiar possíveis estratégias a serem executadas em um programa de melhoramento da espécie.

2 REVISÃO DE LITERATURA

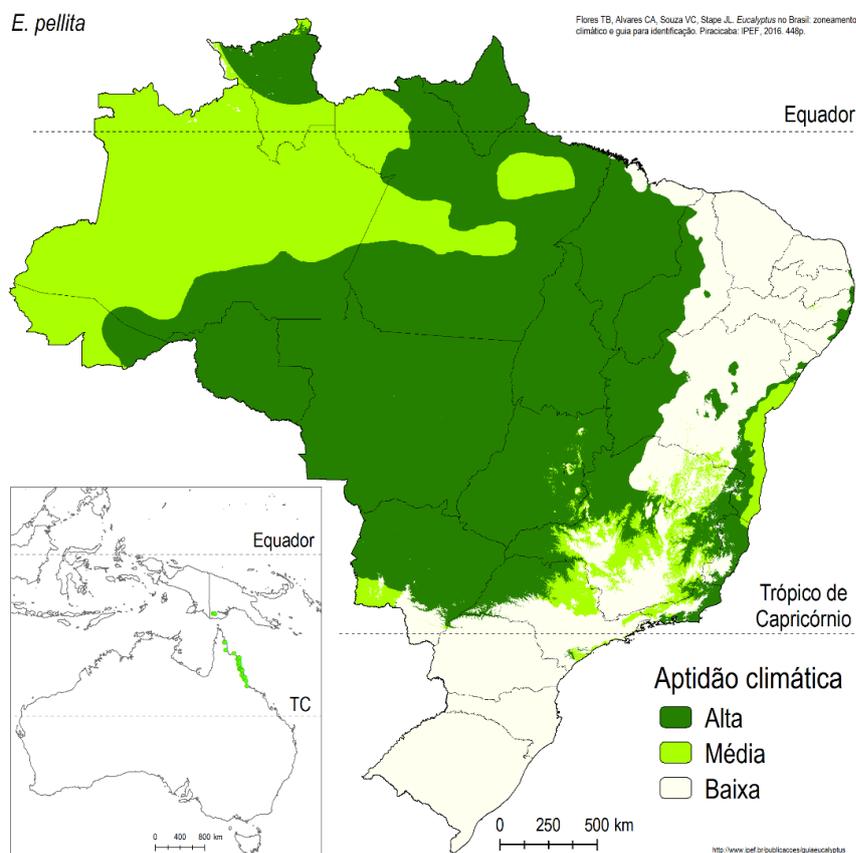
2.1 *Eucalyptus pellita* F. Muell

Nativa do sul da Papua-Nova Guiné e litoral norte de Queensland na Austrália, *E. pellita* é uma espécie tropical, distribuída naturalmente entre as latitudes 8°S e 19°S, desde o nível do mar até 700 m de altitude, em uma faixa costeira úmida entre Townsville e Cape Flattery, em florestas formadas por uma grande variedade de espécies de *Eucalyptus* (BOLAND et al., 1984).

A região de origem possui os tipos climáticos Aw e Am, e em alguns pontos os tipos Af e Cwa. O clima exigido por esta espécie é composto por temperatura média anual entre 22 e 27 °C e precipitação anual entre 1.110 e 2.800 mm (FLORES et al., 2016). A espécie apresenta excelente forma do fuste, pode superar 40 m de altura e 1 m de diâmetro à altura do peito (DAP).

No Brasil, de acordo com Flores et al. (2016), a espécie possui aptidão climática para ser cultivada a partir do Sudeste até o Norte do país e em algumas regiões no litoral do Nordeste (Figura 1).

Figura 1 – Mapa de aptidão climática para cultivo do *E. pellita* no Brasil



Fonte: FLORES et al. (2016)

No Brasil, as florestas de *E. pellita* têm sido estabelecidas principalmente para a produção de carvão vegetal devido a suas características de densidade (OLIVEIRA et al., 2010). Porém, nos programas de melhoramento, além da densidade da madeira, o *E. pellita* tem sido utilizado por possuir resistência à seca, às doenças como ferrugem do eucalipto (*Puccinia psidii*) e manchas foliares por fungos do gênero *Cylindrocladium* (RESENDE; ASSIS, 2008; ASSIS et al., 2015).

Em busca de genótipos de alta produtividade e com qualidade da madeira superior, a produção de híbridos interespecíficos tem sido a estratégia utilizada pelas empresas que cultivam o Eucalipto. Assim, o uso do *E. pellita*, que está entre as espécies de eucaliptos com maior densidade da madeira, combinado com espécies de alto crescimento como o *E. grandis* (MULLER et al., 2015) e até mesmo com clones comerciais como o híbrido *Eucalyptus urophylla* x *Eucalyptus grandis*, possibilita a obtenção de genótipos de alta produtividade e qualidade da madeira (ASSIS, 1996).

Alguns estudos demonstraram que algumas espécies de *Eucalyptus* possuem sistema misto de reprodução (GAIOTTO et al., 1997; CHAIX et al., 2003; BERTONCINI et al., 2017), ou seja, que na polinização aberta além de possuir cruzamentos entre indivíduos, ocorrem autofecundações, resultando em endogamia e diferentes níveis de parentescos como meios-irmãos, irmãos completos e irmãos de autofecundação (MIRANDA et al., 2015). O *E. pellita* está entre as espécies consideradas com sistema misto de reprodução (HUNG et al., 2015), sendo comprovado por House e Bell (1996) que a espécie não possui alogamia perfeita, devido a uma taxa de cruzamento (t) média de 0,55, assim o restante do parentesco é resultante de diferentes formas de reprodução como autofecundações, configurando a espécie como de sistema misto de reprodução.

Em um programa de melhoramento florestal, o tipo de reprodução tem influência direta nas estimativas dos parâmetros genéticos, por conta da porção da variância genética que possui efeito aditivo na próxima geração e que é definida a partir de um nível de parentesco (HUNG et al., 2015). O coeficiente médio de parentesco (\bar{p}) assumido para progênies de meios-irmãos é $\bar{p} = 0,25$ (FALCONER; MACKAY, 1996), porém, em espécies como *E. pellita* que não possuem alogamia perfeita, este coeficiente de parentesco pode ser superior a 0,50 (ZANATA et al., 2010). Assim, ao assumir alogamia perfeita em espécies com sistema misto de reprodução, ocorrem superestimativas nas estimativas de variâncias genéticas

aditivas e, conseqüentemente, superestimativas dos coeficientes de herdabilidade, induzindo a erros nas estimativas dos ganhos genéticos com a seleção (ZANATA et al., 2010).

2.2 Parâmetros genéticos quantitativos

Nos programas de melhoramento de plantas, a seleção e a recombinação de indivíduos e progênies, são imprescindíveis para a obtenção de indivíduos fenotipicamente superiores (ALLARD, 1999). Para tal, torna-se necessário a estimativa de parâmetros genéticos de modo a auxiliar e direcionar as ações do melhorista em busca da maximização dos ganhos em produtividade, além da conservação dos materiais genéticos (SOUSA et al., 2011; KAGEYAMA; VENCOVSKY, 1983).

A estimativa dos parâmetros genéticos é baseada em componentes de variância, onde a partir de testes de progênies podem ser estimados por procedimentos estatísticos, visando à obtenção das variâncias decompostas da variância total, por meio da esperança dos quadrados médios, do método dos mínimos quadrados, além da utilização do procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não-viesada) (ROCHA et al., 2006). Esse procedimento possui grande aplicabilidade no melhoramento florestal, pois permite estimativas mais precisas da herdabilidade e dos ganhos na seleção em experimentos desbalanceados (ROCHA et al., 2007).

Dos parâmetros genéticos estimados a partir dos testes de progênies, a herdabilidade possui grande importância, pois expressa o controle genético do caráter de interesse, assim demonstrando o potencial que o caráter possui para o melhoramento genético (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

De acordo com Zobel e Talbert (1984), os valores de herdabilidade de uma população expressam as diferenças genéticas que compõe a variação desta população, indicando o grau em que os genitores transmitem suas características para à prole. Em caracteres quantitativos a herdabilidade é obtida considerando o quociente da variância genética aditiva e a variância fenotípica, sendo importante para a predição do valor fenotípico aliado ao valor reprodutivo do caráter (KAGEYAMA e VENCOVSKY, 1983).

No melhoramento florestal, usualmente duas herdabilidade são empregadas: herdabilidade no sentido restrito que utiliza apenas a porção aditiva da variância

genética e assim permite melhorar a capacidade geral de combinação dos genitores nos programas de melhoramento e a herdabilidade no sentido amplo, que considera na estimativa a variância genética total da população, sendo utilizada na propagação vegetativa (ZOBEL e TALBERT, 1984).

A herdabilidade no sentido restrito do indivíduo é menor que a herdabilidade média das progênes para o caráter de interesse, assim o melhorista poderá aplicar a seleção dos indivíduos com base no caráter de interesse a partir da média das progênes, aumentando a eficiência da seleção (SAMPAIO et al., 2002).

Outro parâmetro amplamente utilizado na seleção é o coeficiente de variação genético, que expressa a variabilidade genética do caráter de interesse entre progênes (RESENDE, 2002). Tratando-se de progênes, o coeficiente de variação genético aditivo, é de grande importância para o melhoramento, sendo usualmente aplicado para avaliar a variabilidade genética que é transmitida para a próxima geração (RESENDE, 2002).

Em experimentos de avaliação de genótipos, não se deve considerar apenas o aspecto estatístico, mas também o ponto de vista genético. Para isto um dos parâmetros que permite avaliar a qualidade do experimento é a acurácia seletiva (RESENDE e DUARTE, 2007). No melhoramento de plantas uma das dificuldades em obter ganhos expressivos é a baixa acurácia seletiva, a qual indica a precisão da seleção e a correlação entre valores genéticos preditos e valores genéticos reais. Portanto, quanto mais próximo da unidade for o valor de acurácia, maior será confiança no valor genético predito, utilizado para a seleção (PIMENTEL et al., 2014).

Outro parâmetro importante no melhoramento florestal e que potencializa os ganhos com a seleção de genótipos, é o coeficiente de variação relativo (\hat{b}). Este é obtido a partir da relação entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação experimental, assim, quanto maior que a unidade ($\geq 1,0$) for o valor de \hat{b} , maior será o controle genético do fenótipo e menor a influência do ambiente sobre este, contribuindo diretamente no progresso das estimativas dos ganhos obtidos com a seleção (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992).

2.3 Divergência genética em caracteres silviculturais

A introdução de novas populações de *Eucalyptus* no Brasil a partir de populações naturais da Austrália, fez com que surgissem alguns questionamentos

sobre a origem e, principalmente, a divergência genética entre estas populações, devido ao possível processo de redução desta diversidade em razão de cruzamentos entre indivíduos aparentados, autofecundações e pelo pequeno tamanho efetivo destas populações (CAIXETA et al., 2003). Portanto, a necessidade em conhecer e compreender a origem e o grau de divergência genética entre genótipos em relação à caracteres de interesse, torna-se útil para qualquer programa de melhoramento (CHATURVEDI e PANDEY, 2001)

A divergência genética entre procedências é definida por fatores evolutivos, fluxo gênico, deriva genética e seleção natural, de modo que a maior parte da variação genética concentra-se dentro das procedências, e nas progênes da procedência, a maior variação genética encontra-se dentro (SEBBENN et., 2005). Esta divergência genética pode ser estimada a partir de características morfológicas e moleculares (CRUZ; CARNEIRO, 2003), resultando em informações importantes para o conhecimento da base genética das populações (FERRÃO et al., 2002).

No melhoramento de *Eucalyptus*, a estimativa da divergência genética de genitores baseada em caracteres quantitativos, permite orientar a seleção de genitores para a produção de híbridos (ROCHA et al., 2007). Do mesmo modo que a diversidade genética é utilizada para a identificação de híbridos, quando esta é alta, buscando potencializar o efeito de heterose e aumento da heterozigose, permitindo recuperar genótipos superiores ao logo das gerações segregantes (SCAPIM et al., 1999).

No entanto, o uso de marcadores moleculares, mesmo que tenha sido comprovadamente útil para a determinação da divergência genética e de grupos heteróticos, estes foram questionados em virtude das baixas correlações encontradas para a predição do comportamento dos híbridos (BORÉM e MIRANDA, 2013). Porém, quando os marcadores moleculares foram utilizados para a predição de híbridos juntamente com os dados de produtividade relacionados, ou seja, caracteres quantitativos, mostrou-se viável para este fim, devido a predição ser baseada no BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*), o qual adota um modelo genético aditivo intrapopulacional (BERNARDO, 1994).

2.4 Análise de agrupamento e análise de componentes principais (PCA)

A análise de agrupamento pertence ao grupo de técnicas de Análises Multivariadas, classificadas por Kendall (1950) como: “Técnicas de análise da

interdependência e relações entre si de um conjunto de variáveis”. No entanto, Johnson e Wichern (1988) classificam a análise de agrupamento como um “Método para Distinção entre Grupos”.

Na análise de agrupamento, algumas medidas de dissimilaridade podem ser aplicadas para a estimativa de distâncias entre fenótipos, como a distância Euclidiana e a distância de Mahalanobis (1936). Ambas as medidas permitem a formação de grupos não conhecidos previamente (CRUZ e REGAZZI, 1994; CRUZ e CARNEIRO, 2003). A distância generalizada de Mahalanobis apresenta vantagem sobre a distância Euclidiana, pois considera as correlações e a magnitude das variâncias e covariâncias residuais existentes entre os caracteres quantitativos (CRUZ e CARNEIRO, 2003; HAIR JÚNIOR et al., 2009; RESENDE et al., 2014).

De acordo com Resende et al. (2014), tratando-se das estimativas das distâncias entre genótipos, é recomendado o uso dos valores genéticos preditos (BLUPs) para a estimativa das distâncias entre grupos de genótipos ao invés dos caracteres fenotípicos, principalmente quando se faz uso de modelos mistos com efeito de genótipo com aleatório. Além de que a matriz de variâncias e covariâncias dos BLUPs deve ser utilizada para a estimativa da distância de Mahalanobis, substituindo a inversa da matriz de dispersão residual usada nos modelos com efeito fixo para tratamento (RESENDE et al., 2014).

Como no agrupamento busca-se obter informações para cada par de genitores e o número de estimativas de dissimilaridade é relativamente grande, sendo inviável a observação visual dos grupos formados, torna-se necessário o uso de algum método de agrupamento para facilitar e credibilizar a análise (CRUZ et al., 2012). Os métodos de agrupamento podem ser classificados em: métodos de otimização e hierárquicos.

O método de agrupamento de Tocher (RAO, 1952) é considerado um método de otimização, pois os grupos são formados pela adequação de algum critério. Neste caso, a média das distâncias de dissimilaridades dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre os outros grupos (CRUZ et al., 2012). A facilidade de interpretação torna o método de otimização de Tocher o mais indicado para o agrupamento de um grande número de genótipos, devido os agrupamentos serem exclusivos e não vazios (ROCHA et al., 2007).

No método hierárquico da ligação média - UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages*) os indivíduos são agrupados por um processo que

se repete em vários níveis até que seja obtido um dendrograma que represente o agrupamento (CRUZ et al., 2012). De acordo com Sokal e Rohlf (1962) o método UPGMA tende a produzir menor distorção quanto à representação das similaridades entre os indivíduos de um dendrograma, ou seja, apresentará coeficiente de correlação cofenético de maior magnitude.

Em estudos recentes, a distância generalizada de Mahalanobis mostrou-se importante para a estimativa da divergência genética em espécies florestais como em *Pinus caribaea* var. *caribaea* (SILVA et al., 2012), *Eucalyptus camaldulensis* (COSTA et al., 2016) e *Corymbia citriodora* (LUZ et al., 2018), além do método de otimização de Tocher e o método de UPGMA, que foram aplicados para a formação de grupos divergentes.

Além dos métodos de agrupamento, a análise de componentes principais (*Principal Component Analysis* - PCA) pode ser aplicada a fim de obter informações sobre a divergência entre genótipos. A análise de componentes principais é uma técnica de Análise Multivariada, classificadas como: “Técnicas de análise da interdependência e relações entre si de um conjunto de variáveis” (KENDALL, 1950). Porém, Johnson e Wichern (1988), classificam a análise de componentes principais como “Método para Estudo da Estrutura de Covariância ou Correlação entre variáveis”.

A análise de componentes principais (PCA) permite visualizar grupos e genótipos mais e menos divergentes, por meio da dispersão gráfica dos genótipos em dois eixos coordenados a partir de uma estrutura multivariada resumida dos caracteres quantitativos, ou seja, as variáveis são substituídas por dois componentes principais que são independentes entre si e estimados de modo a reter o máximo da variação (CRUZ et al., 2012; RESENDE et al., 2014).

2.5 Grupos heteróticos

O conceito de grupo heterótico é bastante difundido no meio agrícola, principalmente na cultura do milho, onde o conjunto de linhagens endogâmicas relacionadas, quando cruzadas com linhagens de grupos diferentes, tendem a formar híbridos potenciais (ERTIRO et al., 2017). Os grupos heteróticos são obtidos a partir de cruzamentos dialélicos, onde os genótipos potenciais são cruzados entre si, de modo que seja possível estimar a heterose de cada cruzamento, além da capacidade específica de combinação que mensura a complementaridade dos alelos favoráveis

(SOUZA JUNIOR, 2001). No melhoramento florestal este conceito de grupo heterótico ainda não é consolidado pela ausência de linhagens, no entanto, estamos propondo aqui esta avaliação. Inicialmente, ocorreria a definição de grupos de genitores divergentes com as análises de distância genética para, posteriormente, confirmar a superioridade da descendência com os cruzamentos.

Portanto, é importante para o melhorista o conhecimento sobre a similaridade entre os genótipos, a fim de definir a estratégia de exploração do germoplasma (LENG et al., 2019). E é por meio da divergência genética entre os genótipos do germoplasma que torna-se possível a formação de grupos heteróticos, baseados em caracteres quantitativos (SAMPSON, 2015), possibilitando a recomendação de cruzamentos entre indivíduos divergentes (SCAPIM et al., 1999).

Para isto, no melhoramento genético há métodos de análise de agrupamentos (ou análise de *cluster*), que permitem a formação de grupos de indivíduos, de forma que haja maior homogeneidade dentro do grupo e a máxima heterogeneidade entre os grupos (CRUZ; REGAZZI, 2001).

Os indivíduos presentes nos grupos mais divergentes, possuem potencial ou prioridade para o intercruzamento entre as progênes superiores destes grupos, assim deve-se evitar cruzamentos entre progênes de grupos similares para que a variabilidade não seja restrita e comprometa os ganhos obtidos pela seleção (SCAPIM et al., 1999). Os cruzamentos de grupos divergentes de progênes podem compor pomares de sementes por mudas ou pomares clonais, facilitando os cruzamentos futuros entre progênes divergentes, permitindo o aumento do efeito heterótico e da variabilidade genética nas gerações segregantes (SCAPIM et al., 1999).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Delineamento experimental

O experimento avaliado é um teste de procedência/progênie de *E. pellita*, oriundo de polinização aberta, localizado no município de Mucuri, no estado da Bahia, na latitude 18°01'23,14" S e longitude 39°54'45.18" W. O clima da região segundo a classificação climática de Köppen e Geiger (1936) é Af, ou seja, tropical chuvoso de floresta sem estação seca; pluviosidade média mensal superior a 60 mm e média anual de 1.583 mm, a temperatura média anual é de 24,3 °C, com verões longos e quentes, solo do tipo Argissolo Amarelo, altitude de 78 m.

O experimento foi instalado no ano de 2010, em delineamento de blocos casualizados, com 119 tratamentos, sendo 118 progênies oriundas de sete procedências (Tabela 1) e um clone comercial do híbrido *E. urophylla* x *E. grandis*, utilizado como controle.

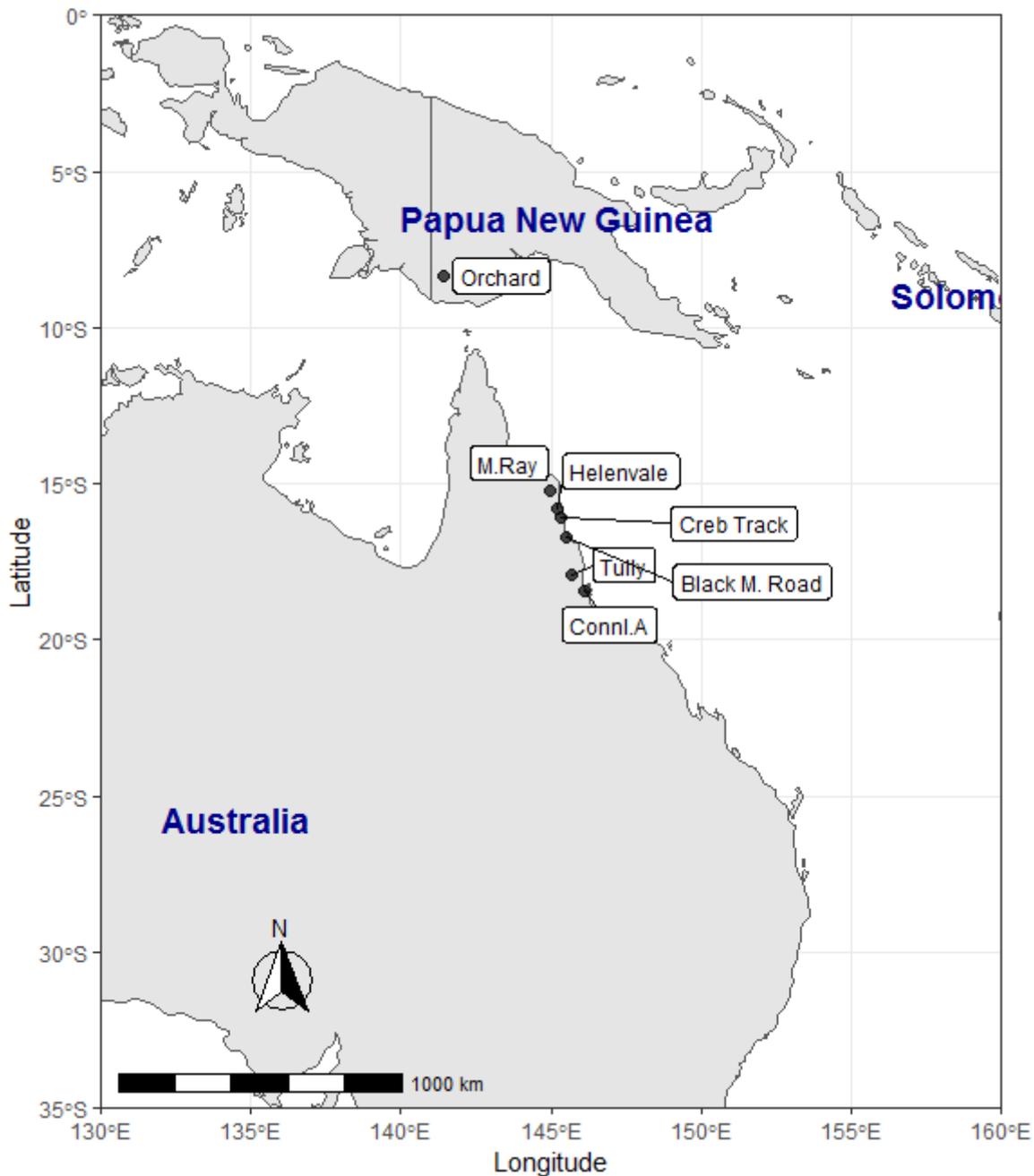
Tabela 1 – Procedências de *E. pellita* originárias de Queensland – Austrália e Papua-Nova Guiné, presentes no teste de procedência/progênie instalado em Mucuri-BA

Procedência	Nº de Progênies	Lat. (S)	Long. (L)	Alt. (m)	Tm (°C)	Pm (mm)	Nível de Melhoramento
Helenvale	17	15° 48.124'	145° 13.743'	241	25,6	1814	Selvagem
M.Ray	21	15° 12.831'	144° 58.609'	282	25,6	1814	Selvagem
Tully	15	17° 54.678'	145° 41.925'	63	23,7	3311	Selvagem
Connl. A	4	18° 26.587'	146° 07.532'	40	23,9	2121	Selvagem
Black M. Road	19	16° 41.429'	145° 31.121'	424	25,0	1989	Selvagem
Creb Track	21	16° 03.493'	145° 18.222'	220	25,0	1989	Selvagem
Orchard	21	08° 20'	141° 26'	37	28,5	919	PSM (Não definido)

Lat. (S): latitude sul; Long. (L): longitude leste; Alt: altitude; Tm: temperatura média; Pm: precipitação média; PSM: Pomar de Sementes por Muda.

As procedências *Helenvale*, *M.Ray*, *Tully*, *Connl. A*, *Black M.Road* e *Creb Track* são populações naturais do litoral norte do estado de Queensland – Austrália, enquanto que a procedência *Orchard* é proveniente de Papua-Nova Guiné (Figura 2).

Figura 2 - Localização das populações de *E. pellita* em Queensland – Austrália e Papua-Nova Guiné



A procedência *Orchard*, trata-se de um pomar de *E. pellita* com algum grau de melhoramento, porém não é possível detalhar o nível de melhoramento existente. Este

pomar foi estabelecido no início da década de 1990 a partir de uma coleção de sementes pertencentes ao CSIRO (*Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation*).

O ensaio foi instalado com cinco repetições em parcelas lineares com nove plantas/parcela (Figura 3), o espaçamento utilizado foi o de 3 m x 2 m entre plantas, totalizando em 5.355 plantas.

Figura 3 - Teste de procedência/progênie de *E. pellita* aos sete anos de idade em Mucuri-BA (Linha negra delimitando a área do experimento)



Fonte: SUZANO (2018)

3.2 Avaliação do teste de procedência/progênie

O experimento foi mensurado aos sete anos de idade, sendo avaliados os caracteres quantitativos individuais de importância silvicultural: diâmetro à altura do peito (DAP), altura total e estimado o volume individual utilizando o fator de forma (f) de 0,42, o qual é de uso para as florestas de eucalipto da empresa.

3.3 Análise estatística e componentes de variância

Para a estimativa dos componentes de variância e, conseqüentemente, dos parâmetros genéticos, baseados nos caracteres quantitativos avaliados, foi ajustado um modelo linear misto a partir do pacote estatístico *lme4* (BATES et al., 2015), o qual é indicado para análise de modelos mistos, a partir do método REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não-viesada) a fim de predizer os valores genéticos das progênies e procedências.

O modelo linear misto foi ajustado com o auxílio do software estatístico R (R CORE TEAM, 2019):

$$Y_{ijkl} = \mu + b_i + t_j + f_{j:k} + (tb)_{ij} + (fb)_{j:ki} + e_{ijkl} \quad (1)$$

Em que, Y_{ijkl} é o valor fenotípico do l -ésimo indivíduo da k -ésima progênie da j -ésima procedência na i -ésima repetição; μ é o termo fixo da média geral do caráter em análise; b_i é o efeito fixo da i -ésima repetição; t_j é o efeito aleatório da j -ésima procedência; $f_{j:k}$ é o efeito aleatório da k -ésima progênie na j -ésima procedência; $(tb)_{ij}$ é o efeito da interação entre a j -ésima procedência e a i -ésima repetição; $(fb)_{j:ki}$ é o efeito da interação entre a i -ésima repetição e a k -ésima progênie da j -ésima procedência; e_{ijkl} é o efeito do erro experimental relativo da l -ésima árvore dentro da k -ésima progênie da j -ésima procedência na i -ésima repetição.

Foi utilizado o pacote *lmerTest* (KUZNETSOVA et al., 2017) a fim de extrair e testar os efeitos aleatórios e fixos, bem como as suas respectivas significâncias, por meio do teste de Qui-Quadrado (χ^2) para os efeitos aleatórios e o teste F para o efeito fixo (repetição).

Os componentes de variância do modelo misto ajustado, foram extraídos por meio da função "VarCorr" do pacote *lme4*, sendo os componentes: variância genética entre progênies (σ_g^2), variância entre procedências (σ_p^2), variância ambiental (σ_e^2), variância residual dentro (σ_d^2) e variância fenotípica (σ_f^2).

Para a estimativa da variância genética aditiva (σ_A^2), as progênies foram assumidas oriundas de sistema misto de reprodução, ou seja, além de cruzamentos, podem ser oriundas de autofecundações.

Portanto, a variância genética aditiva ($\sigma_A^2 = \sigma_g^2 / \bar{\rho}$) foi obtida conforme (SQUILLACE, 1974), considerando um coeficiente médio de parentesco ($\bar{\rho}$) obtido de Zanata et al. (2010) de $\bar{\rho} = 0,576$ para *E. pellita*.

3.4 Estimativa dos parâmetros genéticos

Baseados nos componentes de variância estimados, os coeficientes de herdabilidade e coeficientes de variação foram estimados com base em Namkoong (1979), em que a herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}_i^2) foi estimada pela equação (2), e a herdabilidade dentro de progênes (\hat{h}_d^2) estimada pela equação (3):

$$\hat{h}_i^2 = \frac{\hat{\sigma}_p^2 / \bar{\rho}}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2} \quad (2)$$

$$\hat{h}_d^2 = \frac{(1 - \bar{\rho})\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_d^2} \quad (3)$$

Em que: $\bar{\rho}$ = coeficiente médio de parentesco (0,576).

Foram estimados conforme descrito por Falconer (1987) os desvios padrões das herdabilidade individuais no sentido restrito, por meio da equação:

$$\hat{s}(h_i^2) = \sqrt{\frac{32 \cdot h_i^2}{nbp}} \quad (4)$$

Onde nbp: número total de árvores avaliadas para cada caráter, no experimento.

O coeficiente de variação genética aditiva individual foi estimado pela equação (5), coeficiente de variação genético entre progênes estimado pela equação (6) e coeficiente de variação experimental estimado pela equação (7):

$$CV_{gi}(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_A^2}}{\bar{m}} \cdot 100 \quad (5)$$

$$CV_g(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{\bar{m}} \cdot 100 \quad (6)$$

$$CV_e(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_d^2}}{\bar{m}} \cdot 100 \quad (7)$$

O coeficiente de variação relativo foi estimado de acordo com Vencovsky e Barriga (1992) por meio da equação (8) e a acurácia na seleção das progênes por meio da equação (9):

$$\hat{b} = \frac{CV_g}{CV_e} \quad (8)$$

$$\hat{r}_{aa} = \sqrt{\hat{h}_m^2} \quad (9)$$

As correlações genéticas (\hat{r}_g) entre os caracteres DAP, altura total e volume individual, foram estimadas a partir da expressão (10) descrita por Falconer (1987):

$$\hat{r}_g = \frac{\hat{\sigma}_{g_x g_y}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{g_x}^2 \hat{\sigma}_{g_y}^2}} \quad (10)$$

Em que: $\hat{\sigma}_{g_x g_y}$ é o produtório genético cruzado dos caracteres x e y ; $\hat{\sigma}_{g_x}^2$ e $\hat{\sigma}_{g_y}^2$ são as variâncias genéticas entre progênes para os caracteres x e y , respectivamente. As correlações fenotípicas (\hat{r}_f) foram estimadas com o auxílio do pacote *corrplot* (WEI e SIMKO, 2017), a partir da correlação de Pearson.

Para se ter uma percepção geral da divergência genética existente entre as progênes e as procedências avaliadas, foi estimada a partir dos componentes de variância de cada caráter quantitativo avaliado, a divergência genética entre procedências (\hat{Q}_{ST}) pela equação (11), divergência genética entre progênes dentro de procedência (\hat{Q}_{PP}) pela equação (12) e divergência genética dentro de progênes (\hat{Q}_d) pela equação (13), conforme proposto por Spitze (1993):

$$\hat{Q}_{ST} = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_p^2 + \sigma_g^2 + \sigma_d^2} \quad (11) \quad \hat{Q}_{PP} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_p^2 + \sigma_g^2 + \sigma_d^2} \quad (12) \quad \hat{Q}_d = 1 - \hat{Q}_{PP} - \hat{Q}_{ST} \quad (13)$$

3.5 Tamanho efetivo populacional (N_e)

Com a proposta de transformar o teste de procedência/progênie em um Pomar de Sementes por Mudas (PSM), foram simulados dois cenários de seleção. 1) seleção de $i=5\%$ (268 plantas); 2) seleção de $i=10\%$ (535 plantas) dos indivíduos da população. A seleção individual foi simulada com base no valor genético predito (BLUP), estimado para DAP, altura e volume individual das progênies e por fim estimado o tamanho efetivo populacional (N_e) conforme descrito por Resende (2002), pela expressão (14):

$$N_e = \frac{(4N_f \bar{k}_f)}{[\bar{k}_f + 3 + (\sigma_{kf}^2 / \bar{k}_f)]} \quad (14)$$

Em que, \bar{k}_f é o número médio de indivíduos selecionados por matriz; σ_{kf}^2 é a variância do número de indivíduos selecionados por matriz; N_f é o número de matrizes selecionadas.

3.6 Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2)

A divergência genética entre as progênies e procedências foi estimada por meio da Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2), utilizando o pacote *vegan*, com a função “vegdist” (OKSANEN et al., 2018).

Conforme recomendado por Resende et al. (2014), foram utilizados os valores genéticos preditos (BLUP) de DAP, altura e volume, para o cômputo da distância de Mahalanobis para cada par de progênie e procedência.

A Distância Generalizada de Mahalanobis ($D^2 = D_{ii}^2$) é descrita pela expressão (15) de Cruz e Carneiro (2003):

$$D_{ii}^2 = \delta' \psi^{-1} \delta \quad (15)$$

Em que:

D_{ii}^2 é a distância de Mahalanobis entre os genótipos i e i' ;

ψ é a inversa da matriz de variâncias e covariâncias residuais;

$\delta_{ii'} = [d_1, d_2, \dots, d_v]$ é o vetor de variáveis, sendo $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$ referente aos tratamentos i e i' ;

Y_{ij} : é a média da i -ésima progênie/procedência em relação à j -ésima variável.

$Y_{i'j}$: é a média da i' -ésima progênie/procedência em relação à j -ésima variável.

3.7 Método de Otimização de Tocher

Por meio das estimativas das distâncias de Mahalanobis (D^2), as progênies e procedências foram agrupadas utilizando um método mutuamente exclusivo, Método de Otimização de Tocher original (RAO, 1952).

Este método adota como critério a inclusão de novas progênies ao grupo, por meio das seguintes expressões:

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

Se $(D_{(Grupo)i}^2 / \eta) > \alpha \Rightarrow$ 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.

Num primeiro momento, o par de progênies/procedências mais próximas é identificado, sendo formado o primeiro grupo. Em seguida, o critério citado acima é aplicado, a fim de apurar se novas progênies/procedências podem ser alocadas no mesmo grupo. Caso contrário, as progênies/procedências serão incluídas em novos grupos, sendo que a distância média intragrupo aumenta com a entrada de um novo indivíduo no grupo (RESENDE et al., 2014).

Para a formação dos grupos utilizando o método de Tocher, foi utilizado a função “tocher” implementada no pacote *biotools* (SILVA et al., 2017), resultando nos grupos formados, bem como o valor do limite de acréscimo (α) utilizado como critério para o agrupamento.

Para amparar e garantir confiabilidade nos grupos formados a partir do método de agrupamento de Tocher, foi estimado o coeficiente de correlação cofenético (CCC) proposto por Sokal e Rohlf (1962). Estimativa de CCC foi realizada a partir do pacote

biotools, com o uso do algoritmo “*original*” proposto por Silva e Dias (2013).

3.8 Método da ligação média (UPGMA)

Além do método de Tocher, para as progênies e procedências foi aplicado o método hierárquico da ligação média UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages*) proposto por (NEI, 1978), utilizando a função “*hclust*” do pacote *vegan* (OKSANEN et al., 2018), onde o agrupamento dos indivíduos resulta em um dendrograma com os *clusters* formados. Este método utiliza as médias aritméticas (não ponderadas) das medidas de dissimilaridade (d_{ij}), evitando utilizar os valores extremos entre os genótipos considerados para realizar a formação dos *clusters*.

A distância entre um tratamento k e um grupo inicialmente formado pelos tratamentos i e j , é dada pela expressão (16):

$$d_{(ij)k} = \frac{d_{ik} + d_{jk}}{2} \quad (16)$$

Em que: $d_{(ij)k}$ é a média do conjunto das distâncias dos pares de indivíduos (i e k) e (j e k).

E a distância entre dois grupos formados pelos indivíduos (i e j) e (k e l), é obtida a partir do conjunto de distâncias entre os pares de indivíduos (i e k), (i e l), (j e k), (j e l) e dada pela expressão (17):

$$d_{(ij)(kl)} = \frac{d_{ik} + d_{il} + d_{jk} + d_{jl}}{4} \quad (17)$$

O coeficiente de correlação cofenético também foi estimado para os dendrogramas formados a partir deste método e testado pela aplicação do teste de Mantel (1967).

3.9 Importância dos caracteres na estimativa da divergência genética

A fim de identificar a importância de cada caráter para a estimativa da divergência genética, foi utilizada a metodologia proposta por Singh (1981), implementada no pacote *biotools* por meio da função “*singh*”. Esta função aplica algebricamente a equação (18), baseada na matriz de dados e na matriz de variância-covariância dos caracteres:

$$S_{.j} = \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{i'>i}^n (x_{ij} - x_{i'j}) \cdot (x_i - x_{i'})' \cdot \sum_j^{-1} \quad (18)$$

A contribuição de cada variável em termos percentuais foi obtida pela expressão (19):

$$S_{.j}(\%) = \frac{S_{.j}}{\sum_{j=1}^{S_{.j}}}.100 \quad (19)$$

3.10 Análise de componentes principais (PCA)

Além dos métodos de agrupamento utilizados, que buscavam agrupar as progênes e as procedências a partir de algum critério de classificação. Foram utilizados os valores genéticos preditos (BLUP) para avaliar a similaridade das progênes e procedências a partir da dispersão gráfica dos componentes principais.

Foi utilizado o pacote *ggbiplot*, por meio da função “princomp”, a qual retorna os componentes principais intrínsecos aos valores genéticos preditos (BLUP), permitindo avaliar o agrupamento a nível de informação genética. Além das informações gráficas a partir das componentes PC1 e PC2, foram obtidos gráficos box-plot dos caracteres DAP, altura e volume para as procedências avaliadas.

Todos as análises foram realizadas por meio do software estatístico R (R CORE TEAM, 2019), bem como os gráficos ao longo deste trabalho com o auxílio do pacote *ggplot2*.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Parâmetros genéticos, correlações, sobrevivência (%)

Na análise preliminar a fim de verificar a significância dos efeitos do modelo ajustado, todos os caracteres quantitativos avaliados, apresentaram significância pelo teste da razão de verossimilhança LRT (Tabela 2) para o efeito de progênie e parcela ($p < 0,01$), aos sete anos de idade, demonstrando haver variabilidade a ser explorada dentro das progênies.

Tabela 2 - Efeitos aleatórios e fixos do modelo misto ajustado, a partir dos caracteres DAP, altura e volume individual, em teste de procedência/progênie de *E. pellita*, aos 7 anos de idade, em Mucuri – BA

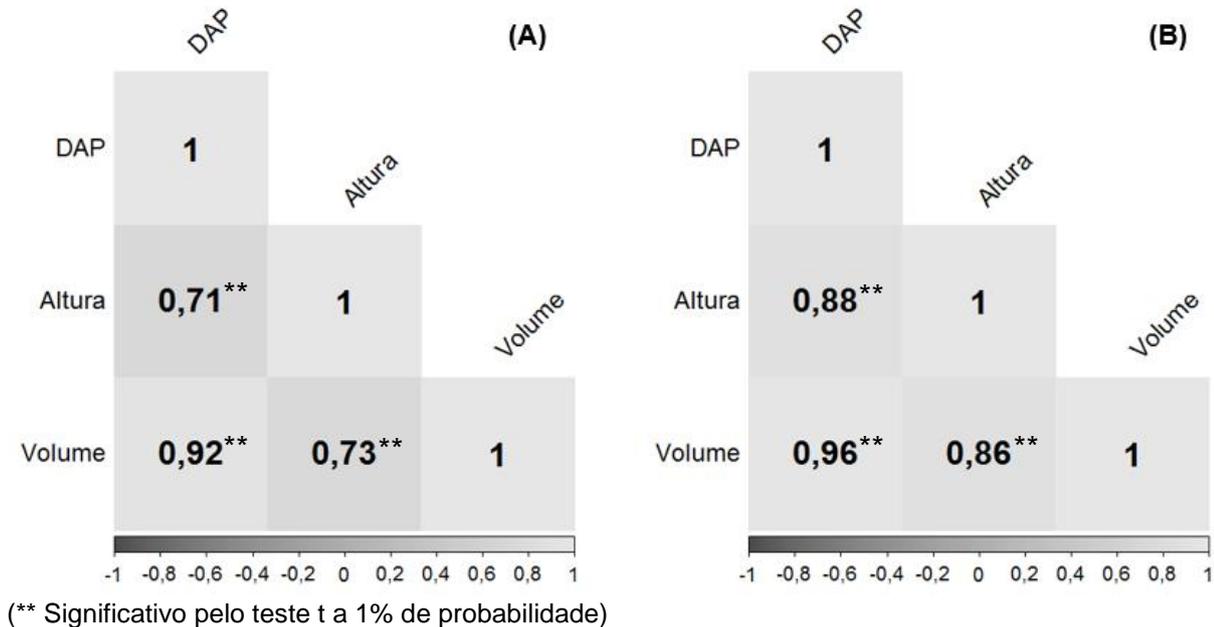
Efeitos aleatórios	LRT (χ^2)		
	DAP	Altura	Volume
Procedência	8,0185**	4,876*	2,948 ^{ns}
Progênie	6,6651**	20,964**	13,503**
Parcela	21,8125**	51,291**	41,367**
Efeito fixo	Valor F		
Bloco	1.3805 ^{ns}	4,6823**	1,7063 ^{ns}

Qui-quadrado tabelado com 1 grau de liberdade: 3,84 e 6,63 para os níveis de significância de 5% (*) e 1% (**) respectivamente, ns: não significativo. Teste F significativo a 1% (**).

Para o efeito de procedências, DAP ($p < 0,01$) e altura ($p < 0,05$) apresentaram diferenças significativas, permitindo ser explorada a variabilidade destes caracteres entre e dentro de procedências e realizar a seleção entre populações e de indivíduos dentro das populações, com base em seus valores genéticos (STURION; RESENDE, 2010). No entanto, o caráter volume individual não apresentou efeito significativo pelo teste LRT, demonstrando que as procedências avaliadas tendem a apresentar um comportamento fenotípico semelhante entre si para este caráter.

Os caracteres avaliados mostraram-se altamente correlacionados fenotipicamente e geneticamente aos sete anos de idade (Figura 4), tendo correlações altas, positivas e significativas a 1% de probabilidade pelo teste *t*. A maior correlação fenotípica e genética, foi observada entre DAP x volume, 0,96 e 0,92 respectivamente. Os caracteres DAP e volume quando correlacionados com a altura, apresentaram correlação genética de moderada a alta, tendo correlação de 0,71 para DAP x altura e 0,73 para volume x altura.

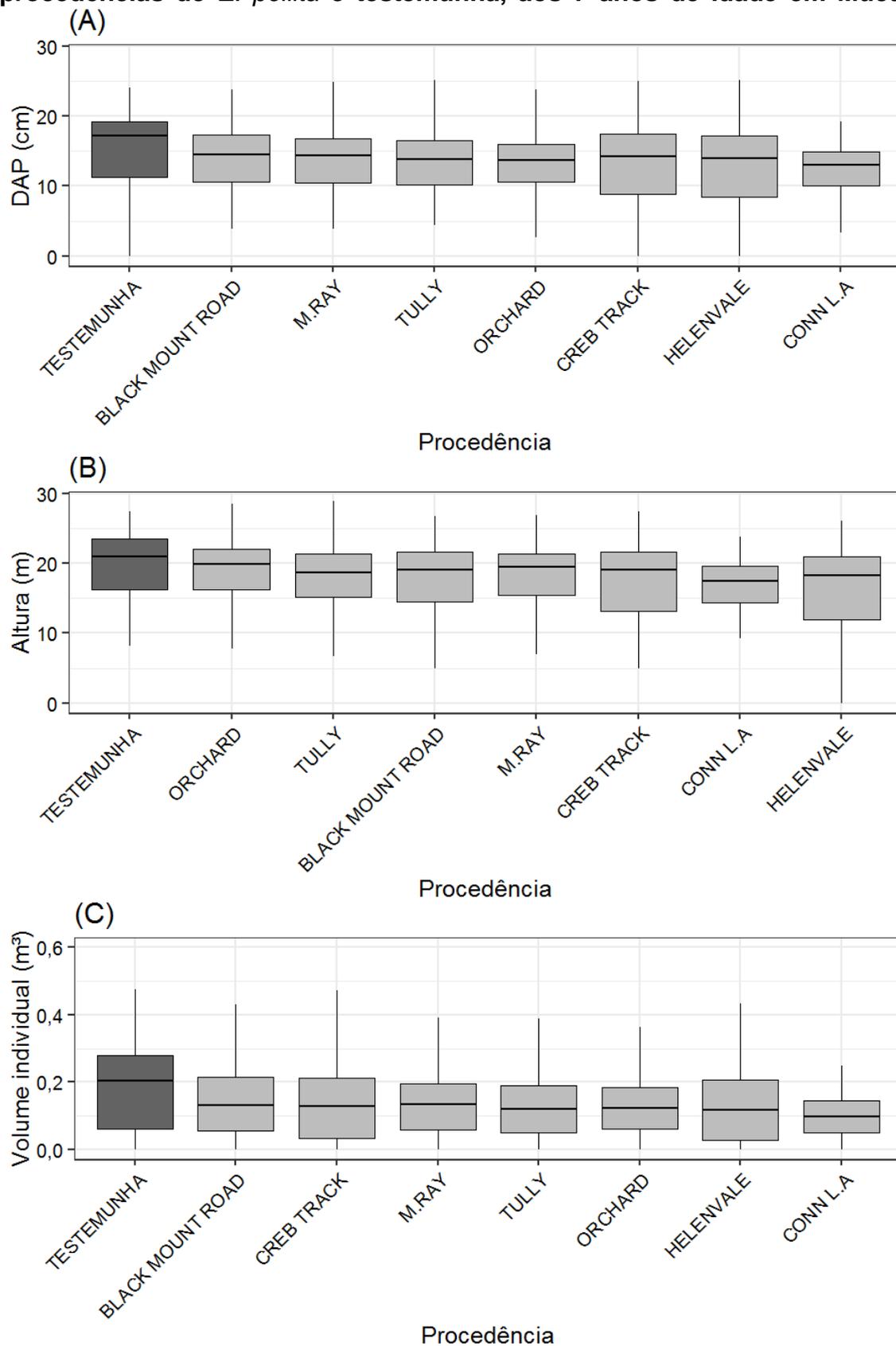
Figura 4 - Correlações genéticas (A) e fenotípicas (B) entre os caracteres DAP, altura e volume individual em progênies de *E. pellita* aos 7 anos de idade em Mucuri-BA



As progênies de *E. pellita* aos sete anos, apresentaram DAP médio de 14,35 cm, altura média de 18,89 m e volume individual de 0,1496 m³. Magalhães et al. (2007) obtiveram para *E. pellita* aos 9,4 anos, 13,65 cm; 15,80 m e 0,1195 m³ para DAP, altura e volume individual, respectivamente, em Paracatu-MG. Desempenho similar ao presente estudo, foi observado por Pereira et al. (2000) onde foi obtido 13,5 m de altura e 14,2 cm de DAP para *E. pellita* aos 6,5 anos, considerando as condições edafoclimáticas de Brasilândia-MG. O crescimento de espécies arbóreas é diretamente relacionado aos sítios, as condições específicas necessárias para crescimento e o manejo adotado (DUARTE et al., 2012).

Para os caracteres avaliados, a procedência Black Mount Road apresentou o melhor crescimento em DAP (Figura 5-A) e volume individual (Figura 5-C), estando mais próxima do desempenho do clone comercial utilizado como testemunha. Isto demonstra o potencial desta procedência para ser explorado no programa de melhoramento. Para altura, a procedência Orchard demonstrou o melhor desempenho (Figura 5-B), indicando que este crescimento superior em altura pode estar associado ao efeito de procedência.

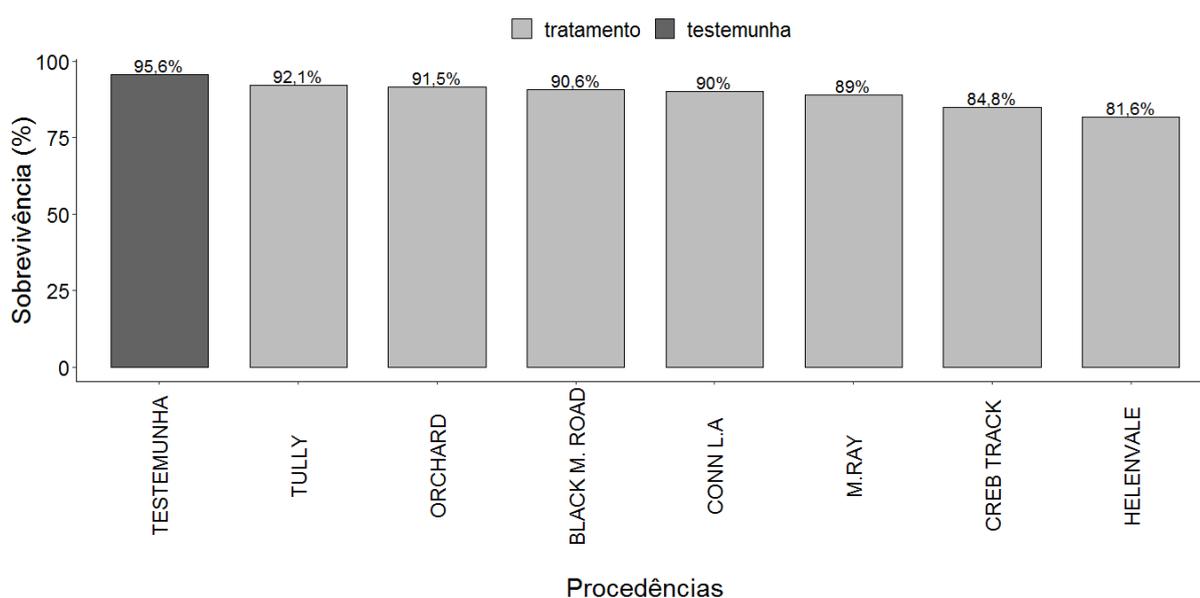
Figura 5 - Box-plot de DAP (A), altura (B) e volume individual (C) de sete procedências de *E. pellita* e testemunha, aos 7 anos de idade em Mucuri-BA



Considerando uma sobrevivência média de 89,4% aos sete anos de idade, o incremento médio anual (IMA) do *E. pellita* em Mucuri foi de 27,8 m³.ha⁻¹.ano⁻¹. O IMA das florestas do gênero *Eucalyptus* em Mucuri, atualmente, encontra-se em 35 m³.ha⁻¹.ano⁻¹, podendo esta produtividade flutuar para mais ou para menos, dependendo do genótipo, sítio, condições bióticas e abióticas. Portanto, ao considerarmos que as florestas comerciais da região são formadas por genótipos melhorados, principalmente o uso de clones elite e híbridos reconhecidamente produtivos, o *E. pellita* possui potencial para ser melhorado as condições locais e atingir o IMA médio da região.

Entre as procedências de *E. pellita* avaliadas em Mucuri aos sete anos, foram observados diferentes níveis de sobrevivência (Figura 6). No entanto, nenhuma das procedências avaliadas teve percentual de sobrevivência superior ao clone comercial utilizado como testemunha. A procedência Tully apresentou o maior percentual de sobrevivência (92,1%), seguido da Orchard (91,5%). A procedência que apresentou menor nível de sobrevivência foi Helenvale, com 81,6%. A sobrevivência de *E. pellita* relatada por Magalhães et al. (2007) em Paracatu-MG, foi de 65,22% aos 9,4 anos, indicando que as procedências avaliadas em Mucuri, apresentaram melhor adaptação às condições edafoclimáticas local.

Figura 6 - Percentual de sobrevivência de procedências de *E. pellita* e clone comercial (testemunha), avaliadas aos 7 anos de idade em Mucuri-BA



Apesar das procedências e progênies apresentarem efeito significativo pelo teste LRT, indicando que ganhos podem ser obtidos com a seleção, a magnitude dos componentes de variância foi baixa (Tabela 3). Dos componentes de variância, a variabilidade observada entre as procedências foi a menor para todos os caracteres, indicando que a maiores ganhos tendem a ser obtidos se for feita a seleção dentro das procedências.

Além dos componentes de variância de procedência, foram estimados os parâmetros de divergência genética (Tabela 3) a fim de compreender e explorar a magnitude da variabilidade das progênies e das procedências. Mesmo sendo observado efeito significativo de procedência para DAP e altura, a divergência genética entre procedências (\hat{Q}_{ST}) acomodou 1,1% da variância existente, demonstrando que estas diferenças são mínimas para estes caracteres. Entre progênies (\hat{Q}_{PP}) a divergência observada foi de 1,5%, 3,5%, 2,6% para DAP, altura e volume, respectivamente.

Via de regra, os maiores níveis de divergência genética foram encontrados dentro de progênies/procedências (\hat{Q}_d), com valores superiores a 95% da variabilidade dos caracteres avaliados. Em geral, para caracteres de crescimento em espécies florestais, é comum a presença da maior variabilidade dentro das procedências. Souza et al. (2016) encontraram para DAP e volume, divergência genética de aproximadamente 98% e 80% para altura dentro das procedências de *Pinus maximinoi*, *P. oocarpa* e *P. tecunumanii*. Por meio de marcadores microsatélites, o parâmetro F_{ST} , o qual é análogo ao Q_{ST} , foi estimado por Quang et al. (2013), indicando baixa divergência genética entre procedências de *E. urophylla* para DAP e altura.

O conhecimento da magnitude da variabilidade genética existente em uma população, também pode ser obtida por meio da estimativa de herdabilidades, as quais são de grande importância no melhoramento florestal (WRIGHT, 1976). Portanto, para a estimativa das herdabilidade, a variância genética aditiva (σ_A^2) foi estimada considerando as progênies de *E. pellita* como oriundas de sistema misto de reprodução. O negligenciamento dos diferentes níveis de parentesco existente dentro das populações de espécies sabidamente com sistema misto de reprodução, pode resultar em superestimativas de ganhos na seleção (TAMBARUSSI et al., 2018).

Portanto, devido à baixa magnitude da variância genética entre progênes e a correção da estimativa da variância genética aditiva por meio do coeficiente de parentesco, as herdabilidades no sentido restrito (h_i^2) para os caracteres de crescimento avaliados, mostram-se baixas (Tabela 3).

A maior h_i^2 observada foi para o caráter altura (0,06), ao passo que $h_i^2 = 0,03$ e 0,04 foi encontrada para DAP e volume, respectivamente. A baixa magnitude das herdabilidades eram previstas devido a baixa variabilidade encontrada entre as progênes. Esta situação sugere um baixo controle genético dos caracteres e poucos ganhos poderão ser obtidos se for feita somente a seleção massal (SATO et al., 2007). As herdabilidades dentro de progênes também foram baixas e variaram de 0,01 a 0,03 entre os caracteres avaliados. As herdabilidades foram consideradas baixas conforme descrito por Resende (1995), onde herdabilidades de 0,01 a 0,15 são baixas, de 0,15 a 0,50 são médias e acima de 0,50 altas.

Em termos de variabilidade, o coeficiente de variação genético (CV_g) variou de 3,27% a 9,71%, sendo o volume o caráter com maior CV_g . A significância estatística indica a existência de variabilidade entre progênes, embora esta seja baixa, ganhos genéticos podem ser obtidos se realizada uma seleção criteriosa das melhores progênes. O volume individual foi o caráter que apresentou o maior coeficiente de variação genético aditivo (CV_{gi}), o qual variou de 4,3% para DAP a 12,79% para volume. O CV_{gi} acima de 7% pode ser considerado alto e passível de obter ganhos com a seleção (SEBBENN, 1998).

O volume foi também o caráter que apresentou o maior CV_e (59,15 %), provavelmente por se tratar de uma variável dependente e estimada, sofrendo maior efeito do ambiente, ao passo que a altura apresentou o menor CV_e (20,01 %). O coeficiente de variação relativo (b), descrito por Vencovsky (1987), indica controle genético existente sobre o caráter, de modo que valores em torno da unidade são os mais adequados para garantir ganhos com a seleção. Os valores obtidos nesse estudo foram considerados baixos, onde a altura apresentou o maior valor para este parâmetro (0,19), muito por conta dos valores de CV_g e CV_e envolvidos na estimativa, indicando notório efeito do ambiente sobre o teste.

Tabela 3 - Parâmetros genéticos e componentes de variância para os caracteres DAP, altura e volume individual, em teste de procedência/progênie de *E. pellita*, aos sete anos de idade, em Mucuri – BA

Parâmetro	DAP	Altura	Volume
Variância genética aditiva (σ_A^2)	0,3815	0,9130	0,0004
Variância genética entre progênes (σ_g^2)	0,2198	0,5259	0,0002
Variância entre procedências (σ_p^2)	0,1662	0,1664	0,0001
Variância ambiental (σ_e^2)	0,6435	1,0667	0,0005
Variância residual dentro (σ_d^2)	14,0115	14,2902	0,0078
Variância fenotípica (σ_f^2)	15,0410	16,0492	0,0086
Herdabilidade no sentido restrito (h_i^2)	0,03± (0,013)	0,06± (0,019)	0,04± (0,015)
Herdabilidade dentro de progênes (h_d^2)	0,01	0,03	0,03
Coeficiente de variação genético (CV_g %)	3,27	3,84	9,71
Coeficiente de variação genética aditiva (CV_{gi} %)	4,30	5,06	12,79
Coeficiente de variação experimental (CV_e %)	26,09	20,01	59,15
Acurácia seletiva (r_{aa})	0,58	0,70	0,65
Coeficiente de variação relativo (b)	0,13	0,19	0,16
Média geral	14,35	18,89	0,1496
Divergência genética entre procedências (\hat{Q}_{ST})	0,0115	0,0111	0,0102
Divergência genética entre progênes (\hat{Q}_{PP})	0,0153	0,0351	0,0260
Divergência genética dentro de progênes (\hat{Q}_d)	0,9732	0,9538	0,9639

Tratando-se de acurácia seletiva (r_{aa}), de acordo com Resende e Duarte (2007) mesmo com valores de b baixos, é possível obter valores adequados de acurácia. Os valores obtidos foram considerados moderados a alto, variando de 0,58 a 0,70, sendo a altura o caráter que apresentou o maior valor de acurácia (0,70). A acurácia representa a relação entre o valor genético verdadeiro e o predito (BLUP), portanto

valores de acurácia superiores a 0,50 garantem boa precisão na seleção de genótipos, (RESENDE, 2007).

4.2 Ganhos de seleção e tamanho efetivo populacional

A fim de compreender o cenário de possíveis ganhos genéticos, se for feita a seleção baseada nas estimativas dos parâmetros genéticos e na variabilidade detectada das progênes, duas intensidades de seleção foram simuladas (Tabela 4).

Aplicando uma intensidade de seleção aos 7 anos de 5%, ou seja, selecionados os 268 melhores indivíduos ordenados pelo BLUP, os ganhos variam de 4,39% (DAP) a 18,24% (volume), de modo que o tamanho efetivo (N_e) pós seleção é de no máximo 64 se utilizado o volume como caráter de seleção. Altura e DAP apresentaram tamanho efetivo de 45 e 52, respectivamente.

A partir da intensidade de seleção de 10% com 535 indivíduos selecionados pelos melhores BLUPs, os ganhos variaram de 3,48% (DAP) a 12,23% (volume). O tamanho efetivo a ser obtido com esta intensidade é de 108 por meio do volume. O menor tamanho efetivo simulado foi utilizando a altura, com 45 para $i=5\%$ e 86 para $i=10\%$.

Tabela 4 – Estimativa de ganhos de seleção individual (%), nova média e tamanho efetivo populacional (N_e) para os caracteres DAP, altura e volume individual, em teste de procedência/progênie de *E. pellita*, aos sete anos de idade, em Mucuri – BA

	i = 5%			i = 10%		
	DAP	Altura	Volume	DAP	Altura	Volume
Ganho (%)	4,39	6,88	18,24	3,48	5,45	12,23
Nova média	14,98	20,19	0,1759	14,85	19,92	0,1679
N_e	51,93	45,55	64,07	89,74	86,38	108,04
Nº Prog	32	24	43	55	43	53

i = intensidade de seleção; DAP= diâmetro à altura do peito (cm); Altura= altura total (m); Volume= volume individual (m³); N_e = tamanho efetivo populacional; Nº Prog= número de progênes selecionadas.

O número de progênes selecionadas com a intensidade de $i=5\%$ de seleção foram 32, 24 e 43 para DAP, altura e volume, respectivamente. Para a intensidade de seleção de $i=10\%$ foram selecionadas 55, 43 e 53 para DAP, altura e volume, respectivamente. De acordo com Sebbenn (2003), o tamanho efetivo suficiente para

garantir e atender os objetivos da conservação *ex-situ*, em espécies com sistema misto de reprodução como é o *E. pellita*, pode ser obtido a partir de um tamanho amostral de 35 progênies.

Analisando as duas estratégias de seleção, a simulação com 5% de intensidade se aproxima do tamanho amostral ideal, ao passo que a intensidade de 10% abrange uma quantidade maior de progênies e está acima do valor ideal. Portanto, a escolha da melhor estratégia dependerá do quanto o melhorista pretende ser conservador com a população e assim formar um Pomar de Sementes por Mudanças.

Em suma, mesmo com a baixa variabilidade encontrada no teste de procedência e progênie, o desbaste dos piores indivíduos e a manutenção dos indivíduos superiores respeitando o tamanho efetivo populacional, é uma alternativa para melhoria da população.

4.3 Distâncias genéticas e agrupamentos

Ainda que os caracteres DAP, altura e volume sejam altamente correlacionados e resultem no efeito de multicolinearidade, estes caracteres não podem ser desconsiderados devido a sua importância para o melhoramento florestal. Para amenizar esta problemática, a distância de Mahalanobis padroniza e compensa a correlação existente entre esses caracteres, além de considerar a magnitude das variâncias e covariâncias residuais, tornando-se alternativa para estudos com caracteres que apresentem multicolinearidade (HAIR JÚNIOR et al., 2009; RESENDE et al., 2014).

Por meio da matriz de distâncias de Mahalanobis (dados não apresentados), a distância mínima observada entre as progênies foi $D^2 = 0,101$ e a distância máxima obtida entre os pares de progênies foi $D^2 = 5,702$. As distâncias encontradas podem ser consideradas baixas, quando comparadas com outros valores obtidos para *E. pellita* e para outras espécies de *Eucalyptus*, como *E. maculata*, *E. tereticornis*, *E. urophylla*, *E. grandis*, *E. cloeziana*, *E. camaldulensis* e *E. resinifera* (TRUGILHO et al., 1997). Além de outras espécies, como *Bombax ceiba* (CHATURVEDI; PANDEY, 2001), *P. caribaea* var. *bahamensis* (SILVA et al., 2012). Inicialmente, esperavam-se maiores valores de distâncias genéticas por se tratarem de progênies de populações distintas, porém os baixos valores de distâncias condizem com a baixa variabilidade apresentada anteriormente pela análise univariada com os parâmetros genéticos.

A menor distância foi encontrada entre as progênes 116-O e 114-O, ambas da procedência Orchard, de Papua-Nova Guiné. Possivelmente essa similaridade se dá devido esta população possuir um estágio de melhoramento e ter passado por desbastes seletivos. A maior distância genética constatada foi entre as progênes 99-CT e 54-C, pertencentes a populações distintas, Creb Track e Connl. A.

4.3.1 Agrupamento método de otimização de Tocher

Foram obtidos pelo método de agrupamento de Tocher, 29 grupos divergentes (Tabela 5) a partir dos BLUPs das 118 progênes. A formação desta quantidade de grupos evidencia que o método conseguiu detectar a variabilidade existente entre as progênes, mesmo após a baixa variabilidade descrita anteriormente a partir dos parâmetros genéticos.

O critério de agrupamento entre as progênes foi $\alpha = 1,08$, sendo este valor utilizado para a inclusão das progênes no grupo 1 ou formação de novos grupos. A distância mínima entre as progênes ($D^2 = 0,101$), é equivalente a distância existente entre as progênes pertencentes ao grupo 1, isto significa que as progênes deste grupo são similares. Este grupo foi formado em sua maioria por progênes da procedência Orchard de Papua-Nova Guiné (sete progênes) além de três progênes da procedência Tully.

No melhoramento, os maiores níveis de heterose tendem a ser obtidos quando cruzados indivíduos de grupos e populações divergentes geneticamente (LEE, 1995; SOUZA JUNIOR, 2001). A heterose do híbrido entre populações é dada por $h = \sum_i (p_i - r_i)^2 d$, onde p_i e r_i são frequências dos alelos favoráveis nas populações 1 e 2, respectivamente e d é o efeito de dominância (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1988). Assim, indivíduos de mesmo grupo não devem ser cruzados entre si, pois pode ocorrer parentesco entre indivíduos aparentados, e que podem resultar em níveis de endogamia o que pode comprometer a continuidade do programa de melhoramento (KAGEYAMA, 1981).

O grupo 2 agrupou o maior número de progênes, 22,9% das progênes avaliadas, sendo estas provenientes de cinco populações diferentes: Black Mount Road, Creb Track, Helenvale, M. Ray, Tully. Geograficamente, estas populações são as mais próximas entre si, o que possibilita o fluxo gênico entre elas (Figura 2). As procedências Orchard e Connl. A foram as únicas que não contribuíram com nenhuma

progênie para o grupo 2, possivelmente por se tratarem de populações mais isoladas (Tabela 5).

Tabela 5 - Agrupamento das progênies de *E. pellita* aos 7 anos de idade, pelo método de otimização de Tocher, a partir da distância generalizada de Mahalanobis (D^2), baseado nos valores genéticos preditos (BLUP) para caracteres DAP, altura total e volume individual, em Mucuri-BA

Grupos	Progênies	Nº Progênies
1	114-O 116-O 113-O 47-T 112-O 44-T 41-T 117-O 102-O 101-O	10
2	26-M 68-B 24-M 74-B 62-B 65-B 21-M 13-H 43-T 94-CT 66-B 34-M 69-B 23-M 83-CT 19-M	22
3	33-M 73-B 91-CT 88-CT 35-M 61-B 105-O 107-O 109-O 119-O 104-O	5
4	10-H 9-H 25-M 86-CT 5-H 92-CT 15-H 97-CT 77-B 38-M 95-CT 37-M 27-M 82-CT 81-CT	15
5	100-O 80-CT 55-C 56-C 40-T 72-B 111-O	7
6	63-B 71-B 6-H 64-B 1-H 50-T 79-CT	7
7	110-O 98-CT 99-CT	3
8	14-H 84-CT 96-CT 31-M 4-H 3-H 11-H 2-H	8
9	49-T 8-H 89-CT 75-B	4
10	45-T 46-T 87-CT 120-O	4
11	67-B 76-B 28-M	3
12	12-H 16-H	2
13	60-B 7-H	2
14	29-M 70-B 39-T 30-M	4
15	103-O 115-O 52-T 53-T	4
16	42-T 57-C	2
17	18-M 59-B	2
18	106-O 118-O	2
19	20-M 51-T	2
20	108-O	1
21	17-H	1
22	22-M	1
23	32-M	1
24	36-M	1
25	48-T	1
26	54-C	1
27	85-CT	1
28	90-CT	1
29	93-CT	1

B= Black Mount Road; C= Connl. A; CT= Creb Track; H= Helenvale; M = M. Ray; O= Orchard; T= Tully

A análise intergrupos revelou que os valores mais elevados de distância genética ocorreram entre os grupos 7 e 26 ($D^2=5,702$). O grupo 7 é formado pelas

progênies 110-O, 98-CT, 99-CT, pertencentes a procedência Orchard e Creb Track, enquanto que o grupo 26 foi formado por uma única progênie, a 54-C da procedência Connl. A. De forma geral, não houve um padrão de formação dos grupos em relação as procedências, exceto o grupo 1 formado apenas por progênies da Orchard de Papua-Nova Guiné. A distância intergrupos completa encontra-se no apêndice A do presente trabalho.

Na Figura 7 estão as médias dos caracteres de crescimento para cada grupo formado. A progênie 48-T pertencente ao grupo 25, possui as maiores médias de produtividade para DAP, altura e volume. As progênies 67-B, 76-B, 28-M pertencentes ao grupo 11 e 36-M pertencente ao grupo 24, também apresentam crescimento superior à média do teste. No entanto, estes grupos possuem baixa e/ou moderada distância genética, não possibilitando o cruzamento entre indivíduos desses grupos, pois dificilmente haverá efeito heterótico.

Para o caráter altura, os grupos 20, 24, 1 e 15 apresentaram crescimento acima da média do teste. Esses grupos são formados por progênies das procedências Orchard, M. Ray, Black Mount Road e Tully, indicando que na hibridação suas progênies poderiam contribuir com o crescimento em altura. Os grupos 25, 11, 9, 20, 7, 24, 1 são os mais produtivos em termos de volume individual e tornam-se grupos estratégicos para serem utilizados na hibridação.

Os grupos com a menores médias de crescimento para DAP e altura foram os grupos 29, 12 e 21. Para o volume individual foram os grupos 16, 12 e 26. Os genótipos pertencentes nestes grupos dificilmente serão utilizados para compor centrais de hibridação, levando em conta apenas os caracteres de crescimento.

Neste trabalho não avaliamos a tolerância à pragas e doenças das progênies, no entanto, possivelmente podem haver indivíduos tolerantes em grupos superiores ou intermediários em termos de crescimento ou até mesmo nas progênies menos produtivas. Um exemplo prático, seria a identificação de indivíduos de *E. pellita* que possuam resistência a *Puccinia psidii* (ferrugem), o que já foi relatado na literatura (SANTOS et al., 2014) ou até mesmo resistência à outras doenças causadas por *Ceratocystis fimbriata* (murcha-de-ceratocystis) e *Cylindrocladium pteridis* (mancha foliar e desfolha) (GUIMARÃES et al., 2010) e incluí-los em delineamentos dialélicos juntamente com indivíduos de outras espécies de rápido crescimento como o *E.*

grandis, avaliar todos os cruzamentos possíveis e buscar identificar a presença de heterose nesses cruzamentos (SOUZA JUNIOR, 2001).

O uso do *E. pellita* para compor híbridos com espécies de alto crescimento é visto como potencial, pois tem apresentado altos níveis de resistência à doenças causadas por *Cylindrocladium* (RODAS et al., 2005), que afetam a produtividade na Região Norte do Brasil, por exemplo, a qual é uma região de fronteira florestal (ASSIS et al., 2015). Portanto, é importante que a variabilidade das populações existentes no Brasil, seja mantida e que as ações do melhoramento florestal para adaptação da espécie, não prejudiquem a tolerância existente (SILVA et al., 2018).

Assim como a heterose, a capacidade específica de combinação entre genitores, dependem que estes sejam divergentes e de dominância no controle do caráter (FALCONER; MACKAY, 1996). Dessa maneira, com base na distância intergrupos, as progênies pertencentes aos grupos mais divergentes e que possuam maior valor genético (BLUP) ou maior desempenho produtivo para os caracteres avaliados, podem ser testadas no programa de hibridação da espécie a fim de potencializar um possível efeito de heterose com estes genótipos (Tabela 6). Trata-se do caso das progênies 99-CT (grupo 7), 8-H (grupo 9), 48-T (grupo 25), 49-T (grupo 9) e 110-O (grupo 7), as quais tiveram o melhor desempenho em relação aos seus valores genéticos.

Figura 7 - Média de DAP, altura e volume individual de cada grupo heterótico formado pelo método de Tocher, para progênie de *E. pellita*, avaliadas aos 7 anos de idade em Mucuri-BA

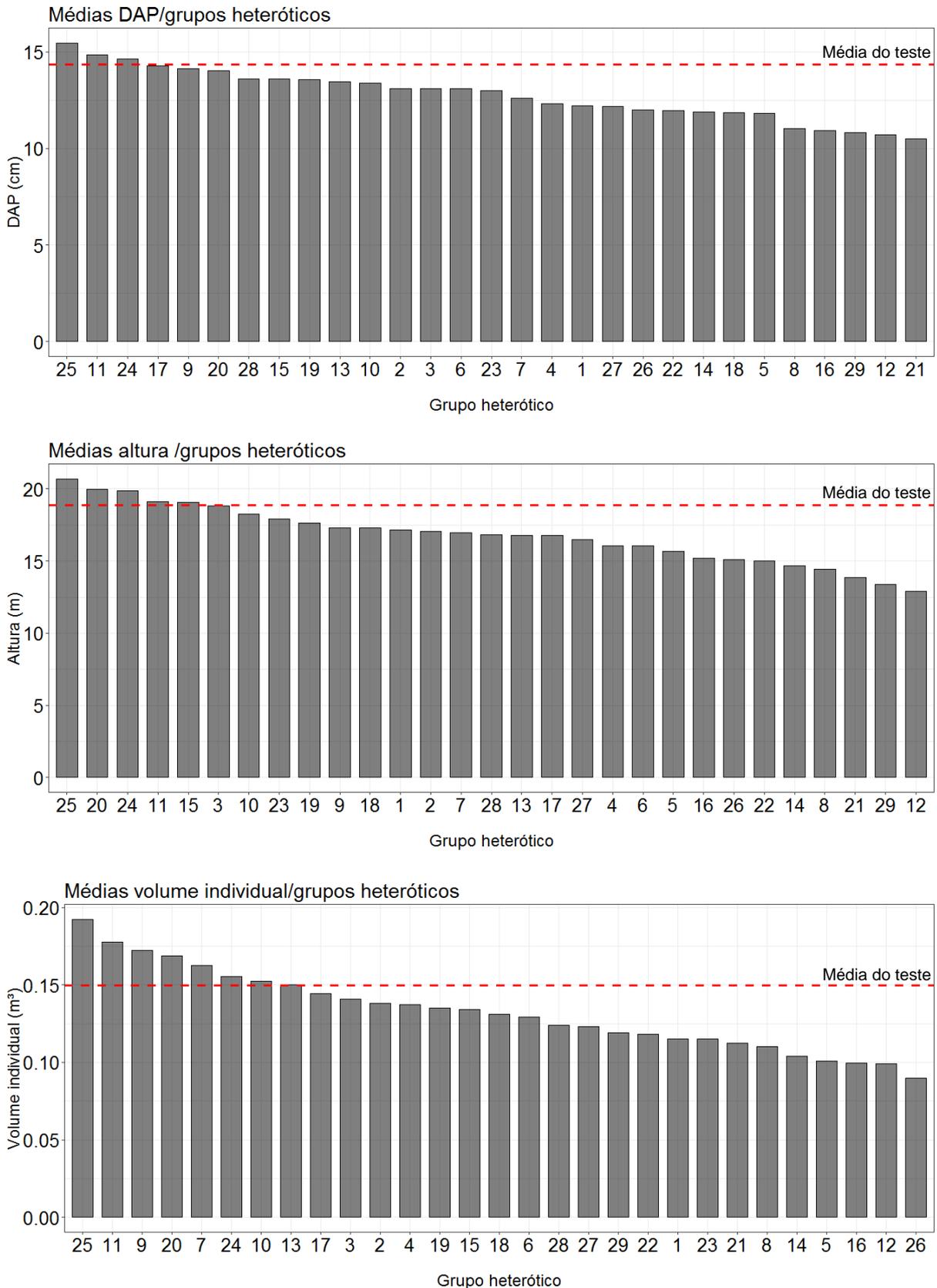


Tabela 6 - Valores genéticos preditos (BLUP) das 30 melhores progênies de *E. pellita* pertencentes a sete procedências, aos sete anos de idade em Mucuri-BA

N°	DAP			Altura			Volume		
	Prog.	Proce.	BLUP	Prog.	Proce.	BLUP	Prog.	Proce.	BLUP
1	8	Helenvale	0,505	99	Creb Track	1,601	99	Creb Track	0,025
2	99	Creb Track	0,373	119	Orchard	1,269	8	Helenvale	0,024
3	48	Tully	0,358	48	Tully	1,134	48	Tully	0,022
4	75	Black M.Road	0,339	8	Helenvale	1,039	49	Tully	0,019
5	49	Tully	0,336	76	Black M.Road	1,035	110	Orchard	0,019
6	89	Creb Track	0,328	98	Creb Track	0,994	75	Black M.Road	0,018
7	28	M.Ray	0,302	108	Orchard	0,891	28	M.Ray	0,017
8	59	Black M.Road	0,269	106	Orchard	0,829	108	Orchard	0,015
9	7	Helenvale	0,268	109	Orchard	0,825	67	Black M.Road	0,014
10	76	Black M.Road	0,265	24	M.Ray	0,706	89	Creb Track	0,014
11	110	Orchard	0,260	67	Black M.Road	0,705	120	Orchard	0,014
12	18	M.Ray	0,227	45	Tully	0,672	98	Creb Track	0,014
13	93	Creb Track	0,204	7	Helenvale	0,642	76	Black M.Road	0,014
14	120	Orchard	0,199	15	Helenvale	0,639	7	Helenvale	0,011
15	15	Helenvale	0,196	87	Creb Track	0,626	27	M.Ray	0,010
16	67	Black M.Road	0,196	75	Black M.Road	0,614	24	M.Ray	0,010
17	24	M.Ray	0,194	27	M.Ray	0,562	15	Helenvale	0,009
18	119	Orchard	0,193	36	M.Ray	0,559	109	Orchard	0,009
19	108	Orchard	0,187	28	M.Ray	0,553	37	M.Ray	0,009
20	50	Tully	0,181	120	Orchard	0,550	119	Orchard	0,009
21	60	Black M.Road	0,169	118	Orchard	0,475	106	Orchard	0,008
22	109	Orchard	0,150	110	Orchard	0,464	45	Tully	0,007
23	81	Creb Track	0,142	105	Orchard	0,436	46	Tully	0,007
24	98	Creb Track	0,140	38	M.Ray	0,423	25	M.Ray	0,007
25	25	M.Ray	0,127	57	Connl. A	0,395	60	Black M.Road	0,007
26	27	M.Ray	0,124	86	Creb Track	0,392	9	Helenvale	0,007
27	37	M.Ray	0,108	68	Black M.Road	0,387	97	Creb Track	0,006
28	6	Helenvale	0,106	9	Helenvale	0,376	86	Creb Track	0,006
29	45	Tully	0,104	37	M.Ray	0,372	93	Creb Track	0,005
30	86	Creb Track	0,103	97	Creb Track	0,353	10	Helenvale	0,005

Prog: Progênie; Proce: Procedência

Da mesma maneira que foram obtidos os agrupamentos formados pelas progênies, a distância genética de Mahalanobis foi estimada para as seis procedências australianas e a procedência de Papua-Nova Guiné, onde inicialmente as procedências foram agrupadas pelo método de Tocher, resultando na formação de 3 grupos divergentes. O grupo 1 foi formado por cinco das sete procedências avaliadas e as procedências *Connl. A* e *Orchard* distribuídas no grupo 2 e 3, respectivamente (Tabela 7).

O critério de agrupamento foi de $\alpha = 2,41$, tendo as procedências *Connl. A* e *Orchard* com a maior distância genética ($D^2 = 3,37$) justificando a formação de dois grupos divergentes. Essas duas procedências são as mais distantes geograficamente, portanto, era se esperado que houvesse menor similaridade entre estas duas populações.

Tabela 7 - Agrupamento das procedências de *E. pellita* aos 7 anos de idade, pelo método de otimização de Tocher, a partir da distância generalizada de Mahalanobis (D^2), baseado nos caracteres DAP, altura total e volume individual, em Mucuri-BA

Grupos	Procedências	Nº Procedências
	M.RAY	
	TULLY	
1	BLACK M. ROAD	5
	CREB TRACK	
	HELENVALE	
2	CONNL. A	1
3	ORCHARD	1

As procedências menos contrastantes foram *M. Ray* e *Tully*, com a distância genética mínima ($D^2 = 0,853$) estimada. Estas foram agrupadas no grupo 1, juntamente com as procedências Black M. Road, Creb Track e Halenvale, indicando forte similaridade entre estas populações. De acordo com House e Bell (1996), a maior parte da diversidade genética está concentrada dentro de populações, ao invés de entre populações, o que é frequentemente encontrado em angiospermas polinizadas por animais e insetos como o *E. pellita*.

Além das distâncias de Mahalanobis, os parâmetros genéticos também evidenciaram a baixa divergência genética entre as procedências de *E. pellita*. Essa

baixa divergência pode ser possivelmente, resultante do frequente fluxo gênico entre as populações em Queensland, o que tende a reduzir o efeito da seleção natural e deriva genética, aumentando a similaridade entre populações (SEBBENN et al., 2005).

Ainda conforme Sebbenn et al. (2005), o fluxo gênico extensivo por meio de pólen promove os altos níveis de diversidade genética dentro das populações e baixa diferenciação entre populações, sendo considerado o principal mecanismo de manutenção da coesão genética de uma espécie.

4.3.2 Agrupamento método da ligação média (UPGMA)

O dendrograma obtido pelo método hierárquico UPGMA para o agrupamento das progênies, utilizando a distância de Mahalanobis como medida de dissimilaridade, indicou a formação de 29 grupos (Figura 8), onde o número de grupos no método de UPGMA foi pré-definido a partir do número de grupos identificados no agrupamento de Tocher.

Algumas semelhanças são observadas entre os agrupamentos obtidos pelo método de Tocher (Tabela 5), porém não idênticos, pois algumas progênies foram agrupadas em *clusters* distintos quando comparados com os grupos formados pelo método de Tocher. O grupo 1 identificado como o grupo de progênies com a maior similaridade pelo método de Tocher, foi igualmente classificado pelo método UPGMA, onde o primeiro e segundo grupo formados (da esquerda para a direita), contemplam as progênies formadas no grupo 1. Da mesma forma tratada pelo método de Tocher, há mais divergência entre do que dentro de grupos. Portanto cruzamentos para formação de híbridos intraespecíficos, tendem a não ser promissores com as progênies pertencentes aos dois primeiros grupos do dendrograma.

Pelo dendrograma, as progênies presentes nos ramos da extrema direita formam quatro grupos, sendo estes os mais divergentes das 118 progênies avaliadas. As progênies 75-B, 28-M, 76-B, 67-B, 8-4 49-T, 89-CT, 48T, 98-C, 110-O e 99-CT, apenas observando a distância genética entre elas, seriam candidatas a compor uma central de hibridação, porém não apenas a distância genética deve ser observada, mas sim a produtividade ou algum caráter qualitativo de interesse, que as tornem como genótipos a serem usados na formação de híbridos intraespecíficos.

De forma prática, na formação de híbridos intraespecíficos de *E. pellita* utilizaríamos o ordenamento das melhores progênies em termos de BLUP (Tabela 6)

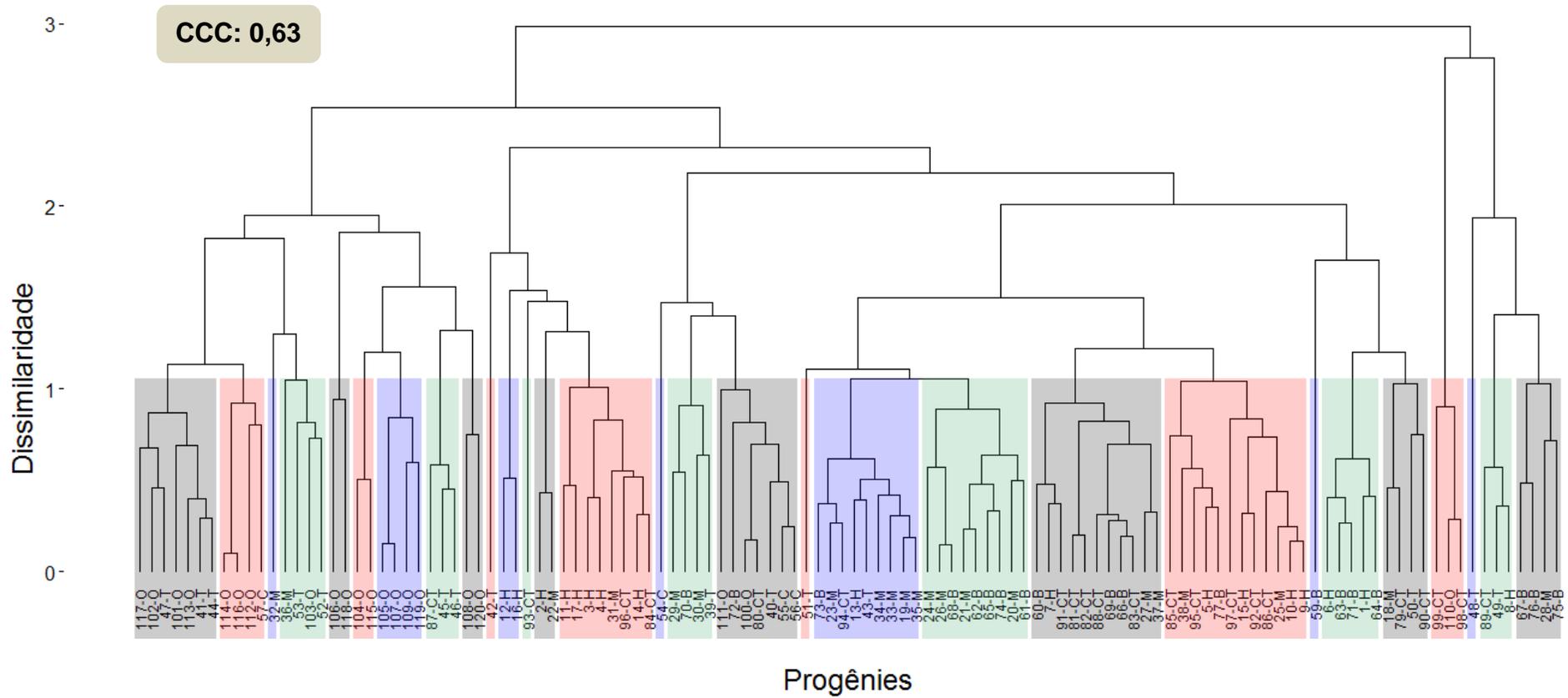
e neste caso ao selecionar as 5 melhores progênies: 99-CT, 8-H, 48-T, 49-T e 110-O, estas poderiam compor um dialelo a ser testado e verificada a presença de heterose.

As progênies 107-O, 108-O, 119-O e 120-O pertencem a procedência Orchard. Estas progênies permaneceram agrupadas em pares, como as progênies 107-O e 119-O, que formaram um grupo juntamente com outras duas progênies de mesma procedência e as progênies 108-O e 120-O que formaram outro grupo. Isso demonstra que o método UPGMA identificou a similaridade entre essas progênies de mesma procedência.

Visualmente percebemos a formação de grupos com progênies de diferentes procedências, demonstrando que os grupos não seguiram um padrão de agrupamento atribuído apenas a localização geográfica, outros fatores como deriva genética e a própria seleção natural podem contribuir para a formação de grupos com diferentes progênies (SEBBENN et al., 2005).

Sehgal et al. (1994) sugeriram que mesmo que genótipos sejam provenientes de uma mesma região, não necessariamente estes irão formar um único grupo, podendo haver misturas entre genótipos em grupos diferentes. E quando há grupos formados por progênies de procedências diferentes, uma das hipóteses é de que a espécie possui uniformidade genética (ASLAM et al., 2011).

Figura 8 - Dendrograma obtido pelo método UPGMA com base na distância generalizada de Mahalanobis (D^2), formando 29 grupos a partir dos valores genéticos (BLUP) de 118 progênies de *E. pellita* aos 7 anos de idade, Mucuri-BA

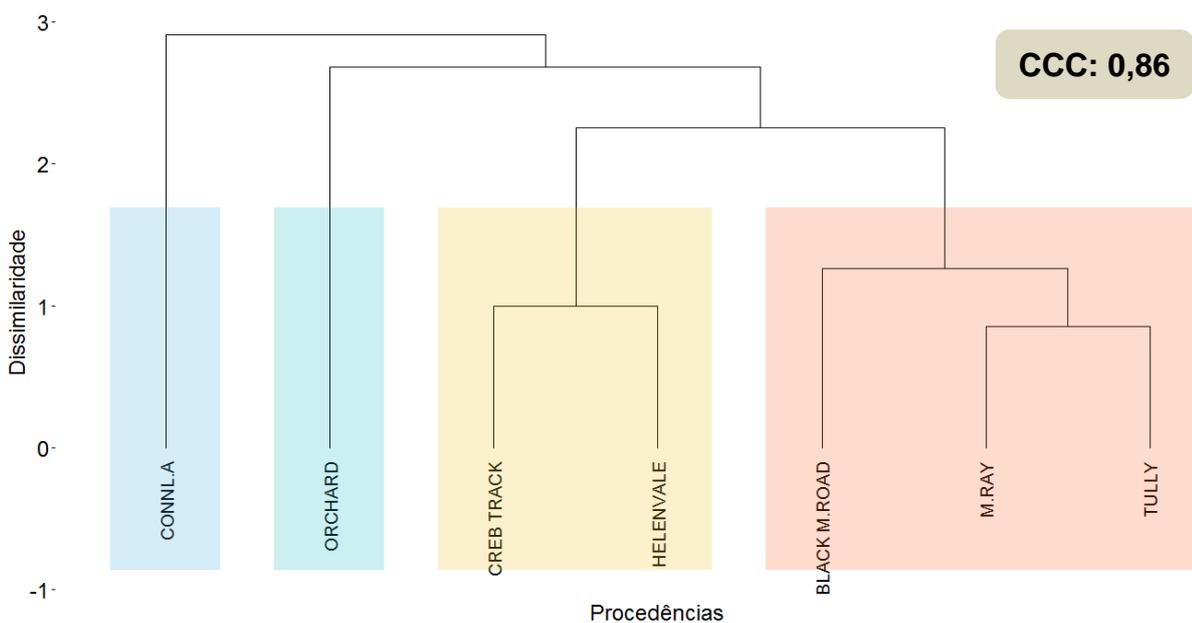


B= Black Mount Road; C= Connl. A; CT= Creb Track; H= Helenvale; M = M. Ray; O= Orchard; T= Tully

O agrupamento das procedências formado pelo método UPGMA (Figura 9) foi similar ao formado pelo método de Tocher. Pelo UPGMA, as procedências foram agrupadas em quatro grupos divergentes, sendo que pelo método de Tocher foram formados três grupos. Isto ocorreu devido a escolha de não utilizar um ponto de corte no dendrograma.

As procedências Connl. A e Orchard, mantiveram-se como as mais divergentes, porém as procedências Creb Track e Helenvale formaram um terceiro grupo, sendo que pelo método de Tocher estas formaram juntamente com as outras cinco procedências o grupo de maior similaridade. De acordo com Kageyama (1977) adaptação de procedências de mesma espécie em diferentes locais, resulta na variabilidade e divergência entre estas procedências.

Figura 9 - Dendrograma obtido pelo método UPGMA com base na distância generalizada de Mahalanobis (D^2), para sete procedências de *E. pellita* aos sete anos de idade



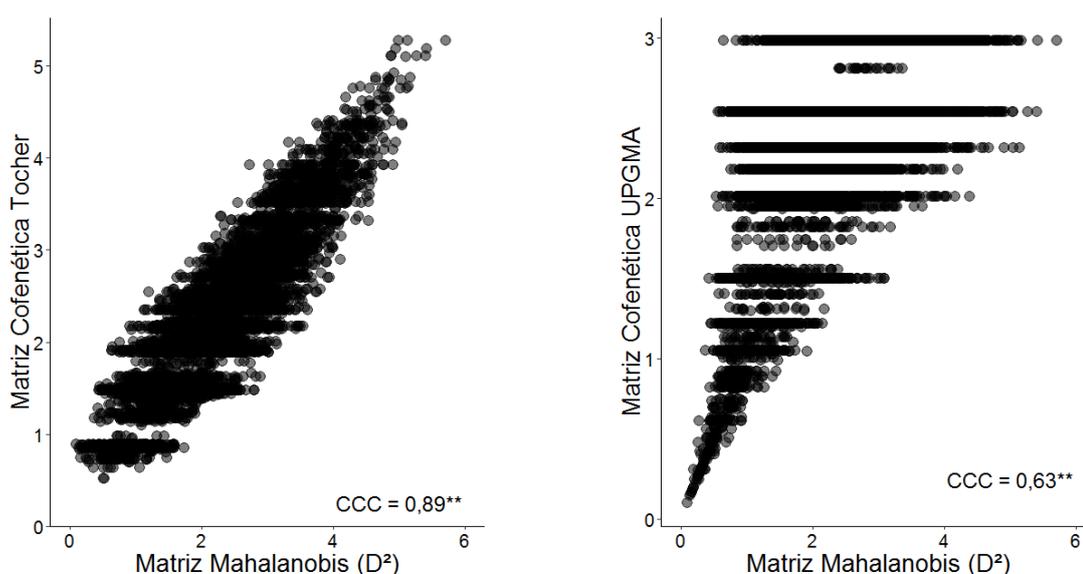
As populações de Creb Track e Helenvale em seus locais de origem, são próximas (Figura 2), de forma que o fluxo gênico entre as duas populações deve ter ocorrido com alta intensidade. Além disso a altitude média, temperatura média e a precipitação média (Tabela 1), são próximas de modo a estreitar a similaridade entre as duas populações, sendo este o possível motivo para que estas formassem um único grupo.

4.4 Coeficientes de correlação cofenéticos

Com o uso de dois métodos distintos de agrupamento: método hierárquico da ligação média (UPGMA) e o método de otimização de Tocher, percebemos que os agrupamentos não são totalmente iguais. A fim de encontrar um parâmetro que direcione o melhor método e agrupamento a ser considerado, estimamos o coeficiente de correlação cofenético (CCC). Este coeficiente descreve a similaridade da matriz de distâncias de Mahalanobis e a matriz cofenética de cada método avaliado, ou seja, indica o quanto é correta a representação das distâncias de Mahalanobis nos grupos formados (SOKAL e ROHLF, 1962).

Para o agrupamento das progênies, o método de otimização de Tocher apresentou alto CCC de 0,89 além de ser significativo a 5% pelo teste de Mantel (Figura 10). O agrupamento do método UPGMA teve CCC de 0,63, não apresentando a mesma confiabilidade que o método de Tocher, pois de acordo com Rohlf (1970), CCC menor que 0,7 indica inadequação do agrupamento. Por este motivo utilizamos como referência o mesmo número de grupos obtido pelo método de Tocher (29), para a formação dos grupos com UPGMA.

Figura 10 - Coeficiente de correlação cofenético entre a matriz de distância de Mahalanobis (D^2) das progênies de *E. pellita* e a matriz cofenética do método de agrupamento de Tocher e método de agrupamento UPGMA

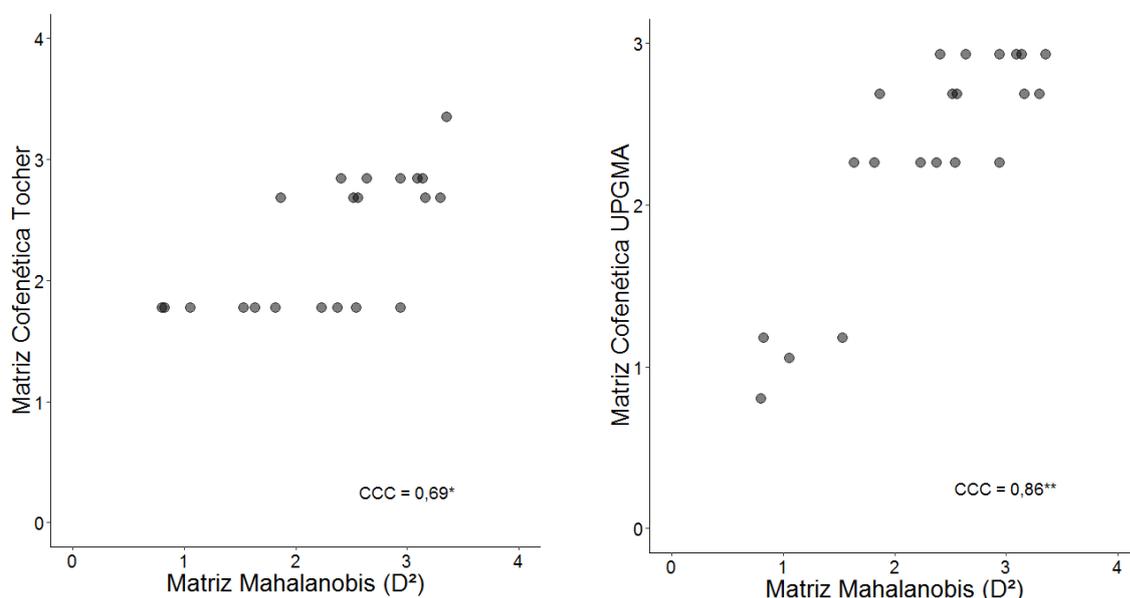


* significativo pelo teste de Mantel a 5% de probabilidade, com *bootstrap* de 1.000 repetições.

Para o agrupamento das procedências pelo método de Tocher, o CCC foi de 0,69 e significativo a 1% pelo teste de Mantel (Figura 11).

O agrupamento pelo método UPGMA apresentou coeficiente de correlação cofenético de CCC=0,86 e significativo a 5% pelo teste de Mantel (Figura 11). Esta superioridade no valor de CCC, reflete em maior confiabilidade no agrupamento UPGMA tratando-se das procedências, pois este conseguiu agrupar de forma mais consistente as procedências, em relação a matriz de distância genética.

Figura 11 - Coeficiente de correlação cofenético entre a matriz de distância de Mahalanobis (D^2) das procedências de *E. pellita* e a matriz cofenética do método de Tocher e do método de agrupamento UPGMA



** significativo pelo teste de Mantel a 1% de probabilidade, com *bootstrap* de 1.000 repetições.

4.5 Importância dos caracteres na estimativa da distância genética

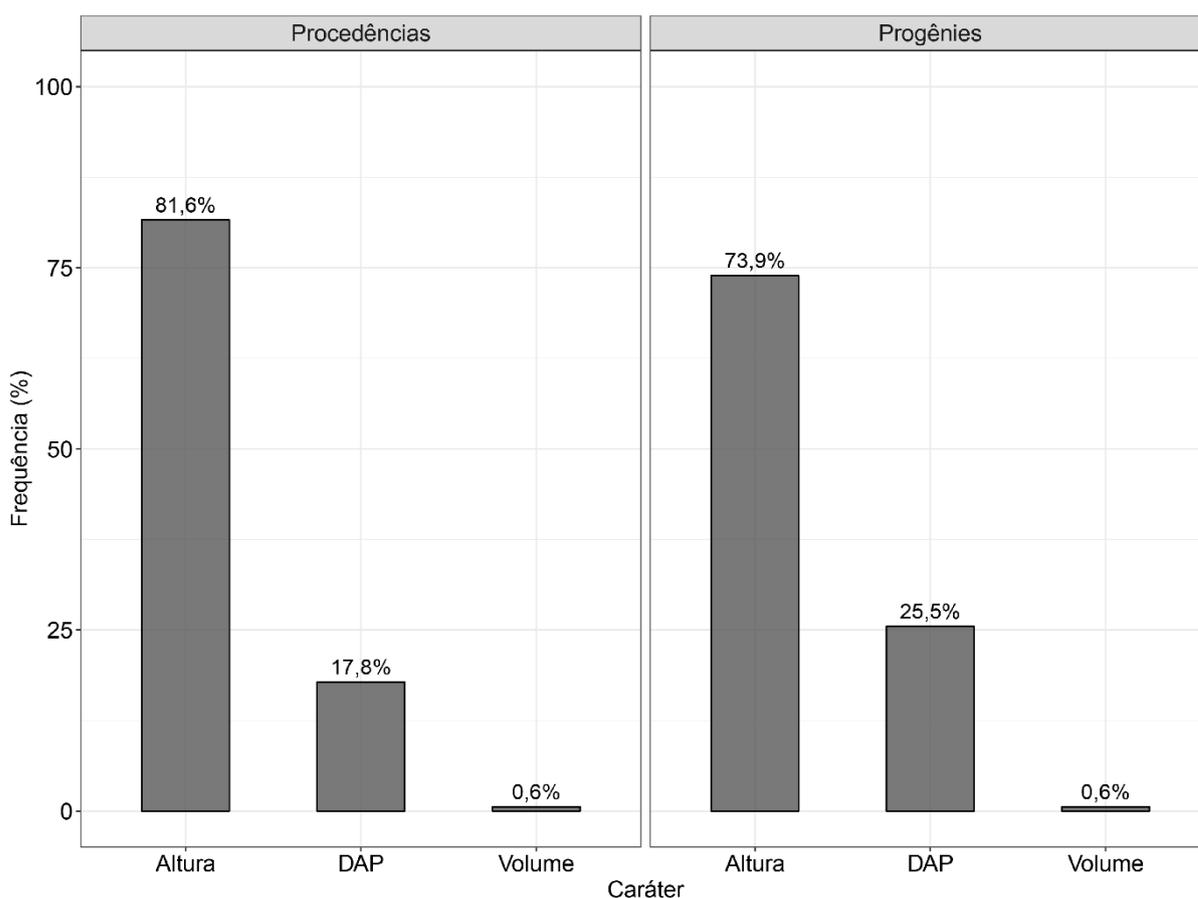
Pelo método de Singh (1981), a variável que mais contribuiu para a estimativa da divergência genética entre as procedências e progênies aos sete anos de idade foi a altura, com 86,8% e 73,8% respectivamente, seguido do DAP com 12,6% e 25,7% respectivamente (Figura 12). O volume individual contribuiu com apenas 0,6% para a estimativa da divergência genética entre as procedências e progênies.

Desta forma, o método de Singh permite concluir que o volume neste estudo, é pouco informativo para a avaliação da divergência genética entre as progênies e

procedências. No entanto, esta afirmativa deve ser considerada com ressalvas. Num primeiro momento, seria indicado o descarte da análise do volume para a avaliação da divergência genética, porém, não foi simulado o descarte do volume neste trabalho, sendo necessário uma análise mais ampla, identificando se há impacto na formação dos grupos e assim considerar a altura como o único caráter para a estimativa da distância genética.

Santos et al. (2016) encontraram para progênies de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* contribuições inversas para os caracteres quantitativos, onde o volume foi o caráter que contribui com o maior percentual para a divergência genética (98%), seguido do DAP (1,51%) e altura (0,26%).

Figura 12 - Importância relativa dos caracteres para a estimativa da divergência genética em progênies e procedências de *E. pellita* aos 7 anos de idade

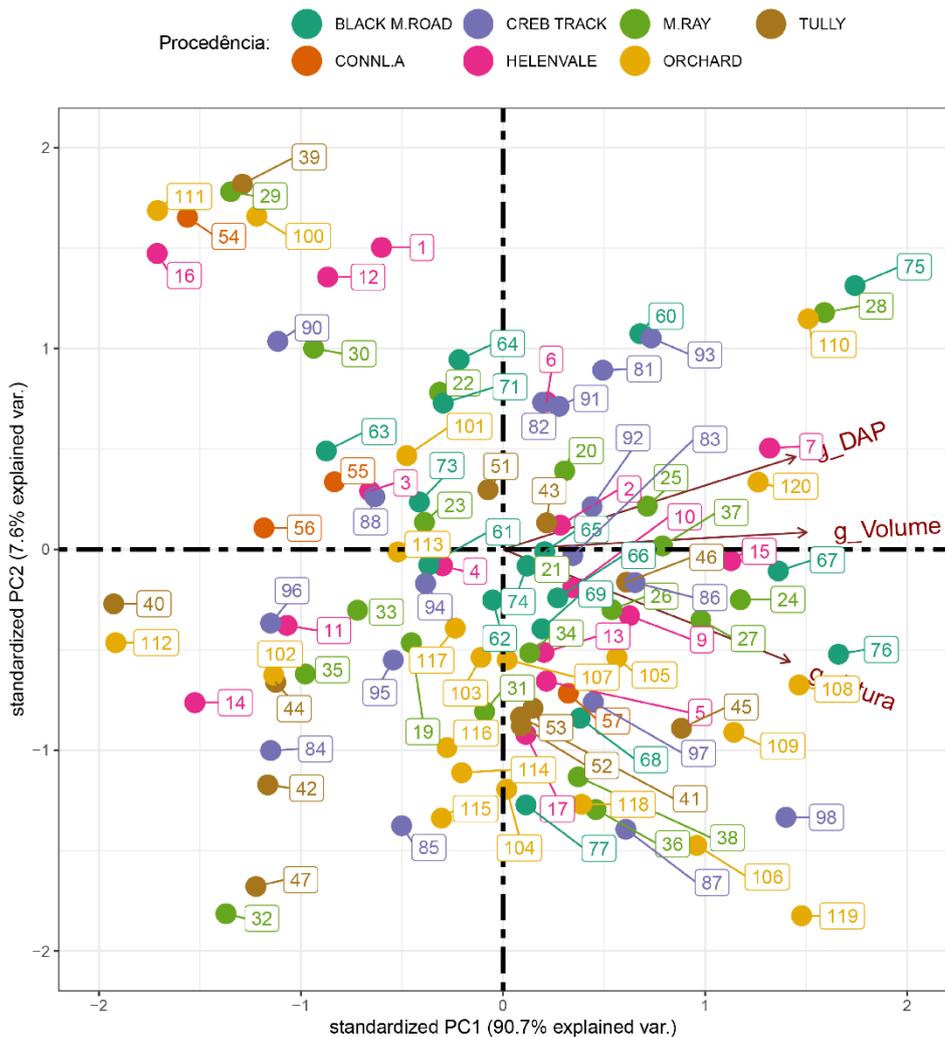


4.6 Análise de componentes principais

Utilizamos a análise multivariada de componentes principais para compreender o comportamento das procedências e progênieis em relação aos BLUPs dos caracteres de crescimento, buscando as procedências e progênieis superiores para cada caráter. Os resultados desta análise, principalmente para as procedências, corroboram com os resultados obtidos para a distância genética.

A análise de componentes principais para as progênieis de *E. pellita*, mostrou que os dois primeiros componentes principais explicaram 98,3% da variabilidade existente entre os BLUPs dos caracteres quantitativos (Figura 13).

Figura 13 - Dispersão das progênieis de *E. pellita* em função dos escores das duas componentes principais, baseado nos valores genéticos preditos (BLUP) dos caracteres quantitativos DAP, altura e volume, aos 7 anos de idade em Mucuri-BA



g_DAP: BLUP do DAP; g_altura: BLUP da Altura; g_Volume: BLUP do volume

A dispersão das progênies quanto as componentes PC1 e PC2, indicam que as progênies mais à direita são superiores em termos de BLUPs para os caracteres de crescimento. As progênies 75, 28, 110, 7 e 120 apresentaram o melhor desempenho em BLUP de DAP, sendo estas pertencentes a diferentes progênies.

Para a altura as progênies 76, 108, 98, 109 e 119 estiveram mais próximas do vetor g_{Altura} , sendo pertencentes as procedências Orchard, Creb Track e Black M. Road. Para volume as progênies 67, 15, 120, tiveram o melhor desempenho em termos de BLUPs de volume.

Não houve um padrão evidente de distribuição das progênies em relação as procedências, onde ao menos uma progênie de cada procedência se destacou em relação aos caracteres avaliados. De certa maneira mostrando certa homogeneidade na distribuição das progênies, possivelmente resultante da baixa variabilidade discutida ao longo desse trabalho.

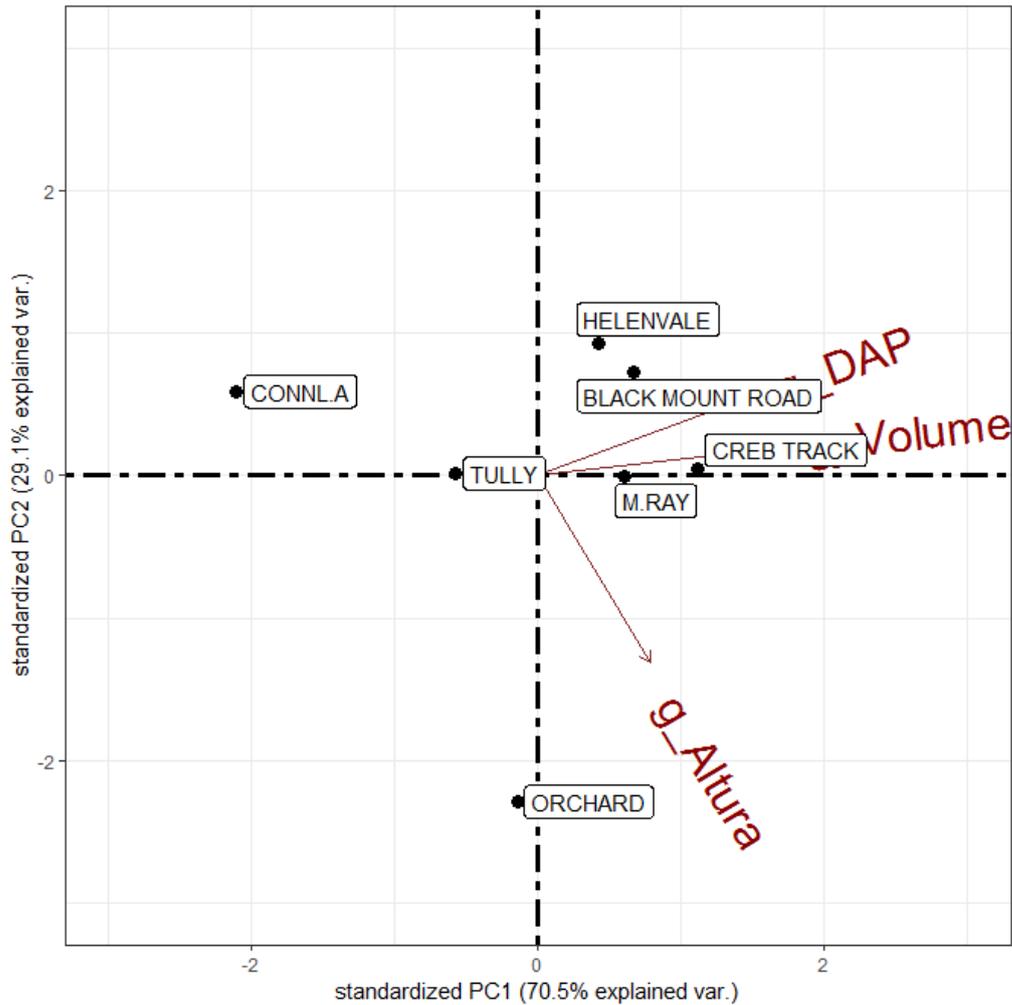
Por meio da dispersão dos escores das componentes principais, foi possível ainda avaliar a similaridade ou dissimilaridade das procedências em termos de valores genéticos (BLUP) para DAP, altura e volume. A análise de componentes principais mostrou que os dois primeiros componentes principais permitiram explicar 99,6% da variabilidade existente entre os BLUPs dos caracteres quantitativos (Figura 14). O componente principal 1 (PC1) e o componente principal 2 (PC2) contribuíram com 70,6% e 29,1%, respectivamente, com a variância existente entre as procedências de *E. pellita*.

Conforme a Figura 14, nota-se um grupo formado entre as procedências Helenvale, Black M. Road e Creb Track. Estas procedências tiveram melhor desempenho em termos de BLUP para DAP e volume. Assim como observado nos métodos de agrupamento já mencionados anteriormente, as procedências Connl. A e Orchard, mostraram-se divergentes em relação as outras procedências. A procedência Connl. A esteve oposta em relação ao desempenho em DAP e volume apresentado pelas outras procedências, tendo notório baixo desempenho em altura. Provavelmente, este seja um dos motivos que a levaram a ser mais divergente que as outras procedências, pois a altura foi o caráter que mais contribuiu para estimativa da divergência genética.

O desempenho inferior em DAP e volume das procedências Connl. A e Orchard, não compromete a manutenção destas na população, podendo serem

conservadas de forma *ex situ*, a fim de que suas progênes possam fornecer possíveis alelos complementares para caracteres de resistência a pragas e doenças, no programa de hibridação.

Figura 14 - Dispersão das procedências de *E. pellita* em função dos escores das duas componentes principais, baseado nos valores genéticos preditos (BLUP) dos caracteres quantitativos DAP, altura e volume, aos 7 anos de idade em Mucuri-BA



g_DAP: BLUP do DAP; g_altura: BLUP da Altura; g_Volume: BLUP do volume

5 CONCLUSÕES

A variabilidade entre progênies foi baixa, com estimativas de componentes de variância e herdabilidades de baixa magnitude, comprometendo a seleção a curto prazo.

O *E. pellita* demonstrou crescimento satisfatório para as condições edafoclimáticas de Mucuri – BA, apresentando IMA aos sete anos, próximo ao IMA médio das florestas comerciais da região.

As procedências australianas apresentaram baixos níveis de divergência genética, portanto, ganhos de seleção tendem a ser maiores se a seleção for feita dentro de procedências e progênies.

Os grupos de progênies obtidos pelo método de otimização de Tocher foram mais consistentes, portanto, o uso dos grupos definidos por este método são mais adequados para serem avaliados na hibridação interespecífica e intraespecífica.

Para a população avaliada, a altura foi o caráter de maior importância relativa para estimativa da distância genética.

O uso dos métodos de agrupamento para a formação de grupos heteróticos a partir da distância genética de caracteres quantitativos é pertinente, pois estes são de fácil aplicação e interpretação nos programas de melhoramento de espécies florestais.

Com base nos grupos formados pelo método de Tocher, cruzamentos entre os genitores divergentes destas populações, serão propostos em um dilalelo a fim de confirmar a superioridade da descendência dos cruzamentos, validando o uso dos agrupamentos como metodologia para identificar grupos heteróticos.

REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. W. **Principles of plant breeding**. New York: John Wiley & Sons, 1999. 254 p.
- ARISANDI, R.; MARSOEM, S. N.; LUKMANDARU, G. The contents of phenolics and cell wall component of *Eucalyptus pellita* F. Muell stemwood and bark. **Wood Research**, v. 64, n. 3, p. 411-422, 2019.
- ASLAM, M.; RESHI, Z. A.; SIDDIQI, T. O. Genetic divergence in half-sib progenies of *Pinus wallichiana* A. B. Jackson plus trees in the Kashmir Himalaya, India. **Tropical Ecology**, v. 52, n. 2, p. 201-208, 2011.
- ASSIS, T. F. Melhoramento genético do eucalipto. **Informe Agropecuário**, v. 18, p. 32-51, 1996.
- ASSIS, T. F.; ABAD, J. I. M.; AGUIAR, A. M. Melhoramento genético do eucalipto, *In*: SCHUMACHER, M. V.; VIEIRA, M. **Silvicultura do eucalipto no Brasil**. Santa Maria, RS: UFSM, 2015. p. 217-244.
- BATES, D.; MÄCHLER, M.; BOLKER, B. M.; WALKER, S. C. Fitting linear mixed-effects models using lme4. **Journal of Statistical Software**, v. 67, n. 1, p. 1-48, 2015.
- BERNARDO, R. Prediction of maize single-cross performance using RFLPs and information from related hybrids. **Crop Science**, v. 34, p. 20-25, 1994.
- BERTONCINI, G. H.; TAMBARUSSI, E. V.; SEBBENN, A. M.; MORAES, C. B.; TEIXEIRA, L. G.; FURTADO, E. L.; ZIMBACK, L.; MORI, E. S. Rust resistance and mating system in *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden progenies. **Scientia Forestalis**, v. 45, n. 114, p. 405-413, 2017.
- BOLAND, D. J; BROOKER, M. I. H; CHIPPENDALE, G. M; HALL, N; HYLAND, B. P. M; JOHNSTON, R. D; KLEINIG, D. A; TURNER, J. D. **Forest Trees of Australia**. 4. ed. Melbourne: CSIRO, 1984.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. **Melhoramento de Plantas**. 6. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2013. 523 p.
- CAIXETA, R. P.; CARVALHO, D.; ROSADO, S. C. S.; TRUGILHO, P. F. Variações genéticas em populações de *Eucalyptus* spp. detectadas por meio de marcadores moleculares. **Revista Árvore**, v. 27, n. 3, p. 357-363, 2003.
- CHAIX, G.; GERBER, S.; RAZAFIMAHARO, V.; VIGNERON, P.; VERHAEGEN, D.; HAMON, S. Gene flow estimation with microsatellites in a Malagasy seed orchard of *Eucalyptus grandis*. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 107, p. 705-712, 2003.
- CHATURVEDI, O. P.; PANDEY, N. Genetic divergence in *Bombax ceiba* L. germplasms. **Silvae Genetica**, v. 50, p. 99-102, 2001.

COSTA, R. B.; 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**, v. 11, n. 9, 2016.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa, MG: Editora UFV, 1994.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2 ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2001. 390 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2012. 480 p.

DUARTE, R. I.; SILVA, F. A. L. S.; SCHULTZ, J.; SILVA, J. Z.; REIS, M. S. Características de desenvolvimento inicial em teste de progênie de uma população de araucária na Flona de Três Barras-SC. **Biodiversidade Brasileira**, v. 2, n. 2, p. 114–123, 2012.

ERTIRO, B. T.; SEMAGN K.; DAS, B.; OLSEN, M.; LABUSCHAGNE, WORKU, M.; WEGARY, D.; AZMACH, G. OGUGO, V.; KENO T.; ABEBE, B.; CHIBSA, T.; MENKIR, A. Genetic variation and population structure of maize inbred lines adapted to the mid-altitude sub-humid maize agro-ecology of Ethiopia using single nucleotide polymorphic (SNP) markers. **BMC Genomics**, v.18, p. 777, 2017.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 1987. 279 p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Harlow, Inglaterra: Prentice Hall, 1996.

FERRÃO, M. A. G.; VIEIRA, C.; CRUZ, C. D.; CARDOSO, A. A. Divergência genética em feijoeiro em condições de inverno tropical. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 8, p. 1089-1098, 2002.

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

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

GRATTAPAGLIA, D.; VAILLANCOURT, R. E.; SHEPHERD, M.; THUMMA, B. R.; FOLEY, W.; KÜLHEIM, C.; POTTS, B. M.; MYBURG, A. A. Progress in Myrtaceae genetics and genomics: *Eucalyptus* as the pivotal genus. **Tree Genetics & Genomes**, v. 8, p. 463-508, 2012.

GUIMARÃES, L. M. S.; TITON, M.; LAU, D.; ROSSE, L. N.; OLIVEIRA, L. S. S.; ROSADO, C. C. G.; CHRISTO, G. G. O.; ALFENAS, A. C. *Eucalyptus pellita* as a

source of resistance to rust, ceratocystis wilt and leaf blight. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, n. 2, 2010.

HAIR JÚNIOR, J. F.; BLACK, W. C.; BABIN, B. J.; ANDERSON, R. E.; TATHAM, R. L. **Análise multivariada de dados**. 6. ed. Porto Alegre, Bookman: 2009. 688 p.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**. 2 ed. Ames: Iowa State University Press. 1988. 468 p.

HOUSE, A. P. N.; BELL, J. C. Genetic diversity, mating systems and systematic relationship in two red mahoganies, *Eucalyptus pellita* and *E. scias*. **Australian Journal Botany**, v. 44, p. 157-174, 1996.

HUNG, T. D.; BRAUNER, J. T.; MEDER, R.; LEE, D. J.; SOUTHERTON, S.; THINH, H. H.; DIETERS, M. J. Estimates of genetic parameters for growth and wood properties in *Eucalyptus pellita* F. Muell. to support tree breeding in Vietnam. **Annals of Forest Science**, v. 72, n. 2, p. 205-217, 2015.

JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. A. **Applied multivariate statistical analysis**. Englewood: Prentice Hall, 1988. 594 p.

KAGEYAMA, P. Y. **Variação genética entre procedências de *Pinus oocarpa* Schiede na região de Agudos, SP**. 1977. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1977.

KAGEYAMA, P. Y. Endogamia em espécies florestais. **Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais (Série Técnica)**, v. 2, n. 8, 1981, p. 1-40.

KAGEYAMA, P. Y.; VENCOVSKY, R. Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden. **IPEF**, v. 24, p. 9-26, 1983.

KENDALL, M. G. Factor analysis. **Journal of the Royal Statistical Society**, v.12, p. 60-94, 1950.

KÖPPEN, W. Das geographische system der klimate. *In*: KÖPEN, W., GEIGER, R. (Eds.): **Handbuch der Klimatologie**. Berlin: Gebrüder Bornträger, 1936, v.1, p.1-44.

KUZNETSOVA, A.; BROCKHOFF, P. B.; CHRISTENSEN, R. H. B. "lmerTest Package: tests in linear mixed effects models." **Journal of Statistical Software**, v. 82, n. 13, p. 1–26, 2017.

LEE M. DNA markers and plant breeding programs. **Advances in Agronomy**, v. 55, p. 265-344, 1995.

LENG, Y.; LV, C.; LI, L.; XIANG, Y.; XIA, C.; WEI, R.; RONG, T.; LAN, H. Heterotic grouping based on genetic variation and population structure of maize inbred lines from current breeding program in Sichuan province, Southwest China using genotyping by sequencing (GBS). **Molecular Breeding**, v. 39, n. 3, p. 38, 2019.

LUZ, O. S. L.; HONÓRIO, A. B. M.; FIDELIS, R. R.; NASCIMENTO, I. R.; MORAES, C. B.; LEAL, T. C. A. B. Characteristics for the selection of parents of *Corymbia*

citriodora aiming to the production of wood and essential oil. **Revista Árvore**, v. 42, n. 1, 2018.

MAGALHÃES, W. M.; MACEDO, R. L. G.; VENTURIN, N.; HIGASHIKAWA, E. M.; YOSHITANI JÚNIOR, M. Desempenho silvicultural de clones e espécies/procedências de *Eucalyptus* na região noroeste de Minas Gerais. **Cerne**, v. 13, n. 4, p. 368-375, 2007.

MAHALANOBIS, P. C. On the generalized distance in statistics. **Proceedings of the National Institute of Science of India**, v. 2, p. 49-55, 1936.

MANTEL, N. The detection of disease clustering and generalized regression approach. **Cancer Research**, v. 27, p. 209-220, 1967.

MIRANDA, A. C.; MORAES, M. L. T.; SILVA, P. H. M.; SEBBENN, A. M. Ganhos genéticos na seleção pelo método do índice multi-efeitos em progênies polinização livre de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Scientia Forestalis**, v. 43, n. 105, p. 203-209, 2015.

MORI, E. S.; KAGEYAMA, P. Y.; FERREIRA, M. Variação genética e interação progênies x locais em *Eucalyptus urophylla*. **IPEF**, v. 39, p. 53-63, 1988.

MULLER, B. S. F.; NEVES, L. G.; RESENDE JÚNIOR, M. F. R.; MUNOZ DEL VALLE, P. R.; KIRST, M.; SANTOS, P. E. T.; PALUDZYSZYN FILHO, E.; GRATTAPAGLIA, D. Genomic Selection for growth traits in *Eucalyptus benthamii* and *E. pellita* populations using a genome-wide *Eucalyptus* 60K SNPs chip. In: PROCEEDINGS OF THE IUFRO TREE BIOTECHNOLOGY CONFERENCE, 2015, Florença, Itália. Florestas: a importância para o planeta e a sociedade, 2015.

NAMKOONG, G. **Introduction to quantitative genetics in forestry**. Washington: Forest Service, 1979. 342 p.

NEI, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. **Genetics**, v. 89, p. 583-590, 1978.

OKSANEN, J.; BLANCHET, F. G.; KINDT, R.; LEGENDRE, P.; MINCHIN, P. R.; O'HARA, R. B.; SIMPSON, G. L.; SOLYMOS, P.; STEVENS, M. H. H.; WAGNER, H. **vegan: Community Ecology Package. R package version 2.5-4**. Disponível em: <<https://cran.r-project.org/web/packages/vegan/index.html>>. Acesso em: 15 de junho, 2018.

OLIVEIRA, A. C. CARNEIRO, A. C. O.; VITAL, B. R.; ALMEIDA, W.; PEREIRA, B. L. C.; CARDOSO, M. T. Parâmetros de qualidade da madeira e do carvão vegetal de *Eucalyptus pellita* F. Muell. **Scientia Forestalis**, v.38, p.431-439, 2010.

PEREIRA, J. C. D.; STURION, J. A.; HIGA, A. R.; HIGA, R. C. V.; SHIMIZU, J. Y. **Características de madeiras de algumas espécies de eucaliptos plantadas no Brasil**. Colombo; Embrapa Florestas, 2000. 113 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 38)

PIMENTEL, A. J. B.; GUIMARÃES, J. F. R.; SOUZA, M. A.; RESENDE, M. D. V.; MOURA, L. M.; ROCHA, J. R. A. S. C.; RIBEIRO, G. Estimaco de parâmetros genéticos e predico de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 49, n. 11, p. 882-890, 2014.

QUANG, T. H.; GYLLENSTRAND, N.; JANSSON, G.; GRIFFIN, R.; VON ARNOLD, S.; CLAPHAM, D. Evaluating population structure by neutral markers in a thinned progeny trial of *Eucalyptus urophylla*. **Journal of Tropical Forest Science**, v. 25, p. 350–360, 2013.

R CORE TEAM. R: **A language and environment for statistical computing**. Vienna, Áustria: R Foundation for Statistical Computing, 2019. Disponível em: <<https://www.r-project.org/>>. Acesso em: 23 abr. 2019.

RAO C. R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley & Sons, 1952. 390 p.

RESENDE, M. D. V. Delineamento de experimentos de seleo para maximizao da acurácia seletiva e do progresso genético. **Revista Árvore**, v. 19, n. 4, p. 479-500, 1995.

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

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

RESENDE, M. D. V.; ASSIS, T. F. Seleo recorrente recíproca entre populaes sintéticas multi-espécies (SRR-PSME) de eucalipto. **Pesquisa Florestal Brasileira**, n. 57, p. 57-60, 2008.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisao e controle de qualidade em experimentos de avaliao de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.37, p.182-194, 2007.

RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. F.; AZEVEDO, C. F. **Estatística matemática, biométrica e computacional: Modelos mistos, multivariados, categóricos e generalizados (REML/BLUP), inferência bayesiana, regressão aleatória, seleção genômica, QTL-GWAS, estatística espacial e temporal, competio, sobrevivência**. Viosa: Suprema, 2014. 881 p.

RESENDE, M. D. V.; STURION, J. A.; CARVALHO, A. P.; ROSANGELA, M. S.; FERNANDES, J. S. C. **Programa de melhoramento da erva-mate coordenado pela Embrapa: resultados da avaliao genética de populaes, progênies, indivíduos e clones**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 65 p. (Circular Técnica, 43)

ROCHA, M. G. B.; PIRES, I. E.; ROCHA, R. B.; XAVIER, A.; CRUZ, C. D. Seleo de genitores de *Eucalyptus grandis* e de *Eucalyptus urophylla* para produo de híbridos interespecíficos utilizando REML/BLUP e informao de divergência genética. **Revista Árvore**, v. 31, n. 6, p. 977-987, 2007.

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

RODAS, C. A.; LOMBARD, L.; GRYZENHOINF, M.; SLIPPERS, B.; WINGFIELD, M. J. *Cylindrocladium blight* of *Eucalyptus grandis* in Colombia. **Australian Plant Pathology**, v. 34, n. 2, p. 143-149, 2005.

ROHLF, F. J. Adaptative hierarquical clustering schemes. **Systematic Zoology**, v. 19, n. 1, p. 58-82, 1970.

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

SAMPSON, J. F.; HANKINSON, M.; MCARTHUR, S.; TAPPER, S.; LANGLEY, M.; GIBSON, N.; BYRNE, M. Long-term 'islands' in the landscape: low gene flow, effective population size and genetic divergence in the shrub *Hakea oldfieldii* (Proteaceae). **Botanical Journal of the Linnean Society**, v. 179, n. 2, p. 319-334, 2015.

SANTOS, M. R.; GUIMARÃES, L. M. S.; RESENDE, M. D. V.; ROSSE, L. N.; ZAMPROGNO, K. C.; ALFENAS, A. C. Resistance of *Eucalyptus pellita* to rust (*Puccinia psidii*). **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 14, n. 4, p. 244-250, 2014.

SANTOS, W.; ARAÚJO, E. G.; SOUZA, D. C. L.; SILVA, J. R.; RECCO, C. R. S. B.; MORAES, M. L. T. AGUIAR, A. V. Divergência genética entre progênies de polinização aberta de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* a partir de caracteres quantitativos. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 36, n. 86, p. 127-133, 2016.

SATO, A. S.; SEBBENN, A. M.; MORAES, E.; ZANATTO, A. C. S.; FREITAS, M. L. M. Seleção dentro de progênies de *Eucalyptus resinifera* aos 21 anos de idade em Luiz Antônio-SP. **Revista do Instituto Florestal**, v. 19, n. 1, p. 93-100, 2007.

SCAPIM, C. A.; PIRES, I. E.; CRUZ, C. D.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; BRACCINI, A. L.; OLIVEIRA, V. R. Avaliação da diversidade genética em *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh, por meio da análise multivariada. **Revista Ceres**, v. 46, n. 266, p. 347-356, 1999.

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

SEBBENN, A. M. Tamanho amostral para conservação *ex situ* de espécies arbóreas com sistema misto de reprodução. **Revista do Instituto Florestal**, v. 15, n. 2, p. 147-162, 2003.

SEBBENN, A. M.; FREITAS, M. L. M.; MORAIS, E.; ZANATTO, A. C. S. Variação genética em procedências e progênies de *Pinus patula* ssp. *tecunumanii* no noroeste do Estado de São Paulo. **Revista Instituto Florestal**, v. 17, n. 1, p. 1-15, 2005.

SEBBENN, A. M.; SIQUEIRA, A. C. M.; KAGEYAMA, P. Y.; DIO JUNIOR, O. J. Variação genética entre e dentro de populações de amendoim – *Pterogyne nitens*. **Scientia Forestalis**, n. 56, p. 29-40, 1999.

SEHGAL, R. N.; CHAUHAN, S. K.; KHOSLA, P. K. Variation in cone, seed and nursery characters in high resin yielding trees selected in Himachal Pradesh. **Indian Journal of Forestry**, v. 17, p. 105-111, 1994.

SILVA, A. R.; DIAS, C. T. S. A cophenetic correlation coefficient for Tocher's method. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, p. 589-596, 2013.

SILVA, A. R.; MALAFAIA, G.; MENEZES, I. P. P. biotools: an R function to predict spatial gene diversity via an individual-based approach. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, 2017.

SILVA, J. M.; AGUIAR, A. V.; MORI, E. S.; MORAES, M. L. T. Divergência genética entre progênes de *Pinus caribaea* var. *caribaea* com base em caracteres quantitativos. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 32, n. 69, p. 69-77, 2012.

SILVA, P. H. M.; PAULA, R. C.; MORAES, M. L. T. **Melhoramento de Populações de Eucaliptos**. 1. ed. Piracicaba: IPEF, 2018. 108 p.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v. 41, p. 237-245, 1981.

SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, v. 11, n. 2, p. 33-40, 1962.

SOUZA JUNIOR, C. L. Melhoramento de espécies alógamas. *In*: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C.; **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas**, Ed. Fundação MT: Rondonópolis, 2001. p. 159-199.

SOUZA, C. S.; FREITAS, M. L. M.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Estimativas de parâmetros genéticos para caracteres quantitativos em progênes de polinização aberta de *Eucalyptus urophylla*. **Floresta**, v. 41, n. 4, p. 847-856, 2011.

SOUZA, F. B., FREITAS, M. L. M., MORAES, M. L. T., BOAS, O. V.; SEBBENN, A. M. Seleção de espécies e procedências de *Pinus* para região de Assis, Estado de São Paulo. **Scientia Forestalis**, v. 44, n. 111, p. 675-682, 2016.

SPITZE K. Population structure in *Daphnia obtusa*: quantitative genetic and allozymic variation. **Genetics**, v. 135, n. 2, p. 367–374, 1993.

SQUILLACE, A. E. Average genetic correlations among offspring from open-pollinated forest trees. **Silvae Genetica**, v. 23, p. 149-156, 1974.

STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V. Avaliação genética e análise de deviance em um teste desbalanceado de procedência e progênie de *Ilex paraguariensis*. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 30, n. 62, p. 157, 2010.

TAMBARUSSI, E. V; PEREIRA, F. B; SILVA, P. H. M; LEE, D; BUSH, D. Are tree breeders properly predicting genetic gain? A case study involving *Corymbia* species. **Euphytica**, v. 214, n. 8, p. 150-161, 2018.

TRUGILHO, P. F.; REGAZZI, A. J.; VITAL, B. R.; GOMIDE, J. L. Aplicação de algumas técnicas multivariadas na avaliação da qualidade da madeira de *Eucalyptus* e seleção de genótipos superiores para a produção de carvão vegetal. **Revista Árvore**, v. 21, n. 1, p. 113-130, 1997.

VENCOVSKY, R. BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 406 p.

VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. *In*: PATERNIANI, E. **Melhoramento do milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 122-201.

WEI, T.; SIMKO, V. **R package "corrplot": Visualization of a Correlation Matrix (Version 0.84)**. Disponível em: <https://github.com/taiyun/corrplot>. Acesso em 4 de junho de 2017.

WRIGHT, J. W. **Introduction to forest genetics**. New York: Academic Press, 1976. 464 p.

ZANATA, M.; FREITAS, M. L. M.; SILVA, T. M.; MORAIS, E.; ZANATTO, A. C. S.; SEBBENN, A. M. Parâmetros genéticos e ganhos na seleção em teste de progênes de polinização aberta de *Eucalyptus pellita*, Batatais–SP. **Revista do Instituto Florestal**, v. 22, n. 2, p. 233-242, 2010.

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

ZOBEL, B.; TALBERT, J. **Applied forest tree improvement**. New York: John Willeys & Sons, 1984. 505 p.

APÊNDICE A – Distância média intergrupos de progênies de *E. pellita* aos sete anos em Mucuri-BA

		GRUPOS																											
		2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29
GRUPOS	1	1.9	1.5	2.3	1.6	2.7	3.5	2.4	3.8	2.0	3.3	3.3	2.8	2.6	1.6	1.5	3.9	2.0	2.0	2.7	3.1	2.3	1.4	2.4	3.7	2.8	1.2	3.0	3.6
	2		2.2	1.5	1.9	1.4	2.9	2.2	2.2	1.5	1.9	2.7	1.2	2.0	2.1	2.3	2.5	2.7	1.2	2.6	3.0	1.4	2.2	2.1	2.7	2.7	1.2	2.2	3.0
	3			2.5	2.7	3.3	3.0	3.1	3.7	1.4	2.8	4.2	3.0	3.6	1.5	2.5	4.4	1.6	2.4	1.4	3.6	3.1	2.1	2.0	2.8	3.9	1.7	3.7	4.1
	4				2.5	2.2	1.9	1.5	2.2	1.6	2.5	2.3	1.5	2.4	3.0	2.1	3.4	2.3	2.4	2.7	1.9	1.4	3.1	3.1	3.2	3.5	1.3	3.3	1.9
	5					2.0	4.1	2.1	3.8	2.7	3.6	2.5	2.6	1.4	2.4	1.7	3.2	3.1	1.8	3.8	3.1	1.6	1.6	2.9	4.3	1.5	1.5	2.2	3.3
	6						3.8	2.5	2.4	2.6	2.5	2.4	1.3	1.4	2.9	3.0	1.5	3.8	1.4	3.8	3.4	1.3	2.6	2.7	3.5	2.1	2.1	1.4	3.1
	7							2.7	2.6	2.2	2.9	3.7	2.7	4.2	4.0	3.3	4.8	2.4	3.8	2.6	2.4	3.1	4.5	4.0	3.2	5.3	2.7	4.9	2.6
	8								3.3	2.6	3.7	1.5	2.4	2.1	3.5	1.5	3.9	2.5	2.9	3.7	1.1	1.3	3.3	3.9	4.4	3.2	1.5	3.6	1.5
	9									2.5	1.5	3.5	1.3	3.3	3.8	4.1	2.6	3.9	2.7	3.3	3.7	2.6	4.1	3.2	2.4	4.4	3.0	3.3	3.2
	10										1.9	3.6	1.9	3.2	2.1	2.5	3.6	1.9	2.1	1.4	3.0	2.4	2.6	2.0	2.0	3.8	1.4	3.3	3.3
	11											4.2	1.6	3.6	2.9	4.0	2.7	3.6	2.2	2.3	4.2	3.0	3.4	2.0	1.2	4.3	2.8	3.1	4.0
	12												2.7	1.8	4.3	2.5	3.6	3.8	3.3	4.8	2.0	1.4	3.9	4.6	5.2	2.9	2.5	3.4	1.5
	13													2.3	3.0	3.1	2.1	3.3	1.7	3.0	3.1	1.5	3.1	2.6	2.6	3.2	2.0	2.4	2.7
	14														3.2	2.4	2.5	3.8	2.0	4.4	3.1	1.2	2.6	3.4	4.5	1.4	2.1	1.8	2.9
	15															2.8	3.7	2.8	1.8	2.4	4.3	3.1	1.2	1.3	3.0	3.1	2.1	2.8	4.7
	16																4.4	2.0	2.8	3.5	2.0	2.0	2.5	3.6	4.5	3.0	1.3	3.6	2.7
	17																	5.1	2.1	4.6	4.8	2.7	3.5	3.1	3.8	2.9	3.5	1.5	4.3
	18																		3.4	2.1	2.5	3.1	3.2	3.4	3.6	4.5	1.8	4.6	3.3
	19																			3.0	3.8	2.0	1.6	1.6	2.9	2.3	1.8	1.4	3.8
	20																				4.0	3.7	3.2	2.2	1.8	4.9	2.5	4.3	4.4
	21																					2.2	4.2	4.7	4.8	4.2	2.3	4.6	1.1
	22																						2.8	3.3	3.9	2.4	1.4	2.4	2.0
	23																							1.9	3.8	2.2	2.0	2.3	4.6
	24																								2.1	3.5	2.5	2.6	4.9
	25																									5.1	3.3	4.0	4.8
	26																										2.8	1.7	4.2
	27																											2.9	2.7
	28																												4.4