

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”

**FACULDADE DE ENGENHARIA
CÂMPUS DE ILHA SOLTEIRA**

DANIELE FERNANDA ZULIAN

**ESTRATÉGIAS PARA PRODUÇÃO DE SEMENTES MELHORADAS DE
Myracrodruon urundeuva E *Eucalyptus grandis* NA REGIÃO LESTE DO MATO
GROSSO DO SUL**

Ilha Solteira
2021

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

DANIELE FERNANDA ZULIAN

**ESTRATÉGIAS PARA PRODUÇÃO DE SEMENTES MELHORADAS DE
Myracrodruon urundeuva E *Eucalyptus grandis* NA REGIÃO LESTE DO MATO
GROSSO DO SUL**

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

Mario Luiz Teixeira de Moraes
Orientador

Ananda Virgínia de Aguiar
Coorientadora

FICHA CATALOGRÁFICA

Desenvolvido pelo Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação

- Z94e Zulian, Daniele Fernanda.
Estratégias para produção de sementes melhoradas de *Myracrodruon urundeuva* e *Eucalyptus grandis* na região leste do Mato Grosso do Sul / Daniele Fernanda Zulian. -- Ilha Solteira: [s.n.], 2021
107 f. : il.
- Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. Especialidade: Sistemas de Produção, 2021
- Orientador: Mario Luiz Teixeira de Moraes
Coorientadora: Ananda Virginia de Aguiar
Inclui bibliografia
1. Área de produção de sementes. 2. Pomar de sementes por mudas. 3. Variabilidade genética. 4. Melhoramento genético.


Raiane da Silva Santos

Supervisora Técnica de Seção
Seção Técnica de Referência, Atendimento ao usuário e Documentação
Diretoria Técnica de Biblioteca e Documentação
CRB/8 - 9999

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA TESE: ESTRATÉGIAS PARA PRODUÇÃO DE SEMENTES MELHORADAS DE *Myracrodruon urundeuva* E *Eucalyptus grandis* NA REGIÃO LESTE DO MATO GROSSO DO SUL

AUTORA: DANIELE FERNANDA ZULIAN

ORIENTADOR: MARIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES

COORIENTADORA: ANANDA VIRGÍNIA DE AGUIAR

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



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

Prof. Dr. JOSÉ CAMBUIM (Participação Virtual)
Departamento de Agricultura / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira - UNESP

Prof. Dr. JOAO ANTONIO DA COSTA ANDRADE (Participação Virtual)
Departamento de Biologia e Zootecnia / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira - UNESP

Prof. Dr. CELSO LUIS MARINO (Participação Virtual)
Departamento de Genética / Faculdade de Ciências Agronômicas de Botucatu - UNESP

Dr. LEONARDO NOVAES ROSSE (Participação Virtual)
Pesquisa e Biotecnologia Florestal / Eldorado Brasil Celulose S/A

Ilha Solteira, 02 de setembro de 2021

DEDICATÓRIA

A minha mãe Ivanete e meu pai Laurindo pelo amor, paciência, carinho e incentivo,
aos meus irmãos, Eliseu e Franciele pelo amor, compreensão e apoio.

SOBRE A AUTORA

Daniele Fernanda Zulian, nascida em 11 de junho de 1991 na cidade de Pitanga, Paraná, é filha de Ivanete Maria Zulian e Laurindo Zulian e tem um irmão, Eliseu Zulian e uma irmã, Franciele Zulian Favretto. Obteve o título de Bacharel em Engenharia Florestal pela Universidade Tecnológica Federal do Paraná” (UTFPR) – *Campus* Dois Vizinhos em 2014. Durante a graduação, se dedicou às atividades de pesquisa no Departamento de Fruticultura (Bolsista PIBIC/CNPq 2010 – 2012) e no Departamento de propagação vegetativa (Bolsista PIBITI/CNPq 2012 – 2013). Ainda na graduação, atuou com pesquisas na área de Conservação e Melhoramento Genético Florestal na Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA/Floresta), e pesquisas na área de Cultura de Tecidos Vegetais In Vitro, na Universidade Federal do Paraná (UFPR) (Estagiária 2014). Fez o curso de Mestrado pelo Programa de Pós-Graduação em Agronomia pela UNESP *campus* Ilha Solteira na área de Sistemas de Produção – Genética, Melhoramento e Propagação de Plantas (bolsista CAPES 2015-2017). Entre 2016 e 2017 ministrou aulas de silvicultura no curso de Agronomia da UNESP de Ilha Solteira pelo programa de bolsista didático. Em 2017, ingressou no curso de Doutorado pelo Programa de Pós-Graduação em Agronomia pela UNESP Campus Ilha Solteira na área de Sistemas de Produção – Genética, Melhoramento e Propagação de Plantas (bolsista Fepisa 2018-2021/parceria Eldorado Brasil), onde vem desenvolvendo atividades de pesquisa com diferentes espécies arbóreas na área de silvicultura, conservação genética e melhoramento florestal. Realizou atividades como, coleta de sementes, produção de mudas, instalação de testes de progênes, condução e avaliação de experimentos e análises de dados com softwares genéticos estatísticos.

AGRADECIMENTOS

À DEUS, pela minha vida, por sempre estar comigo me mostrando o caminho, dando-me sempre forças, fé e muita perseverança nesses anos e, acima de tudo, ter me dado muita saúde e disposição para ter vencido mais uma etapa da minha vida;

Ao Prof. Dr. Mario Luiz Teixeira de Moraes pelos ensinamentos, orientação, dedicação ao trabalho, paciência e confiança;

À pesquisadora Prof. Dra. Ananda Virginia Aguiar pelos auxílios e colaborações prestados no desenvolvimento deste trabalho;

À Prof. Dra. Marcela Aparecida de Moraes e Mariana Moraes pelas contribuições prestadas e ensinamentos no desenvolvimento deste trabalho;

À UNESP – Campus de Ilha Solteira, aos professores, técnicos e funcionários do Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio Economia, sempre atenciosos, prestativos e cordiais;

Aos funcionários da Seção de Pós-Graduação, da Biblioteca, do transporte, que sempre estiveram à disposição;

Aos Funcionários da Fazenda de Ensino e Pesquisa da FEIS/UNESP, pela colaboração e auxílio na pesquisa de campo: Buchada Queiroz, Alvino da Silva, Alexandre Flores, Zé Raimundo, Juliano, César, Zé Hernandez, Juninho, Mexerica, Júlio, Ailton, Baiano, Elder, Ederson, Tejim, Carlão, Jau e em especial a José Cambuim, Alexandre Marques da Silva e Alonso Ângelo. Muito obrigada pela amizade e apoio incondicional em minha formação;

À Selma Maria Bozzite de Moraes pelos ensinamentos, pelo carinho e amizade;

Aos amigos da equipe do Laboratório de Silvicultura e Genética de Populações, pela ajuda no campo e ótimas conversas: Selma Maria Bozzite de Moraes, Jose Cambuim, Alonso Ângelo da Silva, Alexandre Marques da Silva, Murilo Serra, Silvelise Pupin, Jose Carlos, Franciele A. C. Saul, Patrícia Alves, Darlin Zaruma, Maiara Cornacini, Lara Comar, Luciane Sato, Keller de Lima, Marília Gabriela e Arnaldo Pinhoni que contribuíram de maneira ímpar na coleta dos dados para concluir os estudos;

À Andre Thiago C. Stuani, amigo e marido, pela imensa ajuda no campo, companheirismo, carinho e dedicação, por não deixar eu desistir em nenhum momento dos meus sonhos;

À minha Família, pelo apoio e incentivo.

Aos amigos, Franciele Saul e família, Alonso Ângelo e família, José Cambuim e família, Alexandre Marques e família, José Carlos e família, Murilo Serra da Silva, Keller de Lima,

Maiara Cornacini, Marcelo Alcantara, pela amizade, confiança e apoio durante este tempo de convivência. Gratidão!

À FEPISA, pelos serviços prestados;

À empresa Eldorado, pela oportunidade, concessão de bolsa e financiamento do projeto. Em especial, ao pesquisador Leonardo Novaes Rosse, pela confiança, colaboração e apoio para o desenvolvimento deste trabalho;

À empresa pontal flora, pela colaboração e apoio para o desenvolvimento deste trabalho;

A todos que direta e indiretamente contribuíram para a realização da minha tese de Doutorado, minha imensa gratidão.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1	Figura 1 - Distribuição de <i>M. urundeuva</i> nos países e por biomas no Brasil.....	13
Figura 2	Características morfológicas da <i>M. urundeuva</i>	14
Figura 3	Plantas com florescimento feminino e masculino de <i>M. urundeuva</i>	14
Figura 4	Localização das regiões Norte e Sul, onde o <i>Eucalyptus grandis</i> ocorre naturalmente.....	15
Figura 5	Figura 5 - Mapa de aptidão climática para o cultivo de <i>Eucalyptus grandis</i> no Brasil.....	16
Figura 6	Características morfológicas do <i>Eucalyptus grandis</i>	17
Figura 7	Localização geográfica da população base (atual APSS) de <i>Myracrodruon urundeuva</i> na FEPE/FEIS/UNESP, no município de Selvíria-MS.....	33
Figura 8	Distribuição dos 96 indivíduos selecionados e genotipados na APPS de <i>M. urundeuva</i>	35
Figura 9	Distribuição das matrizes e local de plantio do teste de progênes de segunda geração de <i>M. urundeuva</i>	37
Figura 10	Organograma do programa de pré-melhoramento de <i>Myracrodruon urundeuva</i> na UNESP.....	39
Figura 11	Figura 11. Classes de diâmetro a altura do peito (DAP), Altura e diâmetro médio da copa (DMC) para indivíduos com florescimento masculino (M) e feminino (F), aos 31 anos de idade, da população base e a Área de Produção de Sementes Especiais de <i>Myracrodruon urundeuva</i> , em Selvíria, MS.....	41
Figura 12	Localização geográfica dos testes de progênes de <i>Eucalyptus grandis</i> na FEPE/FEIS/UNESP), no município de Selvíria-MS.....	64
Figura 13	Representação gráfica das medidas do disco para determinação de relação RCA.....	66
Figura 14	Organograma do programa de melhoramento de <i>Eucalyptus grandis</i> na UNESP.....	74
Figura 15	Correlações genéticas entre caracteres silviculturais de <i>Eucalyptus grandis</i> , aos 9 anos de idade (TP-EG-1), no município de Selvíria-MS..	81
Figura 16	Correlações genéticas entre caracteres silviculturais de <i>Eucalyptus grandis</i> , aos 7 anos de idade (TP-EG-2), no município de Selvíria-MS..	81
Figura 17	Ganhos de seleção para caracteres de crescimento e qualidade da madeira de <i>E. grandis</i> em dois testes de progênes no município de Selvíria-MS.....	83
Figura 18	Formação de grupos com base nas distâncias de Mahalanobis (D2) para os caracteres de crescimento em progênes de <i>Eucalyptus grandis</i> , nos experimentos TP-Eg-1 e TP-Eg-2, no município de Selvíria-MS.....	86

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	- Características de seis locos microssatélites para <i>Myracrodruon urundeuva</i> utilizados para caracterização genética dos indivíduos.....	36
Tabela 2	- Valores médios de altura total (ALT), diâmetro a altura do peito (DAP) e diâmetro médio da copa (DMC), aos 31 anos de idade da população base (POB) e Área de produção de Sementes Especiais (APSS) de <i>Myracrodruon urundeuva</i> , em Selvíria, MS.....	40
Tabela 3	- Frequências observadas (FO) e esperadas (FE) para indivíduos femininos (F) e masculinos (M) de <i>Myracrodruon urundeuva</i> na população base (POB) e Área de produção de Sementes Especiais (APSS), aos 31 anos, em Selvíria, MS.....	43
Tabela 4	Tabela de contingência 2x2 entre a população base (POB) e Área de produção de Sementes Especiais (APSS) para indivíduos femininos e masculinos de <i>Myracrodruon urundeuva</i> , aos 31 anos, em Selvíria, MS.	44
Tabela 5	Diversidade genética, índice de fixação em locos microssatélites de <i>M. urundeuva</i>	47
Tabela 6	Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres: diâmetro do colo (DC, cm), altura de plantas no viveiro (H, m) e altura total de plantas no campo (HT, m) no teste de progênies de segunda geração de <i>M. urundeuva</i> , aos sete meses de idade no município de Selvíria/MS.....	48
Tabela 7	Características de 16 locos microssatélites para <i>Eucalyptus grandis</i> utilizados para caracterização genética dos indivíduos.....	71
Tabela 8	Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres: altura total (ALT, m), altura comercial (HCO, m), diâmetro à altura do peito (DAP, cm), densidade básica da madeira (DBM, g cm-3), relação cerne/alburno (RCA) e volume (VOL, m ³ arv-1) no teste de progênies de <i>Eucalyptus grandis</i> (TP-EG-1), aos 9 anos de idade no município de Selvíria/MS...	76
Tabela 9	Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres: altura total (ALT, m), altura comercial (HCO, m), diâmetro à altura do peito (DAP, cm), densidade básica da madeira (DBM, g.cm-3), relação cerne/alburno (RCA) e volume (VOL, m ³ arv-1) no teste de progênies de <i>Eucalyptus grandis</i> (TP-EG-2), aos 7 anos de idade no município de Selvíria/MS....	78
Tabela 10	Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres: altura total (ALT, m), altura comercial (HCO, m), diâmetro à altura do peito (DAP, cm), densidade básica da madeira (DBM, g.cm-3), relação cerne/alburno (RCA) e volume (VOL, m ³ arv-1) considerando a análise conjunta entre os testes de progênies de <i>Eucalyptus grandis</i> (TP-Eg-1 e TP-Eg-2), no município de Selvíria/MS.....	
Tabela 11	Tamanho Efetivo e diversidade genética em progênies de <i>E. grandis</i> , em três situações, no município de Selvíria, MS.....	84
Tabela 12	Diversidade genética e índice de fixação, no TP-Eg-1, para árvores-matrizes (147) e progênies de polinização aberta de <i>Eucalyptus grandis</i> (PSM-147), em Selvíria-MS.....	88
Tabela 13	Diversidade genética e índice de fixação, no TP-Eg-2, para árvores-matrizes (68) e progênies de polinização aberta de <i>Eucalyptus grandis</i> (PSM-68), em Selvíria-MS.....	89
Tabela 14	Parâmetros do sistema de reprodução em nível populacional para os PSM-147 e PSM-68 de <i>Eucalyptus grandis</i> (95% IC é o intervalo de confiança em nível de 95%)	93

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1: Considerações gerais

1	INTRODUÇÃO.....	11
2	REVISÃO DE LITERATURA.....	12
2.1	<i>Myracrodruon urundeuva</i> Fr. All.....	12
2.2	<i>Eucalyptus grandis</i> W. Hill ex Maiden.....	15
2.3	IMPORTÂNCIA DAS SEMENTES FLORESTAIS.....	18
2.4	ÁREA DE PRODUÇÃO DE SEMENTES.....	19
2.4	POMAR DE SEMENTES POR MUDAS	21
2.5	ESTUDOS DE BASE GENÉTICA DE <i>Eucalyptus grandis</i>	22
	REFERÊNCIAS.....	24

CAPÍTULO 2: PRODUÇÃO DE SEMENTES MELHORADAS de

Myracrodruon urundeuva F.F. & M.F. Alemão

3	INTRODUÇÃO.....	31
4	METODOLOGIA.....	33
4.1	ÁREA DE PRODUÇÃO DE SEMENTES ESPECIAIS (APSS).....	33
4.2	ANÁLISE POR MARCADOR MOLECULAR SSR.....	35
4.3	TESTE DE PROGÊNIES DE SEGUNDA GERAÇÃO DE <i>M. urundeuva</i>	37
4.4	ORGANOGRAMA DO PROGRAMA DE PRÉ-MELHORAMENTO DE <i>Myracrodruon urundeuva</i> NA UNESP.....	38
5	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	39
5.1	DESENVOLVIMENTO SILVICULTURAL DA APSS.....	39
5.2	DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DA APSS POR MARCADORES MOLECULARES.....	45
5.3	VARIAÇÃO GENÉTICA PARA CARACTERES SILVICULTURAIS EM SEGUNDA GERAÇÃO.....	48
6	CONCLUSÃO.....	50
	REFERÊNCIAS.....	50
	APÊNDICE A – Croqui população base de aroeira (2018)	56

APÊNDICE B – Números de plantas por linha na população base de	
<i>Myracrodruon urundeuva</i>	57
APÊNDICE C – Esquema de plantio da APSS.....	58
APÊNDICE D – Esquema de plantio do Teste de progênie de segunda geração	
de <i>Myracrodruon urundeuva</i>.....	59
APÊNDICE E – Croqui de campo do Teste de progênie de segunda geração	
de <i>Myracrodruon urundeuva</i>	60

CAPÍTULO 3: Produção de sementes melhoradas de *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden

7	INTRODUÇÃO.....	62
8	METODOLOGIA.....	64
8.1	TESTES DE PROGÊNIES (TP-Eg-1 e TP-Eg-2).....	64
8.2	CARACTERES SILVICULTURAIS AVALIADOS NOS TPs.....	65
8.3	ANÁLISES ESTATÍSTICAS.....	67
8.3.1	Análise individual.....	67
8.3.2	Correlações Genéticas e Análise Multivariada.....	68
8.3.3	Estimativa de ganho e tamanho efetivo.....	68
8.3.4	Análise conjunta.....	69
8.4	EXTRAÇÃO DO DNA E ANÁLISES MOLECULARES POR SSR.....	70
8.4.1	Diversidade genética.....	72
8.4.2	Sistema de reprodução.....	72
8.5	ORGANOGRAMA DO PROGRAMA DE MELHORAMENTO DE <i>Eucalyptus grandis</i> NA UNESP.....	74
9	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	75
9.1	CARACTERES QUANTITATIVOS.....	75
9.1.1	Desempenho e parâmetros genéticos nas análises univariadas.....	75
9.1.2	Ganho na seleção e base genética.....	80
9.1.3	Divergência genética pela distância de Mahalanobis.....	84
9.2	ANÁLISE MOLECULAR.....	87
9.2.1	Diversidade genética.....	87
9.2.2	Sistema de reprodução.....	92
	CONCLUSÃO.....	95

REFERÊNCIAS.....	95
APÊNDICE F - Equações testadas (5) para estimativas de DBM, HCO e RCA.....	105
APÊNDICE G - Formação de grupos com base nas distâncias de Mahalanobis (D2) para os caracteres de crescimento em dois testes de progênies de <i>Eucalyptus grandis</i>, no município de Selvíria-MS.....	106
ANEXO A – Equações de volumes.....	107

RESUMO

Produção de sementes com qualidade genética é um grande desafio na área florestal, porém essenciais para estabelecimento de reflorestamentos produtivos e ambientais, bem como restaurações florestais. O objetivo deste trabalho foi a produção de sementes com qualidade genética de duas espécies florestais, uma nativa e outra exótica, na região leste do Mato Grosso do Sul. A primeira, *Myracrodruon urundeuva*, espécie nativa, ameaçada de extinção e com alto valor econômico. A segunda, *Eucalyptus grandis*, espécie de grande importância para o desenvolvimento de híbridos interespecíficos comerciais, alta importância econômica e ampla gama de usos finais. Para a produção de sementes de qualidade genética de *M. urundeuva*, uma população base foi manejada e transformada em Área de Produção de Sementes Especiais (APSS). Para o *E. grandis*, dois testes de progênie foram desbastados e transformados em Pomares de Sementes por Muda (PSM). Em ambos, a seleção de indivíduos foi realizada com base no valor genético aditivo. A variabilidade genética e a diversidade genética foram investigadas a partir das estimativas dos parâmetros genéticos. A APSS de *M. urundeuva* é a primeira a ser formada no estado do Mato Grosso do Sul. Essa APSS e o teste de progênie de segunda geração são aptos para o fornecimento de sementes com qualidade genética para reflorestamentos para produção madeira para serraria e outros usos não madeireiros (apícola). Os PSMs de *E. grandis* apresentam altos níveis de diversidade genética, com ausência de endogamia significativa e um número alto de árvores polinizadoras, que poderá ser uma importante fonte de acessos para enriquecimento ou formação de populações de melhoramento genético na região leste do Mato Grosso do Sul.

Palavras-Chave: área de produção de sementes; pomar de sementes por mudas; variabilidade genética; melhoramento genético.

ABSTRACT

Producing seeds with genetic quality is a major challenge in the forestry area, but essential for the establishment of productive and environmental reforestation, as well as forest restoration. The objective of this work was the production of seeds with genetic quality of two forest species, one native and the other exotic, in the eastern region of Mato Grosso do Sul. The first, *Myracrodruon urundeuva*, a native species, threatened with extinction and with high economic value. The second, *Eucalyptus grandis*, a species of great importance for the development of commercial interspecific hybrids, with high economic importance and a wide range of end uses. For the production of genetic quality seeds of *M. urundeuva*, a base population was managed and transformed into a Special Seed Production Area (SSPA). For *E. grandis*, two progeny tests were thinned and transformed into Seedling Seed Orchards (SSO). In both, the selection of individuals was carried out based on the additive genetic value. Genetic variability and genetic diversity were investigated based on estimates of genetic parameters. The APSS of *M. urundeuva* is the first to be formed in the state of Mato Grosso do Sul. This APSS and the second-generation progeny test are suitable for providing seeds with genetic quality for reforestation for the production of sawmill wood and other uses not loggers (beekeeping). The PSMs of *E. grandis* have high levels of genetic diversity, with an absence of significant inbreeding and a high number of pollinating trees, which may be an important source of accesses for enrichment or formation of breeding populations in the eastern region of Mato Grosso do South.

Keywords: seed production área; orchard of seeds for seedlings; genetic variability; genetical enhancement.

CAPÍTULO 1. Considerações gerais

1. INTRODUÇÃO

A escolha do melhor material genético de uma espécie arbórea a ser implantado em uma região é a maior contribuição que o melhoramento genético pode proporcionar. Para a escolha e recomendação desse tipo de material é fundamental a experimentação em condições de campo com material que apresente uma ampla base genética. Um dos gêneros que se destaca em termos econômicos é o *Eucalyptus*, por possuir ampla base genética e potencial para se atingir altos níveis de produtividade em condições ambientais de estresses hídricos e escassez nutricional.

As florestas são as principais fornecedoras de matéria prima para as indústrias do setor florestal. Só no Brasil as plantações florestais ocupam 9,0 milhões de hectares, em que o eucalipto é o maior representante (77%), cobrindo cerca de 6,97 milhões de hectares (IBÁ, 2020). Os plantios de espécies, clones e híbridos desse gênero são consolidados pela indústria de base florestal como a principal fonte de insumo nos processos de produção de celulose e papel, carvão vegetal, painéis de madeira reconstituída e madeira tratada.

Ainda assim, os plantios não suprem toda a demanda por produtos florestais, ocorrendo a exploração antrópica dos ambientes, consequentemente resulta em desequilíbrio climático, alteração da paisagem, redução da variabilidade genética e alteração no sistema reprodutivo das espécies, portanto há a necessidade da diversificação de espécies para suprir a demanda de produtos florestais e assim auxiliar na conservação genética das espécies florestais nativas a longo prazo.

Neste sentido, obter conhecimentos sobre espécies nativas se torna necessário, principalmente daquelas que possuem características silviculturais com interesse econômico, seja madeireiro ou subprodutos, como é o caso de *M. urundeuva*, em que suas populações naturais foram exploradas e atualmente está ameaçada de extinção. A busca por materiais para manter a variabilidade genética e iniciar programas de conservação e melhoramento genético da espécie, apesar de ser um desafio, se torna cada vez mais indispensável para sua conservação e exploração ao longo dos anos.

Em ambas as situações, tanto para espécies mais cultivadas, que apresentam maiores avanços nos programas de melhoramento genético, quanto para espécies menos cultivadas que estão iniciando os programas de melhoramento, a produção de sementes de qualidade e quantidade adequadas é um grande desafio, porém essenciais para as diferentes áreas, como a

restauração florestal, recuperação de áreas degradadas, conservação genética, melhoramento genético, entre outras.

Com isso, a necessidade de estratégias para produção de sementes deve crescer à medida que novos ambientes precisem ser restaurados, a fim de obter novos materiais adaptados a diferentes condições climáticas e características específicas de acordo com o produto final. Portanto, o trabalho de pesquisa permitiu obter dados inéditos relacionados ao crescimento e adaptação de duas espécies importantes para a região leste do Mato Grosso do Sul, os quais irão contribuir com programas de conservação e melhoramento genético.

2. REVISÃO DE LITERATURA

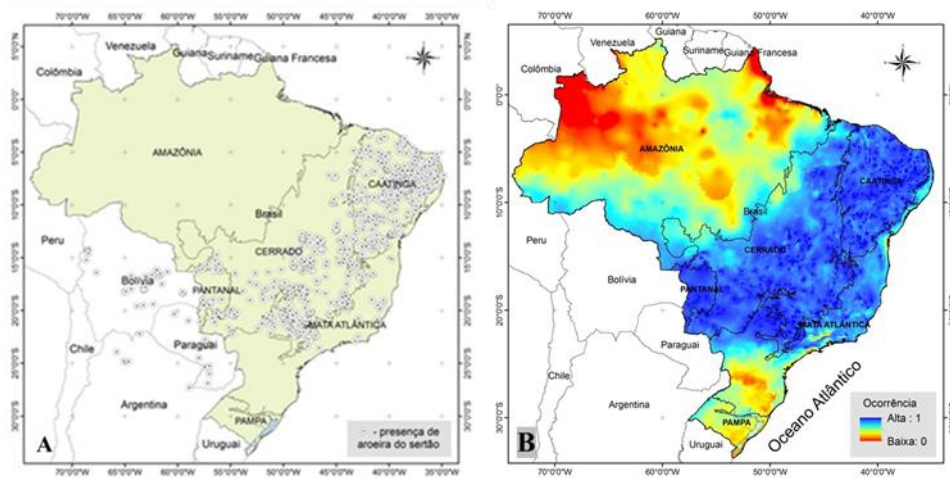
2.1 *Myracrodruon urundeuva* Fr. All.

O sistema de classificação de Cronquist (1981) determina que a taxonomia da *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. pertence à hierarquia: Divisão: *Magnoliophyta*, angiosperma; Classe: *Magnoliopsida*, dicotiledônea; Ordem: Sapindales; Família: Anacardiaceae. *M. urundeuva* é conhecida popularmente como aroeira, aroeira-preta ou aroeira do sertão, sendo uma espécie arbórea nativa que pertence à família Anacardiaceae (LORENZI, 2014).

A distribuição da *M. urundeuva* é restrita à América do Sul, sendo encontrada na Argentina, Bolívia, Brasil e Paraguai (Figura 1A). No Brasil, possui ampla distribuição, sendo encontrada principalmente nas regiões nordeste, sudeste, centro oeste e no Rio grande do Sul, com maior ocorrência nos biomas Caatinga, Cerrado, Mata Atlântica e Pantanal (Figura 1B) (CAPO, 2019; LORENZI, 2002; MELO, 1991; SANTIN, 1989).

A espécie ocorre em ambiente secos, pedregoso e rochosos (LORENZI, 2002; SANTIN, 1989), ocupando os biomas da caatinga, cerrado, amazônia, pantanal e mata atlântica e englobando diferentes formações florestais, como floresta decidual semidecidual, floresta estacional decidual, cerrado, cerradão, caatinga, chaco e pantanal mato-grossense (CARVALHO, 1994).

Figura 1 - Distribuição de *M. urundeuva* nos países e por biomas no Brasil

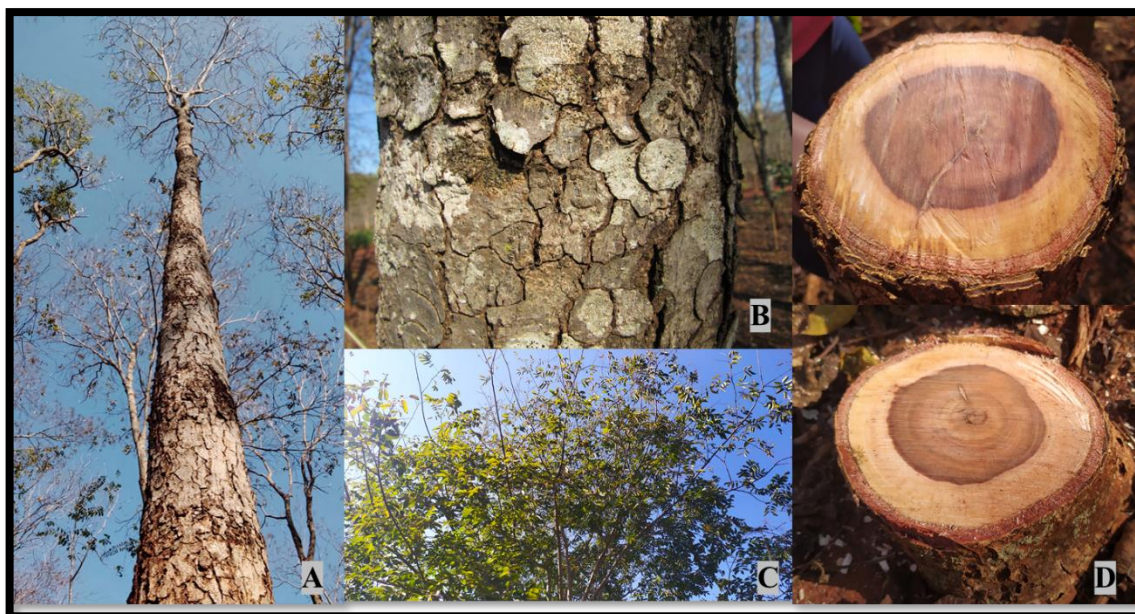


A: Ocorrência da espécie nos países; B: Distribuição da espécie nos biomas brasileiros.
Fonte: Capó (2019)

A espécie pode atingir diferentes tamanhos variando com o bioma, em média de 8 a 25 m de altura, 50 a 80 cm de diâmetro a altura do peito, fuste reto e com casca castanho-escuro. As folhas são compostas e imparipinadas (Figura 2 A, B e C) (PEREIRA *et al.*, 2003; FIGUEIRÔA *et al.*, 2004, LORENZI, 2014). A madeira é bastante pesada, com densidade de até 1,19 g cm⁻³, sendo conhecida por ser de grande resistência mecânica e durabilidade, o cerne possui coloração variando de bege-rosado a castanho-avermelhado-escuro (Figura 2D) (LORENZI, 2014). A *M. urundeuva* possui diferentes usos. Recuperação de áreas degradadas; Madeira para construção civil; cascas e resina para produção de tanino, corantes e remédios; folhas como alimento para o gado; e flores melíferas (PAREYN *et al.*, 2018).

Embora existam relatos de monoecia, é caracterizada como uma espécie dioica (CARVALHO, 2003; SANT'ANA, 2017; SAUL, 2020). O sistema sexual dioico se caracteriza pela presença de indivíduos masculinos e femininos dentro de populações de plantas, indicando que a reprodução ocorre por cruzamentos (LENZA; OLIVEIRA, 2005; GAINO *et al.*, 2011). A polinização ocorre por insetos, principalmente abelhas. As inflorescências são panículas terminais com flores de coloração amarelada (Figura 3 A e B) e o florescimento ocorre durante a estação seca, entre os meses de junho e setembro, em geral, com a planta despida de folhagem (CARVALHO, 2003).

Figura 2 – Características morfológicas da *M. urundeuva*



A: Fuste reto; **B:** Casca; **C:** Folhas; **D:** Coloração do cerne

Fonte: Elaboração da própria autora

Figura 3 – Plantas com florescimento feminino e masculino de *M. urundeuva*



A: Planta com flores masculinas; **B:** Planta com flores femininas;

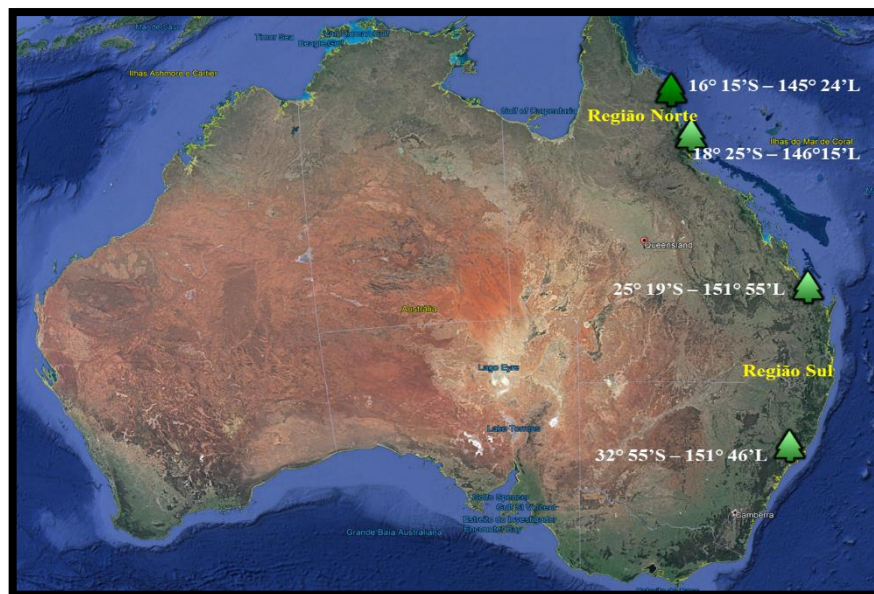
Fonte: Elaboração da própria autora

2.2 *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden

Eucalyptus grandis pertence à família botânica Myrtaceae, gênero *Eucalyptus*, subgênero *Symphyomyrtus*, seção *Latoangulatae*, série *Transversae*, subsérie *Leptocarpace*, junto de espécies como *E. botryoides* e *E. saligna* (NICOLLE, 2015). É conhecido internacionalmente como flooded ou rose gum (MESKIMEN; FRANCIS, 1990).

A espécie é nativa da Austrália, ocorre naturalmente em duas grandes regiões (Figura 1). No Norte, de Windsor Tableland West de Daintree, (QLD), a 1100 m de altitude até próximo de Paluma, (QLD) com 850 m de altitude. E no Sul, da costa próxima a Bundaberg, em Queensland a 130 m de altitude até New South Wales a 10 m de altitude (Figura 4) (BOLAND *et al.*, 2006; BROOKER; KLEING, 2004).

Figura 4 - Localização das regiões Norte e Sul, onde o *Eucalyptus grandis* ocorre naturalmente na Austrália.



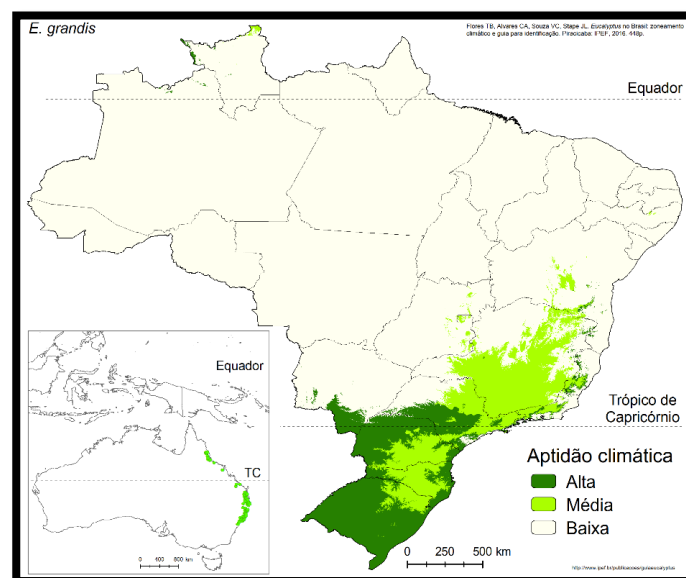
Fonte: Elaboração da própria autora.

Segundo Jovanovic e Booth (2002), nas áreas de ocorrência natural do *E. grandis* a espécie se encontra em regiões onde ocorre precipitação média anual por volta de 1000 até 3730 mm, temperatura média anual de 12 a 25°C, sendo a temperatura média máxima no mês mais quente de 22 a 34°C e temperatura média mínima no mês mais frio de 0 a 16°C. E a estação seca varia de um a seis meses. Os solos são aluviais ou de origem vulcânica nos vales e planícies ao longo da costa leste australiana, estendendo-se até o limite de Queensland, enquanto que

mais ao nordeste, próximo ao planalto de Atherton, os solos são profundos e drenados (Boland *et al.*, 1984).

Para Tomaselli (2000), a opção para o *E. grandis* no Brasil resulta da sua excelente resposta silvicultural, como boa forma e rápido crescimento, além de propriedades desejáveis para usos múltiplos da sua madeira. No Brasil, Flores *et al.* (2016) propuseram um mapa para regiões de aptidão alta, média e baixa para *E. grandis* (Figura 5). Apesar de indicar alta aptidão para a região sul, a espécie não é tolerante a geada, devendo-se isso a maior amplitude térmica das geadas que ocorrem no Brasil (SILVA; PAULA; MORAES, 2018). Assis (1996) cita que o *E. grandis* não tem um índice de resistência a seca, sendo que precipitações médias anuais de 900 mm são geralmente adequadas, quando ocorre uma boa distribuição anual dessa precipitação.

Figura 5 - Mapa de aptidão climática para o cultivo de *Eucalyptus grandis* no Brasil.



Fonte: Flores (2016).

A região leste do Mato Grosso do Sul é caracterizada de baixa aptidão para essa espécie. Contudo, essa região é formada por 12 municípios, relevos planos a suave ondulado, com altitudes variando de 270 m a 750 m, com Latossolos e Neossolos Quartzarênicos predominantes, precipitação pluviométrica média anual de 1250 a 1.550 mm, temperatura média anual de 24,5° C (FLUMIGNAM; FIETZ; COMUNELLO, 2015; GEPLANT, 2021) e clima Aw (tropical com inverno seco), de acordo com a classificação de Köppen. Essas características estão próximas dos intervalos da ocorrência natural do *E. grandis* e indica a possibilidade de sucesso no cultivo dessa espécie nessa região.

Em estudo sobre a modelagem da aptidão climática do *E. grandis* no Brasil, verificou-se que, nas condições climáticas de 2014, o Brasil apresentava área apta para o material de origem da espécie de 1.499.405 km², correspondendo a 17,6% do território, abrangendo sul, sudeste, centro-oeste, sendo que nessa região a maior parte do território apto é o Mato Grosso do Sul (GARCIA *et al.*, 2014).

O *E. grandis* é o mais utilizado nas plantações de eucalipto devido as suas características silviculturais, propriedades da madeira, importância econômica e ampla gama de usos finais (MIRANDA *et al.*, 2013). As árvores adultas são de grande porte, podendo atingir 55 metros de altura com diâmetro à altura do peito de 1,2 a 2 metros (SILVA, 2001). A casca é áspera, persistente no terço inferior, com longas fitas de cor castanha e, na parte superior do fuste, a casca é lisa com coloração brando-acinzentada (Figura 6A).

Figura 6 – Características morfológicas do *Eucalyptus grandis*.



A: Casca; B: Folha; C: Frutos; D: Madeira.

Fonte: Elaboração da própria autora

As folhas são simples, alternas, lanceoladas com a face inferior mais clara que a superior (Figura 6B). As flores são hermafroditas, agrupadas em inflorescências axilares, umbelas solitárias e pedúnculo achatado. Os botões florais são glaucos, flores brancas, frutos obcônicos, glaucos e lisos (Figura 6C). E as sementes apresenta forma piramidais, não aladas, com coloração castanha (FLORES *et al.*, 2016; LORENZI *et al.*, 2003).

A madeira de *E. grandis* é considerada leve e fácil de ser trabalhada, apresentando baixa estabilidade, mas elevada permeabilidade (SILVA, 2001). Segundo o LPF/IBAMA (1998), o cerne é distinto do alburno, a coloração do cerne é rosa, o alburno é cinza-rosado (Figura 6D). A densidade básica média é de 0,59 g.cm⁻³, apresentando aptidão para ser utilizada no segmento

moveleiro. É uma madeira macia, que não oferece resistência à cortes e trabalhos manuais (GONÇALEZ *et al.*, 2006). Quando a cultura é manejada em um ciclo curto, pode-se utilizar a madeira para caixotes, mourões, carvão e paletes. É muito utilizada na produção de celulose, painéis, aglomerados e chapas duras (SILVA, 2001).

2.3 IMPORTÂNCIA DAS SEMENTES FLORESTAIS

Os plantios florestais com espécies exóticas desempenham papel estratégico para disponibilizar madeira para a indústria florestal e energia para utilização nas propriedades rurais. As árvores em sua maioria, são propagadas por sementes, com algumas exceções, e a qualidade das sementes tem efeito enorme no sucesso da expansão das plantações florestais. O uso de sementes de qualidade e procedência adequadas é a melhor maneira de assegurar às plantações florestais, rápido crescimento, alta produtividade e qualidade da madeira. A semente com qualidade genética é aquela bem adaptada ao sítio e ao uso para o qual foi plantada e qualidade fisiológica é aquela que apresenta alto vigor e germinação (FOWLER, 2021).

Por outro lado, os plantios florestais com espécies nativas, na atual crise climática demanda de soluções para manter o aumento médio da temperatura global entre 1,5-2,0°C até o final do século. Estudos mostraram que parte desse desafio deve ser resolvido por meio de recuperação de áreas degradadas em larga escala. Para isso, um dos compromissos globais assumidos é o Bonn Challenge, o qual tem a meta de restaurar e reflorestar 350 milhões de hectares de áreas e florestas degradadas até 2030. O Brasil, se comprometeu a restaurar e reflorestar 12 milhões de hectares de terras degradadas como parte de seu esforço para alcançar as metas climáticas e com isso a aceleração e ampliação de programas de reflorestamento pelo plantio de árvores de espécies nativas tornou-se uma questão prioritária. Mas para isso é necessário sucesso na implementação de uma silvicultura de espécies nativas, aumento do conhecimento sobre as espécies e desenvolvimento de tecnologias e soluções científicas (CALMON, 2020).

A promulgação da Lei nº 10.711 em 5 de agosto de 2003 (Brasil, 2003) e do Decreto nº 5.153 em 23 de julho de 2004 (Brasil, 2004) que a regulamenta, criou um novo paradigma para a produção de sementes no País. A partir destes marcos regulatórios, o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (Mapa), mediante a Instrução Normativa nº 56, de 2011 (Brasil, 2011), revogada pela Instrução normativa nº 17 de 2017 (Brasil, 2017), regulamentou a produção, a comercialização e a utilização de sementes e mudas de espécies florestais, nativas e exóticas, visando garantir sua procedência, identidade e qualidade.

Os sistemas propostos estabelecem as seguintes classes de áreas de produção de sementes: Áreas de Coleta de Sementes (ACS), Áreas de Produção de Sementes (APS) e Pomares de Sementes (PS), que poderão estar enquadrados como certificadas ou não certificadas. Ambos os métodos envolvem seleção fenotípica ou genética de matrizes (HIGA; SILVA, 2006; FOWLER, 2021).

2.4 ÁREA DE PRODUÇÃO DE SEMENTES

Existem vários tipos de povoamentos produtores de sementes de espécies florestais. Dentre essas, as Áreas de Produção de Sementes (APS) têm uma definição específica na legislação brasileira. As sementes geradas em APS apresentam características distintas, especialmente a alta adaptabilidade às condições ecológicas locais, o baixo custo e a disponibilidade imediata de semente. O processo da sua formação requer cuidados, desde a escolha do povoamento inicial em que se consideram, essencialmente a sua localização, a qualidade e o estágio de seu desenvolvimento. Outros aspectos a serem observados incluem as características da base genética, as dimensões da área a ser manejada com APS, o isolamento contra pólen externo e demais cuidados no processo de transformação de povoamentos comerciais em APS (SHIMIZU, 2006).

O Artigo 146 do Decreto nº 5.153, de 23 de julho de 2004, caracteriza como áreas de produção de sementes: Área Natural de Coleta de Sementes - ACSNS: população vegetal natural, sem necessidade de marcação individual de matrizes, onde são coletadas sementes ou outros materiais de propagação; Área Natural de Coleta de Sementes com Matrizes Marcadas - ACS-NM: população vegetal natural, com marcação e registro individual de matrizes, das quais são coletadas sementes ou outros materiais de propagação; Área Alterada de Coleta de Sementes- ACS-AS: população vegetal, nativa ou exótica, natural antropizada ou plantada, onde são coletadas sementes ou outros materiais de propagação, sem necessidade de marcação e registro individual de matrizes; Área Alterada de Coleta de Sementes com Matrizes Marcadas - ACS-AM: população vegetal, nativa ou exótica, natural antropizada ou plantada, com marcação e registro individual de matrizes, das quais são coletadas sementes ou outro material de propagação; Área de Coleta de Sementes com Matrizes Selecionadas - ACS-MS: população vegetal, nativa ou exótica, natural ou plantada, selecionada, onde são coletadas sementes ou outro material de propagação, de matrizes selecionadas, devendo-se informar o critério de seleção; Área de Produção de Sementes - APS: população vegetal, nativa ou exótica, natural ou plantada, selecionada, isolada contra pólen externo, onde são selecionadas matrizes, com

desbaste dos indivíduos indesejáveis e manejo intensivo para produção de sementes, devendo ser informado o critério de seleção individual (BRASIL, 2004).

Áreas de Produção de Sementes (APS) são áreas instaladas a partir de povoamentos de superior qualidade, onde são selecionadas as árvores que serão utilizadas para a produção de sementes. As árvores inferiores são desbastadas e as remanescentes são manejadas para estimular a produção de sementes. A área deve estar isolada, para que não ocorram cruzamentos indesejáveis. As áreas produtoras de sementes, sofrem uma seleção tanto do lado feminino como do masculino, proporcionando ganhos maiores que as áreas de coleta de sementes (KANO, 1979).

As APS podem ser definidas como populações de espécies nativas e exóticas com características apropriadas ao intenso desbaste seletivo e ao manejo para a produção de sementes de boa qualidade. Pela sua natureza, a APS não permite seleções intensas das matrizes que a constitui. O seu mérito nas operações florestais, especialmente quando baseadas em espécies exóticas, é o fornecimento, em curto espaço de tempo, de grande quantidade de sementes de qualidade genética satisfatória, a custos moderados (BIANCHETTI, 1999).

O processo de formação da APS é conduzido de forma a favorecer os indivíduos mais vigorosos e prolíficos e que apresentem características desejáveis. Apesar das seleções serem dirigidas para as características de importância econômica, somente os indivíduos bem adaptados são favorecidos. Assim, a formação da APS conduz ao desenvolvimento de raças locais (BIANCHETTI, 1999).

Segundo Sturion (2000), na APS coletam-se sementes de árvores selecionadas, que recebem pólen proveniente de árvores também selecionadas. Os fenótipos inferiores são removidos por meio de desbaste. Caracteriza-se produção de material superior a curto prazo e baixo custo. A área de uma APS varia em função da disponibilidade do material genético manipulado e da demanda de sementes para suprir as necessidades do programa de reflorestamento. Aconselha-se, para produção econômica, uma área de no mínimo 3 ha. Tem-se estipulado para eucaliptos uma população de 100 a 200 plantas/ha, no final do desbaste. Em virtude do sistema reprodutivo da espécie considerada, é necessário isolar a APS de espécies afins e de talhões da mesma espécie, nos quais não foi feita a seleção. Recomenda-se a uma distância mínima de 300 m para o isolamento do pólen dos eucaliptos. No estabelecimento de APS, é importante considerar a pureza genética do talhão e o conhecimento da origem e base genética das sementes. A intensidade máxima de seleção é de um indivíduo entre dez. O emprego de uma intensidade de seleção menor pode influenciar na eficiência da polinização e acarretar problemas de endogamia e decréscimo de produtividade.

As APS são fundamentais para a restauração ecológica, particularmente em florestas fragmentadas onde a coleta de sementes em áreas naturais se torna inviável pela pouca quantidade disponível de sementes ou alto custo de realização. Apesar do aumento da pesquisa sobre APS, seu valor para a conservação da biodiversidade ainda não foi descrito de forma abrangente. Como benefícios à conservação da biodiversidade, as APS permitem que a restauração seja conduzida em uma escala muito maior do que poderia ser realizada com sementes coletadas em áreas naturais; a indústria de produção de sementes nativas aumenta a base de interessados que investem na restauração e melhoria da biodiversidade; contribuem para novas oportunidades de pesquisa da biodiversidade nativa (ZINNEN *et al.*, 2021).

2.5 POMARES DE SEMENTES POR MUDAS

Definem-se como Pomares de Sementes uma plantação de árvores geneticamente superiores, isolada, para reduzir ao mínimo a polinização indesejável, intensivamente manejada para a máxima produção de sementes e com condições de fácil colheita. Tais pomares são estabelecidos a partir de clones (enxertos ou estacas) ou mudas provenientes de árvores superiores, selecionadas em função de características desejáveis. O Pomar de Sementes é o método mais eficiente para produção de sementes melhoradas geneticamente, sendo de uso comum nos programas adiantados de melhoramentos em todo o mundo (KANO *et al.* 1979).

Genericamente, existem dois tipos de pomares de sementes: pomar de sementes clonal e pomar de sementes por mudas. Ambos visam a maximização de cruzamento não aparentados entre árvores selecionadas. Possibilita que intensidades de seleção extremamente altas sejam aplicadas e ganhos relevantes sejam obtidos (STURION, 2000; FOWLER, 2021).

O pomar de sementes por mudas é adequado para espécies que apresentam florescimento precoce, ciclo curto e de difícil propagação vegetativa. É formado por meio de desbaste seletivo das árvores geneticamente inferiores de um teste de progênie, sendo uma das abordagens mais amplamente usada para produzir sementes melhoradas devido à sua simplicidade e baixo custo em comparação com os pomares de polinização controlada (FINKELDEY *et al.*, 2006; NODOUSHAN, 2015; PUPIN *et al.*, 2019).

As sementes produzidas serão frutos de cruzamentos dos melhores indivíduos das melhores famílias. Os ganhos genéticos obtidos de sementes oriundas de pomares são superiores àqueles de áreas de produção, que por sua vez superam os obtidos em área de coleta de sementes (STURION, 2000; HIGA; SHIMIZU, 1981).

2.6 ESTUDOS DE BASE GENÉTICA DE *Eucalyptus grandis*

Nas últimas duas décadas, a pesquisa em genômica de árvores florestais ficou para trás em relação a modelos e sistemas agrícolas. No entanto, a pesquisa genômica em árvores florestais está prestes a entrar em uma fase importante e produtiva devido ao advento de tecnologias de sequenciamento de última geração, a enorme diversidade genética em árvores florestais e a necessidade de mitigar os efeitos das mudanças climáticas. A pesquisa sobre plantas perenes lenhosas de vida longa está estendendo nosso conhecimento molecular de histórias de vida complexas e adaptações ao meio ambiente - enriquecendo um campo que tradicionalmente extraiu inferências biológicas de algumas espécies herbáceas de vida curta (NEALE; KREMER, 2011).

A identificação de loci ou genes sob a seleção natural é importante tanto para a compreensão da base genética da adaptação local quanto para as aplicações práticas, e as varreduras do genoma fornecem um meio poderoso para tais propósitos de identificação. Zong *et al.* (2016) desenvolveram estudo que apresenta informações críticas sobre a diversidade e estrutura populacional de importantes espécies lenhosas, como o *E. grandis*, e fornece uma visão sobre as respostas adaptativas das árvores perenes às variações climáticas. Marcadores de repetição simples em todo o genoma (SSRs) foram usados para escanear pegadas moleculares de seleção divergente em *Eucalyptus grandis*, uma espécie de madeira dura que ocorre amplamente em áreas costeiras na Austrália. Altos níveis de diversidade populacional e fraca estrutura populacional foram detectados com SSRs genômicos supostamente neutros. Usando três F_{ST} para métodos de detecção de outliers, um total de 58 SSRs periféricos foram identificados coletivamente como loci sob seleção divergente contra três variáveis climáticas não correlacionadas, a saber, temperatura média anual, isothermalidade e precipitação anual. Usando um método de análise espacial, nove associações significativas foram reveladas entre frequências de alelos outlier F_{ST} e variáveis climáticas, envolvendo sete alelos de cinco locos SSR. Dos cinco SSRs significativos, dois (EUCeSSR1044 e Embra394) continham alelos de genes putativos com importância funcional conhecida para resposta a fatores climáticos.

Em estudos de sequenciamento, Myburg *et al.* (2014) montaram mais de 94% do genoma de 640 megabases de *E. grandis*. Dos 36.376 genes codificadores de proteínas previstos, 34% ocorrem em duplicações em tandem, a maior proporção até agora em genomas de plantas. O eucalipto também apresenta a maior diversidade de genes para metabólitos especializados, como os terpenos, que atuam como defesa química e fornecem óleos farmacêuticos únicos. Sequenciamento do genoma da espécie irmã de *E. grandis*, *E. globulus*

e um conjunto de *E. grandis* consanguíneas, os genomas das árvores revelam a evolução dinâmica do genoma e pontos críticos de depressão por endogamia. O genoma de *E. grandis* é a primeira referência para a ordem dos *eudicotes Myrtales*. Segundo os autores este recurso expande a compreensão da biologia única de grandes plantas perenes lenhosas e fornece uma ferramenta poderosa para acelerar a biologia comparativa, o melhoramento e a biotecnologia.

Zhang *et al.* (2018) realizaram o mapeamento de associação que foi usado para identificar marcadores moleculares de resistência à vespa *Leptocybe invasa* em duas espécies de *Eucalyptus*. Um total de 86 marcadores de sequência simples repetidas (SSR) foram rastreados a partir de 839 SSR e utilizado para o mapeamento de associação em *E. grandis*. Ao aplicar o modelo linear misto, foram identificados sete marcadores para serem associados de forma significativa ($P \leq 0,05$) com a resistência à vespa em *E. grandis*, incluindo dois validados com uma correção de teste de permutação ($P \leq 0,008$). A proporção da variância na resistência explicada por um marcador significativo variou de 3,3% a 37,8%. Quatro das sete associações significativas em *E. grandis* foram verificados e validadas ($P \leq 0,073$ em um teste de permutação) em *E. tereticornis*, com a variação explicada variando de 24,3% a 48,5%. Alelos favoráveis com efeito positivo também foram extraídos dos marcadores significativos em ambas as espécies. Estes resultados fornecem uma visão sobre o controle genético da resistência à vespa em plantas e tem um grande potencial para a seleção assistida por marcadores para resistência no importante gênero de árvore *Eucalyptus*.

Resende *et al.* (2017) estudaram seleção genômica (GS) de características de crescimento e qualidade da madeira em uma população de *Eucalyptus híbrido* F2 ($n = 768$) usando genotipagem de polimorfismo de nucleotídeo único de alta densidade (SNP). Indo além dos relatórios anteriores em árvores florestais, modelos foram desenvolvidos para diferentes alvos de seleção, ou seja, famílias, indivíduos dentro de famílias e indivíduos em toda a população usando um modelo genômico incluindo dominância. Para fornecer uma avaliação mais inteligível do criador do desempenho de GS, foi calculada a resposta esperada como o ganho percentual sobre o valor genético médio esperado da população (EGV) para diferentes proporções de indivíduos genomicamente selecionados, usando um esquema de validação cruzada (CV) rigoroso que removeu a relação entre os conjuntos de treinamento e validação. A resposta ao GS em uma base anual foi aproximadamente 100% mais eficiente do que por seleção fenotípica e mais ainda com intensidades de seleção mais altas. Esses resultados contribuem com mais dados experimentais que apoiam as perspectivas positivas de GS em árvores florestais. Como os tempos de geração são longos, as características são complexas e

os custos da genotipagem do DNA estão despencando, a previsão genômica tem boas perspectivas de adoção na prática de melhoramento de árvores.

Segundo Bouvet *et al.* (2016) os híbridos são amplamente utilizados no melhoramento de plantas e a estimativa precisa dos componentes de variância é crucial para otimizar o ganho genético. As informações de todo o genoma podem ser usadas para explorar modelos projetados para avaliar a extensão da variância aditiva e não aditiva e testar sua precisão de predição para a seleção genômica. Foram estudados 10 modelos lineares mistos, envolvendo matrizes de relacionamento baseadas em pedigree e marcadores entre os pais foram desenvolvidos para estimar os efeitos aditivos (A), de dominância (D) e epistáticos (AA, AD e DD). Os modelos foram comparados usando a altura da árvore e 3303 marcadores de polimorfismo de nucleotídeo único de 1130 indivíduos clonados obtidos por meio de cruzamentos controlados de 13 *Eucalyptus urophylla* fêmeas com 9 *Eucalyptus grandis* machos. Usando os mesmos critérios, os modelos baseados na fase gamética da progênie tiveram um melhor desempenho no ajuste das observações e na previsão dos valores genéticos. No entanto, a variância DD não pôde ser separada da variância da dominância e foram obtidas estimativas nulas para os efeitos AA e AD.

REFERÊNCIAS

- ASSIS, T. F. Melhoramento genético do eucalipto. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 189, p. 32-51, 1996.
- BIANCHETTI, A. **Produção de sementes florestais**. Macapá: Embrapa Amapá 1999. 38p. (Embrapa Amapá. Documento, 8).
- BOLAND, D. J. *et al.* **Forest trees of Australia**. Melbourne: Nelson-CSIRO, 1984. 687 p.
- BOLAND, D.; BROKER, M. H.; CHIPPENDALE, G. M.; HALL, N.; HYLAND, B. P. M.; JOHNSTON, R. D.; KLEINING, D. A.; MCDONALD, M. W.; TURNER, J. D. **Forest trees of Australia**. 5. ed. Victoria: CSIRO, 2006. 736 p.
- BOUVET, J. M.; MAKOUANZI, G.; CROS, D.; VIGNERON, P. H. Modeling additive and non-additive effects in a hybrid population using genome-wide genotyping: prediction accuracy implications. **Heredity**, London, v. 116, p. 146–157, 2016.
- BRASIL. Decreto nº 5.153, de 23 de julho de 2004. Aprova o regulamento da lei nº 10.711, de 05 de agosto de 2003, que dispõe sobre o sistema nacional de sementes e mudas - SNSM, e dá outras providências. **Diário Oficial da União**, Brasília, DF, p. 06, 26 de jul. 2004. Seção I.
- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Instrução normativa nº 56, de 8 de dezembro de 2011**. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/sementes-e-mudas/publicacoes-sementes>

-e-mudas/INN56de8dedezembrode2011.pdf. Acesso em: 20 mar. 2021.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Instrução normativa nº 17, de 26 de abril de 2017**. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/sementes-e-mudas/publicacoes-sementes-e-mudas/INN17de28042017comANEXOS.pdf>. Acesso em: 20 mar. 2021.

BROADHURST, L.; HOPLEY, T.; LI, L.; BEGLEY, J. A genetic assessment of seed production areas (SPAs) for restoration. **Conservation Genetics**, Dordrecht, v. 18, p. 1257–1266, 2017.

BROOKER, M. I. H.; KLEINIG, D. A. **Field guide to eucalyptus**. V.3 – Northern Australia. Melbourne, Victoria: Blomings Books Pty, 2004. 338 p.

CALMON, M. Apresentação. In.: GHUEDES, A. C. L. *et al.* **Silvicultura tropical: o potencial madeireiro e não madeireiro das espécies tropicais**. Sorocaba: Ed. dos Autores, 2021. 595 p.

CAPO, L. F. M. **Conservação, uso sustentável dos recursos genéticos e distribuição natural de *Myracrodruon urundeuva***. 2019. 73 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Universidade Estadual Palista, Ilha Solteira, 2019.

CARVALHO, P. E. R. **Espécies arbóreas brasileiras**. Colombo: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Centro Nacional de Pesquisas Florestais, 2003. 179 p.

CARVALHO, P. E. R. **Espécies florestais brasileiras: recomendações silviculturais, potencialidade e uso da madeira**. Colombo: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Centro Nacional de Pesquisas Florestais, 1994. 640 p.

CRONQUIST, A. **An integrated system of classification of flowering plants**. New York: Columbia University, 1981. p. 805-809.

FIGUERÔA, J. M.; BARBOSA, D. C. A.; SIMABUKURO, E. A. Crescimento de plantas jovens de *Myracrodruon urundeuva* Allemão (Anacardiaceae) sob diferentes regimes hídricos. **Acta Botanica Brasilica**, Porto Alegre, v. 18, n. 3, p. 573-580, 2004.

FINKELDEY, R.; HATTEMER, H. H. **Tropical forest genetics**. Germany: Springer, 2006. 328 p.

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

FLUMIGNAM, D. L.; FIETZ, C. R.; COMUNELLO, E. **O clima na região do Bolsão de Mato Grosso do Sul**. Dourados: Embrapa Agropecuária Oeste, 2015. 46 p.

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

GAINO, A. P. S.; MORAES, M. L. T.; MOREIRA, J. P.; CARDIN, L. T.; MORAES, M. A.; SILVA, A. M.; FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M. Mating system in *Myracrodruon urundeuva* (F. F. & M. F. Allemão - Anacardiaceae): implications for conservation genetics. **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v. 34, n. 4, p. 545-551, 2011.

GARCIA, L. G.; FERRAZ, S. F. B.; ALVARES, C. A.; FERRAZ, K. M. P. M. B.; HIGA, R. C. V. Modelagem da aptidão climática do *Eucalyptus grandis* frente aos cenários de mudanças climáticas no Brasil. **Scientia Forestalis**. Piracicaba, v. 42, n. 104, p. 503 - 511, 2014.

GOMES, L. G. F. F. **Novela e sociedade no Brasil**. Niterói: EdUFF, 1998. 137 p.

HIGA, A. R.; SHIMIZU, J. Y. Produção de sementes melhoradas de essências florestais. **Brazilian Seed Journal**. Brasília, DF, v. 3, n. 3, p. 1-7, 1981.

HIGA, A. R.; SILVA, L. D. Certificação da Produção de Mudanças e Sementes de espécies Florestais Nativas. In.: HIGA, A. R.; SILVA, L. D. **Pomar de sementes de espécies florestais nativas**. Curitiba: FUPEF, 2006. Cap. 3. p. 65 – 82.

JOVANOVIĆ, T.; BOOTH, T. **Improved species climatic profiles**. Kingston: RIRDC, 2002. 75 p.

KANO, N. K.; GONÇALVES, J. C.; KAGEYAMA, P. Y.; JACOB, W. S **Situação da produção de sementes florestais no Brasil**. Piracicaba: IPEF, 1979. Circular Técnica, 48

LENZA, E.; OLIVEIRA, P. O. Biologia reprodutiva de *Tapirira guianensis* Aubl. (Anacardiaceae), uma espécie dioica em mata de galeria do Triângulo Mineiro, Brasil. **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v. 28, n. 1, p. 179-190, 2005.

LORENZI, H. **Árvore brasileiras**: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil. 4. ed. Nova Odessa: Plantarum. São Paulo, 2002. 368 p.

LORENZI, H. **Árvore brasileiras**: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil. 6. ed. Nova Odessa: Instituto Plantarum, 2014.

LORENZI, H.; SOUZA, H. M.; TORRES, M.A.V.; BACHER, L. B. **Árvore exóticas no Brasil**: madeireiras, ornamentais e aromáticas. Nova Odessa: Plantarum. 2003. 272 p.

LPF/IBAMA. Relatório. **Descrição anatômica de lenho de seis espécies de eucalipto**. Brasília: IBAMA, 1998. 13 p.

MELO, J. T. **Aroeira**: características e aspectos silviculturais. Planaltina: Embrapa, 1991. 10. p.

MESKIMEN, G.; FRANCIS, J. K. **Rose gum eucalyptus**. Washington: Silvics of North America, 1990. 7 p.

MIRANDA, A. C.; MORAES, M. L. T.; TAMBARUSSI, E. V.; LEE, D. J.; SEBBENN, A. M. Heritability for resistance to *Puccinia psidii* Winter rust in *Eucalyptus grandis* Hill ex

Maiden in Southwestern Brazil. **Tree Genetics & Genomes**, Heidelberg, v. 9, p. 321–329, 2013.

MORI, E.S. Pomares de sementes florestais. **Série Técnica IPEF**, Piracicaba, v. 5, n. 16, p.1-27, 1988.

MYBURG, A.; GRATAPAGLIA, D.; TUSKAN, G. *et al.* The genome of *Eucalyptus grandis*. **Nature**, London, v. 510, p. 356–362, 2014.

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

NICOLLE, D. **Classification of the eucalypts (*Angophora*, *Corymbia* and *Eucalyptus*) Version 2**. 2015. 56p. Disponível em: <http://www.dn.com.au/Classification-Of-The-Eucalypts.pdf>. Acesso em: 15 jan. 2021.

NODOUSHAN, H. N. **Forests trees seed orchard**. Tehran: University of Tehran Press, 2015. 297 p.

PAREYN, F. G. C.; ARAÚJO, E. L.; DRUMMOND, M. A.; MIRANDA, M. J. A. C.; SOUZA, C. A.; SILVA, A. P. S.; BRAZOLIN, S.; MARQUES, K. K. M. *Myracrodruon urundeuva*: aroeira. In: CORADIN, L.; CAMILLO, J.; PAREYN, F. G. C. **Espécies nativas da flora brasileira de valor econômico atual ou potencial: plantas para o futuro: região Nordeste**. Brasília, DF: Ministério do Meio Ambiente, Secretaria de Biodiversidade, 2018.

PEREIRA, S. C.; GAMARRA-ROJAS, C. F. L.; GAMARRA-ROJAS, G.; LIMA, M.; GALLINDO, F. A. T. **Plantas úteis do Nordeste do Brasil**. Recife: Associação Plantas do Nordeste, 2003.

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

RESENDE, R. T.; RESENDE, M. D. V., SILVA, F. F.; AZEVEDO, C. F.; TAKAHASHI, E. K.; SILVA, O. B. GRATAPAGLIA, D. Assessing the expected response to genomic selection of individuals and families in *Eucalyptus* breeding with an additive-dominant model. **Heredity**, Londres, v. 119, p. 245–255, 2017.

SANT'ANA, V. Z. **Proporção sexual em populações de *Myracrodruon urundeuva* para fins de formação de pomares de sementes por mudas**. 2017. 54 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2017.

SANTIN, D. A. **Revisão taxonômica do gênero *Astronium* Jacq e revalidação do gênero *Myracrodruon* Fr. Allem (*Anacardiaceae*)**. 1989. 196 f. Tese (Doutorado) – Instituto de Biologia, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, 1989.

SAUL, F. A. C. **Progênie de *Myracrodruon urundeuva* fr. all. em diferentes sistemas de plantio para fins de conservação genética ex situ.** 2020. 76 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2020.

SHIMUZU, J. Y. Áreas de produção de semente. *In*: SEMANA DE ESTUDOS FLORESTAIS, 8., 2006, Curitiba. **Anais [...]** Curitiba: Embrapa, 2006. p. 24-33.

SILVA, J. C. A madeira do futuro. **Revista da Madeira**, Curitiba, v. 11, n. 59, p. 1 - 4, 2001.

SILVA, P. H. M.; PAULA, R. C.; MORAES, M. L. T. **Improvement of *Eucalypts* Populations.** Piracicaba: IPEF, 2018. 108 p.

SONG, Z.; ZHANG, M.; LI, F.; WENG, Q.; ZHOU, C.; LI, M.; LI, J.; HUANG, H.; MO, X.; GAN, S. Genome scans for divergent selection in natural populations of the widespread hardwood species *Eucalyptus grandis* (Myrtaceae) using microsatellites. **Scientific Reports**, Londres, v. 6, n. 34941, p. 1 – 13, 2016.

STURION, J. A. Produção de sementes florestais melhoradas. *In*: Antonio Paulo Mendes Galvão. (org.). **Reflorestamento de propriedades rurais para fins produtivos e ambientais.** Colombo: Embrapa Florestas, 2000. V. 1, p. 71-75.

STURION, J. A. Produção de sementes florestais melhoradas. *In*: GALVAO, A. P. M. (org.). **Reflorestamento de propriedades rurais para fins produtivos e ambientais: um guia para ações municipais e regionais.** Brasília, DF: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia; Colombo: Embrapa Florestas, 2000. p. 71-76.

ZHANG, M.; ZHOU, C.; SONG, Z.; WENG, Q.; LI, M.; JI, H.; MO, X.; HUANG, H.; LU, W.; LUO, J.; LI, F.; GAN, S. The first identification of genomic loci in plants associated with resistance to galling insects: a case study in *Eucalyptus* L'Hér. (Myrtaceae). **Scientific Reports**, Londres, v. 8, n. 2319, p. 1 – 10, 2018.

ZINNEN, J.; BROADHURST, L. M.; GIBSON-ROY, P.; MATTHEWS, J. W. Seed production areas are crucial to conservation outcomes: benefits and risks of an emerging restoration tool. **Biodiversity and Conservation**, Dordrecht, v. 30, p. 1233–1256, 2021.

CAPÍTULO 2: PRODUÇÃO DE SEMENTES MELHORADAS DE *Myracrodruon urundeuva* F.F. & M.F. Alemão

RESUMO

Myracrodruon urundeuva é uma espécie nativa de alto valor econômico e social, possui madeira de excelente qualidade. Devido a fragmentação florestal, sua ocorrência está cada vez mais de forma isolada na paisagem e atualmente faz parte da lista de espécies ameaçadas de extinção. A manutenção dos poucos fragmentos existentes e a recuperação de áreas degradadas, representa um grande desafio ambiental. Um dos principais problemas é a insuficiente produção de sementes, com qualidade genética, o que pode acarretar insucesso de projetos de reflorestamento com espécies nativas. O presente trabalho visa a necessidade de produzir sementes com boa qualidade genética em *Myracrodruon urundeuva*. A partir de uma amostra de 96 plantas estimar a diversidade genética da APSS. E com a instalação do teste de progênies de segunda geração conhecer a variabilidade genética existente. Para tanto, uma área de produção de sementes especiais (APSS) foi formada após o desbaste de 33% da população base (POB) fundamentando-se em estimativas de ganho na seleção. Está localizada na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE), da UNESP – Campus de Ilha Solteira, localizada em Selvíria – MS. Foram selecionadas 96 árvores (47 masculinas e 49 femininas) da APPS, para estimar a diversidade genética, utilizando seis marcadores microssatélites. O teste de progênies de segunda geração foi instalado em blocos completos ao acaso com 25 repetições, 30 progênies (procedentes da APPS) e com uma planta por parcela, em espaçamento 3 x 3 m. No viveiro foram mensurados diâmetro do colo (DC, cm), altura das plantas (H, m), e aos sete meses de idade foram avaliados em campo a altura total (HT, m) e sobrevivência (SOB). As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pela metodologia do modelo linear misto REML/BLUP. Foi possível estimar ganhos genéticos para a próxima geração. Existe diversidade genética, na amostra selecionada da APSS. O teste de progênies de segunda geração foi caracterizado por apresentar elevada variabilidade genética. O ganho de seleção previsto (??) é expressivo para a próxima geração. A diversidade genética encontrada é interessante para programas de conservação e melhoramento genético da espécie. Existe variabilidade genética no teste de segunda geração de *M. urundeuva*, indicando que as matrizes selecionadas na APSS proporcionaram sementes com qualidade genética, sendo uma opção para distribuição em reflorestamentos na região do leste do Mato Grosso do Sul.

Palavras-Chave: sementes especiais; progênies de segunda geração; variabilidade genética.

ABSTRACT

Myracrodruon urundeuva is a native tree species of high economic and social value due to its wood quality. It is currently placed in the list of endangered species because of forest fragmentation making it increasingly isolated in the landscape. The maintenance of the few existing fragments and the recovery of degraded areas represent a great environmental challenge. One of the main problems is lack of high genetic quality of seed production. It can lead to the failure of reforestation projects with native species. The present work aims at producing seeds with good genetic quality of *Myracrodruon urundeuva*, estimating the genetic diversity of APSS from a 96 plants sampling. Also, with the installation of the second-generation progeny test to assess the existing genetic variability. For this, a special seed production area (APSS) was formed after thinning 33% of the base population (POB) based on estimates of selection gain. It is located at the Teaching, Research and Extension Farm (FEPE), of the Engineering Faculty of Ilha Solteira/FEISUNESP, located in Selvíria – MS. Ninety-six trees (male and female) from APPS were selected to estimate genetic diversity, using six microsatellite markers. The second generation progenies test was installed in randomized complete blocks with 25 replications, 30 progenies (from APPS) and with one plant per plot, spaced 3 x 3 m. At seven months of age, stem diameter (DC, cm), plant height (H; HT, m) and survival (SOB) were measured. Estimates of variance components and genetic parameters were obtained using the REML/BLUP mixed linear model methodology. It was possible to obtain genetic gains for the next generation. There is genetic diversity in the selected sample from the APSS. The second generation progenies test was characterized by high genetic variability. The selection gain is significant for the next generation. The genetic diversity found is interesting for conservation and genetic improvement programs for the species. There is genetic variability in the second generation test of *M. urundeuva*. Indicating that the matrices selected in the APSS provided seeds with genetic quality, being an option for distribution in reforestations in the region of east Mato Grosso do Sul.

Keywords: special seed production area; second generation; genetic variability

3 INTRODUÇÃO

A *Myracrodruon urundeuva* (F.F. & M.F. Alemão) é uma espécie arbórea tropical nativa, conhecida popularmente por aroeira, pertencente à família Anacardiaceae. Amplamente distribuída no território brasileiro é encontrada em várias formações vegetais. De acordo com Carvalho (2003), a espécie ocorre na Floresta Estacional Semidecidual, Floresta Estacional Decidual, Formações Submontana, Cerrado e no Pantanal.

É uma planta decídua, dioica com polinização cruzada realizada principalmente por abelhas (LORENZI, 2000). No cerrado, os indivíduos podem atingir de 5 a 20 metros de altura e 30 a 60 centímetros de DAP (CARVALHO, 2003). *M. urundeuva* possui madeira de boa qualidade, de grande resistência mecânica e praticamente imputrescível, indicada para obras externas, como postes, mourões, dormentes, cruzetas de postes. Sua floração é apreciada na apicultura e a casca tem propriedades balsâmicas, sendo utilizada como anti-inflamatória antioxidante, antimicrobiana e anestésica (LORENZI, 2000; CARVALHO, 2003; SOUZA *et al.*, 2007; MOTA *et al.* 2015). A boa qualidade da madeira e a possibilidade de uso para diversas finalidades contribuíram para que as populações naturais fossem intensamente exploradas e reduzidas. Dessa forma, desde 1991 o corte dessa espécie foi proibido e desde 2008 encontra-se na lista vermelha de espécies ameaçadas de extinção (INSTITUTO BRASILEIRO DO MEIO AMBIENTE E DOS RECURSOS NATURAIS RENOVÁVEIS - IBAMA, 1991 e 2008).

Moraes *et al.* (2005) descreveram que as florestas e o Cerrado estão cada vez mais fragmentados, o que causa perturbações na estrutura de populações de espécies arbóreas, como é o caso da *M. urundeuva*. Assim, a manutenção dos poucos fragmentos e a recuperação de áreas degradadas representa um grande desafio ambiental. Um dos principais problemas é a insuficiente produção de mudas com qualidade genética, o que pode acarretar insucesso de projetos de reflorestamento com espécies nativas (RIBAS; KAGEYAMA, 2006).

Em vista dessa situação, na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira/UNESP, existem vários testes de procedências e progênies, pomares de sementes por mudas de diferentes espécies, visando a conservação e o melhoramento genético (MORAES *et al.*, 2006). Esforços pontuais e regionais para plantios em larga escala, testes de procedências e progênies, coleta e conservação de sementes, bem como pesquisas multidisciplinares que permitam o melhor conhecimento sobre as espécies, devem ser enfatizadas (SALOMÃO, 2016) como medidas tomadas para amenizar o problema da perda de variabilidade genética nas populações naturais de espécies arbóreas.

Uma das estratégias de se produzir uma semente com qualidade genética superior é a formação de uma Área de Produção de Sementes (APS) a partir de uma população base. Pires *et al.* (2011) relataram que o principal objetivo de uma APS é a produção de sementes melhoradas, formada a partir dos desbastes periódicos de plantas não selecionadas de um povoamento. Isso visa fornecer sementes melhoradas para contribuir com o desenvolvimento sustentável e econômico da região e também é uma das principais estratégias utilizadas na conservação e no melhoramento genético de espécies arbóreas.

A região leste do Mato Grosso do Sul é composta por municípios que se desenvolveram dentro de características agrícolas com forte predomínio da pecuária. Contudo, nos últimos anos vem intensificando a diversificação da sua economia. Analisando a precipitação anual, fica evidente que essa região possui um semestre chuvoso, que contribui com a atividade agrícola e outro com uma seca prolongada, sendo necessário investir em novas formas de exploração (FLUMIGNAM *et al.*, 2015).

Sistemas de produção integrada como ILPF (integração lavoura - pecuária - floresta) e sistema agroflorestal (SAFs) podem contribuir com a economia desta região. E fornecer sementes melhoradas, de uma espécie de dupla aptidão, tanto para madeira quanto para diversos usos medicinais, como é o caso da *M. urundeuva*, é fundamental para o desenvolvimento sustentável em uma região com altos índices de desmatamento. Até 2008, 27% da área total de cerrado da região leste do mato Grosso do Sul foi destruída (SEMAGRO, 2015). Segundo o monitoramento anual feito pelo sistema Prodes, do Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais (Inpe), o desmatamento no bioma Cerrado totalizou 7.340 km² no período de agosto de 2019 a julho de 2020. Esse valor representa um aumento de 13% em relação ao ano de 2019, último período divulgado (INPE, 2020), enfatizando a importância da conservação das espécies arbóreas.

A necessidade de produção de sementes de *M. urundeuva*, com qualidade genética, é o principal objetivo desse capítulo. Para tanto, uma área de produção de sementes especiais (APSS) foi formada a partir de uma população base (POB), fundamentando-se em estimativas de ganho na seleção. E a partir de uma amostra de 96 plantas estimar a diversidade genética da APSS. E com a instalação do teste de progênies de segunda geração conhecer a variabilidade genética existente.

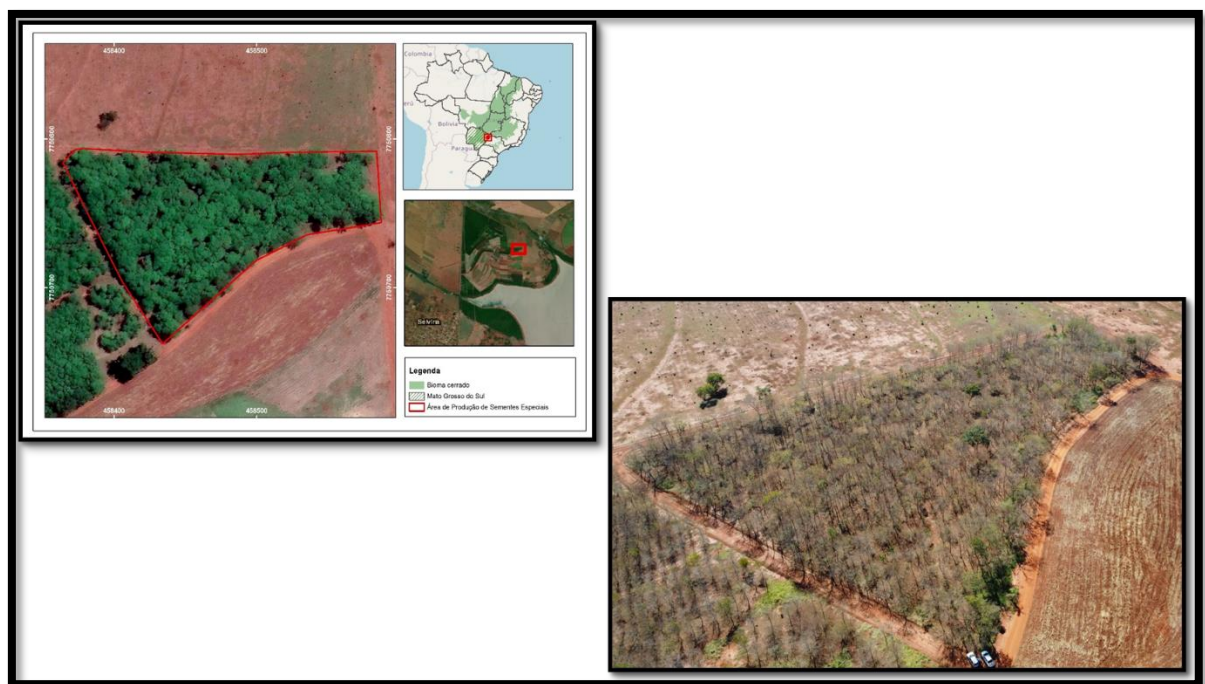
4 METODOLOGIA

4.1 ÁREA DE PRODUÇÃO DE SEMENTES ESPECIAIS (APSS)

Em 1986 foram coletadas sementes em 56 árvores matrizes de polinização aberta, em duas populações naturais de *M. urundeuva*, caracterizadas como fragmentos florestais de transição entre a Mata Atlântica (Floresta Estacional Semidecidual) e o Cerrado, com forte degradação antrópica, nos municípios de Bauru-SP e Selvíria-MS.

O plantio da população base de *M. urundeuva* foi realizado em 1987, na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE), da UNESP – Campus de Ilha Solteira, localizada em Selvíria, Mato Grosso do Sul (Figura 7).

Figura 7 - Localização geográfica da população base (atual APSS) de *Myracrodruon urundeuva* na FEPE/FEIS/UNESP, no município de Selvíria-MS.



Fonte: Elaboração da própria autora.

O clima da região foi classificado como Aw pela classificação de Köppen; temperatura média anual de 25,1°C e precipitação média anual de 1305 mm (SANTOS; HERNANDEZ, 2013). O relevo é moderadamente plano e ondulado. A vegetação original era típica do cerrado e o solo foi classificado como Latossolo Vermelho distrófico típico (SANTOS *et al.*, 2018a). A população base foi implantada com 1.662 plantas, de forma aleatória e sem delineamento

experimental. As mudas foram distribuídas de forma desigual em 45 linhas (Apêndice A e B), no espaçamento de 3,0 x 3,0 metros. Desde 2015, a população base está consorciada com progênes de *Hymenaea stigonocarpa* (Apêndice C).

Aos 31 anos de idade foram mensurados os caracteres silviculturais: altura total de plantas (ALT, m), diâmetro a altura do peito (DAP, cm) e diâmetro médio da copa (DMC, m). Para contrapor as médias de crescimento da *M. urundeuva* com outras espécies florestais nativas, foi calculado o incremento médio anual (IMA), que consiste na razão da média de crescimento (ALT ou DAP) pela idade de avaliação. Para verificar a adaptação dos indivíduos em Selvíria-MS, obteve-se a sobrevivência das plantas (SOB, %), atribuindo-se “1” para presença da árvore e “0” para a ausência da árvore. Por ser uma espécie dioica, foi realizada, nos meses de agosto a setembro de 2018, a identificação sexual das árvores com base na visualização das flores masculinas (♂) e femininas (♀).

Do total de indivíduos, que foram plantados em 1987, por linha, ficaram em torno de 50% em 2018. Na eliminação dos outros 50% foram computadas as falhas e plantas mortas (desbaste natural) e o restante foram abatidas com base no menor valor genético em DAP (desbaste seletivo). Nesse desbaste não foi considerado o tipo de floração da planta: se masculina, feminina ou sem florescimento. No total, a intensidade desse desbaste estratificado, considerando só as plantas vivas, foi de 33% nessa população base.

Os parâmetros da estatística descritiva foram estimados por meio da utilização do modelo 105 do *software* SELEGEN (RESENDE, 2016). Foram estimadas a média geral e a distribuição dos dados na População base, antes do desbaste (POB) e após o desbaste (Área de Produção de Sementes Especiais - APSS). Para as comparações entre indivíduos femininos e masculinos foi utilizado o teste de χ^2 conforme Pimentel-Gomes (1990).

Para a estimativa de ganho com seleção, foi utilizado o caráter DAP, pois o mesmo possui alta correlação com a altura, maior precisão e facilidade de mensuração (SEBBENN *et al.*, 2009; ZULIAN, 2017). Os valores genéticos de cada indivíduo foram obtidos pelo procedimento BLUP (melhor predição linear não viciada), usando o modelo 58 do *software* Selegen, sem delineamento experimental (RESENDE, 2016). Para isso foi preciso fornecer um valor conhecido de herdabilidade média de progênie e da variância fenotípica do caráter sob seleção. Os dados utilizados foram de um teste de progênie proveniente das mesmas matrizes deste estudo (SANT’ANA, 2017).

O ganho genético em porcentagem $\hat{G}_s(\%)$ com a seleção corresponde a (1):

$$\hat{G}_s(\%) = \frac{(\sum \hat{g}/n) \times 100}{\hat{m}} \quad (1)$$

em que: $\hat{g}$ corresponde aos valores genéticos preditos individuais (BLUP); n : é o número de indivíduos selecionados e $\hat{m}$ é a média geral do caráter.

A razão sexual (r) foi definida como sendo (2):

$$r = \frac{N_f}{N_f + N_m} \quad (2)$$

em que: N_f e N_m o número total de plantas com florescimento feminino e masculino da população, respectivamente.

Para estimar o tamanho efetivo populacional (N_e) para espécies dioicas não foi considerado o parentesco entre os indivíduos e o método utilizado foi descrito por Vencovsky *et al.* (2012), quando não há controle de gametas (RS: *Random Sampling*) (3, 4 e 5):

$$N_e = \frac{4.t}{D_5} \quad (3)$$

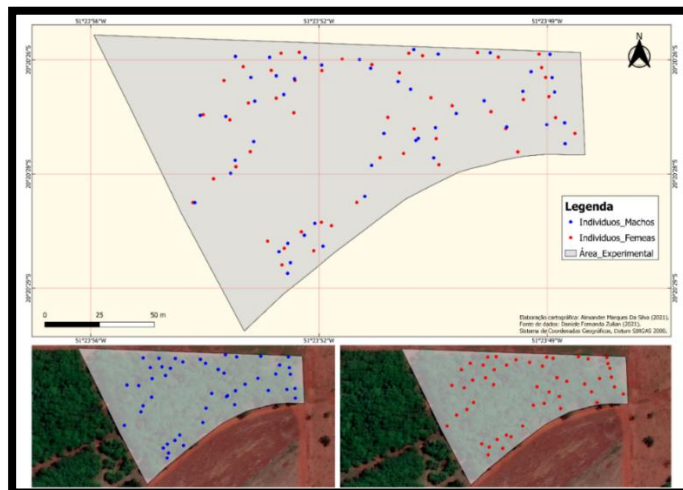
em que: $t = N_f + N_m$ (4) e $D_5 = \frac{1}{r.(1-r)} + \frac{(1-u).t-1}{F} + \frac{(1-v).t-1}{M}$ (4)

F e M correspondem ao número de plantas com florescimento feminino (F) e florescimento masculino (M), que efetivamente participam do evento reprodutivo; $u = F/N_f$ ($0 < u \leq 1$) e $v = M/N_m$ ($0 < v \leq 1$).

4.2 ANÁLISE POR MARCADOR MOLECULAR SSR

Um ano após a formação da APSS, foram selecionados 96 indivíduos, 49 com florescimento feminino e 47 com florescimento masculino (Figura 2).

Figura 8 – Distribuição dos 96 indivíduos selecionados e genotipados na APPS de *M. urundeuva*



Fonte: Elaboração da própria autora.

As plantas femininas foram selecionadas com base no valor genético e características morfológicas, como forma do fuste e sanidade da planta. As plantas com florescimento masculino foram selecionadas considerando a mais próxima de cada árvore feminina como o provável doador de pólen.

Para extração do DNA foram coletadas folhas sadias, empregando-se o protocolo Doyle e Doyle (1990), (2% CTAB; 1,4 M NaCl; 20 mM EDTA; 100 mM Tris-HCl pH 8,0), adicionando 0,2% de β -mercaptoetanol e proteinase K. A ressuspensão do pellet em 100 μ L de TE 1x (Tris HCl 1 M pH 8,0; EDTA 0,5 M; 110 μ g/mL de Rnase). E a quantificação do DNA foi feita no NanoDrop para verificação da qualidade e concentração do DNA.

Os marcadores foram selecionados com base nos locos microssatélites provenientes de estudo realizado por Souza *et al.* (2018), que analisaram a estrutura genética de populações em *Myracrodruon urundeuva* em diferentes biomas (Tabela 1).

Para o teste de amplificação (PCR), cada amostra foi preparada para um volume final de 10 μ L, contendo: 5 μ L GoTaq® Colorless Master Mix (Promega), 0,3 μ L de *primer forward* (2 pmol), 0,3 μ L de *primer reverse* (8 pmol) e 0,3 μ L de primer fluorescente com cauda M13 (8 pmol; 6-FAM, VIC, PET, ou NED, Applied Biosystems), 1 μ L DNA genômico (aproximadamente 50 ng).

Tabela 1. Características de seis locos microssatélites para *Myracrodruon urundeuva* utilizados para caracterização genética dos indivíduos.

Locos SSR	GenBank ID	Sequências do Primers	Motivo	T _m °C	Pb
ARO10	KY511282	5'-AAAAGTGCAATGTTTTGAGG -3' 5'-TGCAACTTCCATCCACTGTA -3'	TTC (12)	59	184–212
ARO12	KY511284	5'-TGTCCATGTAGGGCACATTA -3' 5'-TGCCCTACTTACAACCAAA -3'	TAT (10)	54	196–220
ARO17	KY511288	5'-CTTTCATGGACACCCCTCTT -3' 5'-GGAGCCCCAGAGAGTAAAAG -3'	TTTC (7)	59	196–208
ARO18	KY511289	5'-TGACACTGCATCCGTAAGTG -3' 5'-CTGCCTGAAATTTGGAAAGA -3'	TATC (7)	59	253–285
ARO19	KY511290	5'-GCGTTAATCTCACTGCACAA -3' 5'-AATTTTTCGCCTGTTTGCTT -3'	AACA (7)	59	222–242
ARO20	KY511291	5'-TTGTCTTGGTTCGAATCCTT -3' 5'-TTGTTAGGGATTTCAAAGACT -3'	TATC (8)	54	166–208

Fonte: Souza *et al.*, (2018). Pb: pares de base; T_m: temperatura de anelamento.

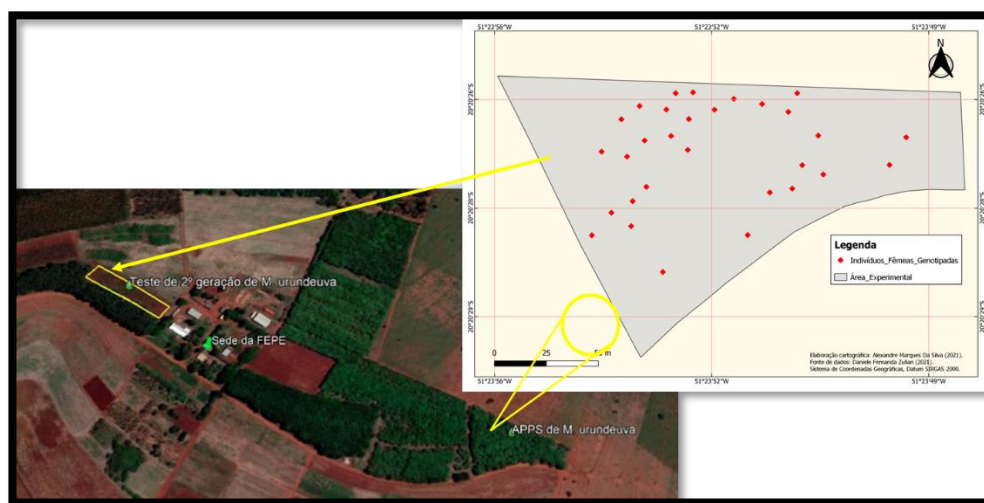
A diversidade genética intrapopulacional foi investigada pelos índices: número de alelos por loco (k), riqueza alélica ($\hat{R}$), heterozigosidade observada ($\hat{H}_o$), heterozigosidade esperada ($\hat{H}_e$) nas proporções do equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW) e índice de fixação ($\hat{F}$). A

significância de $\hat{F}$ foi obtida por permutação de alelos entre indivíduos. Os parâmetros foram obtidos usando o programa FSTAT 2.9.3.2 (GOUDET, 2002).

4.3 TESTE DE PROGÊNIES DE SEGUNDA GERAÇÃO DE *M. urundeuva*

Das 49 plantas femininas que foram genotipadas na Área de Produção de Sementes Especiais (APSS), foram coletadas sementes das 30 primeiras para o teste de progênies de segunda geração (Figura 3), o qual foi instalado em fevereiro de 2020, no mesmo local de origem das mudas, em sistema de plantio consorciado, com Guapuruvu (*Schizolobium parahyba*) no delineamento em blocos completos ao acaso com 25 repetições, 30 tratamentos (progênies de polinização livre) e uma planta por parcela no espaçamento 3 x 3 m (Apêndice E e F). No viveiro, aos 80 dias foram mensurados diâmetro do colo (DC, cm) e altura das plantas (H, m). Após o plantio, aos sete meses de idade, foram avaliados a altura total das plantas (HT, m) e a sobrevivência (SOB).

Figura 9 – Distribuição das matrizes e local de plantio do teste de progênies de segunda geração de *M. urundeuva*



Fonte: Elaboração da própria autora

As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pela metodologia do modelo linear misto - REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada), empregando-se o modelo 95 do Selegen, considerado para avaliação de progênies de polinização aberta (meias-irmãs), um local, uma única população no delineamento de blocos casualizados, uma planta por parcela, conforme o modelo matemático proposto por Resende, (2016):

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xr} + \mathbf{Za} + \mathbf{e}$$

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

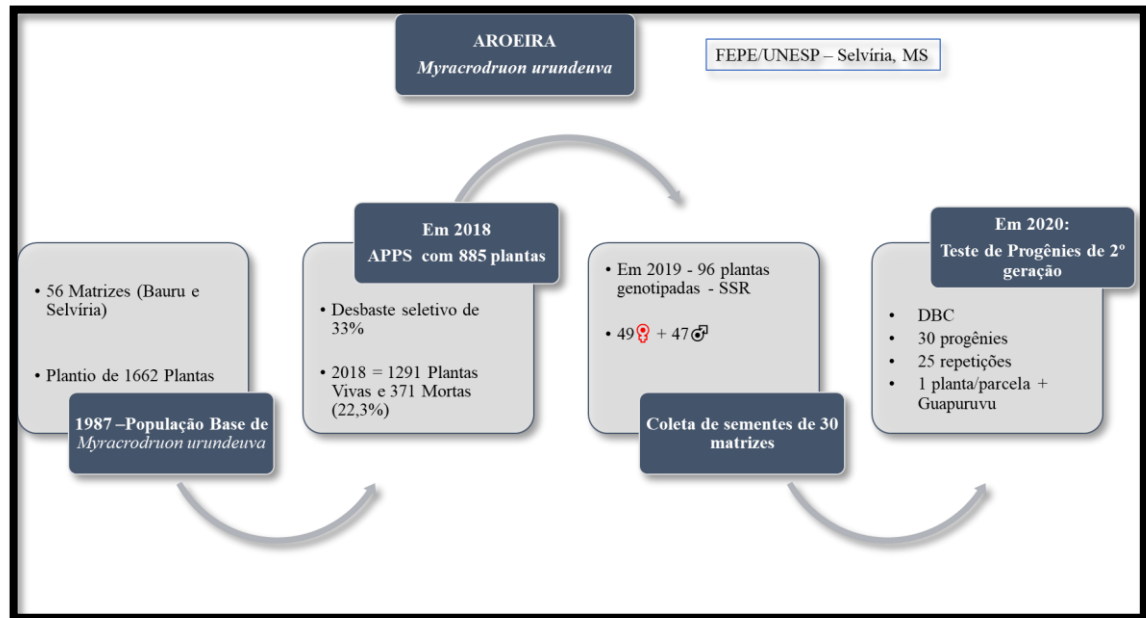
As estimativas de variância, coeficientes e parâmetros genéticos, cujas equações podem ser encontradas em Vencovsky e Barriga (1992); Resende (2007) e Cruz (2005) foram:

1. Variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$)
2. Variância residual ($\hat{\sigma}_e^2$)
3. Variância fenotípica individual ($\hat{\sigma}_f^2$)
4. Herdabilidade individual no sentido restrito ($\hat{h}_a^2$)
5. Herdabilidade em nível de medias de progênies ($\hat{h}_m^2$)
6. Herdabilidade aditiva dentro de parcela ($\hat{h}_{ad}^2$)
7. Coeficiente de variação genética aditiva individual (CV_{gi})
8. Coeficiente de variação genotípica entre progênies (CV_{gp})
9. Coeficiente de variação experimental (CV_e)
10. Coeficiente de variação relativa (CV_r)
11. Acurácia entre progênies (r_{aa})

4.4 ORGANOGRAMA DO PROGRAMA DE PRÉ-MELHORAMENTO DE *Myracrodruon urundeuva* NA UNESP

Um organograma, envolvendo os estudos quantitativos e moleculares fornece uma ideia geral das atividades desenvolvidas na FEPE/UNESP para o pré-melhoramento de *Myracrodruon urundeuva* na região leste do Mato Grosso do Sul (Figura 10).

Figura 10: Organograma do programa de pré-melhoramento de *Myracrodruon urundeuva* na UNESP



Fonte: Elaboração da própria autora

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 DESENVOLVIMENTO SILVICULTURAL DA APSS

A sobrevivência da população base de *M. urundeuva* aos 31 anos de idade foi de 80,0%. A reprodução dos indivíduos foi satisfatória, com florescimento de 91,0%, sendo 669 com florescimento feminino e 539 com florescimento masculino no ano de 2018. Somente 122 indivíduos (9,2%) não floresceram, indicando uma boa adaptação da espécie na região de plantio e que as condições climáticas, para este evento reprodutivo, foram favoráveis. Em um teste de procedência e progênie da mesma espécie e idade, Martins *et al.* (2018) encontraram taxa de sobrevivência de 71% e relataram que a *M. urundeuva* é amplamente distribuída em três biomas ambientalmente distintos e, portanto, exibe uma adaptabilidade notável.

A média geral do DAP na população foi de 12,9 cm. Os indivíduos masculinos e femininos apresentaram o mesmo desempenho médio em DAP. A menor média de DAP está entre os indivíduos que não floresceram. Para os caracteres altura e DMC, as médias foram de 8,8 m e 4,1 m, respectivamente. Da mesma forma que o DAP, os valores médios entre os machos e as fêmeas são semelhantes (Tabela 2). Os indivíduos que não floresceram apresentam

as menores médias em todos os caracteres avaliados. Os efeitos genéticos, relacionados ao crescimento das plantas, e os ambientais, principalmente o sombreamento, são fatores que podem estar interferindo no florescimento e no desempenho silvicultural das plantas.

Quando foram retirados os dados das plantas desbastadas, houve um aumento das médias para todos os caracteres avaliados, tanto nos indivíduos femininos quanto masculinos, o que era esperado, visto que o desbaste foi feito em árvores inferiores. Em relação à média geral, o aumento foi de 1,1 m de altura, 2,6 cm de DAP e 0,7 m de DMC (Tabela 2), evidenciando que na APSS foram mantidos indivíduos com desempenho silvicultural superior para cruzarem entre si. Isso possibilitou um bom desenvolvimento da copa, boa incidência de luz e adequada troca de pólen.

Tabela 2. Valores médios de altura total (ALT), diâmetro a altura do peito (DAP) e diâmetro médio da copa (DMC), aos 31 anos de idade da população base (POB) e Área de produção de Sementes Especiais (APSS) de *Myracrodruon urundeuva*, em Selvíria, MS.

Tipo de Flor	POB			APSS		
	ALT (m)	DAP (cm)	DMC (m)	ALT (m)	DAP (cm)	DMC (m)
Geral	8,8	12,9	4,1	9,9	15,5	4,7
F	9,4	13,7	4,3	10,0	15,5	4,6
M	9,0	13,4	4,4	9,7	15,6	4,9
SF	5,3	6,3	2,4	8,1	10,4	3,7

F: feminina; M: masculina; SF: Sem florescimento; Geral: F+M+SF.

Fonte: Dados de Pesquisa da autora.

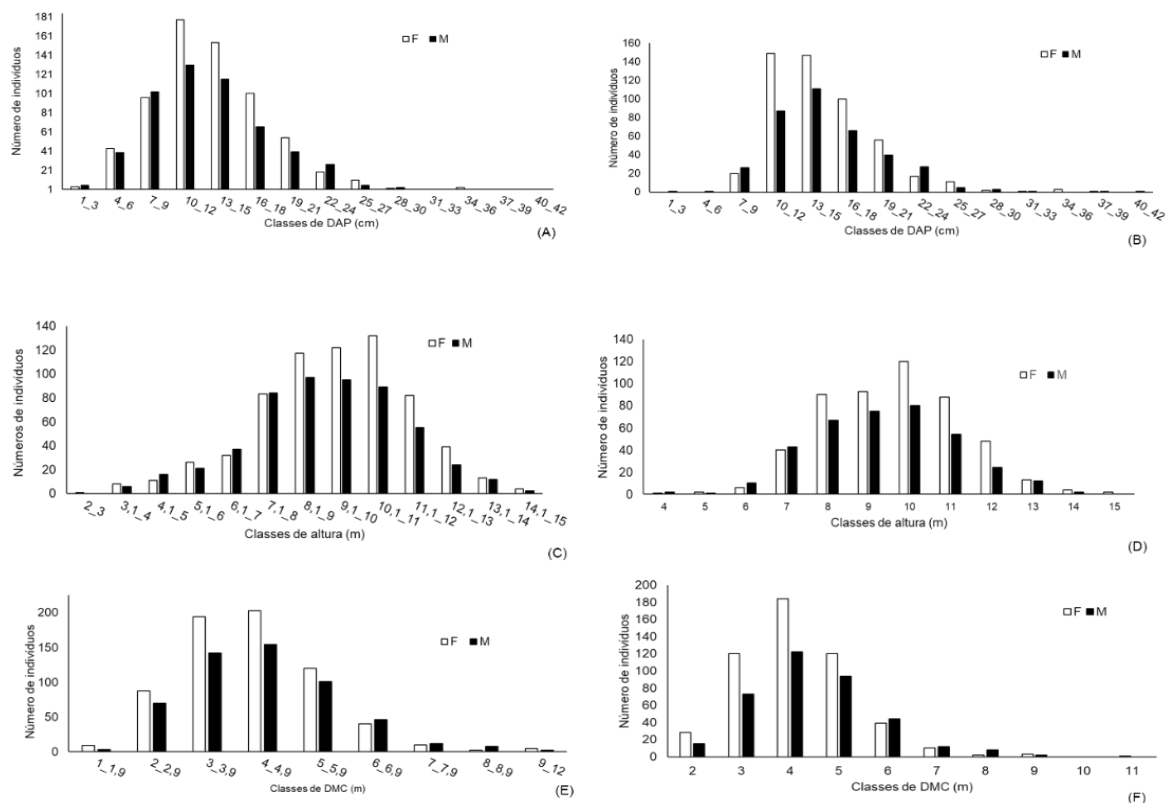
Os valores médios de crescimento em altura foram menores e para o DAP foram semelhantes quando comparados com os obtidos por Tung *et al.* (2010) (avaliação aos 20 anos; 9,11 m de altura e 11,35 cm de DAP), Otsubo *et al.* (2015) (avaliação aos 14 anos; 9,08 m de altura e 9,42 cm de DAP), Souza (2017) (avaliação aos 28 anos; 10,39 m de altura e 12,7 cm de DAP) e Martins *et al.* (2018) (avaliação aos 31 anos; 11,93 m de altura; 14,5 cm de DAP) em testes de progênes de *M. urundeuva*, estabelecidos a partir de populações naturais de diferentes procedências. Estudando diferentes idades e formas de plantio de *M. urundeuva*, Canuto *et al.* (2017) relataram médias de altura variando de 3,61 m a 10,47 m, médias de DAP de 4,82 cm a 12,94 cm e para DMC as médias foram de 2,39 m a 4,78 m, nas idades de 3, 10, 15 e 20 anos.

Outras espécies do Cerrado avaliadas em testes de progênes, como *Dipteryx alata* aos 27 anos apresentaram crescimento em DAP de 16,80 cm (SANTOS *et al.*, 2018b), *Astronium fraxinifolium* aos 18 anos apresentou crescimento médio de 9,08 m, 11,12 cm e 4,12 m de altura, DAP e DMC respectivamente (CORNACINI *et al.*, 2017).

Os resultados de DMC também foram semelhantes a outros plantios de *M. urundeuva*, como Otsubo *et al.* (2015) que encontraram 3,37 m aos 14 anos e Souza (2017) que encontrou DMC variando de 3,01 m a 5,3 m, aos 28 anos de idade, em diferentes procedências. Na formação de APSS é interessante que as árvores possuam copas volumosas, para contribuir com a maior produção de sementes (SHIMIZU, 2016).

As distribuições de frequências para todos os caracteres avaliados entre indivíduos masculinos e femininos na população base de *M. urundeuva* possuem o mesmo padrão. Para DAP e DMC seguem uma curva assimétrica positiva leptocúrtica, com uma concentração de valores altos e um pico elevado em torno da média (Figura 11A; 11E). A mesma distribuição destes caracteres permaneceu na APSS (Figura 11B; 11F), mas os indivíduos femininos não apareceram nas menores classes de DAP. Isso ocorreu pelo desbaste ter sido por linha e alguns indivíduos inferiores em relação ao total permaneceram na área. Para a variável altura, os dados da população base seguem uma distribuição assimétrica negativa mesocúrtica, ocorrendo uma concentração de valores baixos e a curva se aproximando da distribuição normal (Figura 11E).

Figura 11. Classes de diâmetro a altura do peito (DAP), altura e diâmetro médio da copa (DMC) para indivíduos com florescimento masculino (M) e feminino (F), aos 31 anos de idade, da população base e da Área de Produção de Sementes Especiais de *Myracrodruon urundeuva*, em Selvíria, MS.



A, C e E referentes a população base; B, D e F referentes a Área de Produção de Sementes Especiais.
Fonte: Dados de Pesquisa dos autores.

Na APSS, houve alteração apenas na distribuição dos dados de altura em relação a assimetria, a qual passou a ser simétrica e mesocúrtica (Figura 11D). Nesse caso, os indivíduos com baixos valores de altura foram eliminados com o desbaste e a distribuição dos dados ficou uniforme.

No geral, na distribuição de frequência por agrupamento em classes, constatou-se uma relação entre a frequência observada e o valor central das classes em todos os caracteres. Houve maior concentração de indivíduos nas classes centrais da distribuição, fator esse muito comum em florestas plantadas, pois, em sua grande maioria, são florestas homogêneas e equiâneas.

A concentração de indivíduos nas extremidades das classes pode ser justificada por dois motivos: O primeiro, pode estar relacionado ao efeito de borda. Lima e Leão (2013) afirmaram que fatores abióticos em borda de floresta causam alterações, principalmente no incremento diamétrico pela maior exposição à radiação solar. Com isso, pode-se verificar que houve uma

pequena quantidade de indivíduos nas classes extremas de maior DAP e DMC. O segundo, pode estar relacionado com a base genética, pois esse efeito pode ser mais agravante com mudas seminais. Souza (2017) sugere que um número maior de árvores suprimidas é esperado ao longo dos anos, e isso pode estar associado com maior competição entre árvores e o efeito depressão por endogamia originada do cruzamento entre indivíduos correlacionados.

Tanto para a conservação *ex situ* quanto para o melhoramento florestal deve-se evitar indivíduos com grau de parentesco. Na formação de uma APSS é aconselhável que as plantas inferiores sejam eliminadas, possibilitando a recombinação de alelos entre plantas superiores e resultando na formação de sementes com maior qualidade genética, contribuindo positivamente com o ganho genético na próxima geração. Porém, deve se evitar a seleção de muitas árvores de progênes que tenha um desempenho superior as demais.

Em uma APSS, cerca de 200 indivíduos superiores devem ser mantidos por hectare, mas o desbaste deve ser de forma gradativa (Pires *et al.*, 2011). Nesse estudo, 891 plantas foram mantidas em 1,5 ha e, ao decorrer dos anos, novos desbastes devem ser efetuados, levando sempre em consideração a proporção de 1 ♂:1 ♀. O desbaste de forma estratificada contribuiu para a distribuição espacial adequada das plantas, principalmente em relação aos indivíduos femininos e masculinos, permitindo o desenvolvimento semelhante.

Na APSS de *M. urundeuva*, a intensidade de seleção de 33% representa um desbaste de 438 indivíduos inferiores em crescimento em altura e DAP. O ganho obtido nesta seleção foi de 7,3%, um ganho considerado alto para um primeiro desbaste. Ganhos variando de 4,25% a 7,48% foram obtidos em testes de progênes da mesma espécie (PUPIN *et al.*, 2017). Em uma proposta de seleção em testes de procedências e progênes de *M. urundeuva* com 28 anos, ganhos menos expressivos variando de 0,05% a 5,91% para essa espécie foram obtidos por Souza (2017).

A partir da aplicação do teste do χ^2 verifica-se que, tanto na população base quanto na área de produção de sementes especiais, o número de indivíduos com florescimento masculino é inferior ao esperado e o feminino é superior ao esperado. Também se observa que existe diferença significativa entre o número de indivíduos masculinos e femininos (Tabela 3).

Tabela 3. Frequências observadas (FO) e esperadas (FE) para indivíduos femininos (F) e masculinos (M) de *Myracrodruon urundeuva* na população base (POB) e Área de produção de Sementes Especiais (APSS), aos 31 anos, em Selvíria, MS.

Sexo	POB			APS		
	FO	FE	χ^2	FO	FE	χ^2
M	539	604	7,0**	373	438,5	9,9**
F	669	604	7,0**	505	438,5	9,9**
Total	1208	1208	14,0**	891	891	19,8**

** χ^2 : qui quadrado significativo a 1% de probabilidade.

Fonte: Dados de Pesquisa dos autores.

A proporção entre os indivíduos masculinos e femininos não se alterou, de modo significativo (Tabela 4), após o desbaste de POB para APSS ($\chi^2 = 0,94$). O mesmo ocorreu em relação ao florescimento masculino ($\chi^2 = 0,53$) e feminino ($\chi^2 = 0,41$).

Tabela 4. Tabela de contingência 2x2 entre a população base (POB) e Área de produção de Sementes Especiais (APSS) para indivíduos femininos e masculinos de *Myracrodruon urundeuva*, aos 31 anos, em Selvíria, MS.

População	Masculino			Feminino			Total (χ^2)
	FO	FE	χ^2	FO	FE	χ^2	
POB	539	526,1	0,22	669	681,9	0,17	1208
APSS	373	381,9	0,31	505	495,1	0,24	878
Total	908	908	0,53 ^{ns}	1177	1177	0,41 ^{ns}	2086 (0,94 ^{ns})

χ^2 : qui quadrado; ^{ns}Não significativo a 5% de significância; FO: frequência observada; FE: frequência esperada.

Fonte: Dados de Pesquisa dos autores.

A razão sexual na POB de *M. urundeuva* foi de 0,55 (0,8 ♂:1 ♀) e na APS foi de 0,58 (0,7 ♂:1 ♀), o que representam 373 machos e 505 fêmeas (Tabela 4). Essa proporção ficou próxima ao encontrado por Leite e Machado (2010), em uma população de *M. urundeuva* na região da Caatinga, que foi próxima de 1 ♂:1 ♀. No entanto, outros estudos, também realizados em Selvíria-MS vem evidenciando a maior proporção de indivíduos com florescimento masculino em relação ao feminino, Sant'ana (2017) que encontrou predominância de indivíduos com flores masculinas, com uma proporção de 10 ♂:1 ♀ no teste de progênie originário de Selvíria; 6 ♂:1 ♀, no de Bauru, 3 ♂:1 ♀, no de Paulo de Faria e 2 ♂:1 ♀ no de Seridó, Petrolina e Itarumã. Bertonha *et al.* (2016) encontraram uma proporção sexual de aproximadamente 5 ♂:1 ♀ em dois testes de progênes. Fica evidente que a diferença, nessa

proporção está em função das populações, de sua procedência, do sistema de plantio, do tamanho amostral e da idade dos indivíduos em que a avaliação foi efetuada.

O desequilíbrio na proporção sexual tem sido atribuído a diversos fatores. Dentre eles, pode-se citar o custo reprodutivo diferenciado, longevidade das espécies arbóreas com crescimento e idade reprodutivas desiguais entre os sexos, tipos de vetores de polinização e dispersão de sementes (biótico e abiótico), genética de determinação do sexo e adaptação ao local de plantio (SINCLAIR *et al.*, 2012; FIELD *et al.*, 2013).

A proporção sexual está diretamente ligada ao valor do tamanho efetivo populacional (SANT'ANA, 2017). Isso refere-se ao tamanho genético de uma população reprodutiva e não ao número de indivíduos que a compõe, ou seja, diz respeito à representatividade genética da amostra. Cornacini *et al.* (2017) descreveram que entender a relação entre o tamanho efetivo populacional e o tamanho real de uma população é de fundamental importância para planejar estratégias de manejo para a conservação.

Para se obter lotes de sementes de *M. urundeuva* com um tamanho efetivo superior a 150 (SEBBENN, 2006), é necessário coletar sementes em pelo menos 55 árvores matrizes de polinização aberta (SOUZA, 2017), o que está próximo da coleta feita para a formação dessa população base, que foi de 56. Assim o seu N_e é de 223, pois Vencovsky *et al.* (2012) consideram que para uma árvore matriz de polinização aberta ($N_e = 4[\frac{t}{t+3}]$), e um $r = 0,5$ o seu $N_e \approx 4$. Dessa forma, a população base foi formada a partir de uma base genética ampla.

Uma outra forma de avaliar a base genética é considerar a POB como uma população de referência. Desse modo, utilizando-se a expressão de Vencovsky *et al.* (2012) o N_e da POB é igual a 1195, considerando: $r = 0,55$; $t = 1208$; $v = 1$, $u = 1$; $M = 539$ e $F = 669$. Para a APSS o N_e é de 872, a considerar $r = 0,58$; $t = 878$; $v = 1$, $u = 1$; $M = 373$ e $F = 505$. Portanto, na APSS, o N_e diminui 28,3%, em relação a POB, mas se obtém um ganho de 7,3% na média do DAP.

5.2 DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DA APSS POR MARCADORES MOLECULARES

O número total de alelos (k) identificados na população total foi de 44, variando entre locos de 4 (ARO19) a 10 (ARO 12), com uma média de 7,3 alelos por loco. Baseado no teste t não pareado a APSS de *M. urundeuva* apresentou riqueza alélica de 7,3. As plantas masculinas e femininas foram analisadas separadamente, considerando uma população de machos (47

indivíduos) e uma população de fêmeas (49 indivíduos). O número total de alelos para machos foi de 42 e para as fêmeas de 41, com valores de riqueza alélica próximos, 7,0 e 6,9, respectivamente (Tabela 5).

Foi observado que 50% dos locos estão em heterozigose na população total, resultando em heterozigosidade média observada (H_0) de 0,799 e heterozigosidade média esperada (H_e) de 0,716. Dessa forma, o índice de fixação (F) nos locos ARO 17 e ARO 19 são significativos e indicam excesso de heterozigotos. Isso ocorre nas três situações (total, femininas e masculinas). Os demais locus indicam a frequência de homozigotos acima do esperado no equilíbrio de HWB, porém não significativos. Na média, os valores do índice de fixação foram negativos para a população total (-0,153), masculinas (-0,128) e femininas (-0,203) (Tabela 5). Contudo, mesmo sugerindo excesso de heterozigotos, esses valores nas médias não foram significativos. Não foi registrada a presença de uma endogamia significativa, o que é ótimo em se tratando de qualidade genética da semente.

A estimativa de diferenciação genética ($\hat{G}_{st}' = 0,026$) indica que as frequências dos genes entre as populações (machos e fêmeas) são diferentes (Tabela 5), mas a maior proporção de diversidade genética está distribuída dentro da população total [$100 (1 - 0,026) = 97,4\%$]. Souza (2017) estudou progênies de quatro populações naturais fragmentadas de *M. urundeuva* oriundas de quatro biomas distintos, utilizando os mesmos marcadores desse estudo, detectando 67 alelos diferentes, variando entre locos de 5 a 15 alelos, com média de 11,2 alelos por loco. O índice de fixação nas árvores matrizes foi significativamente menor do que zero, indicando excesso de heterozigotos.

As plantas que compõem a população são advindas de áreas fragmentadas e não se tem a estrutura de progênies. Ainda assim a seleção feita neste estudo indica uma amostragem adequada, a qual conserva os índices de diversidade genética, o número de alelos e a riqueza alélica. No presente estudo, denotam a ocorrência de diversidade genética e alto conteúdo informativo dos locos microssatélites utilizados.

Tabela 5- Diversidade genética, índice de fixação ($\hat{F}$) em locos microssatélites de *M. urundeuva*. n é o tamanho amostral; k é o número total de alelos; $\hat{R}$ é a riqueza alélica em indivíduos genotipados nos 6 locos; $\hat{H}_o$ é a heterozigosidade observada; H_e é a heterozigosidade esperada; $\hat{G}_{ST}'$ é a diferenciação genética entre populações.

Locos	Total (F + M) (n=96)					Femininas (n = 49)					Masculinas (n = 47)					$\hat{G}_{ST}'$
	k	R	$\hat{H}_o$	$\hat{H}_e$	$\hat{F}$	k	R	$\hat{H}_o$	$\hat{H}_e$	$\hat{F}$	k	R	$\hat{H}_o$	$\hat{H}_e$	$\hat{F}$	
ARO10	8	8	0,781	0,825	0,053	8	8	0,877	0,838	-0,047	8	8	0,680	0,804	0,154	0,008
ARO12	10	10	0,740	0,822	0,100	8	7,92	0,714	0,731	0,023	9	9	0,766	0,781	0,019	0,149
ARO17	6	6	0,927	0,655	-0,415*	5	4,96	0,918	0,657	-0,398*	6	6	0,935	0,656	-0,426*	0,000
ARO18	9	9	0,802	0,799	-0,004	9	9	0,796	0,813	0,021	9	9	0,809	0,781	-0,036	0,004
ARO19	4	4	0,896	0,534	-0,677*	4	3,96	0,918	0,535	-0,716*	4	4	0,873	0,535	-0,631*	0,000
ARO20	7	7	0,646	0,661	0,023	7	6,92	0,715	0,651	-0,098	6	6	0,574	0,677	0,152	0,000
Total	44	-	-	-	-	41	-	-	-	-	42	-	-	-	-	-
Média	7,3	7,3	0,799	0,716	-0,153	6,83	6,79	0,823	0,704	-0,203	7,0	7,0	0,773	0,705	-0,128	0,026
DP	2,2	2,2	0,103	0,118	0,317	1,9	1,95	0,0,95	0,113	0,296	2,0	2,0	0,131	0,103	0,326	0,061

* P< 0.05 (valores maiores que 0,00833 são significativos para população total). * P< 0.05 (valores maiores que 0,00417 são significativos femininas e masculinas). DP: desvio padrão.

Fonte: Dados de Pesquisa dos autores.

5.3 VARIAÇÃO GENÉTICA PARA CARACTERES SILVICULTURAIS EM SEGUNDA GERAÇÃO

Em relação ao desempenho inicial das mudas no viveiro, o crescimento médio em DC e H foi de 0,46 cm e 0,50 m, respectivamente aos 90 dias (Tabela 6). Normalmente, mudas de *M. urundeuva* produzidas a partir de sementes provenientes de populações naturais ou de árvores isoladas na paisagem precisam de 180 dias para chegar nesse porte (CAMBUIM, 2019, comunicação pessoal). Após quatro meses da semeadura, progênies de *M. urundeuva*, coletadas em fragmentos remanescentes no município de Cuiabá-MT, apresentaram altura total de 16,16 cm e o diâmetro do colo de 1,94 mm (ALMEIDA, 2011).

A sobrevivência do teste de progênie de segunda geração, aos sete meses de idade foi alta (98,5%). Essa taxa está relacionada a dois fatores primordiais no que refere ao estabelecimento de mudas em campo. Primeiro, a boa qualidade genética das sementes, com ausência de endogamia significativa, como foi constatado nas análises moleculares. E segundo, o material foi selecionado no mesmo local de plantio e apresenta adaptações às condições edafoclimáticas da região. Em uma avaliação de progênies de *M. urundeuva* procedentes de população natural instaladas no mesmo município deste estudo, aos 12 meses de idade, a sobrevivência foi de 87% (SAUL *et al.*, 2020). No município de Cuiabá, Carderalli *et al.* (2013) relataram uma sobrevivência de 77%.

Tabela 6- Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres diâmetro do colo (DC, cm), altura de plantas no viveiro (H, m) e altura total de plantas no campo aos sete meses de idade (HT, m) no teste de progênies de segunda geração de *M. urundeuva*, no município de Selvíria/MS.

Parâmetros	DC	H	HT
$\hat{h}_a^2$	0,67±0,17	0,55±0,15	0,26±0,11
$\hat{h}_m^2$	0,83	0,80	0,63
r_{aa}	0,91	0,89	0,79
$\hat{h}_{ad}^2$	0,60	0,48	0,21
CV_{gi} (%)	22,45	17,92	16,20
CV_{gp} (%)	11,22	8,96	8,10
CV_e (%)	25,03	22,44	30,93
CV_r	0,45	0,40	0,26
$\hat{m}$	0,46	0,50	0,76
LRT (χ^2) prog	80,74**	60,72**	19,02**

Fonte: Dados de Pesquisa dos autores.

No campo, aos sete meses de idade, a média da altura total das plantas (HT) foi de 0,76 m. Para uma espécie longeva é um crescimento inicial rápido quando comparado com outras

espécies nativas sem nenhum grau de melhoramento, como por exemplo a *Myroxylon peruiferum* (cabreúva), *Cariniana legalis* (jequitibá rosa), *Hymenaea stigonocarpa* (Jatobá), entre outras (CAMBUIM, 2020, comunicação pessoal). Carderalli *et al.* (2013) avaliando progênies de *M. urundeuva* aos dois anos de idade (procedente de população natural) relatou altura média das plantas de 0,82 m. Isso evidencia a importância de produção de sementes com qualidade genética e adaptadas aos locais de plantio para espécies nativas, as quais poderão ser utilizadas em programas de conservação e melhoramento genético, afim de fornecer material para restauração florestal, projetos de iLPF, entre outros.

A análise de deviance realizada a partir do teste de razão de verossimilhança (LRT) apresentou valores significativos a 1% com um grau de liberdade para todos os caracteres silviculturais (Tabela 6), indicando que existe diferença significativa entre as progênies no viveiro e no campo. Resultados significativos foram encontrados para altura em um teste de progênies de *M. urundeuva*, instalado em Selvíria-MS, para uma população de Minas Gerais, aos 12 meses de idade (SAUL *et al.*, 2020). O mesmo ocorreu com progênies procedentes de Ribeirão Preto, aos quatro anos de idade (PUPIN *et al.*, 2017).

As herdabilidades em nível de média de progênies apresentaram valores altos, 0,83, 0,80 e 0,63 para DC, H e HT, respectivamente. Para a herdabilidade individual, os valores foram de altos (0,67 para DC e 0,55 para H) a moderados (0,26 para HT), conforme classificação proposta por Resende (2015), sugerindo um bom controle genético das variáveis analisadas. Valores moderados para herdabilidade individual foram registrados para altura de plantas e diâmetro do colo (0,20 e 0,16) em progênies de *M. urundeuva* avaliadas em viveiro (ALMEIDA, 2011). Aos dois anos de idade, no município de Cuiabá, valores baixos de herdabilidades foram encontrados em progênies de *M. urundeuva* (Carderalli *et al.*, 2013). Estudando progênies da mesma espécie aos três anos de idade sob diferentes sistemas de plantio, Freitas *et al.* (2006) encontraram valores de herdabilidade individual variando de 0,09 a 0,25 para o caráter altura total de plantas e 0,02 a 0,39 para o diâmetro do colo. Para outras espécies, como *Tachigali vulgaris*, aos seis meses de idade a herdabilidade foi 0,17 para altura e diâmetro do colo das plantas. No mesmo experimento, avaliado aos 12 e 18 meses de idade, os valores de herdabilidades foram menores, em média 0,14 (CRUZ *et al.*, 2020).

Para Sebbenn *et al.* (1998), um coeficiente de variação genética acima de 7% pode ser considerado alto. Assim, os valores deste estudo foram adequados variando de 8% a 22,45% entre os caracteres avaliados. De acordo com Resende e Duarte (2007), as estimativas para acurácia foram consideradas como muito altas para DC a alta para a H e HT, sugerindo alta confiabilidade nos valores estimados, visto que Resende (2007) sugere que é fundamental que

a acurácia seja no mínimo igual a 0,70, para inferir sobre o grau de confiabilidade dos resultados obtidos na avaliação genética. Para o coeficiente de variação relativa (CV_r), os valores foram considerados como intermediário para DC (0,45), H (0,40) e HT (0,26).

As diferenças genéticas entre as progênies detectadas pelo teste de LRT e a base genética observada, remetem uma condição fundamental e intimamente relacionada ao potencial evolutivo, sendo particularmente importante para espécies florestais nativas e ameaçadas de extinção, pois isso influencia a capacidade adaptativa perante às mudanças climáticas (KREMER *et al.* 2012). As progênies de segunda geração conservadas na forma *ex situ*, preservaram substancial variabilidade genética da população de origem (APSS) e inicialmente apresenta materiais para explorar diferentes estratégias de seleção ao longo dos anos.

6 CONCLUSÕES

O ganho de seleção é expressivo para a próxima geração, com um tamanho efetivo adequado dentro do recomendado pela literatura. A proporção sexual mantida (0,7 ♂:1 ♀), é próxima ao que ocorre na natureza (1 ♂:1 ♀).

Existe diversidade genética interessante para programas de conservação e melhoramento genético da espécie. As médias negativas observadas nos índices de fixação, confirmam heterozigose acima do esperado no EHW na amostra selecionada da APS.

Existe variabilidade genética no teste de segunda geração de *M. urundeuva*, a qual contribuirá com a conservação e o melhoramento a longo prazo da espécie.

REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, E. V. **Avaliação da variabilidade genética em progênies de *Myracrodruon urundeuva* (fr. All) na baixada cuiabana.** 2011. Dissertação (Ciências Florestais e Ambientais) - Faculdade de Engenharia Florestal, Universidade Federal de Mato Grosso, Cuiabá, 2011.
- BERTONHA, L. J.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M.; FREITAS, M. L. M. Seleção de progênies de *Myracrodruon urundeuva* baseada em caracteres fenológicos e de crescimento para reconstituição de áreas de Reserva Legal. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 44, n. 109, p. 108-116, 2016.
- CANUTO, D. S. O.; SILVA, A. M.; FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M.; MORAES, M. L. T. Genetic variability in *Myracrodruon urundeuva* (Allemao) Engl. progeny tests. **Open Journal of Forestry**, Estados Unidos, v. 7, n. 1, p. 1 – 10, 201.
- CARDERALLI, A.; COSTA, R. B. C.; AZEVEDO, L. P. A.; RIBEIRO, E. S.; BATISTA, B. M. F.; SOUSA, R. A. T. M. Seleção precoce em progênies de meios irmãos de *Myracrodruon*

urundeuva Fr. All. via metodologia REML/BLUP. **Ambiência**, Guarapuava, v. 9, n. 3, p. 605 – 617, 2013.

CARVALHO, P.E.R. **Espécies arbóreas brasileiras**. 4. ed. Colombo: EMBRAPA - Centro Nacional de Pesquisas Florestais, 2003. 1039 p.

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

CRUZ, S. L.; PEDROZO, C. A.; OLIVEIRA, V. X. A.; SILVA, A. M.; RESENDE, M. D. V.; GONÇALVES, D. A. Parâmetros genéticos e seleção inicial de procedências e progênes de taxi-branco (*Tachigali vulgaris*) em Roraima. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 30, n. 1, p. 258-269, 2020.

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: Ed d aUFV, 2005. 394 p.

FIELD, D. L.; PICKUP, M.; BARRETT, S. C. H. Comparative analyses of sex-ratio variation in dioecious flowering. **Evolution**, França, v. 67, n. 3, p. 661–672, 2013.

FLUMIGNAM, D. L.; FIETZ, C. R.; COMUNELLO, E. **O clima na região do Bolsão de Mato Grosso do Sul**. Dourados: Embrapa Agropecuária Oeste, 2015. 46 p.

FREITAS, M. L. M.; AUKAR, A. P. A.; SEBBENN, A. M.; MORAES, M. L. T.; LEMOS, E. G. M. Genetic variation in progenies of *Myracrodruon urundeuva* F.F. & M.F. Allemão in three cultivation systems. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 30, n. 3, p. 319-329, 2006.

GOUDET, J. FSTAT (Version 2.9.3.2.): a computer program to calculate *F*-statistics. **Journal of Heredity**, Edinburg, v. 86, n. 1, p. 485-486, 2002.

HEDRICK, F. A standardized genetic differentiation measured. **Evolution**, Lancaster, v.59, p. 1633-1638, 2005.

INSTITUTO NACIONAL DE PESQUISAS ESPACIAIS – INPE. **Nota Técnica - A área de vegetação nativa suprimida no Bioma Cerrado no ano de 2020 foi de 7.340 km²**. Notícias. Disponível em: http://www.inpe.br/noticias/noticia.php?Cod_Noticia=5643. Acesso em: 15 maio 2021.

INSTITUTO BRASILEIRO DE MEIO AMBIENTE E DOS RECURSOS NATURAIS RENOVÁVEIS- IBAMA. **Lista oficial de espécies da flora brasileira ameaçada de extinção**: instrução normativa nº 6, de 23 de setembro de 2008. Disponível em: <http://www.ibama.gov.br>. Acesso em: 12 fev. 2019.

INSTITUTO BRASILEIRO DE MEIO AMBIENTE E DOS RECURSOS NATURAIS RENOVÁVEIS - IBAMA. **Portaria 83N, de 26 de setembro de 1991**. Brasília, DF: IBAMA, 1991.

KREMER, A.; RONCE, O.; ROBLEDO-ARNUNCIO, J. J.; GUILLAUME, F.; BOHRER, G.; NATHAN, R.; BRIDLE, J. R.; GOMULKIEWICZ, R.; KLEIN, E. K.; RITLAND, K.;

KUPARINEM, A.; GERBER, S.; SCHUELER, S. Long distance gene flow and adaptation of forest trees to rapid climate change. **Ecology Letters**, Oxford, v. 15, n. 4, p. 378-392, 2012.

LEITE, A. V. L.; MACHADO, I. C. Reproductive biology of woody species in Caatinga, a dry forest of northeastern Brazil. **Journal of Arid Environments**, London, v. 74, n. 11, p. 1374-1380, 2010.

LIMA, J. P. C.; LEÃO, J. R. A. Dinâmica de crescimento e distribuição diamétrica de fragmentos de florestas nativa e plantada na Amazônia Sul Ocidental. **Floresta e Ambiente**, Seropédica, v. 20, n. 1, p. 70–79, 2013.

LORENZI, H. **Árvores brasileiras**: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil. 3 ed. Nova Odessa: Instituto Plantarum, 2000. 384 p.

MARTINS, K.; SANTOS, W. S. D.; QUADROS, T. M. C.; AGUIAR, A. V.; MACHADO, J. A. R.; SEBBENN, A. M.; FREITAS, M. L. M. Genetic variation and effective population size of a *Myracrodruon urundeuva* (Engler) Fr. Allem. provenance and progeny test. **Journal of Forest Research**, Abingdon, v. 23, n. 4, p. 228–236, 2018.

MORAES, M. L. T.; KAGEYAMA, P. Y.; SEBBENN, A. M. Diversidade e estrutura genética espacial em duas populações de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All sob diferentes condições antrópicas. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 29, n. 2, p. 281-289, 2005.

MORAES, M. L. T.; MORI, E. S.; RODRIGUES, C. J. Delineamento de pomar multiespécies. In: HIGA, A. R. I.; SILVA, L. D. **Pomar de sementes de espécies florestais nativas**. Curitiba: FUPEF, 2006. v. 1. p. 183-202.

MOTA, B. C. F.; ROYO, V. A.; FONSECA, J. M. S.; SANTOS, A. C.; MELO JÚNIOR, A. F.; MENEZES, E. V.; ESPERANDIM, V. R.; LAURENTIZ, R. S. Comparative studies between the chemical constituents and biological properties of the extracts from the leaves and barks of *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. **Journal of Medicinal Plant Research**, Sapele, v. 9, n. 6, p. 159-168, 2015.

OTSUBO, H.C.B.; MORAES, M.L.T.; MORAES, M.A.; NETO, M.J.; FREITAS, M. L.M.; COSTA, R.B.; RESENDE, M.D.V.; SEBBENN, A.M. Variação genética para caracteres silviculturais em três espécies arbóreas da região do bolsão Sul-Mato-Grossense. **Cerne**, Lavras, v. 21, n. 4, p. 535-544, 2015.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 13. ed. Piracicaba: Esalq – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 1990. 467 p.

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

PUPIN, S.; FREITAS, M. L. M.; CANUTO, D. S. O.; SILVA, A. M.; MARIN, A. L. A.; MORAES, M. L. T. Variabilidade genética e ganhos de seleção em progênies de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. **Nativa**, Sinop, v. 5, n. 1, p. 59-65, 2017.

RESENDE, M. D. V. **Genética quantitativa e de populações**. Viçosa: Suprema. 2015. 463 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.; DUARTE, J. B. Precisão e controle experimental de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

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

RIBAS, L. A.; KAGEYAMA, P. Y. Sistema de cruzamento de *Trema micrantha* (L.) B. em fragmentos florestais. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 72, p. 29-37, 2006.

RODRIGUEZ, S. C.; ALVARADO, J. C.; SANTO, M. M. E.; NUNES, Y. R. F. *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. (aroeira tree) population dynamics, diameter growth rate and its potential for sustainable management in successional tropical dry forests of Brazil. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 41, n. 3, p. 1-8, 2017.

SALOMÃO, A. N. **Espécies nativas da flora brasileira de valor econômico atual ou potencial: plantas para o futuro - Região Centro-Oeste**. Brasília, DF: Ministério do Meio Ambiente, 2016. 835 p.

SANT'ANA, V. Z. **Proporção sexual em populações de Myracrodruon urundeuva para fins de formação de pomares de sementes por mudas**. 2017. 64 f. Dissertação (Mestrado em Sistema de Produção) - Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2017.

SANTOS, G. O.; HERNANDEZ, F. B. T. Uso do solo e monitoramento dos recursos hídricos no córrego do Ipê, Ilha Solteira, SP. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, v. 17, n. 1, p. 60-68, 2013.

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

SANTOS, W.; AGUIAR, A. V.; SOUZA, D. C. L. DINI, D. G. T.; SOUZA, F. B.; DALASTRA, C.; MACHADO, J. A. R.; SOUSA, V. A.; MORAES, M. L. T.; FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M. Genetic variation and effective population size in *Dipteryx alata* progenies in Pederneiras, São Paulo, Brazil. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 42, n. 3, p. 1-8, 2018b.

SAUL, F. A. C.; ZULIAN, D. F.; SILVA, A. M.; CORNACINI, M. R.; CAMBUIM, J.; SAUL, R. A.; MORAES, M. L. T. Variação genética para caracteres de crescimento em progênies de *Myracrodruon urundeuva* fr. all. em Selvíria, Brasil. In: FELSEMBURGH, C. A. (org.). **Empreendedorismo e inovação na engenharia florestal 2**. Ponta Grossa: Atena, 2020. Cap. 8, p. 72-79. Disponível em: <https://www.atenaeditora.com.br/arquivos/ebooks/empreendedorismo-e-inovacao-na-engenharia-florestal>. Acesso em: 15 abr. 2021.

SEBBENN, A. M.; SIQUEIRA, A. C. M. F.; KAGEYAMA, P. Y.; MACHADO, J. A. R. Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva – *Myroxylon peruiferum* L.F. Allemão. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 53, p. 31-38, 1998.

SEBBENN, A. M. Sistema de reprodução em espécies arbóreas tropicais e suas implicações para a seleção de árvores matrizes para reflorestamentos ambientais. *In*: HIGA, A. R.; SILVA, L. D. **Pomar de sementes de espécies florestais nativas**. Curitiba: FUPEF, 2006. p. 93-138.

SEBBENN, A. M.; FREITAS, M. L. M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAES, E. Seleção dentro de progênies de polinização aberta de *Cariniana legalis* Mart. O. Ktze (Lecythidaceae), visando à produção de sementes para recuperação ambiental. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 21, n. 1, p. 27-37, 2009.

SECRETARIA DE ESTADO DE MEIO AMBIENTE, DESENVOLVIMENTO ECONÔMICO, PRODUÇÃO E AGRICULTURA FAMILIAR – SEMAGRO. Estado do Mato Grosso do Sul. **Estudo da dimensão territorial do Estado de Mato Grosso do Sul: regiões de planejamento**. 2015. Disponível em: <http://www.semagro.ms.gov.br/>. Acesso em: 12 fev 2019.

SHIMIZU, J. Y. **Áreas de produção de semente**. *In*: SEMANA DE ESTUDOS FLORESTAIS, 8, **Anais [...]**. Curitiba: Gráfica e Editora Venezuelana Ltda., 2006. p. 24-33.

SINCLAIR, J. P.; EMLLEN, J.; FREEMAN, D. C. Biased sex ratios in plants: theory and trends. **Botanical Review**, Bronx, v. 78, n. 1, p. 66-86, 2012.

SOUZA, D. C. L.; ROSSINI, B. C.; SOUZA, F. B.; SEBBENN, A. M.; MARINO, C. L.; MORAES, M. L. T. Development of microsatellite markers for *Myracrodruon urundeuva* (F.F. & M.F. Allemão), a highly endangered species from tropical forest based on next-generation sequencing. **Molecular Biology Reports**, Dordrecht, v. 45, p. 71–75, 2018.

SOUZA, D. C. L. **Sistema de reprodução e distribuição da variabilidade genética de Myracrodruon urundeuva (F.F. & M.F. Allemão) em diferentes biomas**. 2017. 126 f. Tese (Doutorado) - Faculdade de Ciências Agrônômicas, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 2017.

SOUZA, S. M. C.; AQUINO, L. C. M.; MILACH JÚNIOR, A. C.; BANDEIRA, M. A. M.; NOBRE, M. E. P.; VIANA, G. S. B. Antiinflammatory and antiulcer properties of tannins from *Myracrodruon urundeuva* Allemão (Anacardiaceae) in rodents. **Phytotherapy Research**, Chichester, v. 21, n. 3, p. 220-225, 2007.

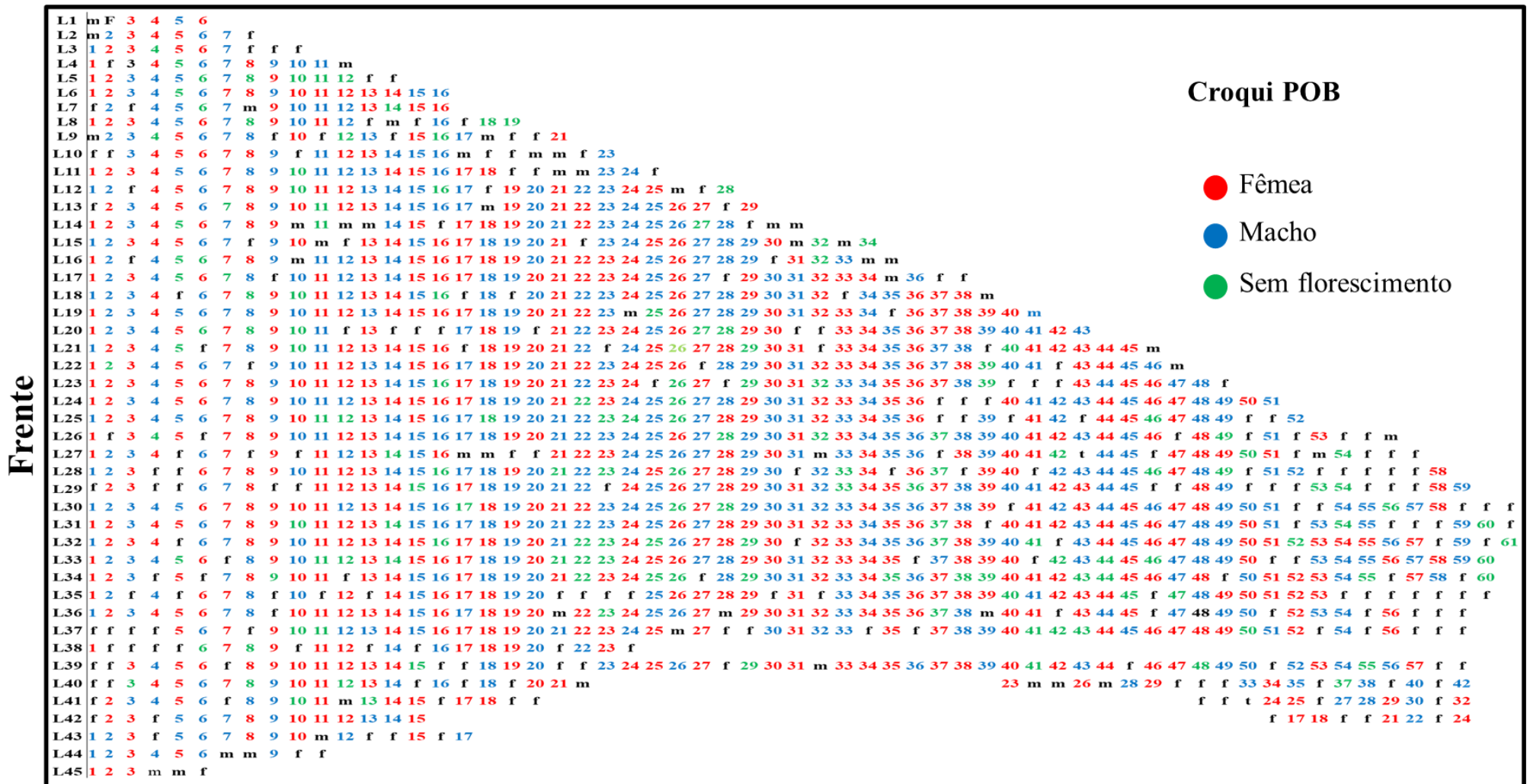
TUNG, E. S. C.; FREITAS, M. L. M.; FLORSHEIM, S. M. B.; LIMA, I. L.; LONGUI, E. L.; SANTOS, F. W.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Variação genética para caracteres silviculturais e anatômicos da madeira em progênies de *Myracrodruon urundeuva* (Engler) Fr. Allem. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 38, n.8 7, p. 499-508, 2010.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. 1992. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.

VENCOVSKY, R.; CHAVES, L. J.; CROSSA, J. Variance effective population size for dioecious species. **Crop Science**, Madison, v. 52, n. 1, p. 79-90, 2012.

ZULIAN, D. F. **Métodos de seleção para otimizar o ganho e a diversidade genética em pomares de sementes por muda de *Pinus caribaea* var. *caribaea***. 2017. 68 f. Dissertação (Mestrado em Sistema de Produção) - Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2017.

APÊNDICE A – Croqui população base de aroeira (2018).



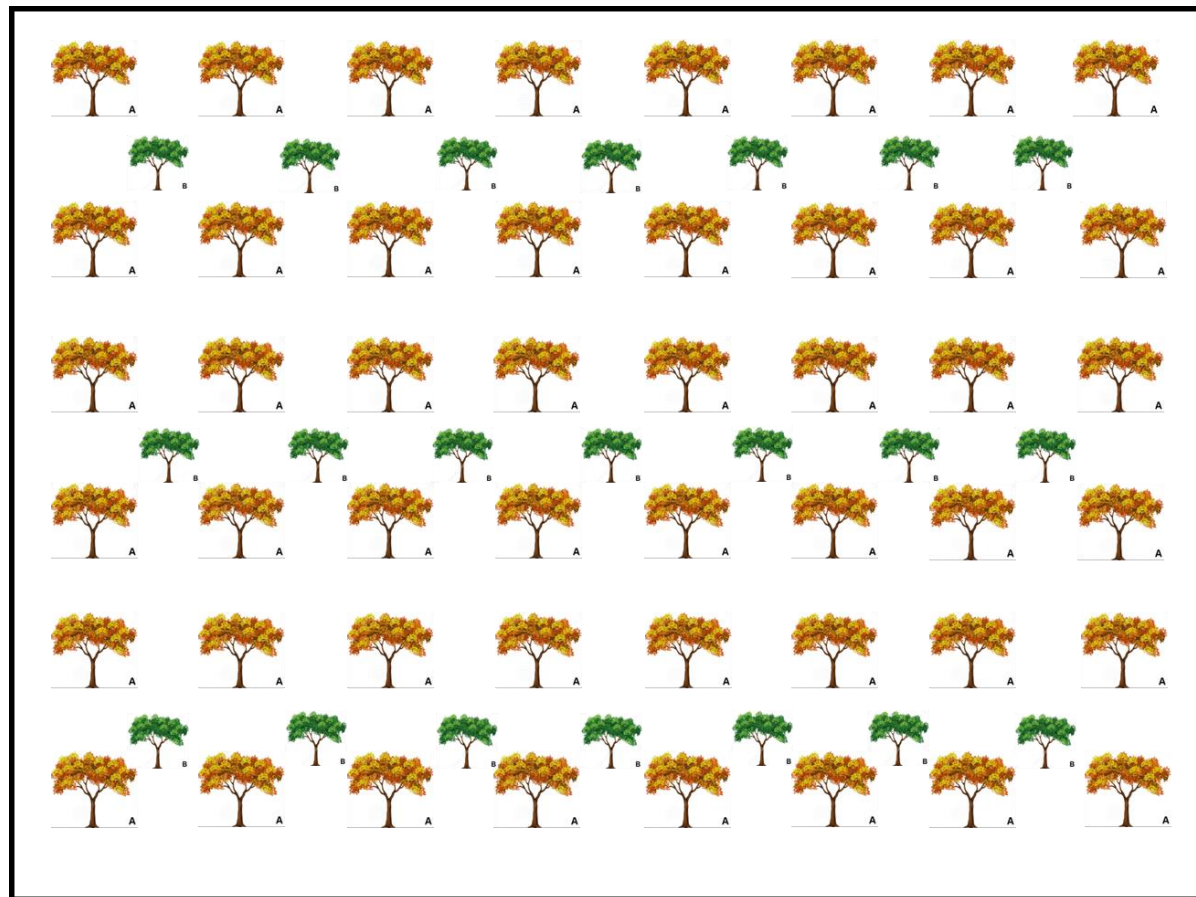
APÊNDICE B – Números de plantas por linha na população base de *Myracrodruon urundeuva*.

Linha	NPL	Linha	NPL	Linha	NPL
1	6	16	35	31	62
2	8	17	38	32	61
3	10	18	39	33	60
4	12	19	41	34	60
5	14	20	43	35	60
6	16	21	46	36	59
7	16	22	47	37	59
8	19	23	49	38	24
9	21	24	51	39	59
10	23	25	52	40	42
11	25	26	56	41	32
12	28	27	57	42	24
13	29	28	58	43	17
14	31	29	59	44	11
15	34	30	62	45	7
				Total	1662

NPL: número de plantas por linha

Fonte: Dados de Pesquisa da autora

APÊNDICE C – Esquema de plantio da APSS.




Hymenaea stigonocarpa


Myracrodruon urundeuva

Fonte: Elaboração da própria autora

APÊNDICE D – Esquema de plantio do Teste de progênie de segunda geração de *M. urundeuva*.



Schizolobium parahyba



Myracrodruon urundeuva

Fonte: Elaboração da própria autor

APÊNDICE E – Croqui de campo do Teste de progênie de segunda geração de *M. urundeuva*.

SEDE (frente)											
L 1	L 2	L 3	L 4	L 5	L 6	L 7	L 8	L 9	L 10	L 11	L 12
R 1-9	23 18	10 9	19 30	8 6	8 24	2 22	27 21	23 R 20-17	6 4	8 20	10
11 9	18 9	1 1	8 29	16 24	4 17	12 25	7 14	17 27	17 10	20 26	4
14 5	26 30	16 29	30 26	R 10-1 9	20 13	26 24	2 4	12 1	12 6	16 13	13
10 19	29 14	13 15	21 8	22 13	7 10	9 4	19 18	19 16	24 16	27 21	8
15 22	10 15	9 13	25 11	13 11	10 4	25 28	21 16	R 19-24 9	13 17	15 2	30
24 18	5 13	5 14	10 R 9-9	12 10	12 14	30 1	30 5	10 29	9 7	25 10	26
8 16	27 1	2 5	12 15	15 17	29 27	17 11	9 7	22 25	3 19	7 14	15
21 7	20 11	14 25	5 10	26 15	16 28	8 16	1 R 18-15	26 24	10 21	5 25	1
8 11	4 29	20 3	27 19	6 25	27 12	21 19	8 21	29 26	27 14	1 5	21
2 12	7 5	26 6	R 18-20 26	17 28	25 30	24 23	16 28	2 6	25 20	19 6	7
5 23	6 17	4 23	14 5	19 4	2 3	27 29	14 20	1 21	30 23	21 29	6
20 13	11 7	6 28	2 29	21 8	14 8	20 30	R 17-23 4	9 7	22 28	30 27	
13 10	2 16	28 R 7-2	5 7	10 3	13 20	13 2	26 3	4 19	11 5	9 17	
30 30	19 24	12 15	24 21	7 21	1 29	22 18	2 8	28 22	19 2	10 9	14
22 29	1 27	25 28	21 28	14 20	11 16	6 R 16-5	24 5	3 20	20 12	12 19	16
29 26	21 10	23 11	16 1	29 5	28 2	3 25	27 30	24 12	23 26	26 12	*
3 17	28 28	R 6-7 24	6 2	30 18	3 18	5 20	17 27	13 8	1 27	24 R 25-3	*
4 14	13 25	2 7	23 24	2 16	22 1	7 15	13 13	18 10	8 15	29 19	
7 6	12 4	22 18	12 22	8 12	17 9	R 15-10 18	10 14	14 4	8 1	4 20	
28 27	17 R 5-24	16 23	19 27	5 30	8 19	17 22	28 18	6 2	7 25	8 27	
25 25	8 3	8 22	27 4	9 1	30 7	9 13	9 25	5 14	6 3	R 24-3 24	
1 3	15 19	10 6	28 20	25 7	21 R 14-23	26 11	8 15	15 30	14 24	22 9	
27 20	14 7	17 14	7 23	24 23	23 4	13 24	1 29	19 5	26 30	8 23	
17 8	R 4-8 11	12 20	10 30	27 14	26 1	27 12	3 1	27 3	2 R 23-11	7 5	
26 24	20 27	20 16	22 11	16 29	9 14	7 3	30 26	23 18	5 17	11 25	*
9 21	6 15	30 3	4 6	20 27	R 13-21 10	12 26	11 6	7 23	15 14	30 2	*
16 R 13-9	21 21	19 17	25 14	11 26	25 15	15 23	15 9	17 28	28 3	15 11	*
6 30	2 22	21 4	13 25	3 2	22 19	3 17	19 7	25 15	R 22-1 11	24 28	*
12 3	3 30	4 26	18 13	28 R 12-6	11 16	21 4	12 24	8 13	29 23	23 12	*
23 22	26 17	24 29	15 12	18 24	15 28	6 28	22 10	11 11	8 2	1 22	*
R 2-28 16	22 29	18 13	9 18	4 8	23 11	20 6	6 22	21 R 21-29	9 6	28 29	*
1 25	12 8	26 9	17 3	23 5	26 29	14 10	20 16	30 21	13 28	16 17	*
4 24	19 18	27 1	3 17	R 11-19 19	5 18	5 29	23 2	16 4	22 22	4 18	*
15	23	11	1	22	6	8	29	12	18	3	*

Pinus caribaea var. *caribaea*

Obs: * = não observado

Eucalyptus urophylla (fundo)

Fonte: Elaboração da própria autora

CAPÍTULO 3: Produção de sementes melhoradas de *Eucalyptus grandis* W. Hill ex

Maiden

RESUMO

Eucalyptus grandis é muito utilizada no Brasil devido às suas características silviculturais e propriedades tecnológicas de sua madeira, que geram grande importância econômica. A seleção e geração de materiais genéticos mais produtivos, visando a melhoria do produto final, é fundamental em programas de melhoramento genético. O objetivo foi conhecer a variação genética para caracteres de crescimento e qualidade da madeira em dois testes de progênies de *Eucalyptus grandis*, estimar ganhos genéticos com a transformação dos testes de progênies em Pomares de Sementes por Mudanças e verificar a diversidade genética e o sistema de reprodução. Foram avaliados dois testes de progênies (TP-Eg-1 e TP-Eg-2) instalados na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE-BOVINO) da UNESP - Campus de Ilha Solteira, localizada em Selvíria-MS. As variáveis analisadas foram a altura total das plantas (ALT), altura comercial (HCO), diâmetro a altura do peito (DAP), densidade básica da madeira (DBM), relação cerne e alburno (RCA), volume total (VOL) e sobrevivência (SOB), mensurados aos nove e dez anos de idade na TP-Eg-1 e TP-Eg-2, respectivamente. Os indivíduos do TP-Eg-1 (1209) e TP-Eg-2 (438) foram genotipados para 16 marcadores microssatélites (SSR). As análises quantitativas foram realizadas via RELM/BLUP. Houve diferença significativa entre as progênies para todos os caracteres avaliados no TP-Eg-1 e TP-Eg-2, indicando a existência de variabilidade genética a ser explorada. As herdabilidades individuais entre os testes foram de moderadas a alta. A seleção para DAP proporcionou estimativas de ganhos de 8,90% e de 4,9% para TP-Eg-1 e TP-Eg-2, respectivamente. O nível de diversidade por loco foi elevado. O índice de fixação não foi significativo, a indicar a presença de baixa endogamia. A taxa de cruzamento indicou que a reprodução ocorreu predominantemente por cruzamentos (1,0). Os resultados obtidos fornecem informações fundamentais para dar continuidade ao Programa de Melhoramento da espécie, como também para seleção de matrizes nos pomares para coleta de sementes ou propágulos.

Palavra-chave: ganho com seleção; melhoramento genético; pomar de sementes por mudas; sistema de cruzamento; variabilidade genética;

ABSTRACT

Eucalyptus grandis is widely used in Brazil due to its silvicultural characteristics and technological properties of its wood, which generate great economic importance. The selection and generation of more productive genetic materials aiming at improving the final product is crucial in genetic improvement programs. The objective was to assess the genetic variation for growth characters and wood quality in two tests of *Eucalyptus grandis* progenies, to estimate genetic gains with the transformation of the progeny tests into Seed Orchards Seedlings and to verify the genetic diversity and the reproduction system. Two progeny tests (TP-Eg-1 and TP-Eg-2) installed at the Teaching, Research and Extension Farm (FEPE-BOVINO) of the Faculty of Engineering of Ilha Solteira, located in Selvíria-MS. The variables analyzed were total plant height (ALT), commercial height (HCO), diameter at breast height (DBH), basic wood density (DBM), heartwood to sapwood ratio (RCA), total volume (VOL) and survival (SOB), measured at nine and ten years of age in TP-Eg-1 and TP-Eg-2, respectively. Individuals from TP-Eg-1 (1209) and TP-Eg-2 (438) were genotyped with 16 microsatellite markers (SSR). Quantitative analyzes were performed via RELM/BLUP. There was a significant difference between the progenies for all characters evaluated in TP-Eg-1 and TP-Eg-2, indicating the existence of genetic variability to be explored. Individual heritability between tests ranged from moderate to high. Selection for DAP provided estimates of gains of 8.90% and 4.9% for TP-Eg-1 and TP-Eg-2, respectively. The level of diversity per locus was high. The fixation index was not significant, indicating the presence of low inbreeding. The crossing rate indicated that the reproduction occurred predominantly by crossings (1.0). The results obtained provide fundamental information to continue the Breeding Program for the species, as well as for the selection of matrices in orchards to collect seeds or propagules.

Keywords: selection gain; improvement genetic; seed orchard seedlings; crossing system; genetic variability;

7 INTRODUÇÃO

O *Eucalyptus grandis* é uma das espécies mais cultivadas no mundo e, no Brasil, é a de maior produtividade volumétrica, (SILVA *et al.*, 2013), sendo muito utilizada na obtenção de híbridos e na clonagem de árvores selecionadas (MORA; GARCIA, 2000), devido às suas características silviculturais, propriedades tecnológicas da madeira, importância econômica e a aplicabilidade da madeira para diversos fins, aliada à grande variabilidade genética (KAGEYAMA, 1980; MORAES, 1987).

Contudo, é suscetível a diversos estresses abióticos, como seca e geada, e bióticos, a exemplo de doenças causadas por *Cryphonectria cubensis*, *Cylindrocladium*, *Austropuccinia psidii* (ALVARES *et al.*, 2016). Em regiões com ocorrência de estresses, a espécie é muito utilizada em combinações híbridas. *E. grandis* e seus híbridos interespecíficos, principalmente com a espécie *E. urophylla*, continuam sendo as mais importantes, em face de seu uso intensivo e crescente nos segmentos industriais (PINTO JÚNIOR; GARLIPP, 2008).

As empresas e instituições de pesquisa vêm trabalhando intensamente com seleção e geração de genótipos mais produtivos, visando a melhoria da qualidade da madeira em razão do seu uso final, uma vez que grandes avanços são possíveis com o melhoramento genético (ROSADO *et al.*, 2013).

A seleção recorrente é uma forma de melhorar gradativamente as variáveis silviculturais relacionadas à adaptação, crescimento e qualidade da madeira. Para isso é fundamental estimativas precisas de parâmetros genéticos ao longo do tempo (REZENDE *et al.*, 2014), permitindo comparar ganhos genéticos por meio de diferentes estratégias de seleção, combinando essas variáveis em uma ou mais zonas de melhoramento.

Outra maneira de contribuir com a seleção de indivíduos superiores é o uso de ferramentas moleculares, como os marcadores microssatélites (*Simple Sequence Repeat* - SSR), que tem sido importante e frequente em estudos com eucaliptos, por serem marcadores codominantes, altamente polimórficos e informativos (KALIA *et al.*, 2011; SUMATHI; YASODHA, 2014). Os SSR permitem monitorar os níveis de diversidade genética, aferir como a espécie recombina seus genes para formar a população descendente, quais as relações de parentesco entre indivíduos dentro de progênies, o número de árvores polinizadoras e fluxo gênico. Portanto, essa ferramenta molecular pode colaborar com a genética quantitativa clássica, de modo a viabilizar a seleção de genitores e genótipos adaptados à região leste do Mato Grosso do Sul (PUPIN, 2018).

Os testes de progênies, instalados a partir de sementes de polinização livre e/ou cruzamentos controlados, representam uma das ferramentas mais úteis para o melhorista florestal. A sua utilização tem sido importante para a determinação do valor genético dos indivíduos, para a estimativa de parâmetros genéticos e para a seleção, visando a transformação de testes de progênies em Pomares de Sementes por Mudas (MORAES, 1987; FOWLER, 2021).

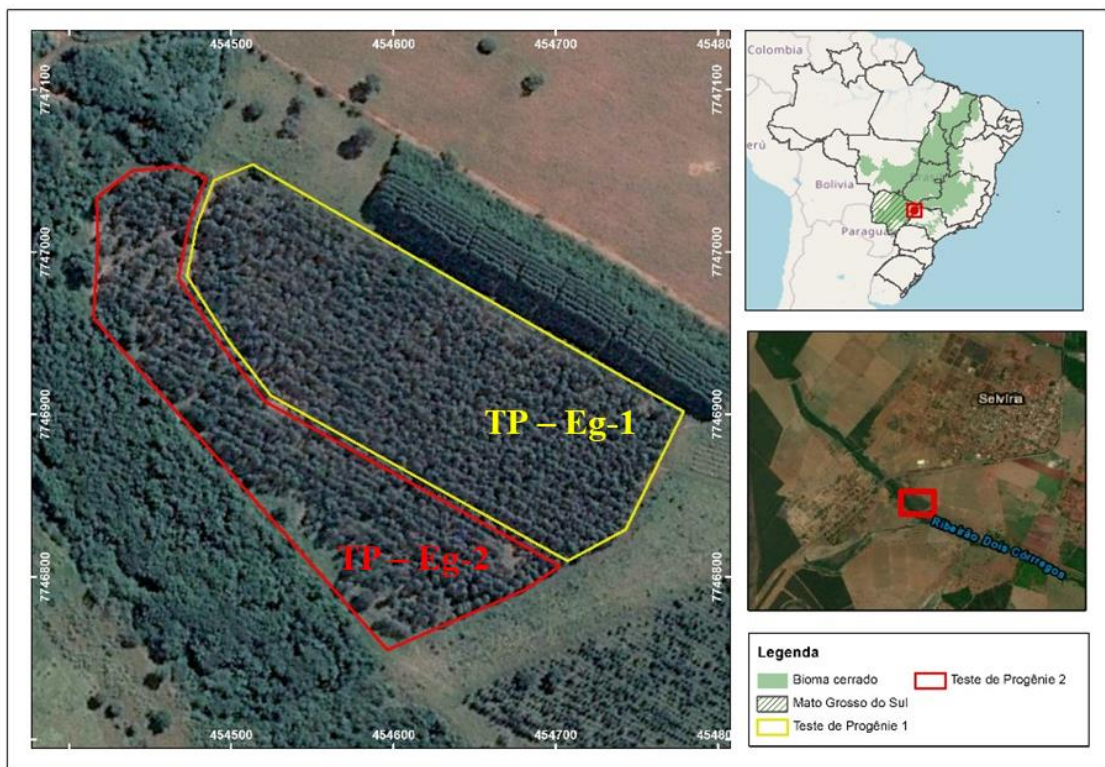
Assim, este estudo teve como objetivos: a) conhecer a variação genética para caracteres de crescimento e qualidade da madeira em dois testes de progênies de *Eucalyptus grandis*; b) verificar as correlações genéticas entre os caracteres; c) estimar ganhos genéticos com a transformação dos testes de progênies em Pomares de Sementes por Mudas; e d) verificar a diversidade genética e o sistema de reprodução dos Pomares.

8 METODOLOGIA

8.1 TESTES DE PROGÊNIES (TP-Eg-1 e TP-Eg-2)

Os testes de progênies foram instalados na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE-BOVINO) da UNESP - Campus de Ilha Solteira (Figura 12), localizada em Selvíria-MS (20°20'S, 51°23'W e altitude de 335 m).

Figura 12 - Localização geográfica dos testes de progênies de *Eucalyptus grandis* na FEPE/FEIS/UNESP, no município de Selvíria-MS.



Fonte: Elaboração do próprio autor.

O solo do local foi classificado como Latossolo Vermelho Distrófico típico argiloso (SANTOS *et al.*, 2018), de textura franco argilo arenosa na camada de 0-0,40 m, apresentando conteúdos de 582 e 326 g kg⁻¹, de areia e argila, respectivamente (BERNARDI, 2018). O clima da região, segundo Köppen é do tipo Aw, subtropical úmido, com duas estações bem definidas, inverno seco e ameno, e verão quente e chuvoso (ROLIM *et al.*, 2007; SANTOS; HERNADEZ, 2012; UNESP, 2021).

As progênies de *E. grandis* são provenientes de diferentes instituições, que compõem o Programa Cooperativo de Populações Núcleo (PCPN-Lote I e II), coordenado pelo Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais (IPEF).

O primeiro teste de progênies (TP-Eg-1) foi instalado em 10 de fevereiro de 2010, no delineamento em blocos ao acaso, contendo 147 tratamentos (progênies) e 3 testemunhas comerciais (C041H, P4295H e H15), com 26 repetições, uma planta por parcela, no espaçamento 2,0 m x 2,5 m + 4,0 m (Sistema Silvipastoril). O segundo teste de progênies (TP-Eg-2) foi instalado em 15 de fevereiro de 2012, no delineamento em blocos ao acaso, composto por 68 progênies e 2 testemunhas comerciais (I144 e Lote-an180), com 29 repetições, uma planta por parcela, no espaçamento 3,0 m x 2,0 m + 4,0 m (Sistema Silvipastoril).

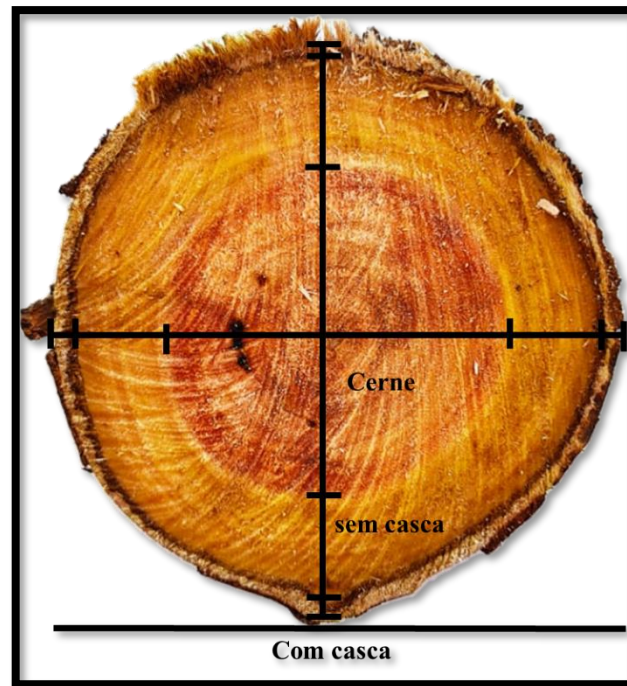
8.2 CARACTERES SILVICULTURAIS AVALIADOS NOS TESTES DE PROGÊNIES

Em 2019, em ambos os testes de progênies foram avaliadas a altura total das plantas (ALT), diâmetro a altura do peito (DAP) e sobrevivência. A partir do caráter DAP foram preditos os valores genéticos aditivos (“a”- BLUPs) e realizou-se o desbaste por linha, de 50% (em relação às plantas vivas) dos indivíduos geneticamente inferiores em cada teste.

Em cada uma das árvores abatidas, foi medido a altura comercial (HC) e retirados três discos de 5,0 cm de espessura na altura do DAP, na metade da altura comercial e na altura comercial, para determinar a relação cerne/alburno (RCA) e a densidade básica da madeira (DBM, g cm⁻³).

Para a determinação da relação RCA foram utilizados discos do DAP, de acordo com a metodologia descrita por Evangelista (2007) e Pereira *et al.* (2013). As medidas de diâmetro com casca e diâmetro do cerne foram obtidas com uma régua, em duas posições (Figura 13).

Figura 13 - Representação gráfica das medidas do disco para determinação da relação RCA



Fonte: Elaboração da própria autora.

Com as médias dos diâmetros, a relação RCA (1) foi calculada pela seguinte equação:

$$RCA = \frac{d_c^2}{d^2 - d_c^2} \quad (1)$$

em que: d_c é o diâmetro do cerne (cm) e d é o diâmetro do disco sem casca (cm).

A determinação da DBM foi realizada pelo método da medição indireta do volume (balança hidrostática) descrito pela NBR 11941 (ABNT, 2003). Para isso os discos de madeira foram imersos em água, onde permaneceram por um período aproximado de três meses, até atingirem a saturação. De cada disco foram obtidos os pesos úmidos (P_u) e imersos (P_i) com auxílio de uma balança digital. Em seguida os mesmos foram secos em estufa a $103 \pm 2^\circ\text{C}$, para a determinação do peso seco (P_s). A DBM (2) foi obtida pela equação a seguir:

$$DBM = \frac{P_s}{V} \quad (2)$$

onde: V = volume do disco, que equivale ao volume da água deslocada que, por sua vez, é igual à diferença de massa ($P_u - P_i$), considerando a densidade da água como um grama por centímetro cúbico.

As variáveis obtidas das árvores desbastadas (HC, DBM e RCA) foram estimadas para os indivíduos remanescentes a partir de análises de regressão múltipla. O volume (VOL) foi estimado para todos indivíduos (remanescente + desbastados) a partir de uma cubagem rigorosa

e regressão múltipla. As análises de regressão foram realizadas no software R e MATLAB. Todas as equações utilizadas estão descritas no apêndice A e anexo A.

8.3 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

8.3.1 Análise individual

As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pela metodologia do modelo linear misto - REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada), empregando-se o programa genético-estatístico Selegen (RESENDE, 2016).

Para as análises individuais de ambos os testes, foi utilizado o modelo 95 do Selegen, considerado para avaliação de progênies de polinização aberta (meias-irmãs), um local, uma única população no delineamento de blocos casualizados, uma planta por parcela, conforme o modelo matemático proposto por Resende (2016) (3):

$$y = Xr + Za + e \quad (3)$$

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

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

12. Variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$)
13. Variância residual ($\hat{\sigma}_e^2$)
14. Variância fenotípica individual ($\hat{\sigma}_f^2$)
15. Herdabilidade individual no sentido restrito ($\hat{h}_a^2$)
16. Herdabilidade em nível de medias de progênies ($\hat{h}_m^2$)
17. Herdabilidade aditiva dentro de parcela ($\hat{h}_{ad}^2$)
18. Coeficiente de variação genética aditiva individual (CV_{gi})
19. Coeficiente de variação genotípica entre progênies (CV_{gp})
20. Coeficiente de variação experimental (CV_e)
21. Coeficiente de variação relativa (CV_r)

22. Acurácia entre progênes (r_{aa})

8.3.2 Correlações Genéticas e Análise Multivariada

Após as análises, procedeu-se a utilização do “modelo 102”, do SELEGEN para obtenção das correlações genéticas ($r_{x,y}$) entre os caracteres, as quais tiveram sua significância avaliada pelo teste t de Student, de acordo com Ferreira (2009), com base na equação (4):

$$\hat{r}_{x,y} = \frac{COV_{a(x,y)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{a(x)} \cdot \hat{\sigma}_{a(y)}}} \quad (4)$$

As distâncias generalizadas de Mahalanobis foram obtidas usando o “modelo 104” do selegen, com base na equação (5):

$$D_{ii'}^2 = \delta' \Psi^{-1} \delta \quad (5)$$

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

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

8.3.3 Estimativa de ganho e tamanho efetivo

A estimativa de ganhos na seleção foi realizada com base no DAP, utilizando a equação (6):

$$Gs(\%) = (\mu\hat{a} \cdot 100) / \hat{m} \quad (6)$$

em que: Gs é o ganho de seleção; $\mu\hat{a}$ é a média genotípica dos indivíduos selecionados; e $\hat{m}$ é a média fenotípica geral do caráter.

O tamanho efetivo populacional (N_e) foi obtido com base em Resende (2002), dado pela equação (7):

$$N_e = (4N_f \bar{k}_f) / [\bar{k}_f + 3 + (\sigma_{kf}^2 / \bar{k}_f)] \quad (7)$$

em que: N_e é o tamanho efetivo populacional; N_f o número de famílias selecionadas; k_f o número de indivíduos selecionados por família; $\bar{k}_f$ é o número médio de indivíduos selecionados por família; e σ_{kf}^2 é a variância do número de indivíduos selecionados por família.

A diversidade genética (D), após a seleção, foi quantificada conforme Wei e Lindgren (1996), citados por Resende (2002) (8 e 9):

$$N_{ef} = \left(\sum k_F \right)^2 / \sum k_F^2 \quad (8)$$

$$D = N_{ef} / N_{fo} \quad (9)$$

em que: $0 < D \leq 1$, sendo N_{ef} o número efetivo de progênes selecionadas; N_{fo} o número original de famílias e k_F corresponde ao número de plantas por progênes.

8.3.4 Análise conjunta

As variáveis analisadas foram padronizadas por experimento, visando torná-las diretamente comparáveis. Assim, a variável Z_{ij} (RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2005) foi obtida do estimador (10):

$$Z_{ij} = (x_{ij} - \bar{x}_{.j}) / \sigma_{.j} \quad (10)$$

em que: Z_{ij} é o valor da variável padronizada, correspondente ao indivíduo i na repetição j ; x_{ij} é o valor observado da característica considerada do indivíduo i , na repetição j ; $\bar{x}_{.j}$ é a média de todos os indivíduos na repetição j ; e $\sigma_{.j}$ é o desvio-padrão fenotípico na repetição j . Como a variável Z pode assumir, tanto valores negativos como positivos foi adicionado o valor três, de modo a tornar os valores positivos. Nesse caso, a média populacional, em vez de zero, assumiu o valor três. Após a padronização das variáveis, foi obtido o somatório $Z_{ij} (\sum_{k=1}^3 Z_{ij})$ por parcela, que correspondeu ao somatório das seis variáveis padronizadas. Como o índice Z foi obtido por parcela, foi possível fazer a análise conjunta.

Para as análises conjunta de ambos os testes, foi utilizado o modelo 5 do Selegen, considerado para avaliação de progênes de polinização aberta (meias-irmãs), um local, várias populações no delineamento de blocos casualizados, conforme o modelo matemático proposto por Resende (2016) (11):

$$y = Xr + Za + Wp + Ts + e \quad (11)$$

em que: y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), s é vetor dos

efeitos de população ou procedência (aleatórios), *e* é o vetor de erros (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

8.4 EXTRAÇÃO DO DNA E ANÁLISES MOLECULARES POR SSR

O desbaste foi realizado aos nove (TP-EG-1) e sete anos (TP-EG-2) de idade e, após isso, os experimentos passaram (??) a ser Pomares de Sementes por mudas (PSM), constituídos por: i) 1209 indivíduos adultos de 147 progênies no primeiro experimento (PSM-147); ii): 485 indivíduos adultos de 68 progênies no segundo experimento (PSM-68). A caracterização genética foi realizada, a partir de marcadores SSR, em todos os indivíduos dos dois Pomares de Sementes por Mudas a totalizar 1706 indivíduos.

Para extração do DNA genômico total foram utilizados tecido foliar das árvores dos dois PSM, procedendo-se a coleta de quatro a seis folhas novas e saudáveis, que foram armazenadas em saco de papel kraft.

Para a extração do DNA foi utilizado o método CTAB (DOYLE; DOYLE, 1991), a amplificação foi realizada via PCR (*Polymerase Chain Reaction*), com algumas modificações no protocolo, conforme descrito em Faria *et al.* (2010) e Faria *et al.* (2011). A genotipagem dos microssatélites foi realizada em sistemas multiplex, com a identificação de multi-fluorescência, em sequenciador automático capilar ABI 3100XL (Applied Biosystems). Os resultados genotípicos brutos (eletroferogramas) foram exportados do sequenciador pelo programa Genotyper (Applied Biosystems) e ajustados para unidade utilizando o TANDEM (MATSCHINER; SALZBURGER, 2009).

O sistema multiplex é baseado na amplificação de um ou mais locos microssatélites, utilizando *primers* específicos marcados com corantes fluorescentes flanqueando o DNA; a separação e visualização dos fragmentos são realizadas em máquina que permite a detecção da fluorescência. Sansaloni (2008) relata que as vantagens desse sistema são a rapidez e acurácia na geração de dados; avaliação de vários locos microssatélites em uma única pista de gel de eletroforese de alta resolução; geração e armazenamento de dados computadorizados, diminuindo a manipulação manual (SANSALONI, 2008).

A genotipagem de todos os indivíduos foi realizada no Laboratório Heréditas/Genomax, localizado em Brasília-DF. Foram empregados 16 marcadores genéticos microssatélites EMBRA - *Eucalyptus* Microssatélites Brasil (Tabela 7) (BRONDANI *et al.*, 1998; BRONDANI *et al.*, 2002; BRONDANI *et al.*, 2006).

Tabela 7 - Características de 16 locos microssatélites para *Eucalyptus grandis* utilizados para caracterização genética dos indivíduos.

Locos SSR	Sequências do <i>primer</i>	Motivo	T _m	Pb
EMBRA2	5'-CGTGACACCAGGACATTAC-3' 5'-ACAAATGCAAATTCAAATGA-3'	(AG) ₁₅	56	121
EMBRA3	5'-AATTCAATTCATCCAAAGC-3' 5'-GATCGGATTGGAGGAGAC-3'	(AG) ₁₉	56	123
EMBRA10	5'-AGACAGTACGTTCTCTAGCTC-3' 5'-GTAAAGACATAGTGAAGACATTCC-3'	(CCT) ₃ (AG) ₁₄	56	95
EMBRA11	5'-GCTTAGAATTTGCCTAAACC-3' 5'-GTAAAATCCATGGGCAAG-3'	(AG) ⁴ GG(AG) ₁₃	56	97
EMBRA12	5'-AGGATTTGTGGGGCAAGT-3' 5'-GTTCCCCATTTTCATGTCC-3'	(AG) ₂₂	56	98
EMBRA28	5'-CAAGACATGCATTTTCGTAGT-3' 5'-ACTCTTGATGTGACGAGACA-3'	(AG) ₂₅	56	178
EMBRA32	5'-ATCAGCCTCCACGTTCTA-3' 5'-GGAGAAGGAAGGTGTATCAA-3'	(AG) ₂₂	56	65
EMBRA63	5'-CATCTGGAGATCGAGGAA-3' 5'-GAGAGAAGGATCATGCCA-3'	(AG) ₂₁	58	201
EMBRA175	5'-CAACAACCTGGATGAATGG-3' 5'-ACGTTAATGGCAGACACC-3'	(CT) ₁₆	54	81
EMBRA204	5'-CTCGTGTGGTTATGTGAACT-3' 5'-GCTTGTCTACTATGCACATGA-3'	(TC) ₂₅	56	147
EMBRA219	5'-GATTCCACTGCGGCCAGACA-3' 5'-CGAACGTAAGACTAGGTCCGAAGA-3'	(GA) ₁₇	57	268
EMBRA333	5'-CTATTAGCCTGCAGTTGACC-3' 5'-GGATGTTTCATGTGACCTCCA-3'	(TC) ₇ AG(TC) ₅	56	218
EMBRA350	5'-CAGATATGCTCTCAAATGGG-3' 5'-CGATCAGAGAAGATAGGCCGA-3'	(TC) ₂₀	56	218
EMBRA979	5'-GGCATTAAGAAGCCCATTGA-3' 5'-TGGGCTTCATCTTCATCACA-3'	(CT) ₃₄	56	267
EMBRA1071	5'-CAACTGTTATTGAGAATGTATCGAA-3' AACCTTACCTGCACCCTCCT-3'	-	56	276
EMBRA1924	5'-TCATAAAATAAAGAAAAATATGAACCG-3' 5'-GAGGGGGTTGGGAATTGTAT-3'	(TC) ₁₉	56	335

Fonte: GenBank (NCBI) 05/12/2020. Pb: pares de base; Tm: temperatura de anelamento (°C).

8.4.1 Diversidade genética

A partir da genotipagem das progênes foi possível encontrar os possíveis genótipos das mães que deram origem aos testes de progênes de *E. grandis*. A diversidade genética intrapopulacional foi avaliada a partir dos índices: número de alelos por loco (k), riqueza alélica ($\hat{R}$), heterozigosidade observada ($\hat{H}_O$), heterozigosidade esperada ($\hat{H}_e$) nas proporções do equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW) e índice de fixação ($\hat{F}$). A significância de $\hat{F}$ foi calculada por permutação de alelos entre indivíduos. A partir das frequências alélicas (f) foram determinados por contagem os números de alelos de muito baixa frequência ($f \leq 0,01$), baixa frequência ($f > 0,01 \leq 0,05$) e comuns ($f > 0,05$). Os parâmetros estimados foram obtidos usando o programa FSTAT 2.9.3.2 (GOUDET, 1995).

8.4.2 Sistema de reprodução

O sistema de reprodução foi caracterizado em nível populacional, empregando os modelos do sistema misto de reprodução (RITLAND; JAIN, 1981). As estimativas foram obtidas utilizando o programa MLTR 3.4 (RITLAND, 2002) e baseadas no método numérico “*Expectation Maximization*” (EM). O intervalo de confiança foi estimado a 95%, por meio de 1000 reamostragens *bootstrap*. As unidades de reamostragens foram as progênes e as frequências do pólen e o índice de fixação da população parental foram obtidas na análise em nível populacional. Os seguintes índices genéticos e demográficos foram obtidos pelo programa ou estimados de acordo com as expressões:

i) Taxa de cruzamento multiloco ($\hat{t}_m$);

ii) Taxa de cruzamento uniloco ($\hat{t}_s$);

iii) Taxa de cruzamento entre parentes ($\hat{t}_m - \hat{t}_s$);

iv) Correlação de autofecundação ($\hat{r}_s$);

v) Correlação multiloco de paternidade ($\hat{r}_{p(m)}$);

vi) Número médio de árvores polinizadoras (RITLAND, 1989) $\hat{N}_{ep}$ (12):

$$\hat{N}_{ep} = 1 / \hat{r}p_{(m)} \quad (12)$$

vii) Coancestria média dentro de progênes em nível populacional (SEBBENN, 2006) Θ (13):

$$\Theta = 0,125(1 + \hat{F}_p) \left[4\hat{s} + (\hat{t}_m + \hat{s}\hat{r}_s\hat{t}_m)(1 + \hat{r}_p) \right] \quad (13)$$

em que: $\hat{s}$ é a taxa de autofecundação $\hat{s} = (1 - \hat{t}_m)$ e $\hat{F}_p$ é o índice de fixação da população parental.

viii) Tamanho efetivo de variância $\hat{N}_{e(v)}$, calculado com base em Cockerham (1969) e Sebbenn (2006) (14):

$$\hat{N}_{e(v)} = \frac{0,5}{\Theta \left(\frac{n-1}{n} \right) + \left(\frac{1 - \hat{F}_0}{2n} \right)} \quad (14)$$

em que: n é o tamanho amostral dentro das progênes; $\hat{F}_0$ é o índice de fixação de progênes, obtido com base na frequência de pólen para calcular a heterozigosidade esperada $\left(\hat{H}_e = 1 - \sum p_i^2 \right)$, a fim de evitar erros devido à superestimativas das frequências alélica para os alelos maternos. A heterozigosidade observada foi calculada por meio do índice de fixação, obtido no FSTAT, para então, recalculer $\hat{F}_0 \left(1 - (\hat{H}_0 / \hat{H}_e) \right)$. A expressão de coancestria (Θ) utilizada está descrita no item (vii).

ix) Número de árvores matrizes para coleta de sementes (SEBBENN, 2002) ($\hat{m}$) (15):

$$\hat{m} = \frac{\hat{N}_{e(referência)}}{\hat{N}_{e(v)}} \quad (15)$$

assumindo reter na amostra total o tamanho efetivo de referência $\left(\hat{N}_{e(referência)} \right)$ de 150;

x) Proporção de progênes de irmãs de autofecundação $\left(\hat{P}_{IA} \right)$ (SEBBENN, 2006) (16):

$$\hat{P}_{IA} = \hat{s}^2 \quad (16)$$

xi) Proporção de progênes de irmãs de autofecundação e cruzamento $\left(\hat{P}_{AC} \right)$ (SEBBENN, 2006) (17):

$$\hat{P}_{AC} = 2\hat{s}\hat{t}_m \quad (17)$$

xii) Proporção de progênes de meias-irmãs ($\hat{P}_{MI}$) (SEBBENN, 2006) (18)

$$\hat{P}_{MI} = \hat{t}_m^2 (1 - \hat{r}_p) \quad (18)$$

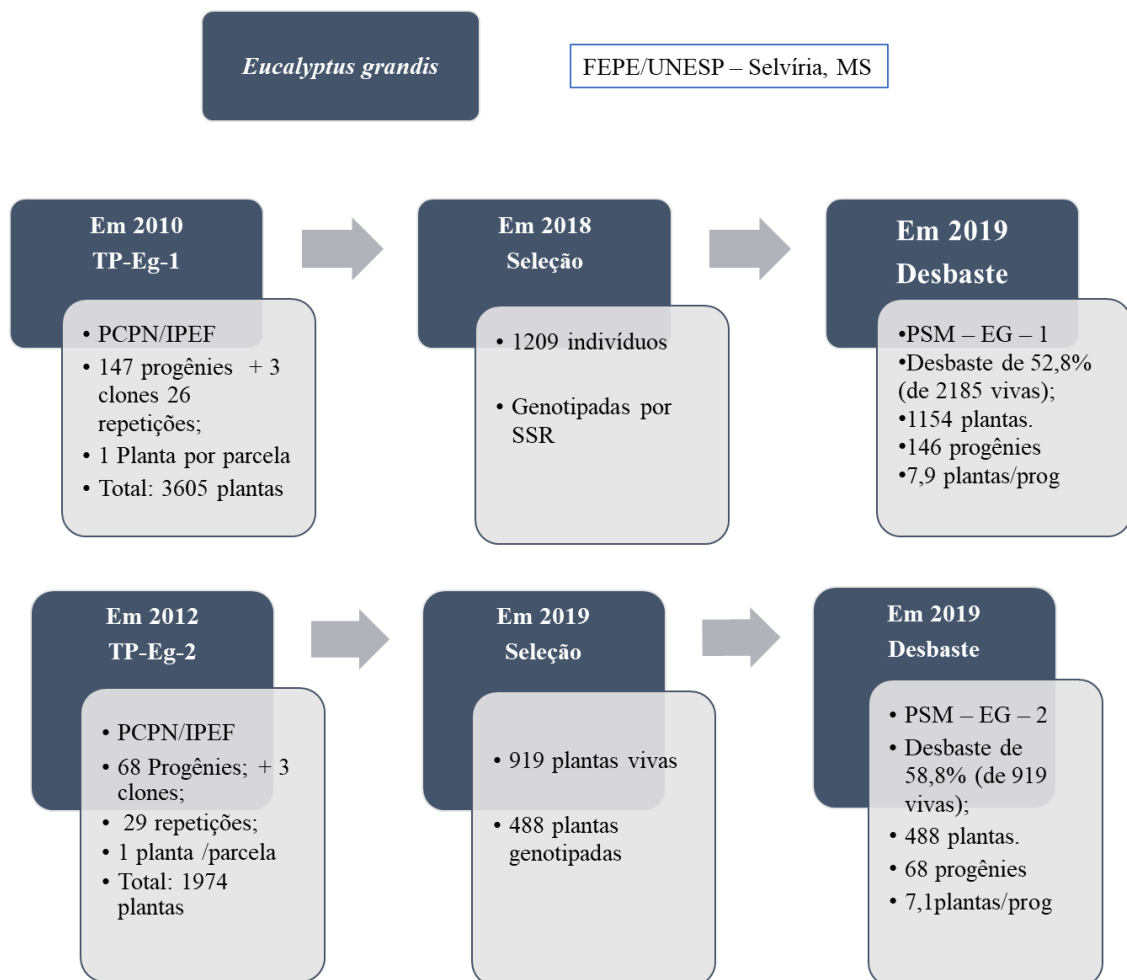
xii) Proporção de progênes de irmãs completas ($\hat{P}_{IC}$) (SEBBENN, 2006) (19):

$$\hat{P}_{IC} = \hat{t}_m^2 \hat{r}_p \quad (19)$$

8.5 ORGANOGRAMA DO PROGRAMA DE MELHORAMENTO DE *Eucalyptus grandis* na UNESP

Um organograma, envolvendo os estudos quantitativos e moleculares fornece uma ideia geral das atividades desenvolvidas na FEPE/UNESP para o melhoramento de *Eucalyptus grandis* na região leste do Mato Grosso do Sul (Figura 14)

Figura 14: Organograma do programa de melhoramento de *Eucalyptus grandis* na UNESP



Fonte: Elaboração da própria autora.

9 RESULTADOS E DISCUSSÃO

9.1 CARACTERES QUANTITATIVOS

A análise dos caracteres quantitativos nos TP-Eg-1 e TP-Eg-2 teve por base as análises univariadas e as estimativas dos parâmetros genéticos, o que permitiu estimar os ganhos na seleção e conhecer a base genética dos Pomares de Sementes. Enquanto a análise multivariada, a partir destes testes de progênies, possibilitou a caracterização da divergência genética entre progênies dentro dos testes de progênies.

9.1.1 Desempenho e parâmetros genéticos nas análises univariadas

A sobrevivência do TP-EG-1, aos nove anos, foi de 60,6% e, no TP-EG-2 aos 7 anos, foi de 46,5%. Essas taxas de moderada a baixa estão relacionadas a fatores bióticos e abióticos. Contudo, os indivíduos que sobreviveram estão adaptados às condições edafoclimáticas da região. Em relação ao desempenho silvicultural, o crescimento médio em ALT, HCO, DAP e VOL para o TP-EG-1, foram de 19,09 m, 13,94 m, 15,42 cm e $0,24 \text{ m}^3 \cdot \text{arv}^{-1}$, respectivamente. Para o TP-EG-2, o valor médio de crescimento foi de 17,75 m para ALT, 11,5 m para HCO, 16,67 cm para DAP e $0,23 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1}$ de VOL. Para as variáveis da qualidade da madeira, a DBM teve valores próximos ($0,48$ e $0,45 \text{ g/cm}^3$) e uma RCA de 1,04 e 0,99, para TP-Eg-1 e TP-Eg-2, respectivamente (Tabelas 8 e 9). Miranda (2016), estudando as mesmas progênies do EXP 1, em Anhembi, SP, aos cinco anos de idade, relatou a sobrevivência foi de 83% e médias de altura de 25,36 m, DAP de 13,39 cm e volume individual das árvores de $0,25 \text{ m}^3$. Berg *et al.* (2017), avaliando progênies de segunda geração de *E. grandis* aos 7 anos de idade, na região de KwaZulu-Natal e Zululand, na África do Sul, encontrou valores médios de crescimento de 17,73 cm de DAP, 23,64 m de altura e $0,25 \text{ m}^3$ de volume individual. No Sri Lanka, progênies de *E. grandis* aos 7 anos, tiveram médias de DAP de 13,7 cm, e ALT de 14,1 m (BANDARA; ARNOLD, 2017). Em progênies de *E. grandis*, no município de Lençóis Paulista – SP, aos cinco anos de idade as médias de crescimento foi de 21,2 m em ALT, 13,6 cm de DAP e $0,20 \text{ m}^3$. No mesmo material instalado em Angatuba, aos seis anos de idade, as médias de crescimento foram, 24,2 m de ALT, 14,5 cm de DAP e $0,23 \text{ m}^3$ de VOL (MORAES *et al.*, 2014).

Tabela 8- Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres altura total (ALT, m), altura comercial (HCO, m), diâmetro à altura do peito (DAP, cm), densidade básica da madeira (DBM, g cm⁻³), relação cerne/alburno (RCA) e volume (VOL, m³ arv⁻¹) no teste de progênies de *Eucalyptus grandis* (TP-EG-1), aos 9 anos de idade no município de Selvíria/MS.

Parâmetros	ALT	HCO	DAP	DBM	RCA	VOL
$\hat{h}_a^2$	0,33±0,07	0,48±0,08	0,37±0,07	0,70±0,10	0,63±0,09	0,46±0,08
$\hat{h}_m^2$	0,70	0,78	0,73	0,84	0,83	0,77
r_{aa}	0,84	0,88	0,85	0,92	0,91	0,87
$\hat{h}_{ad}^2$	0,27	0,41	0,30	0,63	0,56	0,39
CV_{gi} (%)	11,08	22,74	20,78	12,09	43,95	68,48
CV_{gp} (%)	5,54	11,37	10,38	6,04	21,97	34,24
CV_e (%)	18,38	30,53	32,38	13,13	50,77	94,95
CV_r	0,30	0,37	0,30	0,46	0,43	0,36
$\hat{m}$	19,09	13,94	15,42	0,48	1,04	0,24
LRT (χ^2) prog	59,39**	117,98**	76,87**	226,68**	179,09**	106,34**

**significativo a 1% com 1 grau de liberdade; $\hat{h}_a^2$: herdabilidade individual no sentido restrito; $\hat{h}_m^2$: herdabilidade da média de progênies; r_{aa} : acurácia seletiva; CV_{gi} : coeficiente de variação genética aditiva individual; CV_{gp} : coeficiente de variação genotípica entre progênies; CV_e : coeficiente de variação experimental; CV_r coeficiente de variação relativa; $\hat{m}$ - média geral; LRT - Teste da Razão de Verossimilhança;

Fonte: Dados da Pesquisa da Autora

A diferença entre a RCA entre os dois experimentos (Tabelas 8 e 9) pode estar está relacionada com a idade. Quanto menor a idade da árvore, maior será a quantidade de alburno e menor a relação cerne/alburno na madeira, quando comparada às árvores mais velhas (EVANGELISTA, 2007). De acordo com Silva (2002), a quantificação da relação cerne/alburno é mais importante do que somente a espessura do alburno. Avaliando um híbrido de *E. grandis* aos 7,5 anos, a DBM foi de 0,57 g/cm³ e a RCA de 1,29 na altura de 25% do tronco (PEREIRA *et al.*, 2013). Em clones de *E. urophylla* x *E. grandis* aos 5,2 anos, a RCA média foi de 0,32 e a DBM de 0,55 g/cm³ (BARROS, 2019). Boa parte das espécies de eucalipto possui densidade básica variando entre 0,50 e 0,80 g.cm⁻³ (SEVERO, 2000). Cherelli (2015), avaliando o efeito da espécie na relação cerne e alburno, obteve valores de 1,6 para *Corymbia citriodora*, 3,2 para *Eucalyptus tereticornis*, 2,1 para *Eucalyptus saligna* e 2,1 para *Eucalyptus grandis*, ambas as espécies com mais de 18 anos de idade, o que explica essa maior proporção de cerne em relação aos resultados obtidos neste estudo. Costa *et al.* (2017), avaliando dois clones de *E. camaldulensis*, aos 7,5 anos, verificaram que a quantidade de cerne diminuiu no sentido longitudinal da árvore, e conseqüentemente, houve um aumento na quantidade de

alburno. Os autores afirmam que isso é devido a participação das camadas recém formadas de madeira, que vão aumentando gradativamente da base para o topo do fuste. Assim, existe mais madeira jovem nas posições mais altas e, como o desenvolvimento do cerne acompanha o avanço da idade do lenho, sua proporção é maior onde o lenho é mais velho, ou seja, na base da árvore.

A DBM e a RCA são qualidades importantes da madeira. Ambas podem ser priorizadas em programas de melhoramento e devem ser analisadas de acordo com o produto final e a idade para corte.

Houve diferença significativa entre as progênies para todos os caracteres avaliados, a um grau de liberdade ($p < 0,01$) pelo teste LRT, no TP-Eg-1 e TP-Eg-2, indicando a existência de variabilidade genética a ser explorada com seleção (Tabela 8 e 9). Diferenças significativas detectadas indicam variação genética entre progênies e potencial de aplicação no melhoramento genético por meio da seleção das árvores das progênies com melhor desempenho para os parâmetros analisados (HENRIQUES *et al.*, 2017).

As herdabilidades individuais variaram de 0,33 a 0,7 no TP-Eg-1 e de 0,22 a 0,77 no TP-Eg-2 (Tabela 8 e 9), consideradas de moderadas a alta, conforme classificação proposta por Resende (2015). Ambas foram significativas pelo intervalo de confiança. Os caracteres que com maior valor para este parâmetro foram DBM, RCA e VOL em ambos os testes de progênies. As herdabilidades com base em médias de progênies variaram de alta a muito alta no TP-Eg-1 (0,63 – 0,84) e no TP-Eg-2 (0,7 – 0,87) para todas as variáveis analisadas, de acordo com Resende (2015). Quanto maior os valores de herdabilidade, maior é o controle genético sobre o caráter. Esses resultados sugerem que é possível praticar o melhoramento genético de todas as variáveis estudadas, com grau de facilidade maior naquelas que apresentaram maior valor de herdabilidade. Berg *et al.* (2017), avaliando progênies de segunda geração de *E. grandis* aos 7 anos de idade, na região de KwaZulu-Natal e Zululand, na África do Sul, relataram valores de herdabilidades de 0,19 e 0,24 para DAP, 0,16, 0,15 e 0,21 para altura total de plantas e 0,16 e 0,23 para volume. No Maranhão, em dois testes de progênies de *E. grandis* aos 2,5 anos, ocorreram herdabilidades individuais baixas (DAP: 0,12 e 0,03; ALT: 0,12 e 0,04). E valores de herdabilidades médias variando de 0,25 a 0,56 foram relatadas por Andrade *et al.* (2018). Progênies de *E. grandis* com um ano e dez meses, instaladas em dois locais no estado de São Paulo, apresentaram herdabilidades individuais de 0,18 e 0,13 para ALT; 0,26 e 0,14 para DAP. E as herdabilidades médias de progênies variaram de 0,50 a 0,68 entre os caracteres avaliados (OLIVEIRA; HIGA; SIVA, 2018). Avaliando um teste de progênies de *E. grandis*, em dois

locais, de dois aos seis anos de idade, Moraes *et al.* (2014) relataram herdabilidades individuais variando de 0,02 a 0,12 para DAP, 0,03 a 0,09 para ALT e 0,04 a 0,10 para Vol.

Tabela 9 - Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres altura total (ALT, m), altura comercial (HCO, m), diâmetro à altura do peito (DAP, cm), densidade básica da madeira (DBM, g.cm⁻³), relação cerne/alburno (RCA) e volume (VOL, m³ arv⁻¹), no teste de progênes de *Eucalyptus grandis* (TP-EG-2), aos 7 anos de idade no município de Selvíria/MS.

Parâmetros	ALT	HCO	DAP	DBM	RCA	VOL
$\hat{h}_a^2$	0,24±0,09	0,57±0,15	0,22±0,08	0,77±0,16	0,74±0,16	0,64±0,15
$\hat{h}_m^2$	0,65	0,83	0,63	0,87	0,74	0,84
r_{aa}	0,80	0,91	0,79	0,93	0,93	0,92
$\hat{h}_{ad}^2$	0,19	0,50	0,17	0,72	0,68	0,57
CV_{gi} (%)	8,92	23,70	14,74	17,56	57,32	68,09
CV_{gp} (%)	4,46	11,84	7,37	8,77	28,65	34,04
CV_e (%)	17,48	28,93	30,41	17,93	60,14	77,68
CV_r	0,25	0,40	0,24	0,48	0,47	0,43
$\hat{m}$	17,75	11,5	16,77	0,45	0,99	0,23
LRT (x ²) prog	13,43**	45,19**	11,84**	103,01**	93,30**	69,18**

**significativo a 1% com 1 grau de liberdade; $\hat{h}_a^2$: herdabilidade individual no sentido restrito; $\hat{h}_m^2$: herdabilidade da média de progênes; r_{aa} : acurácia seletiva; CV_{gi} : coeficiente de variação genética aditiva individual; CV_{gp} : coeficiente de variação genotípica entre progênes; CV_e : coeficiente de variação experimental; CV_r coeficiente de variação relativa; $\hat{m}$ - média geral; LRT - Teste da Razão de Verossimilhança;

Fonte: Dados da Pesquisa da Autora.

Santos (2002), avaliando, progênes de *E. grandis*, aos oito anos de idade, no município de Luiz Antônio – SP estimou valores de herdabilidade individual de 0,34 para DBM e 0,39 para RCA. Em progênes de *Eucalyptus urophylla*, aos sete anos, no município de Itamarandiba – MG, para DAP, ALT, VOL e Densidade aparente os valores de herdabilidades individuais foram de 0,43, 0,22, 0,27 e 0,68. As herdabilidades médias de progênes foram de 0,80, 0,67, 0,72 e 0,83, respectivamente (HENRIQUES *et al.*, 2017). Para a mesma espécie, aos 20 anos, no município de Selvíria – MS, a herdabilidade individual para DBM foi de 0,33 e média de progênes de 0,64 (PUPIN *et al.*, 2017). Em progênes de *Eucalyptus pellita*, no Vietnã, aos 10 anos de idade, os valores de herdabilidades individual para DAP foi de 0,32 e para e DBM de 0,20 (HUNG *et al.*, 2015).

De acordo com Resende e Duarte (2007) um dos parâmetros mais relevantes para avaliação da qualidade de um experimento é a acurácia seletiva, que tem a propriedade de informar sobre o correto ordenamento das progênies para fins de seleção. Esse parâmetro contempla, simultaneamente, o coeficiente de variação experimental, o número de repetições e o coeficiente de variação genotípica. E é classificada em 4 níveis, baixa (0,1 - 0,4), moderada (0,5 - 0,65), alta (0,7 - 0,85) e muito alta (0,9 - 0,99). Os valores estimados de acurácia para ambos os testes de progênies variaram de alta a muito alta (0,79 - 0,93), para todos os caracteres estudados (Tabela 8 e 9). Resende (2007) sugere que é fundamental que a acurácia seja no mínimo igual a 0,70, para inferir sobre o grau de confiabilidade dos resultados obtidos na avaliação genética.

O coeficiente de variação genética individual, expressa a porcentagem de variação genética aditiva existente dentro da progênie e foi da ordem de 8,92% a 68,09% entre o TP-Eg-1 e TP-Eg-2. O coeficiente de variação genética de progênies, que indica a variação genética aditiva entre as progênies, nesse estudo variou de 4,46% a 34,24% entre todas as variáveis em ambos os testes (Tabela 8 e 9). Valores de coeficiente de variação genética acima de 7% são considerados bons (SEBBENN *et al.*, 1998). Os testes de progênies de *Eucalyptus grandis*, apresentam magnitude alta da variância genética individual e entre progênies, sugerindo a possibilidade de ganhos com a seleção nos caracteres de crescimento e de qualidade da madeira.

O coeficiente de variação relativa (CVr) indica a relação entre CVgp e CVe, e quanto maior for o CVr, maior é o controle genético do caráter e menor é a influência dos fatores ambientais no fenótipo (VENCOSKY; BARRIGA, 1992). Em ambos os testes de progênies, para nenhuma das características avaliadas foram encontrados valores de CVr acima da unidade. Para o TP-Eg-1 os valores de CVr variaram de 0,30 a 0,46 entre as variáveis e no TP-Eg-2, esse coeficiente variou de 0,24 a 0,48 (Tabela 8 e 9), considerados intermediários de acordo com a classificação de Resende, (2002). De acordo com Vencovsky (1987), para experimentos com milho com duas ou três repetições, quanto mais próximo de 1 for o CVr, melhores as chances de ganhos com a aplicação de seleção. Contudo, a utilização de um grande número de repetições, como é o caso do presente trabalho, fornece estimativas de acurácia suficientes para propiciar uma inferência precisa sobre o valor genotípico das progênies (Resende e Duarte, 2007).

Uma análise conjunta, envolvendo o TP-Eg-1 e TP-Eg-2 foi realizada para verificar a presença de significância ou não para cada um dos caracteres estudados (Tabela 10). Houve diferenças significativas pelo teste da razão de verossimilhança (LRT) entre as progênies de ambas as populações para todos os caracteres avaliados. Quando comparamos os dois testes de

progênes, observa-se diferença estatística pelo teste LRT para as variáveis, ALT, HCO, DAP e DBM. Contudo, os experimentos possuem idades diferentes, sendo recomendado a variável Z, para melhor comparação. Analisando a variável Z, existe diferença significativa entre as progênes, mas não existe diferença entre os dois experimentos avaliados.

Tabela 10- Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres: altura total (ALT, m), altura comercial (HCO, m), diâmetro à altura do peito (DAP, cm), densidade básica da madeira (DBM, g.cm⁻³), relação cerne/alburno (RCA) e volume (VOL, m³arv⁻¹), considerando a análise conjunta entre os testes de progênes de *Eucalyptus grandis* (TP-Eg-1 e TP-Eg-2), no município de Selvíria/MS.

Parâmetros	ALT	HCO	DAP	DBM	RCA	VOL	Z
$\hat{h}_a^2$	0,30±0,05	0,42±0,06	0,32±0,05	0,68±0,08	0,67±0,08	0,49±0,07	0,370±0,06
$c2proc$	0,037	0,0131	0,0213	0,066	0,0006	0,0002	0,0083
CV_{gi} (%)	10,89	23,81	18,87	14,07	48,85	69,88	15,40
CV_{gp} (%)	5,44	11,90	9,43	7,03	24,42	34,94	7,70
CV_e (%)	18,66	31,99	31,49	14,82	53,98	92,61	24,04
$\hat{m}$	18,26	12,65	16,01	0,47	1,02	0,23	17,58
LRT (χ^2) prog	75,63**	157,56**	87,22**	335,51**	284,65**	168,63**	118,19**
LRT (χ^2) proc	19,33**	54,76**	10,11**	21,44**	0,03 ^{ns}	0,01 ^{ns}	2,81 ^{ns}

**significativo a 1% com 1 grau de liberdade; $\hat{h}_a^2$: herdabilidade individual no sentido restrito; CV_{gi} : coeficiente de variação genética aditiva individual; CV_{gp} : coeficiente de variação genotípica entre progênes; CV_e : coeficiente de variação experimental; $\hat{m}$: média geral; LRT - Teste da Razão de Verossimilhança;

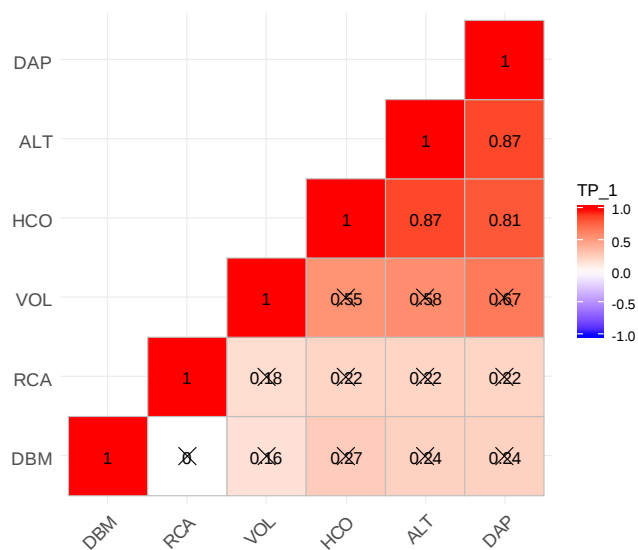
Fonte: Dados da Pesquisa da Autora

9.1.2 Correlações, ganho na seleção e base genética

As correlações genéticas entre caracteres permitem inferir se a seleção direta baseada em um caráter irá favorecer outros, proporcionando ganhos indiretos (FALCONER, 1987).

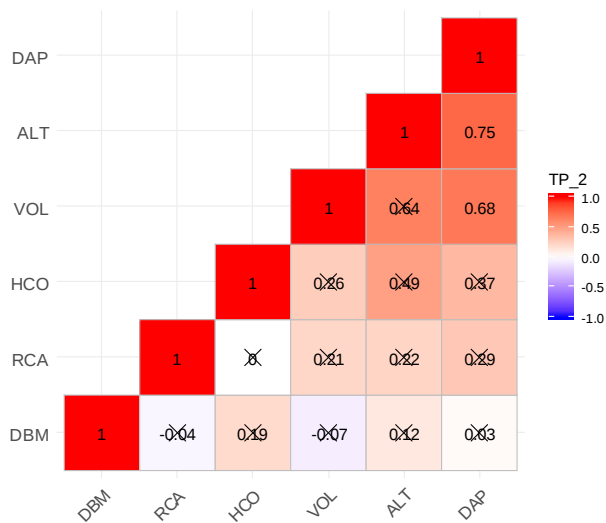
As correlações genéticas entre as variáveis apresentaram valores entre baixos, moderados e altos. Para o TP-EG-1, valores altos e significativos de correlação foram encontrados apenas entre as variáveis DAP - ALT (0,87), ALT - HCO (0,87) e DAP - HCO (0,81) (Figura 15). No TP-EG-2, as correlações foram significativas entre DAP-ALT (0,75) e DAP-VOL (0,68) (Figura 16), corroborando com as correlações genéticas relatadas por Tambarussi *et al.* (2017), em teste clonal de *Eucalyptus grandis* aos cinco anos de idade no estado de São Paulo (ALT- DAP= 0,99) e Oliveira, Higa e Silva (2018) em testes de progênes instalados em dois locais (Anhembi e Itatinga - SP) aos 2 anos de idade (0,88 e 0,90).

Figura 15 - Correlações genéticas entre caracteres silviculturais de *Eucalyptus grandis*, aos 9 anos de idade (TP-EG-1), no município de Selvíria-MS



Fonte: Dados da Pesquisa da Autora

Figura 16 - Correlações genéticas entre caracteres silviculturais de *Eucalyptus grandis*, aos 7 anos de idade (TP-EG-2), no município de Selvíria-MS



Fonte: Dados da Pesquisa da Autora

A seleção a partir do diâmetro implicará em resposta positiva no outro, além de ser de rápida mensuração, sendo preferível para avaliação em campo e predição das estimativas de seleção (ZARUMA, 2019).

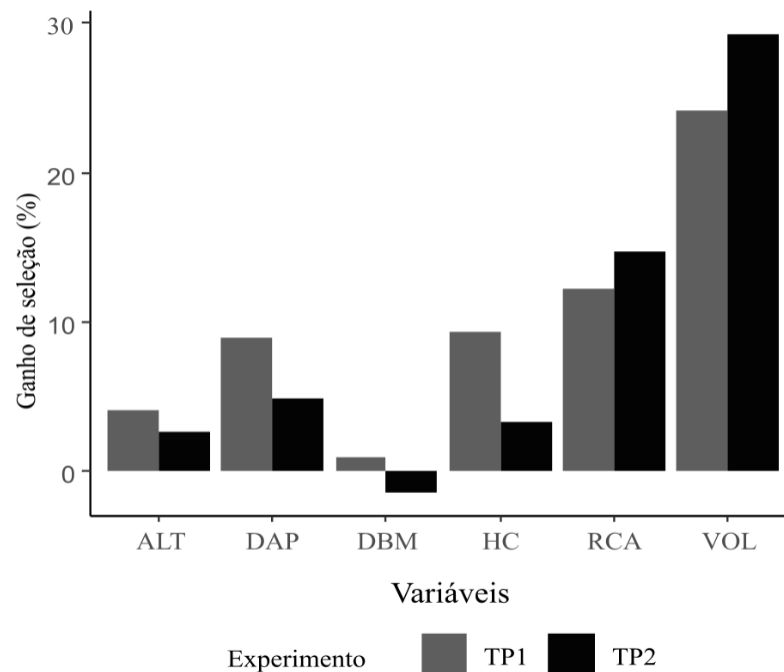
As correlações entre as variáveis de crescimento (ALT, DAP, HCO e VOL) com a de qualidade da madeira (DBM e RCA) foram baixas ($< 0,29$) e não significativas em ambos os experimentos. Isso indica que essas características do ponto de vista genético, são independentes, ou seja, a seleção realizada em uma variável de crescimento não terá efeito sobre

as variáveis de qualidade da madeira. Corroborando com este estudo, Santos (2019) encontrou correlação genética entre DAP e DBM negativa (-0,04) em progênies de *Eucalyptus dunni* aos três anos de idade. Valores negativos também foram encontrados por NUNES *et al.*, (2016) em progênies de *Eucalyptus urophylla* (-0,27). Correlações baixas entre caracteres de crescimento e qualidade da madeira foram encontradas por outros autores em diferentes espécies de eucalipto. Em progênies de *Eucalyptus camaldulensis* aos dez anos de idade, correlações entre características de crescimento (ALT e DAP) e densidade básica da madeira foram baixas (<0,50) (ZARUMA, 2019). O mesmo ocorreu com correlações genéticas relatadas por Varghese *et al.* (2017) em teste de progênies de *E. camaldulensis* aos três anos de idade no sul da Índia (ALT= 0,20 e DAP= 0,41).

Optou-se por conduzir a seleção, utilizando o caráter DAP, devido à sua facilidade de avaliação, precisão e alta correlação genética com ALT e VOL. Foram selecionados 1154 indivíduos no TP-Eg-1 e 488 no TP-Eg-2, com base no valor genético aditivo predito pelo REML/BLUP. O desbaste realizado, permitiu eliminar os indivíduos inferiores dentro das progênies, de tal modo que nessa primeira fase foi possível obter bons ganhos em ambos os experimentos.

A seleção para DAP proporcionou estimativas de ganhos de 8,90% e de 4,9% para TP-Eg-1 e TP-Eg-2, respectivamente, e ganhos indiretos na ordem de 4,1% e 2,6% em ALT, 9,4% 3,3% em HC, 24,1% e 29,3% em VOL, 12,2% e 14,7% em RCA e 0,9% e -1,4% para DBM (Figura 17), para essa última variável, os valores baixos a negativos, são esperados visto que não existe correlação com o caráter DAP. Houve aumento na média de DAP em um único ciclo de seleção de 15,42 cm para 16,8 cm para TP-Eg-1 e de 16,77 cm para 17,6 cm para TP-Eg-2. Para VOL, 0,24 m³arv⁻¹ para 0,30 m³arv⁻¹ e 0,23 m³arv⁻¹ para 0,30 m³arv⁻¹, aumentos significativos para crescimento em um primeiro desbaste.

Figura 17. Ganhos com seleção para diâmetro a altura do peito (DAP) e respostas correlacionadas para altura total (ALT), densidade básica da madeira (DBM), altura comercial (HC), relação cerne/alburno (RCA) e volume de *E. grandis* em dois testes de progênie no município de Selvíria-MS



Fonte: Dados da Pesquisa da Autora.

Rocha *et al.* (2007), selecionando 100 indivíduos superiores de *E. grandis* em Minas Gerais, obtiveram ganhos diretos para DAP de 15,44%, e para ALT e VOL os ganhos indiretos foram de 7,9% e 29,76%, respectivamente. Berg *et al.*, (2017), estimaram ganho de 28,4 % em DAP selecionando 20 indivíduos de um teste de progênie de segunda geração de *E. grandis* na África do Sul. Ganhos genéticos em DAP variando 23,5 a 34,9%, foram encontrados na seleção de 330 indivíduos em quatro testes de progênie de *E. grandis* no estado de São Paulo (MIRANDA *et al.*, 2015). Ganhos genéticos inferiores, de 3,85% foi estimado por Zanatto (2019) selecionando com base no DAP as 150 melhores árvores em um teste de progênie de *Eucalyptus tereticornis* no município de Luiz Antônio-SP.

O tamanho efetivo populacional (N_e) refere-se ao tamanho genético de uma população reprodutiva e não ao número de indivíduos que a compõe, ou seja, diz respeito à representatividade genética da amostra (RESENDE; SIMEÃO; STURION, 1997). No presente estudo, para o TP-Eg-1, na época do plantio, o N_e inicial era de 518, em 2019 de 456 e no PSM passou para 357. Contudo ainda possui maior N_e em porcentagem (30,1%) em relação ao número total de indivíduos no PSM. No TP-Eg-2, no ano de plantio o N_e era de 246, em 2019

de 211 e no PSM passou para 168, também com um maior N_e em porcentagem (34,5%) em relação ao número total de indivíduos no PSM (Tabela 11).

Tabela 11. Tamanho Efetivo e diversidade genética em progênies de *E. grandis*, em três situações, no município de Selvíria, MS.

EXP/ Época	TP-Eg-1			TP-Eg-2		
	Plantio	2019	PSM	Plantio	2019	PSM
N	3605	2185	1154	1974	919	488
N_f	147	147	146	68	68	68
K_{fm}	24,52	14,86	7,90	29,03	13,51	7,18
Var (K_f)	7,18	19,53	16,07	1,73	12,01	10,24
N_e	518,0	456,0	357	246	211	168
N_e (%)	14,4	20,9	30,9	12,5	23,0	34,5
D	0,99	0,92	0,79	0,99	0,94	0,84

N: número de indivíduos totais; N_f : número de progênies; K_{fm} : número médio de indivíduos por progênie; Var (K_f): variância do número de indivíduos por progênie; N_e : tamanho efetivo; N_e (%): tamanho efetivo em porcentagem; D: diversidade genética.

Fonte: Dados da Pesquisa da Autora

Os parâmetros N_e e D foram maiores quando a Var (K_f) foi menor. Isso significa que o balanceamento no número médio de indivíduos selecionados por progênies eleva o tamanho efetivo e mantém maior diversidade genética nas populações selecionadas (MIRANDA *et al.*, 2015). Em ambos os Pomares, o tamanho efetivo está acima de 150, que é o recomendável para conservação genética em longo prazo

A diversidade genética no TP-Eg-1 passou de 0,99 para 0,79, ocorrendo a perda de apenas uma progênie, com 146 progênies no PSM atualmente. No TP-Eg-2, o número de progênies iniciais (68) foi mantido no PSM, com uma diversidade genética de 0,84 (Tabela 11). A diversidade genética e o tamanho efetivo alto são fatores importantes, indicando que os testes de progênies estudados retêm níveis adequados de variabilidade genética, e por isso foram transformados em pomares de sementes por mudas. Há manutenção da base genética para contribuir com programas de conservação e melhoramento genético a longo prazo da espécie.

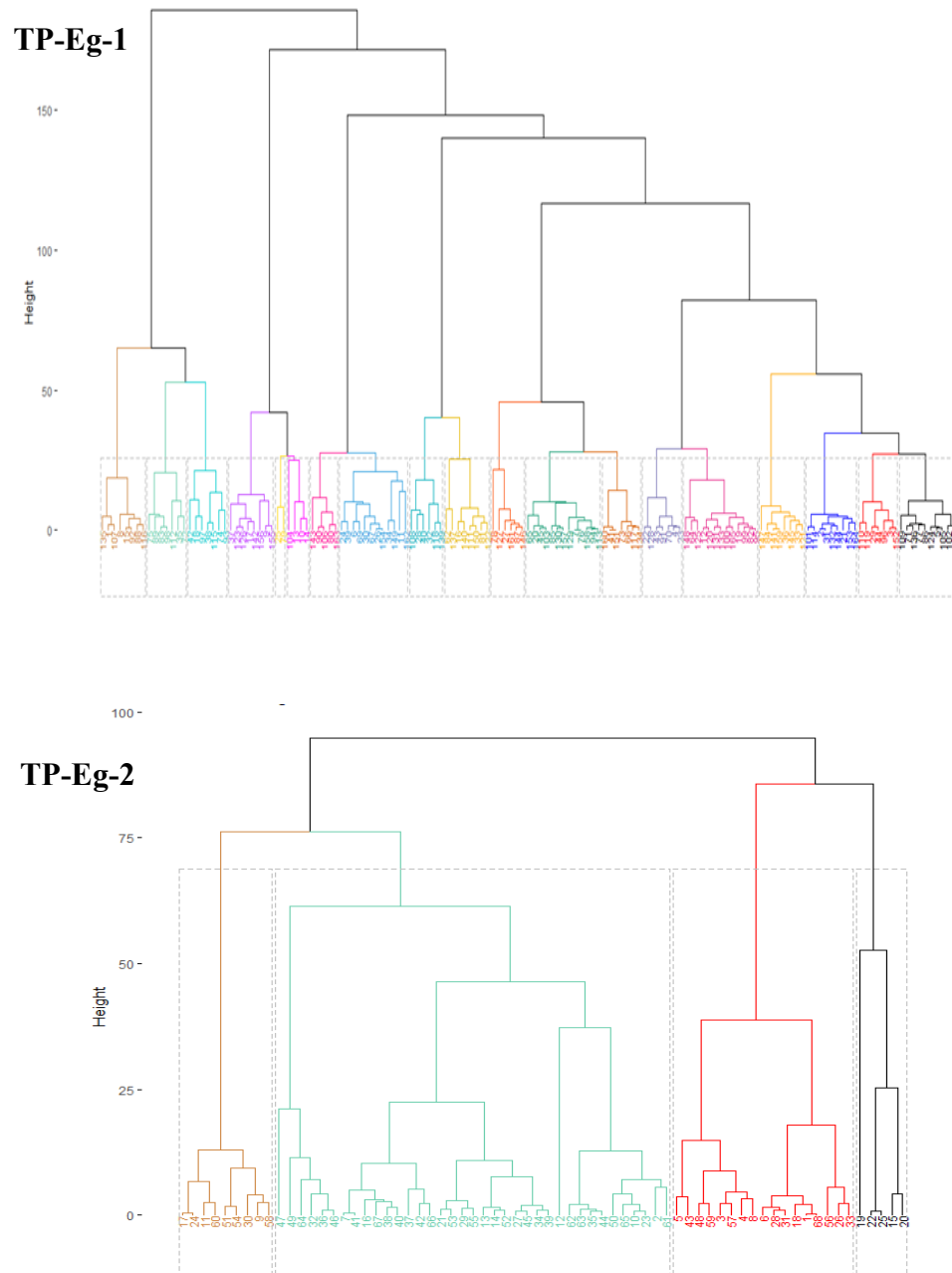
9.1.3 Divergência genética pela distância de Mahalanobis

Em um programa de melhoramento é desejável que se dê prioridade ao cruzamento de materiais que tenham elevada média e apresentem divergência genética entre si (NASCIMENTO *et al.*, 2014). Com finalidade de reunir os genitores em grupos, tendo em vista critérios de observação (homogeneidade ou heterogeneidade), a análise de agrupamento é adequada na identificação de genótipos divergentes, alcançando maiores probabilidades de sucesso nos cruzamentos (CARGNELUTTI FILHO *et al.*, 2008). Quanto mais divergentes forem os genitores, maior a possibilidade de aumentar a variabilidade na população segregante e de reorganização dos alelos com novas combinações favoráveis (MANFIO *et al.*, 2012).

As estimativas de divergência genética pelo método de Tocher, usando a distância de Mahalanobis, nos experimentos TP-Eg-1 e TP-Eg-2 mostrou 19 e 4 grupos, respectivamente, com base em seis caracteres ALT, DAP, HCO, VOL, DBM e RCA (Figura 18; Apêndice F e G). Em um teste de progênie de *E. grandis* com 245 famílias, aos 5 anos de idade em Guanhães – MG, houve a formação de 26 grupos distintos (ROCHA *et al.*, 2007). Santos *et al.* (2018), estudando diferentes clones de eucalipto aos 3 anos, relataram 8 grupos distintos. Da mesma forma, um estudo de Costa *et al.* (2016), estudando *E. camaldulensis* aos 4 anos de idade, relataram a formação de 14 grupos distintos.

O número de grupos formados no presente estudo, sugere divergência genética entre as progênies e pode-se recomendar para cruzamentos. Desde que exibam desempenho superior em relação as principais características de importância econômica (MARTINS *et al.*, 2002).

Figura 18. Formação de grupos com base nas distâncias de Mahalanobis (D2) para os caracteres de crescimento em progênies de *Eucalyptus grandis*, nos experimentos TP-Eg-1 e TP-Eg-2, no município de Selvíria-MS.



Fonte: Dados da Pesquisa da Autora

9.2 ANÁLISE MOLECULAR

9.2.1 Diversidade genética

TP-Eg-1, para matrizes (147): foram observados 273 alelos (k) nos 16 locos SSR, variando de 8 (EMBRA63) a 30 alelos (EMBRA979) (Tabela 12). Em geral, a riqueza alélica ($\hat{R}$) apresentou valores iguais a k , de forma que, tanto a heterozigosidade esperada em equilíbrio de Hardy-Weinberg como a heterozigosidade observada, foram altas e apresentaram médias próximas ($0,841 \pm 0,093$; $0,837 \pm 0,084$). Valores positivos e negativos para o índice de fixação ($\hat{F}$) foram detectados para locos SSR, contudo não foram significativos, resultando em um valor de $\hat{F}$ positivo e baixo na média das matrizes, indicando ausência de endogamia significativa.

PSM-147: foram encontrados 354 alelos (Tabela 12) e a média do número de alelos (23,60) foi superior as matrizes-147. A heterozigosidade esperada foi maior entre as gerações ($0,850 > 0,841$), diferentemente da heterozigosidade observada que foi inferior ($0,783 < 0,837$). O índice de fixação apresentou valores positivos e não significativos para média da população, a indicar que não existe endogamia significativa na geração descendente e a possibilidade de aumento da heterozigose.

TP-Eg-2, para matrizes (68): o número de alelos foi elevado (245), principalmente se considerar o menor tamanho populacional em relação as Matrizes-147 (Tabela 13). Os valores de riqueza alélica foram menores que as demais populações. A heterozigosidade esperada foi elevada ($0,827 \pm 0,112$), assim como a heterozigosidade observada ($0,807 \pm 0,110$). Não houve valores de $\hat{F}$ positivos e significativos nos locos. E consequentemente, não se detectou um indicativo de endogamia para média da população ($0,024 \pm 0,055$).

PSM-68: foi detectado um alto número de alelos (361) e a média do número de alelos (22,56) foi superior as matrizes-68, (Tabela 13). A riqueza alélica foi superior (16,18) na média em relação a população parental. Nesse mesmo sentido, seguiu a heterozigosidade esperada ($0,850 \pm 0,086$); e a heterozigosidade observada foi menor ($0,783 \pm 0,106$), ainda assim sugerindo alta diversidade genética. O índice $\hat{F}$ foi positivo, mas não significativo para média da população.

TABELA 12– Diversidade genética e índice de fixação no TP-Eg-1, para árvores-matrizes (147) e progênies de polinização aberta de *Eucalyptus grandis* (PSM-147), em Selvíria-MS.

LOCO	Matrizes ($N = 147$)					Progênies PSM ($N = 1.209$)				
	k	$\hat{R}$	$\hat{H}_o$	$\hat{H}_e$	$\hat{F}$	k	$\hat{R}$	$\hat{H}_o$	$\hat{H}_e$	$\hat{F}$
EMBRA2	19	19	0,932	0,910	-0,024	23	19,99	0,865	0,913	0,053
EMBRA3	22	22	0,843	0,904	0,067	31	23,18	0,877	0,909	0,035
EMBRA11	19	19	0,898	0,857	-0,048	29	21,74	0,815	0,872	0,065
EMBRA12	21	21	0,850	0,905	0,061	22	20,66	0,871	0,918	0,051
EMBRA28	26	26	0,891	0,909	0,020	36	27,02	0,743	0,920	0,192
EMBRA32	22	22	0,850	0,851	0,001	26	21,17	0,688	0,854	0,194
EMBRA63	8	8	0,578	0,636	0,091	11	8,22	0,670	0,671	0,002
EMBRA175	18	18	0,864	0,850	-0,017	22	17,66	0,579	0,835	0,306
EMBRA204	18	18	0,831	0,839	0,010	23	19,10	0,846	0,857	0,013
EMBRA219	17	17	0,877	0,880	0,003	24	18,67	0,871	0,882	0,013
EMBRA333	20	20	0,816	0,924	0,117	24	21,12	0,912	0,928	0,017
EMBRA350	13	13	0,742	0,649	-0,143	20	13,48	0,639	0,663	0,036
EMBRA979	30	30	0,863	0,904	0,045	37	29,87	0,897	0,913	0,017
EMBRA1071	6	6	0,837	0,737	-0,136	8	6,83	0,702	0,766	0,083
EMBRA1924	14	14	0,885	0,864	-0,024	18	14,31	0,764	0,855	0,106
Média	18,2	18,2	0,837	0,841	0,002	23,6	18,88	0,783	0,850	0,079
DP	6,213	6,21	0,084	0,093	0,073	7,908	6,22	0,106	0,086	0,080
Total	273	-	-	-	-	354	-	-	-	-

Nota: Diversidade genética, índice de fixação ($\hat{F}$) em locos microssatélites de eucalipto. N é o censo da população adulta reprodutiva; k é o número total de alelos; $\hat{R}$ é a riqueza alélica em indivíduos genotipados nos 15 locos microssatélites; $\hat{H}_o$ é a heterozigosidade observada; H_e é a heterozigosidade esperada. DP: desvio-padrão; *Significativo em nível de 5% (p -valor = 0,00167, obtido por 600 permutações).

Fonte: Dados da Pesquisa da Autora.

TABELA 13 - Diversidade genética e índice de fixação, no TP-Eg-2, para árvores-matrizes (68) e progênies de polinização aberta de *Eucalyptus grandis* (PSM-68), em Selvíria-MS.

Loco	k	$\hat{R}$	$\hat{H}_o$	$\hat{H}_e$	$\hat{F}$	k	$\hat{R}$	$\hat{H}_o$	$\hat{H}_e$	$\hat{F}$
	Matrizes ($N = 68$)					Progênies PSM ($N = 485$)				
EM2	19	19	0,882	0,898	0,018	24	17,973	0,819	0,901	0,091
EM3	19	19	0,955	0,924	-0,034	32	21,847	0,888	0,929	0,044
EM10	14	14	0,882	0,905	0,025	19	14,884	0,864	0,909	0,049
EM11	13	13	0,852	0,867	0,017	27	15,336	0,767	0,880	0,128
EM12	18	18	0,854	0,915	0,067	25	19,548	0,852	0,918	0,072
EM28	24	24	0,941	0,931	-0,011	34	24,929	0,763	0,935	0,184
EM32	19	19	0,853	0,837	-0,019	31	20,815	0,680	0,857	0,206
EM63	8	8	0,573	0,601	0,046	9	7,892	0,596	0,664	0,103
EM175	12	12	0,823	0,753	-0,093	22	14,354	0,559	0,781	0,284
EM204	16	16	0,794	0,880	0,098	21	17,076	0,877	0,890	0,015
EM219	13	13	0,824	0,843	0,023	22	15,908	0,874	0,869	-0,006
EM333	20	20	0,868	0,920	0,057	25	20,086	0,926	0,924	-0,002
EM350	11	11	0,662	0,713	0,072	22	11,611	0,637	0,683	0,067
EM979	27	27	0,808	0,927	0,128	32	24,031	0,886	0,927	0,044
EM1071	6	6	0,720	0,696	-0,035	9	6,652	0,694	0,737	0,059
EM1924	6	6	0,618	0,629	0,017	7	5,962	0,613	0,658	0,069
Média	15,31	15,31	0,807	0,827	0,024	22,56	16,18	0,768	0,841	0,088
DP	6,063	6,063	0,110	0,112	0,055	8,326	5,848	0,122	0,101	0,079
Total	245					361				

Nota: Diversidade genética, índice de fixação ($\hat{F}$) em locos microssatélites de eucalipto. N é o censo da população adulta reprodutiva; k é o número total de alelos; $\hat{R}$ é a riqueza alélica em indivíduos genotipados nos 15 locos microssatélites; $\hat{H}_o$ é a heterozigosidade observada; H_e é a heterozigosidade esperada. DP: desvio-padrão; * Significativo em nível de 5% (p -valor = 0,00156, obtido por 640 permutações).

Fonte: Dados da Pesquisa da Autora.

Em ambos os pomares, o número médio de alelos por loco é maior nas progênies (PSM-147 = 23,6; PSM-68 = 22,56) do que nos adultos (Matrizes-147 = 18,2; Matrizes-68 = 15,31), o que indica a importância do pólen, via fluxo gênico, na formação das progênies. O EMBRA28 foi o marcador SSR mais informativo (24 a 36 alelos). Verifica-se em relação ao total de alelos que nas progênies a ocorrência foi 29,8% e 47,35% a mais de alelos por loco no PSM-147 e PSM-68, respectivamente. Número de alelos em menor quantidade foram relatados por Miranda *et al.* (2019), avaliando 1235 plantas de *E. grandis* (981 do Brasil + 254 da Austrália) com nove marcadores SSR, com um total de 224 alelos. Em duas populações elites de *E.*

grandis, localizadas em Luís Antônio e Jacareí, Estado de São Paulo, foi encontrada média de 12 locos em um total de 39 indivíduos (SOUZA *et al.*, 2010).

No que se refere a frequência dos alelos, foram considerados alelos de frequência muito baixa ($f \leq 0,01$), baixa frequência ($f > 0,01 \leq 0,05$) e comuns ($f > 0,05$). A quantidade de alelos de frequência muito baixa foi de 89 nas Matrizes-147 (32,4%); 151 no PSM-147 (42,7%); 53 nas (???) Matrizes-68 (21,6%); 54 no PSM-68 (15%). Os alelos de baixa frequência foram de 96 no Matrizes-147 (35,4%); 115 no PSM-147 (32,5%); 88 no Matrizes-68 (36,0%); 62 no PSM-68 (17,2%). E os alelos comuns foram de 88 no Matrizes-147 (32,2%); 88 no PSM-147 (24,8%); 104 no Matrizes-68 (42,4%); 245 no PSM-68 (67,8%).

Foram detectados alelos de frequência muito baixa em maior proporção no PSM_147, provavelmente devido à redução das frequências alélicas da geração parental para os descendentes. Contudo, pode estar relacionado por esse pomar ter o maior tamanho amostral. Apesar disso, a riqueza alélica manteve-se semelhante tanto nas matrizes quanto nos pomares (Tabela 12, 13, mas a presença de alelos de muito baixa e/ou baixa frequência sugere a vulnerabilidade desses, que podem ser perdidos ou ter menor probabilidade de serem amostrados ou transmitidos (SEBBENN, 2002; MARCUCCI-POLTRI *et al.*, 2003), o que contribui para o estreitamento da base genética.

Valores positivos e significativos de $\hat{F}$ não foram detectados para nenhum loco em nenhuma das populações, sugerindo que não existe um excesso de homozigotos em relação ao esperado em EHW. Os valores de $\hat{F}$ não apresentaram tendência e foram divergentes para alguns locos entre as populações. Logo, não parece existir alelos fixados em nenhum dos locos. Para o EMBRA11, marcador associado à densidade da madeira (FREEMAN *et al.*, 2006), foram detectados até 29 alelos e alta heterozigosidade observada ($> 0,857$). Para o EMBRA12, marcador associado com a propagação vegetativa (MARQUES *et al.*, 2002), os níveis de $\hat{H}_0$ foram elevados e o número de alelos variou de 18 a 25 entre os experimentos.

A heterozigosidade esperada foi alta e indicou diversidade genética em nível de locos e de populações, sendo as médias semelhantes entre as Matrizes e os Pomares, variando de 0,827 a 0,850. Em ambos os Pomares, o índice de fixação foi maior na geração descendente, contudo é um valor baixo e não significativo.

Os níveis de diversidade genética em populações descendentes são produtos dos padrões do sistema de reprodução (MIRANDA, 2016). No presente trabalho, as estimativas de $\hat{H}_0$ das progênes foi muito próximo ao valor das mães, sugerindo que eventos como autofecundação, cruzamentos correlacionados ou cruzamentos entre parentes ocorreram em menor quantidade.

Os níveis de diversidade genética em nível de locos e para as médias das populações de polinização aberta de *Eucalyptus grandis* foram elevados (Tabela 12 e 13), concordando com resultados reportados por outros autores. Miranda *et al.* (2019) estudaram diferentes populações brasileiras e australianas de *E. grandis*, e encontraram diversidade genética de 0,876. Na Argentina, um estudo com progênies de polinização livre de *E. grandis*, determinou que a diversidade genética média foi igual a 0,82 (CAPPÁ *et al.*, 2016). Em populações naturais de *E. grandis*, Song *et al.* (2016), observaram valores de diversidade genética de 0,200 a 0,890, com uma média de 0,706.

O mesmo padrão de diversidade ocorre com outras espécies. Por exemplo, em uma população de melhoramento de *E. globulus* do Instituto de Pesquisas de Florestas e Papel de Portugal, a diversidade foi de 0,85 (RIBEIRO *et al.*, 2011). Para um teste de progênie de *E. camaldulensis* no sudoeste de Guangdong, China a diversidade genética encontrada foi de 0,77 (SHANG *et al.*, 2019). Em um Pomar de Sementes por Mudas de *E. cloeziana* na província de Guangxi, China o valor de diversidade variou de 0,387 a 0,863, com média de 0,682 (JIABIN *et al.*, 2020). Pupin *et al.* (2019) avaliaram quatro populações de *E. urophylla*, dois pomares de sementes por mudas, um teste de progênie, um teste de progênie de segunda geração e encontraram valores de diversidade genética alta, 0,81, 0,83, 0,85 e 0,78, respectivamente, que assim como PSM-147 e PSM-68, constituiu parte do Programa Cooperativo de Populações Núcleo do IPEF, a justificar ampla base genética que foi constituída. Para um teste de procedências e progênies de *E. urophylla* instalado em Guangdong, China a diversidade foi mais baixa quando comparada com os trabalhos listados, variando de 0,297 a 0,372 (YANG *et al.*, 2020).

Os altos níveis de diversidade populacional implicam na maior exploração de recursos genéticos. Populações caracterizadas com alta diversidade e/ou alelos privados, particularmente associadas a mudanças climáticas previstas, devem ser consideradas em programas de melhoramento e conservação futuros (SONG *et al.*, 2016).

9.2.2 Sistema de reprodução

PSM-147: apresentou uma taxa de cruzamento multilocos ($\hat{t}_m$) de 100%, a indicar ausência de autofecundação. A diferença entre a taxa de cruzamento multilocos e unilocos foi significativamente maior que zero ($\hat{t}_m - \hat{t}_s = 0,082$), indicando a ocorrência de cruzamentos entre indivíduos que são parentes. A correlação de paternidade ($\hat{r}_{p(m)}$) foi significativamente maior que zero, sugerindo que algumas progênes são irmãs-completas. O número efetivo de árvores polinizadoras ($\hat{N}_{ep}$) foi moderado e o tamanho efetivo de variância ($\hat{N}_{e(v)}$) foi inferior ao esperado para progênes de meias-irmãs ($3,30 < 4,0$). Logo, para manter um tamanho efetivo de referência de 150, seria necessário que a coleta de sementes fosse realizada em no mínimo 46 árvores matrizes, para atender aos padrões de uma população idealizada. O coeficiente médio de coancestria (Θ) foi de 0,139, superior ao esperado para progênes de meias-irmãs ($\Theta = 0,125$), a indicar a ocorrência de outros níveis de parentesco. A proporção de irmãs de autofecundação e irmãs de autofecundação e cruzamento foi zero. A maior proporção é de plantas meias-irmãs (91,2%) e de irmãs-completas (8,8%) (Tabela 8).

PSM-68: A taxa de cruzamento multilocos ($\hat{t}_m$) foi de 100%, sugerindo ausência de autofecundação. A diferença entre a taxa de cruzamento multilocos e unilocos foi significativamente maior zero ($\hat{t}_m - \hat{t}_s = 0,084$), logo a ocorrência de cruzamentos entre indivíduos que são parentes é uma possibilidade. A correlação de paternidade ($\hat{r}_{p(m)}$) foi significativamente maior que zero, indicando que algumas progênes são irmãs-completas. O número efetivo de árvores polinizadoras ($\hat{N}_{ep}$) foi maior quando comparado com o PSM-147 e o tamanho efetivo de variância ($\hat{N}_{e(v)}$) foi menor ao esperado para progênes de meias-irmãs ($3,39 < 4,0$). Para esse pomar, seria necessário que a coleta de sementes fosse realizada em no mínimo 44 árvores matrizes para manter um tamanho efetivo de referência de 150. O coeficiente médio de coancestria (Θ) foi de 0,134, maior ao esperado para progênes de meias-irmãs ($\Theta = 0,125$), demonstrando a ocorrência de outros níveis de parentesco. A proporção de irmãs de autofecundação e irmãs de autofecundação e cruzamento foi zero. A maior proporção é de plantas meias-irmãs (95,3%) e de irmãs-completas (4,7%) (Tabela 8).

Tabela 14. Parâmetros do sistema de reprodução em nível populacional para os PSM-147 e PSM-68 de *Eucalyptus grandis* (95% IC é o intervalo de confiança em nível de 95%).

Parâmetros	PSM -147	PSM - 68
	média (IC a 95%)	média (IC a 95%)
Taxa de cruzamento multiloco: $\hat{t}_m$	1,00 (1,00-1,00)	1,00 (1,00-1,00)
Taxa de cruzamento uni-locos: $\hat{t}_s$	0,918 (0,916-0,919)	0,916 (0,916-0,932)
Taxa de cruzamento entre parentes: $\hat{t}_m - \hat{t}_s$	0,082 (0,081-0,084)	0,084 (0,068-0,084)
Correlação de autofecundação: $\hat{r}_s$	0,11 (0,11-0,11)	0,11 (0,11-0,11)
Correlação multiloco de paternidade: $\hat{r}_{p(m)}$	0,088 (0,086-0,087)	0,047 (0,042-0,083)
Número médio de árvores polinizadoras: $\hat{N}_{ep}$	11,36 (11,36-11,49)	21,3 (12-23,8)
Proporção de irmãs de autofecundação: $\hat{P}_{IA}$	0,00 (0,00-0,00)	0,00 (0,00-0,00)
Proporção de irmãs de autofecundação e cruzamento: $\hat{P}_{AC}$	0,00 (0,00-0,00)	0,00 (0,00-0,00)
Proporção de meias-irmãs: $\hat{P}_{MI}$	0,912 (0,913-0,914)	0,953 (0,917-0,958)
Proporção de irmãs completas: $\hat{P}_{IC}$	0,088 (0,086-0,087)	0,047 (0,042-0,083)
Coancestria média dentro de progênies: Θ	0,139 (0,1387-0,1387)	0,134 (0,1308-0,1373)
Tamanho efetivo de variância: $\hat{N}_{e(v)}$	3,30 (3,29-3,32)	3,39 (3,31-3,49)
Número de árvores matrizes para a coleta de sementes: $\hat{m}$ ($\hat{N}_e=150$)	46 (46-45)	44 (43-45)

Fonte: Dados da Pesquisa da Autora

A estimativa da taxa de cruzamento multiloco foi alta (1,0), nos dois PSM de *E. grandis*, indicando sistema de reprodução por cruzamento, com ausência autofecundações (Tabela 14). Esses resultados estão dentro do padrão observado para a taxa de cruzamento em outras populações da espécie e gênero. Estimativas da literatura mostram que a taxa de cruzamento multiloco encontrada para *Eucalyptus grandis* tem variado entre 0,64 a 1,0 (MORAN; BELL, 1983; BURGESS *et al.*, 1996; JUNGHANS *et al.*, 1998; JONES *et al.*, 2008; BERTONCINI *et al.*, 2017; MIRANDA *et al.*, 2019). Para *Eucalyptus camaldulensis* de 0,67 a 1,0 (BUTCHER; WILLIAMS, 2002; ALVES *et al.*, 2009; VARGHESE *et al.*, 2009; GONZAGA *et al.*, 2016), em *Eucalyptus globulus* tem variado entre populações de 0,48 a 1,0 (HARDNER *et al.*, 1996; PATTERSON *et al.*, 2004; MIMURA *et al.*, 2009); e em *Eucalyptus urophylla* o valor encontrado foi de 0,964 a 1 entre as populações estudadas (PUPIN *et al.*, 2019). Os fatores que podem influenciar a variação da taxa de cruzamento entre plantas de uma população reprodutiva consistem na variação genética para autoincompatibilidade, assincronismo de florescimento e comportamento dos polinizadores (SEBBENN, 2017).

Em estudo de polinização controlada em *E. grandis*, foram testados polinização livre, pólen da própria árvore, pólen externo e um mix (pólen da própria árvore + externo). Os autores relataram que houve aumento no rendimento (número de sementes por flor polinizada), quando as sementes eram de cruzamento (pólen externo presente). E que toda a amostra de sementes de polinização livre foi de cruzamento (HORSLEY; JOHNSON, 2010). Um estudo anterior com *E. grandis*, mostrou que o crescimento do tubo polínico do pólen da própria planta é mais lento quando comparado a pólenes externos, sugerindo uma pseudo autoincompatibilidade. Nesse caso, o pólen externo chega mais rápido ao ovário e a fecundação ocorre antes da chegada do pólen da própria planta. Outra sugestão, na polinização livre, ocorre a autofecundação em menor quantidade, porém pode acontecer abortos, levando ao menor número de sementes por fruto (HORSLEY; JOHNSON 2007).

De acordo com Miranda *et al.* (2019), as populações brasileiras de *E. grandis* originaram-se predominantemente de cruzamento. No entanto, podem ocorrer alguns cruzamentos correlacionados, que levam à presença de endogamia em alguns descendentes. A autofecundação e o cruzamento entre parentes geram endogamia e reduzem a H_o na geração descendente. Os autores relatam que a depressão por endogamia pode ocorrer entre o desenvolvimento juvenil e adultos das plantas, com a mortalidade desses indivíduos.

Essas informações sugerem que nesse estudo a ausência de indivíduos de autofecundação pode estar relacionado ao evento reprodutivo, visto que a taxa de cruzamento é considerada uma taxa realizada e não o sistema reprodutivo da espécie. Outra hipótese está

relacionada à taxa de mortalidade que foi alta (>39%) em ambos os pomares ou ainda a eliminação dos indivíduos de autofecundação pelo desbaste, o qual foi realizado com base no valor genético e foram selecionados em torno de 50% das plantas vivas.

Cruzamentos contribuem na manutenção e ampliação da diversidade genética nas populações devido à recombinação de genótipos. Isso é favorável à manutenção da viabilidade evolutiva das populações, pois a diversidade genética é a matéria-prima da evolução, bem como do melhoramento genético (SEBBENN, 2006; MANOEL *et al.*, 2012).

10 CONCLUSÃO

Existe variação genética nos caracteres de crescimento e qualidade da madeira nos dois testes de progênies de *E. grandis*. As correlações genéticas encontradas para DAP e ALT permite a realização de uma seleção indireta. Os ganhos genéticos previstos com a formação dos Pomares foram expressivos e mantiveram uma boa diversidade genética.

Foi possível formar pomares de sementes por mudas promissoras, pois os níveis de diversidade genética são elevados, com ausência de endogamia significativa e um número alto de árvores polinizadoras.

REFERÊNCIAS

- ALVARES, C. A.; SENTELHAS, P. C.; MATTOS, E. M.; MIRANDA, A. C.; ORAES, W. B.; SILVA, P. H. M.; FURTADO, E. L.; STAPE, J. L. Climatic suitability zones for *Eucalyptus rust* in Brazil. **Forest Pathology**, Hamburg, v. 47, n. 1, p. 1-17, 2016.
- ALVES, P. F.; SILVA, J. M.; PAULA, D. R. *et al.*, Diversidade genética e sistema de reprodução em uma população base de *Eucalyptus camaldulensis* dehn. procedente de Katherine River, Austrália. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 21, n. 2, p. 169-179, 2009.
- ANDRADE, M. C.; SIQUEIRA, L.; ODA, S.; MEDEIROS, R. N.; TAMBARUSSI, E. V. Genetic variability in progenies of *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla* for tolerance to hydric deficit. **Floresta**, Curitiba, v. 48, n. 4, p. 543-552, 2018.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE NORMAS TÉCNICAS. **ABNT NBR 11941**: madeira: determinação da densidade básica. Rio de Janeiro: ABNT, 2003.
- BANDARA, K. M. A.; ARNOLD, R. J. Genetic variation of growth and log end-splitting in second-generation *Eucalyptus grandis* in Sri Lanka. **Australian Forestry**, Queen Victoria, v. 80, n. 4, 2p. 64-271, 2017.

- BARROS, S. S. **Forma do fuste e qualidade da madeira de eucalipto em diferentes espaçamentos e níveis de desbaste**. 2019. 72 f. Dissertação (Mestrado em Ciência florestal) - Universidade Federal do Espírito Santo, Jerônimo Monteiro, 2019.
- BERG, G. J. V.; VERRYIN, S. D.; CHIRWA, P. W.; DEVENTER, f. V. Genetic parameters and genotype by environment interaction of *Eucalyptus grandis* populations used in intraspecific hybrid production in South Africa, **Southern Forests: a Journal of Forest Science**, Prague, v. 79, n. 4, p. 287-295, 2017.
- BERNARDI, C. M. M. **Desempenho de progênies e clones de *Eucalyptus grandis* Hill ex. Maiden em sistema silvipastoril**. 2018. 125 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2018.
- 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**, Piracicaba, v. 45, n. 114, p. 405-413, 2017.
- BRONDANI, R. P. V.; BRONDANI, C.; TARCHINI, R.; GRATTAPAGLIA, D. Development, characterization and mapping of microsatellite markers in *Eucalyptus grandis* and *E. urophylla*. **Theoretical and Applied Genetics**, Stuttgart, v. 97, n. 5, p. 816-827, 1998.
- BRONDANI, R. P. V.; WILLIAMS, E. R.; BRONDANI, C.; GRATTAPAGLIA, D. A microsatellite-based consensus linkage map for species of *Eucalyptus* and a novel set of 230 microsatellite markers for the genus. **BMC Plant Biology**, Londres, v. 20, n. 6, p. 1-16, 2006.
- BURGESS, I. P.; WILLIAMS, E. R.; BELL, J. C.; HARWOOD, C. E.; OWEN, J. V. The effect of outcrossing rate on the growth of selected families of *Eucalyptus grandis*. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 45, n. 2, p. 97-100, 1996.
- BUTCHER, P. A.; WILLIAMS, E. R. Variation in outcrossing rates and growth in *Eucalyptus camaldulensis* from the Petford Region, Queensland; Evidence of Outbreeding Depression. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 51, n. 1, p. 6-12, 2002.
- CAPPA, E. P.; KLAPSTE, J.; GARCIA, M. N.; VILLALBA, P. V.; POLTRI, S. N. M. SSRs, SNPs and DArTs comparison on estimation of relatedness and genetic parameters precision from a small half-sib sample population of *Eucalyptus grandis*. **Molecular Breeding**, Dordrecht, v. 36, n. 97, 2016.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N. D.; REIS, R. C.P.; SOUZA, J. R.; JOST, E. Comparação de métodos de agrupamento para o estudo da divergência genética em cultivares de feijão. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 38, n. 8, p. 2138-2145, 2008.
- CERQUEIRA, C. L.; MÔRA, R.; TONINI, H.; SOUZA, H. S.; VENDRUSCOLO, D. G. S. Equações de volume para eucalipto em sistemas de integração lavoura-pecuária-floresta. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE SISTEMAS AGROFLORESTAIS, 10. 2016, Cuiabá. **Anais [...]** Cuiabá: UFMT, 2016. p. 1-3.

CHERELLI, S. G. **Cerne e alburno em eucaliptos: influência da espécie e da idade nas propriedades tecnológicas**. 2019. 152 f. Dissertação (Mestrado em Ciência Florestal) - Faculdade de Ciências Agronômicas, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 2015.

COCKERHAM, C. C. Variance of gene frequencies. **Evolution**, Lancaster, v. 23, n. 1, p.72-84, 1969.

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

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

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

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

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

DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, Rockville, v. 12, n. 1, p. 13–15, 1990.

EVANGELISTA, W.V. **Caracterização da madeira de clones de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. e *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake, oriunda de consórcio agrossilvipastoril**. 2007. 120 f. Dissertação (Mestrado em Ciência Florestal) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2007.

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

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

FARIA, D. A.; MAMANI, E. M. C.; PAPPAS, M. R.; PAPPAS Jr., G. J.; GRATTAPAGLIA, D. A selected set of EST-Derived microsatellite, polymorphic and transferable across 6 species of *Eucalyptus*. **Journal of Heredity**, Oxford, n. 4, p. 512-520, 2010.

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

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

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

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

GOUDET, J. FSTAT. (Version 2.9.3.2.): a computer program to calculate *F*-statistics. **Heredity**, Londres, v. 86, n. 6, p. 485-486, 1995.

HARDNER, C. M.; VAILLANCOURT, R. E.; POTTS, B. M. Stand density influences outcrossing rate and growth of open-pollinated families of *Eucalyptus globulus*. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 45, n.4, p. 226 -228, 1996.

HENRIQUES, E. P.; MORAES, C. B.; SEBBENN, A. M.; TOMAZELLO FILHO, M.; MORAES, M. L. T.; MORI, E. S. Genetic parameters estimates for silvicultural traits and wood density in *Eucalyptus urophylla* progeny test. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 45, n. 113, p. 119-128, 2017.

HORSLEY, T. N.; JOHNSON, S. D. Is *Eucalyptus* cryptically self-incompatible? **Annals of Botany**, Oxford, v. 100, n. 6, p. 1373-1378, 2007.

HORSLEY, T. N.; JOHNSON, S. D. Relative success of self and outcross pollen after mixed- and single-donor pollinations in *Eucalyptus grandis*. **Southern Forests**, Grahamstown v. 72, n. 1, p. 9 - 12, 2010.

HUNG, T. D.; BRAWNER, 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. 1, p. 205–217, 2015.

IBÁ, Indústria brasileira de árvores. **Relatório IBÁ 2020**. 66 p. 2020. Disponível em: <https://iba.org/datafiles/publicacoes/relatorios/relatorio-iba-2020.pdf>. Acesso: 05 jan. 2021.

JIABIN, L. V.; CHANGRONG, L. I.; CHANGPIN, Z.; JIANBO, C.; FAGEN, L. I.; QIJIE, W.; MEI, L.; YAQIN, W.; SHENGKAN, C.; JIANCHENG, C.; SIMING, G. Genetic diversity analysis of a breeding population of *Eucalyptus cloeziana* F. Muell. (Myrtaceae) and extraction of a core germplasm collection using microsatellite markers. **Industrial Crops and Products**, Amsterdam, v. 145, p. 1 - 8, 2020.

JONES, E. M.; SHEPHERD, M.; HENRY, R.; DELVES, A. Pollen flow in *Eucalyptus grandis* determined by paternity analysis using microsatellite markers. **Tree Genetics & Genomes**, Berlin, v. 1, n. 4, p. 37-47, 2008.

JUNGHANS, T. G.; PETERS, R. I.; BERTOLUCCI, F. L.; ALFENAS, A. C. The use of self-incompatibility in the production of hybrid eucalyptus seed by Aracruz Celulose in Brazil. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 21, n. 3, p. 375-379, 1998.

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

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

MANFIO, C. E.; MOTOIKE, S. Y.; RESENDE, M. D. V.; SANTOS, C. E. M.; SATO, A. Y. Avaliação de progênes de macaúba na fase juvenil e estimativas de parâmetros genéticos e diversidade genética. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 32, n. 69, p. 63-68, 2012.

MANOEL, R. O.; CARDIN, L. T.; MOREIRA, J. P.; SILVA, E. C. B.; SENNA, S. N.; KUBOTA, T. Y. K.; FREITAS, M. L. M.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Sistema de reprodução, parentesco e tamanho efetivo em sementes de polinização livre de populações fragmentadas de *Copaifera langsdorffii* Desf. por análise de locos microssatélites. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 40, n. 94, p. 145-155, 2012.

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

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

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

MATSCHINER, M.; SALZBURGER, W. TANDEM: integrating automated allele binning into genetics and genomics workflows. **Bioinformatics**, Oxford, v. 25, n. 15, p. 1982-1983, 2009.

MIMURA, M.; BARBOUR, R. C.; POTTS, B. M.; VAILLANCOURT, R. E.; WATANABE, K. N. Comparison of contemporary mating patterns in continuous and fragmented *Eucalyptus globulus* native forests. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 18, p. 4180 – 4192, 2009.

MIRANDA, A. C. **Caracterização e comparação da diversidade genética de populações de *Eucalyptus grandis* por meio de marcadores moleculares e características quantitativas**. 2016. 84 f. Tese (Doutorado em Ciência florestal) - Faculdade de Ciências Agrônômicas, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 2016.

MIRANDA, A. C.; MORAES, M. L. T.; SILVA, P. H. M.; SEBBENN, A. M. Genetic gain in the selection by multieffects index in openpollinated progenies of *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 43, n. 105, p. 1 -7, 2015.

MIRANDA, A. C.; SILVA, P. H. M.; MORAES, M. L. T.; LEED, D. J.; SEBBENN, A. M. Investigating the origin and genetic diversity of improved *Eucalyptus grandis* populations in Brazil. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 448, p. 130 – 138, 2019.

MORA, A. L.; GARCIA, C. H. **A cultura do eucalipto no Brasil**. São Paulo: sociedade Brasileira de Silvicultura, 2000. 112 p.

MORAES, M. L. T. **Variação genética da densidade básica da madeira em progênies de *Eucalyptus grandis* Hill ex. Maiden e suas relações com as características de crescimento**. 1987. 129 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1987.

MORAES, C. B.; BRIZOLLA, T. F.; TEIXEIRA, L. G.; ZIMBACK, L.; TAMBARUSSI, E. V.; CHAVES, R.; MORAES, M. L. T.; MORI, E. S. Estimates of genetic parameters for selection of trees in *Eucalyptus*. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 42, n. 104, p. 623–629, 2014.

MORAN, G. F.; BELL, J. C. *Eucalyptus*. In: TANKSLEY, S. D.; ORTON, T. J. (ed.). **Isozymes in plant genetics and breeding**, Amsterdam: Springer, 1983. p. 423-441.

NASCIMENTO, W. M. O.; GURGEL, F. L.; BHERING, L. L.; RIBEIRO, O. D. Pré-melhoramento do camucamuzeiro: estudo de parâmetros genéticos e dissimilaridade. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 61, n. 4, p. 538-543, 2014.

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

OLIVEIRA, T. W. G.; HIGA, A. R.; SILVA, L. D. Genetic parameters in open pollination progenies test of *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 46, n. 118, p. 229-240, 2018.

PATTERSON, B.; VAILLANCOURT, R. E.; PILBEAM, D. J.; POTTS, B. M. Factors affecting variation in outcrossing rate in *Eucalyptus globulus*. **Australian Journal of Botany**, Melbourne, v. 52, n. 6, p. 773 - 780, 2004.

PEREIRA, B. L. C.; OLIVEIRA, A. C.; CARVALHO, A. M. M. L.; CARNEIRO, A. C. O.; VITAL, B. R.; SANTOS, L. C. Correlações entre a relação Cerne/Alburno da madeira de eucalipto, rendimento e propriedades do carvão vegetal. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 41, n. 98, p. 217-225, 2013.

PINTO JÚNIOR, J. E.; GARLIPP, R. C. D. Eucalipto. In: ALBUQUERQUE, A. C. S.; SILVA, A. G. **Agricultura tropical: quatro décadas de inovações tecnológicas, institucionais e políticas**. Brasília, DF: Embrapa Informações Tecnológica, 2008. p. 801-822.

PUPIN, S.; SEBBENN, A. M.; CAMBUIM, J.; SILVA, A. M.; ZARUMA, D. U. G.; SILVA, P. H. M.; ROSSE, L. N.; SOUZA, I. C.; MARINO, C. L.; MORAES, M. L. T. Effects of pollen contamination and non-random mating on inbreeding and outbreeding depression in a

seedling seed orchard of *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 437, p. 272 - 281, 2019.

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

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 2.ed. Lavras: UFLA, 2005. 322 p.

RESENDE, M. D. V. **Genética quantitativa e de populações**. Viçosa: Suprema. 2015. 463 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. Software Selegen – REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 16, p. 330-339, 2016.

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

RESENDE, M. D. V.; SIMEÃO, R. M.; STURION, J. A. Fundamentos de genética de populações para conservação de germoplasma da erva mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.). In: CONGRESSO SUL-AMERICANO DA ERVA-MATE; REUNIÃO TÉCNICA DO CONE SIL SOBRE A CULTURA DA ERVA-MATE, 2. 1997, Curitiba. **Anais [...]** Colombo: Embrapa-CNPQ, 1997. p. 173-207.

RESENDE, M.; SOUZA, S. M.; HIGA, A. R.; STEIN, P. P. **Study of genetic variation and selection methods in *Acacia mearnsii* progeny test in Rio Grande do Sul**. [S. l.: s. n.], 1991. p. 45-59 (Boletim de Pesquisa Florestal, 22).

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

REZENDE, G. D. S. P.; RESENDE, M. D. V.; ASSIS, T. F. *Eucalyptus* breeding for clonal forestry. In: FENNING, T. (ed.). **Challenges and opportunities for the world's forests in the 21 st century**. Amsterdam: Springer, 2014. p. 393-424.

RIBEIRO, M. M.; SANCHEZ, L.; RIBEIRO, C.; CUNHA, F.; ARAÚJO, J.; BORRALHO, N. M. G.; MARQUES, C. A case study of *Eucalyptus globulus* fingerprinting for breeding. **Annals of Forest Science**, Les Ulis, v. 68, p. 701 – 714, 2011.

RITLAND, K. Extensions of models for the estimation of mating systems using *n* independent loci. **Heredity**, Londres, v. 88, n. 4, p. 221-228, 2002.

RITLAND, K. Correlated matings in the partial selfer *Mimulus guttatus*. **Evolution**, Lancaster, v. 43, n. 4, p. 848-859, 1989.

RITLAND, K.; JAIN, S. A model for the estimation of outcrossing rate and gene frequencies using independent loci. **Heredity**, Londres, v. 47, n. 1, p. 35-52, 1981.

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

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

ROSADO, A. M.; ATAPIDE, G. M.; CASTRO, R. V. O.; CORREIA, A. C. G. Avaliação da tolerância à quebra por vento em árvores de eucalipto via teste de resistência. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 33, n. 75, p. 309-315, 2013.

SANSALONI, C. P. **Desenvolvimento, caracterização e mapeamento de microssatélites de tetra e pentanucleotídeos em *Eucalyptus* spp.** 2008. 114 f. Dissertação (Mestrado em Biologia Molecular) - Universidade de Brasília, Brasília, DF, 2008.

SANTOS, E. T. **Avaliação de características tecnológicas de madeira para serraria em progênies de polinização aberta de eucalipto e implicações para o melhoramento genético.** 2002. 174 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2002.

SANTOS, G. O.; HERNANDEZ, F. B. T. Uso do solo e monitoramento dos recursos hídricos no córrego do Ipê, Ilha Solteira, SP. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, v. 17, n. 1, p. 60-68, 2012

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

SANTOS, O. P. **Produtividade, qualidade da madeira e interação genótipo x ambiente do *Eucalyptus dunnii* Maiden no sul do Brasil.** 2019. 97 f. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2019.

SANTOS, O. P.; CARVALHO, I. R.; SZARESKEI, V. J.; PELEGRIN, A. J.; BARBOSA, M. H.; LAUTENCHLEGER, F.; CONTE, G. G.; PIMENTEL, R.; TROYJACK, C.; VILLELA, F. A. PEDÓ, T.; SOUZA, V. Q. Multivariate approach in eucalyptus breeding and its effect on genotype x environment interactions. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 17, n. 3, p. 1-12, 2018.

SEBBENN, A. M. Sistema de reprodução em espécies arbóreas tropicais e suas implicações para a seleção de árvores matrizes para reflorestamentos ambientais. *In*: HIGA, A. R.;

SILVA, L. D. **Pomares de sementes de espécies florestais nativas**. Curitiba: FUPEF, 2006. p. 93–138.

SEBBENN, A. M.; SIQUEIRA, A. C. M. F.; KAGEYAMA, P. Y.; MACHADO, J. A. R. Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva – *Myroxylon peruiferum* L.F. Allemão. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 53, p. 31-38, 1998.

SEBBENN, A.M. Número de árvores matrizes e conceitos genéticos na coleta de sementes para reflorestamentos com espécies nativas. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 14, n. 2, p. 115-132, 2002.

SEBBENN, A.M. Sistema de Reprodução. In: CURSO de genética de populações de espécies arbóreas. Ilha solteira: Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2017.

SEVERO, E. T. D. Qualidade da secagem de madeira serrada de *Eucalyptus dunnii*. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 10, n. 1, p. 109-124. 2000.

SHANG, X.; ARNOLD, R. J.; WU, Z.; ZHANG, P.; LIU, G.; LUO, J.; ZHAN, N. Combining Quantitative Data on Growth, Wood Density and Other Traits with SSR Markers to Evaluate Genetic Diversity and Structure in a Planted Population of *Eucalyptus camaldulensis* Dehn. **Forests**, Alban-Anlage, v. 10, n. 1090, p. 1 – 19, 2019.

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

SILVA, P. H. M.; POGGIANI, F.; LIBARDI, P. L.; GONÇALVES, A. N. Fertilizer management of eucalypt plantations on sandy soil in Brazil: Initial growth and nutriente cycling. **Forest Ecology Management**, Amsterdam, v.301, n. 1, p. 67-68, 2013.

SONG, Z.; ZHANG, M.; LI, F.; WENG, Q.; ZHOU, C.; LI, M. LI, J.; HUANG, H.; MO, X.; GAN, S. Genome scans for divergent selection in natural populations of the widespread hardwood species *Eucalyptus grandis* (Myrtaceae) using microsatellites. **Scientific Reports**, Londres v. 6, n. 34941, p. 1 – 13, 2016.

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

SOUZA, H. G.; DORIA, K. M. A. B. S.; BASSETO, M. A.; ROSA, D. D.; FURTADO, E. L.; MARINO, C. L. Diversidade genética em populações-núcleo de *Eucalyptus grandis*. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 32, n. 4, p. 621-625, 2010.

SUMATHI, M.; YASODHA, R. Microsatellite resources of *Eucalyptus*: current status and future perspectives. **Botanical Studies**, Heidelberg, v. 55, n. 73, p. 1-18, 2014.

TAMBARUSSI, E. V.; LIMA, B. M.; QUEIROZ, R. C.; PERES, F. S. B.; DIAS, D. C.; PAGLIARINI, M. K.; PEREIRA, F. B.; ROSA, J. R.B.F.; REZENDE, G. D. S. P. Estimate of

genetic parameters for early selection in clones of *Eucalyptus* spp. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 45, n. 115, p. 507-517, 2017.

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP. Faculdade de Engenharia. Área de Hidráulica e Irrigação. **Canal Clima**. 2021. Disponível em: <http://cli.ma.feis.unesp.br>. Acesso em: 09 jan. 2021.

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

VARGHESE, M.; HARWOOD, C. E.; HEGDE, R.; RAVI, N. Evaluation of provenances of *Eucalyptus camaldulensis* and clones of *E. camaldulensis* and *E. tereticornis* at contrasting sites in Southern India. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 57, n. 3, p. 170 – 179, 2009.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (ed.). **Melhoramento e produção de milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v. 1. p. 137-214.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.

YANG, H.; LIAO, H.; ZHANG, W.; PAN, W. Genome-wide assessment of population structure and genetic diversity of *Eucalyptus urophylla* based on a multi-species single-nucleotide polymorphism chip analysis. **Tree Genetics & Genomes**, Heidelberg, v. 16, n. 39, p. 1 - 11, 2020.

ZANATTO, B. **Divergência genética entre progênies de polinização aberta de *Eucalyptus tereticornis* Smith para caracteres de crescimento e tecnológicos da madeira**. 2019. 72 f. Dissertação (Mestre em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2019.

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

APÊNDICE A - Equações testadas (5) para estimativas de DBM, HCO e RCA

$$Y_1 = \beta_0 + \beta_1.ALT + \beta_2.DAP$$

$$Y_2 = \beta_0 + \beta_1.ALT + \beta_2.DAP + \beta_3.ALT^2$$

$$Y_3 = \beta_0 + \beta_1.ALT + \beta_2.DAP + \beta_3.DAP^2$$

$$Y_4 = \beta_0 + \beta_1.ALT + \beta_2.DAP + \beta_3.ALT^2 + \beta_4.DAP^2$$

$$Y_5 = \beta_0 + \beta_1.ALT + \beta_2.DAP + \beta_3.ALT^2 + \beta_4.DAP^2 + \beta_5.ALT.DAP$$

APÊNDICE B - Formação de grupos com base nas distâncias de Mahalanobis (D2) para os caracteres de crescimento em dois testes de progênies de *Eucalyptus grandis*, no município de Selvíria-MS

EXP	Grupo	Progênies (EXP 1)	Total	ALT	DAP	DBM	HCO	RCA	VOL
1	I	1 2 3 4 5 7 9 10 12 15 16 17 19 20 21 23 24 26 27 29 30 31 33 34 38 39 41 43 44 45 64 65 66 67 69 70 71 73 76 77 80 81 82 84 85 86 87 88 89 90 91 92 94 95 96 99 100 101 102 103 105 106 109 110 111 113 114 116 117 119 120 121 123 124 125 126 129 130 131 132 133 134 136 138 139 141 142 144 145 146 150 151 152 153 154 157 158 159 160 161 163 164 165	103	19,10	15,30	0,50	14,20	1,00	0,20
	II	22 74 108 128 148	5	19,37	15,12	0,51	14,18	1,62	0,20
	III	35 72 75 83 98 112	6	17,50	13,80	0,40	10,10	1,20	0,20
	IV	8 18 36 42 93 97 115	7	20,12	16,79	0,51	13,05	1,07	0,24
	V	28 40 62 118 122 140	6	19,30	15,30	0,40	15,40	1,20	0,30
	VI	107 135	2	19,80	15,10	0,40	13,30	0,80	0,20
	VII	6 11	2	20,30	19,00	0,50	15,20	1,20	0,20
	VIII	25 79 155 156	4	20,80	19,20	0,50	16,40	1,10	0,60
	IX	13 14	2	19,17	14,90	0,53	14,01	0,98	19,17
	X	149	1	19,40	17,30	0,50	13,90	0,50	0,40
	XI	137	1	18,10	14,20	0,40	12,60	1,10	0,40
	XII	37	1	20,20	15,30	0,40	14,60	0,50	0,40
	XIII	104	1	19,30	15,70	0,50	14,20	1,90	0,50
	XIV	162	1	21,40	21,24	0,48	17,99	1,11	0,51
	XV	127	1	15,90	12,80	0,40	11,20	1,40	0,20
	XVI	143	1	20,60	18,39	0,49	17,58	0,59	0,27
	XVII	32	1	19,50	16,50	0,40	13,00	1,60	0,30
	XVIII	147	1	20,90	19,70	0,50	17,90	1,30	0,40
	XIX	78	1	14,58	12,20	0,48	9,42	0,83	0,12
2	I	1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 13 14 16 17 18 20 21 23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39 40 41 42 43 44 45 46 48 49 50 51 52 53 54 55 56 57 58 59 60 61 62 63 64 65 66 67 68	63	8,35	7,68	0,21	4,33	0,44	0,10
	II	12 15	2	9,42	9,61	0,25	4,54	0,96	0,07
	III	19 22	2	7,59	6,92	0,19	3,75	0,53	0,21
	IV	47	1	8,84	8,04	0,18	3,32	0,57	0,10

Fonte: Elaboração do próprio autor.

ANEXO A – Equações de volumes

N	Equação	Autor
1	$V = \beta_0 * DAP^{\beta_1} * HT^{\beta_2} + \varepsilon$	Schumacher-Hall - não linear
2	$Ln(V) = \beta_0 + \beta_1 Ln(DAP^2 HT) + \varepsilon$	Spurr
3	$Ln(V) = \beta_0 + \beta_1 Ln(DAP) + \varepsilon$	Husch
4	$V = \beta_0 + \beta_1 DAP + \beta_2 * DAP^2 + \varepsilon$	Horenad e Krenn
5	$Ln(V) = \beta_0 + \beta_1 * Ln(DAP) + \beta_2 * Ln(HT) + \varepsilon$	Shumacher-Hall - linear
6	$V = \frac{DAP^2 HT}{\beta_0 + \beta_1 DAP} + \varepsilon$	Takata

DAP = diâmetro com casca a 1,3 m de altura (cm); HT = altura total (m); Ln= logaritmo neperiano; β_i = coeficientes determinados por regressão; ε = erro aleatório.

Fonte: Cerqueira *et al.* (2016)