

RESSALVA

Atendendo solicitação do(a) autor(a), o texto completo será disponibilizado somente a partir de 29/01/2027

At the author's request, the full text will not be available online until January 29, 2027

DANDARA YASMIM BONFIM DE OLIVEIRA SILVA

**ESTRATÉGIAS PARA A CONSERVAÇÃO *EX SITU* E USO DE
POPULAÇÕES DE *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake UTILIZANDO ANÁLISES
CLÁSSICAS E DE COALESCÊNCIA**

Botucatu

2025

DANDARA YASMIM BONFIM DE OLIVEIRA SILVA

**ESTRATÉGIAS PARA A CONSERVAÇÃO *EX SITU* E USO DE
POPULAÇÕES DE *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake UTILIZANDO ANÁLISES
CLÁSSICAS E DE COALESCÊNCIA**

Tese apresentada à Faculdade de Ciências
Agronômicas da Unesp Câmpus de Botucatu, para
obtenção do título de Doutor em Ciência Florestal.

Orientador(a): Prof. Dr. Evandro Vagner
Tambarussi

Coorientadores:

Dra. Aline Cristina Miranda Fernandes

Dr. João Ricardo Bachega Feijó Rosa

Dr. Jose Wilacildo de Matos

Botucatu

2025

S586e

Silva, Dandara Yasmim Bonfim de Oliveira

Estratégias para a conservação ex situ e uso de populações de *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake utilizando análises clássicas e de coalescência / Dandara Yasmim Bonfim de Oliveira Silva. -- Botucatu, 2025

123 p.

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrônômicas, Botucatu

Orientador: Evandro Vagner Tambarussi

Coorientador: João Ricardo Bacheга Feijó Rosa

1. Conservação Genética. 2. Genômica Populacional. 3. Fluxo gênico. 4. Ganho Genético. 5. Melhoramento Genético. I. Título.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA TESE: ESTRATÉGIAS PARA A CONSERVAÇÃO EX SITU E USO DE POPULAÇÕES DE *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake UTILIZANDO ANÁLISES CLÁSSICAS E DE COALESCÊNCIA

AUTORA: DANDÁRA YASMIM BONFIM DE OLIVEIRA SILVA

ORIENTADOR: EVANDRO VAGNER TAMBARUSSI

COORDENADORA: ALINE CRISTINA MIRANDA FERNANDES

COORDENADOR: JOSÉ WILACILDO DE MATOS

COORDENADOR: JOÃO RICARDO BACHEGA FEIJÓ ROSA

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Doutora em Ciência Florestal, pela Comissão Examinadora:

Prof. Dr. EVANDRO VAGNER TAMBARUSSI (Participação Presencial)
Produção Vegetal / FCA UNESP Botucatu

gov.br
Documento assinado digitalmente
EVANDRO VAGNER TAMBARUSSI
Data: 29/01/2025 13:05:09-0300
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

Pesquisadora Dr.ª IZABEL CHRISTINA GAVA DE SOUZA (Participação Presencial)
Pesquisa e Biotecnologia Florestal / Suzano Papel e Celulose

gov.br
Documento assinado digitalmente
IZABEL CHRISTINA GAVA DE SOUZA
Data: 29/01/2025 13:13:59-0300
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

Prof. Dr. EVANDRO NOVAES (Participação Virtual)
Departamento de Biologia / Universidade Federal de Lavras - Instituto de Ciências Naturais

gov.br
Documento assinado digitalmente
EVANDRO NOVAES
Data: 29/01/2025 16:46:09-0300
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

Pesquisador Dr. THIAGO ROMANOS BENATTI (Participação Virtual)
Genômica e Seleção Molecular / Suzano Papel e Celulose S.A.

gov.br
Documento assinado digitalmente
THIAGO ROMANOS BENATTI
Data: 29/01/2025 16:56:47-0300
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

Pesquisadora Dr.ª MARIA IMACULADA ZUCCHI (Participação Virtual)
/ Agência Paulista de Tecnologia do Agronegócio

gov.br
Documento assinado digitalmente
MARIA IMACULADA ZUCCHI
Data: 29/01/2025 13:28:22-0300
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

Botucatu, 29 de janeiro de 2025

Aos meus pais, Edna e Leilson, e a minha vó
Maria Barbosa,
dedico

AGRADECIMENTOS

Primeiramente à Deus por estar me proporcionando viver mais este momento, por cuidar do meu bem mais precioso, minha família, enquanto estive longe esses mais de 10 anos. Obrigada por nunca me desamparar, por me dar forças nos momentos difíceis e por me fazer corajosa para seguir nesta jornada que tanto amo e escolhi para a minha vida. Só nós dois sabemos o quanto esse caminho é desafiador, marcado por inúmeras renúncias, mas em todas senti a tua presença e amparo. Ao rezar o “Pai Nosso” e dizer “seja feita a Tua vontade”, renovo minha entrega para que os meus passos, decisões e sonhos estejam sempre alinhados com os Teus propósitos, Pai.

À minha família, que sonhou os meus sonhos junto comigo, oferecendo incentivo, apoio emocional e financeiro ao longo desses anos, e celebrando cada uma das minhas conquistas como se fossem suas. Minha eterna gratidão à minha mãe, Edna Bonfim, ao meu pai, Leilson Barbosa, à minha avó, Maria Barbosa, aos meus irmãos, Danielle Cristina e Antônio Thiago, e aos meus sobrinhos, Felipe Antônio e Francisco Emanuel. Vocês são e sempre serão o meu combustível diário, a força que me impulsiona a seguir em frente.

À Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, a Faculdades de Ciências Agrônomicas (FCA-Botucatu), e ao Programa de Pós-graduação em Ciência Florestal, agradeço a oportunidade de fazer parte desta comunidade acadêmica de excelência. Sou grata pelos recursos, infraestrutura e suporte oferecidos durante minha formação. Agradeço, em especial, aos docentes e colaboradores do programa, que compartilharam conhecimento, inspiração e orientação ao longo da minha passagem por aqui. O acolhimento da comunidade teve um papel determinante na minha trajetória acadêmica e profissional, e levarei esse aprendizado comigo por toda a vida.

Ao meu orientador, Dr. Evandro Vagner Tambarussi, minha profunda gratidão pela confiança, pela oportunidade, pela orientação cuidadosa e pelos incentivos ao longo desses seis anos de convivência acadêmica. Obrigada por ser um profissional brilhante, um professor de humildade admirável e generosidade inspiradora. Sua dedicação e paixão pelo que faz são uma fonte constante de inspiração, tanto profissional quanto pessoal. Sinto-me honrada e orgulhosa em tê-lo como orientador e em carregar o seu nome nos meus diplomas, ao mesmo tempo em que reconheço a grande responsabilidade que tenho de honrar esse legado daqui para frente. Serei

eternamente grata por tudo o que aprendi sob sua orientação e por todo o apoio que sempre me deu, seja nos desafios acadêmicos, seja nos momentos difíceis ao longo dessa caminhada.

Aos meus coorientadores, Dr. João Ricardo Bachega Feijó Rosa, Dra. Aline Cristina Miranda Fernandes e Dr. José Wilacildo de Matos, minha profunda gratidão por acreditarem em mim e por me ajudarem a enxergar que o que estávamos propondo era não apenas viável, mas que eu seria capaz de realizá-lo. Ao Prof. João, meu agradecimento especial por, literalmente, pegar na minha mão e me guiar pelos caminhos desafiadores da Teoria da Coalescência. Sua orientação foi essencial para a concretização deste trabalho, para o desenvolvimento do estudo e, principalmente, para o meu crescimento acadêmico e pessoal.

Ao Sr. Shinitiro Oda, meu muito obrigada por todo o conhecimento compartilhado comigo sobre “o mundo dos *Eucalyptus*” durante esses anos. Obrigada pelo tempo doado ao nosso trabalho, pelos diversos encontros e debates realizados. Obrigada pelas informações sobre origem e histórico desse material, pois foram importantes, essenciais e norteadoras para minhas buscas. Obrigada também por continuar sempre presente nas nossas discussões.

À Empresa Suzano, meu profundo agradecimento pelo apoio no desenvolvimento deste trabalho, que foi muito além do suporte financeiro. O envolvimento efetivo de diversos profissionais foi essencial em todas as etapas, desde o planejamento, coleta de material vegetal, genotipagem, suporte técnico e científico no gerenciamento dos dados, até as reuniões técnico-científicas realizadas ao longo do último ano. Minha eterna gratidão à Dra. Izabel Christina Gava de Souza, coordenadora do Projeto de Conservação da empresa, no qual este projeto de tese está inserido. Sua dedicação e empenho foram fundamentais para que os dados estivessem disponíveis em tempo hábil para a defesa. Estendo também minha gratidão ao Sr. Alceu Prestes Pinheiro, a Cícero Batista Dias e a Ailton Silva pelo apoio nas atividades de campo. Um agradecimento especial também ao Dr. Thiago Romanos Benatti e Dr. Itaraju Junior Baracuhly Brum pelo suporte crucial na genotipagem dos dados. Pode-se verificar que este trabalho é fruto de um esforço coletivo, e cada contribuição foi essencial para a sua realização.

Ao Professor Peter Beerli, da Universidade da Flórida, pelo suporte com o software MIGRATE. Professor, muito obrigada por sempre mostrar-se muito solícito e atencioso em cada contato que obtivemos durante esses os últimos dois anos.

Ao Laboratório de Melhoramento de Plantas de Espécies Agrícolas e Florestais (Lampaf), coordenado pelos Professores Dr. Evandro Vagner Tambarussi e Dra. Maria Paula Barion Alves Nunes, minha sincera gratidão por me acolherem com tanto carinho e por proporcionarem um ambiente de harmonia, aprendizado, colaboração e companheirismo. O apoio e as trocas vivenciadas no *lab* foram especiais e importante para o desenvolvimento deste e de outros trabalhos realizados durante o período do meu doutorado.

Aos membros da banca examinadora, Prof. Dr. Evandro Novaes (UFLA), Dra. Izabel Christina Gava de Souza (Suzano S.A), Profa. Dra. Maria Imaculada Zucchi (USP/Esalq) e Dr. Thiago Romanos Benatti (Suzano S.A), meu agradecimento pela disponibilidade em participar deste momento tão importante e pelas valiosas contribuições oferecidas ao trabalho.

À minha amiga e parceira de todas as horas, Thaís Alves da Mota, minha eterna gratidão. Thaís, obrigada por caminhar comigo durante esses quatro anos, pelo apoio e por me acolher como parte da sua família, emprestando-me o carinho deles em momentos que fizeram toda a diferença. Sua amizade é um presente que levo da pós-graduação para a vida. Aos meus colegas e amigos que também compartilharam essa trajetória comigo, desde o mestrado, meu mais sincero agradecimento. Obrigada pelos momentos de descontração, pelas risadas que trouxeram leveza ao caminho e pelos momentos de lazer que renovaram as energias. Sou muito grata pela ajuda nos desafios, pelas conversas que me deram força e pelo esforço em amenizar a saudade da minha família. Vocês foram fundamentais nessa caminhada.

Ao Núcleo de Computação Científica (NCC/GridUNESP) da Universidade Estadual Paulista (UNESP). À instituição, registro minha sincera gratidão pelo suporte essencial ao desenvolvimento deste trabalho.

Por fim, mas de forma alguma menos importante, agradeço de coração a todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho. Cada gesto de apoio, cada palavra de incentivo e cada contribuição, por menor que parecesse, foi essencial para que este momento se tornasse realidade. Sou e sempre serei eternamente grata a cada um de vocês.

*Tudo o que um sonho precisa para ser realizado é alguém que acredite que ele
possa ser realizado.*

(Roberto Shinyashiki)

RESUMO

No presente trabalho, foi realizada uma avaliação detalhada de cinco populações base de *Eucalyptus urophylla*, quatro implantadas com material genético selvagem introduzido em 2006, e a outra com materiais genéticos recombinados no país, de até quarta geração. Utilizando ferramentas genômicas modernas e abordagens fundamentadas na teoria da coalescência, com o estudo buscou-se compreender a dinâmica evolutiva das populações, identificar padrões de variabilidade genética e propor estratégias eficazes para a conservação e o uso sustentável de seus recursos genéticos. O trabalho foi conduzido em três etapas principais. Primeiramente, buscou-se caracterizar o material genético em termos de histórico e diversidade, considerando que, até o momento, nenhum estudo genômico detalhado havia sido realizado nesse material, deixando desconhecida a composição genética dessas populações. Em seguida, com base nos resultados obtidos sobre diversidade e estruturação genética, investigaram-se os padrões de estruturação e os fatores evolutivos que poderiam ter moldado essa diversidade, com foco no papel do fluxo gênico como explicação para a estrutura genética observada. Por fim, foi avaliada a divergência entre as populações melhoradas e o material selvagem, além da complementaridade entre elas, com o objetivo de propor estratégias para o estabelecimento de novas populações voltadas tanto para conservação quanto para melhoramento. Também foi analisado o potencial de diversidade genética ainda não explorada de origens das ilhas da Indonésia e sua contribuição para ganhos genéticos em populações de *E. urophylla*. O trabalho está estruturado em três capítulos: Capítulo I- “Dinâmica da diversidade genética e estrutura populacional de *Eucalyptus urophylla* nas ilhas da Indonésia utilizando dados de SNP”; Capítulo II – “Análise da estrutura genética de *Eucalyptus urophylla* revela fluxo gênico histórico assimétrico entre populações da Indonésia; e Capítulo III- Diversidade Genética de populações selvagens e recombinadas de *Eucalyptus urophylla* no Brasil: suas implicações no Melhoramento genético. Os resultados evidenciam a importância de estratégias que promovam a conservação e o uso eficiente do material genético em programas de melhoramento, garantindo a sustentabilidade e a otimização dos recursos genéticos disponíveis. Esses esforços são fundamentais para a continuidade do sucesso de *E. urophylla* no contexto florestal brasileiro e global.

Palavras - chave: Conservação Genética; Genômica Populacional; Fluxo gênico; Ganho Genético; Melhoramento Genético

ABSTRACT

In this study, a detailed evaluation was conducted on five base populations of *Eucalyptus urophylla*: four established with wild genetic material introduced in 2006 and the other with recombined genetic materials within the country, which have undergone up to four cycles of selection. Using modern genomic tools and approaches grounded in coalescent theory, the study aimed to understand the evolutionary dynamics of the populations, identify patterns of genetic variability, and propose effective strategies for the conservation and sustainable use of their genetic resources. The work was carried out in three main stages. First, the genetic material was characterized in terms of its history and diversity, considering that, to date, no detailed genomic study had been performed on this material, leaving the genetic composition of these populations unknown. Next, based on the results obtained regarding diversity and genetic structure, the structuring patterns and evolutionary factors that might have shaped this diversity were investigated, with a focus on the role of gene flow as an explanation for the observed genetic structure. Finally, the divergence between the improved populations and the wild material was assessed, as well as their complementarity, with the goal of proposing strategies for establishing new populations aimed at both conservation and improvement. Additionally, the potential of unexploited genetic diversity from the Indonesian islands and its contribution to genetic gains in *E. urophylla* populations was analyzed. The study is structured into three chapters: Chapter I – “Dynamics of genetic diversity and population structure of *Eucalyptus urophylla* on the Indonesian islands using SNP data”; Chapter II – “Analysis of the genetic structure of *Eucalyptus urophylla* reveals historical asymmetric gene flow among populations in Indonesia”; Chapter III – “Genetic Diversity of wild and recombined populations of *Eucalyptus urophylla* in Brazil: implications for genetic improvement.” The results highlight the importance of strategies that promote the conservation and efficient use of genetic material in breeding programs, ensuring the sustainability and optimization of the available genetic resources. These efforts are crucial for the continued success of *E. urophylla* in the Brazilian and global forestry context.

Keywords: Genetic Conservation; Population Genomics; Gene Flow; Genetic Gain; Genetic Improvement

SUMÁRIO

	INTRODUÇÃO GERAL	19
	REFERENCIAL TEÓRICO	22
	<i>Eucalyptus urophylla</i> s. T. Blake	22
	CLASSIFICAÇÃO E TAXONOMIA	22
	CENTRO DE ORIGEM	23
	CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA	26
	INTRODUÇÃO DO <i>E. urophylla</i> NO BRASIL, IMPORTÂNCIA E MELHORAMENTO GENÉTICO	31
	DIVERSIDADE GENÉTICA DAS POPULAÇÕES NATURAIS DE <i>Eucalyptus urophylla</i>	33
	TEORIA DA COALESCÊNCIA: ABORDAGENS TRADICIONAIS E APROXIMADAS	37
	CAPÍTULO 1	42
1	DINÂMICA DA DIVERSIDADE GENÉTICA E ESTRUTURA POPULACIONAL DE <i>Eucalyptus urophylla</i> NAS ILHAS DA INDONÉSIA UTILIZANDO DADOS DE SNP.....	42
	RESUMO	42
1.1	INTRODUÇÃO	43
1.2	MATERIAL E MÉTODOS	45
1.3	RESULTADOS	50
1.4	DISCUSSÃO	55
1.5	CONCLUSÕES	60
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	62
2	CAPÍTULO 2	68
	ANÁLISE DA ESTRUTURA GENÉTICA DE <i>Eucalyptus urophylla</i> REVELA FLUXO GÊNICO HISTÓRICO ASSIMÉTRICO ENTRE POPULAÇÕES DA INDONÉSIA.....	68
	RESUMO	68
2.1	INTRODUÇÃO	68
2.2	MATERIAL E MÉTODOS	71
2.3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	76
2.4	CONCLUSÕES	80
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	82
	CAPÍTULO 3	84
3	DIVERSIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES SILVESTRES E RECOMBINADAS DE <i>Eucalyptus urophylla</i> NO BRASIL: SUAS IMPLICAÇÕES NO MELHORAMENTO GENÉTICO.....	84
	RESUMO	84
3.1	INTRODUÇÃO	85
3.2	MATERIAL E MÉTODOS	87
3.3	RESULTADOS	93
3.4	DISCUSSÃO	103
3.5	CONCLUSÕES	108
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	109
	CONSIDERAÇÕES FINAIS	113
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	115

INTRODUÇÃO GERAL

O Brasil se destaca internacionalmente quanto à sua bioeconomia (Ibá, 2024). Esse reconhecimento é fruto da integração de práticas de manejo exemplares, aliadas ao uso de tecnologias modernas, como o melhoramento genético, a biotecnologia, uso de marcadores moleculares, estudos de seleção genômica e fenotipagem (Grattapaglia, 2021), e silvicultura. Um total de 10,2 milhões de hectares no Brasil é destinado ao plantio florestal para fins industriais, sendo que 76% dessa área é dedicada ao cultivo de espécies pertencentes ao gênero *Eucalyptus* (Ibá, 2024). E um exemplo de sucesso dentre as potenciais espécies desse gênero é o *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake, cujo centro de origem contempla as ilhas da Indonésia (Pinto Júnior *et al.*, 2014; Pinto Júnior; Silveira, 2021; Pryor *et al.*, 1995).

O *E. urophylla* destaca-se por sua excelente adaptabilidade, podendo ser plantado tanto em áreas tropicais quanto subtropicais (Resende; Alves, 2021; Stape *et al.*, 2010), por sua evidenciada produtividade (Pinto-Júnior; Silveira, 2021), rusticidade, capacidade de rebrota e rápido crescimento (Rocha *et al.*, 2006; Resende; Alves, 2021). Dentre suas diversas aplicabilidades, destaca-se seu uso para produção de celulose por apresentar uma densidade básica da madeira adequada para a indústria (variando de 540 a 570 kg cm⁻³) (Moura, 1986), fabricação de painéis de fibras, atividades de serraria, confecção de postes, dormentes, energia e produção de híbridos (Payn, 2008).

Por conta dessas características, o *E. urophylla* tornou-se uma grande aposta nos programas de melhoramento genético, especialmente naqueles voltados à produção de híbridos interespecíficos (Pinto Júnior; Silveira, 2021). Pela sua evidência, importância, ecologia e valor econômico, estudos focados nas populações base, implantadas com material genético introduzido de populações naturais diretamente do centro de origem, podem ser promissores para a eficácia dos programas de melhoramento genético, identificação de novas origens/procedências e novos materiais genéticos promissores (Dvorak *et al.*, 2008).

Considerando que a origem/procedência exerce uma influência significativa na performance dos indivíduos, tanto em relação à tolerância a estresses bióticos e abióticos quanto aos caracteres de qualidade da madeira (Barros *et al.*, 2022), torna-se de suma importância a realização de estudos que busquem uma avaliação mais detalhada desse material, visando compreender o que pode explicar a variabilidade

presente observada nessas populações, e como elas estão relacionadas (Beerli *et al.*, 2019). Além disso, sabendo que a espécie possui um amplo patrimônio genético no Brasil (Moura, 2004), sua preservação integral é fundamental diante de possíveis necessidades futuras, ou mesmo emergenciais que possam surgir. Isso porque as populações bases podem ser a última esperança para restauração de muitas das origens/procedências ameaçadas futuramente (Payn, 2008). Retornar ao estudo genético nessas populações pode levar à identificação de materiais genéticos cada vez mais adaptados a restrições hídricas e climáticas severas, que possuem boas respostas às abruptas mudanças climáticas. Assim como obter informações até então não identificadas que possam contribuir para maximizar o ganho genético.

Para a utilização efetiva desse material, é imprescindível conhecer o histórico evolutivo envolvido entre famílias, origens e procedências. Além disso, é fundamental investigar os possíveis fatores evolutivos que contribuíram para tal similaridade e/ou dissimilaridade genética, avaliando se esses eventos ocorreram no passado distante ou são mais recentes, como, por exemplo, ocorrência de mutação, gargalo genético e fluxo gênico (Excoffier *et al.*, 2021). Acessar essas informações históricas é possível, uma vez que os organismos contêm em seu genoma registros de eventos evolutivos e ecológicos que esclarecem a estrutura genética de suas populações (Mather *et al.*, 2020). Inicialmente, a reconstrução histórica de uma espécie pode ser conduzida por meio da análise da sequência genômica de seus representantes atuais (Beichman *et al.*, 2018). Dessa forma, desvendar e investigar essas informações podem estimular o surgimento de novos *insights* para utilização e exploração genética de forma mais eficiente dessas populações, e garantir o equilíbrio entre conservar o patrimônio genético e obter ganhos gradativos por meio da seleção.

Diante de tais possibilidades, um objetivo compartilhado pela genômica populacional e pela ecologia molecular é reconstruir a história demográfica de uma espécie de interesse (Mather *et al.*, 2020). No caso do *E. urophylla*, cuja ocorrência natural está limitada às Ilhas da Indonésia, consideradas como parte de uma das regiões de maior biodiversidade do planeta (*hostspots*), conhecida como *Wallacea* (Payn *et al.*, 2007), é provável que tenha uma história demográfica complexa. Essa história pode ter sido influenciada por mudanças periódicas no clima durante o Pleistoceno. Além disso, por estar situada no “Anel de Fogo do Pacífico”, uma área circundante às margens do Oceano Pacífico, a ocorrência de atividades sísmicas e vulcânicas é comum (Roque *et al.*, 2024). Outros fatores, como variações nos níveis

do mar e pressões antropogênicas, também desempenham papéis significativos nesse contexto (Dvorak *et al.*, 2008; Payn *et al.* 2007;2008; Pepe *et al.*, 2004).

E, no sentido de acessar informações históricas codificadas no DNA da espécie, os estudos genéticos que aplicam a teoria da coalescência são promissores (Beerli; Felsenstein, 2001; Beerli *et al.*, 2019; Kingmam, 1982; Wakeley 2009). Isso porque o uso dessa abordagem possibilitará analisar de forma retrospectiva a história evolutiva dessas populações, ou seja, o principal intuito com essa abordagem é “viajar ao passado”. Com base em informações do presente é possível ir em direção ao passado considerando possíveis eventos evolutivos que ocorreram e que podem auxiliar na compreensão da dinâmica evolutiva das populações da espécie, da sua divergência genética (Beerli *et al.*, 2019; Wakeley, 2009), investigar a relação entre populações, estimar parâmetros de migração (fluxo gênico simétrico e assimétrico), tamanho efetivo populacional em escala de mutação, e obter informações sobre a colonização (Beerli *et al.*, 2019). Assim como responder se essas populações fazem parte de uma única população panmítica ou se existem estruturas populacionais alternativas entre elas (Beerli *et al.*, 2019).

A utilização da teoria da coalescência não é tão comum (Hartl; Clark,2010; Wakeley, 2009). Isso se deve à complexidade teórica associada e à demanda computacional necessária, em comparação com as análises mais tradicionais. A coalescência possibilitará acessar informações sobre a magnitude e a direção dessa variação com os parâmetros demográficos da população, ou seja, se as populações entre e dentro de ilhas analisadas estão estruturadas, assim como investigar se esta estruturação advém de um fluxo gênico simétrico ou assimétrico (Beerli *et al.*, 2019; Field *et al.*, 2011; Portela *et al.*, 2020), e qual a direção desse fluxo gênico entre ilhas.

Diante do exposto, e da riqueza genética dos Bancos de germoplasmas de *E. urophylla* no Brasil, busca-se com o estudo (i) investigar a diversidade genética presente nas populações-base selvagem e recombinadas de *E. urophylla*, (ii) estimar processos migratórios entre as ilhas, analisar suas inter-relações e, adicionalmente, (iii) realizar um diagnóstico da diversidade genética disponível. Com base em tal diversidade, será possível explorar sua potencialidade, eficiência e a precisão na seleção de genitores, contribuindo com estratégias de conservação e desenvolvimento de programas de melhoramento genético cada vez mais eficientes.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A conservação genética *ex situ* desse material deve ser preservada, pois representa uma forma de assegurar e sustentar o progresso contínuo do programa de melhoramento genético de *E. urophylla* conduzido pela Empresa. A população base que a empresa mantém hoje deve ser considerada como sua principal fonte de diversidade, pronta para ser "consultada e utilizada" a qualquer momento. Isso pode ocorrer tanto para iniciar quanto para fortalecer o programa de melhoramento genético da espécie, abrangendo cenários de curto, médio e longo prazo.

A população base de *E. urophylla* exibe ampla diversidade genética (N_e máximo de 282), com elevado potencial para a exploração, possibilitando a seleção de genitores contrastantes e superiores. Dada estratégia tem o potencial de impulsionar o ganho genético no programa de melhoramento. Esses genitores, ao agruparem-se em clusters distintos, podem contribuir significativamente, por meio de cruzamentos *interclusters*, para o desenvolvimento de novos materiais genéticos de melhoramento genético.

A estratégia de seleção de origens, procedências e progênies dentro da população-base pode ser delineada de acordo com as condições edafoclimáticas específicas de cada região do Brasil visando o desenvolvimento do novo ideótipo, o que inclui a identificação de materiais genéticos cada vez mais adaptados a restrições hídricas e climáticas severas, em resposta às abruptas mudanças climáticas.

Um padrão de fluxo gênico assimétrico foi observado entre as populações, com as diferenças nas taxas de migração sendo influenciadas pela geografia barreiras geográficas e o isolamento podem ter moldado a estrutura genética dessas populações.

Recomenda-se instalações de populações de conservação com os indivíduos da população silvestre, visando manter um banco de germoplasma da espécie. E populações mais direcionadas de melhoramento reunindo materiais genéticos da população silvestre e recombinada, as quais devem ser manejadas visando a obtenção de bons genitores "puros" e ganhos genéticos para a espécie. Dentre os tipos de populações que podem ser instaladas, tem-se aquelas com os melhores indivíduos visando ganhos a curto prazo, melhores famílias e melhores indivíduos dentro das melhores famílias.

Verificando o isolamento dos indivíduos de Wetar em relação as demais ilhas, e suas peculiaridades como origens com baixa precipitação e altitude, é interessante instalar populações puras desse material visando o melhoramento e posteriormente a seleção de genótipos superiores.

Visando populações com níveis de melhoramento ainda mais avançado, apesar de não ter sido o foco do trabalho *a priori*, pois nada se conhecia da diversidade e potencial do material selvagem, é interessante retornar a área desses pomares, e se possível realizar a coleta de brotações dos melhores indivíduos para instalação de testes clonais.

A instalação de população de conservação dinâmica com materiais genéticos de ambas as populações pode ser uma alternativa de integralizar no mesmo sistema a conservação genética e o ganho genético contínuo, equiparando sempre o ganho e o tamanho efetivo populacional.

Recomenda-se a realização de estudos futuros voltados à identificação de haplótipos. Assim como a realizações de análises que considerem modelar juntamente com os dados genéticos, variáveis ambientais como altitude, precipitação e temperatura, visando compreender a influência do ambiente sobre as populações selvagens.

A continuação e realização de novos estudos é necessário e podem contribuir para um entendimento ainda mais detalhado da diversidade genética, e de uma possível seleção local a nível de ilha.

REFERÊNCIAS

- ALEXANDER, D.H.; NOVEMBRE, J.; LANGE, K. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. **Genome research**, v. 19, n.9, p. 1655-1664, 2009.
- ARENAS, M., POSADA, D. RECODON. Coalescent simulation of coding DNA sequences with recombination, migration and demography. **Online J. Bioinformatics**, v. 8, n. 458, p. 1-4 2007.
- ASSIS, T. F.; ABAD, J.I.; AGUIAR, A.M. Melhoramento Genético do Eucalipto. In: SCHUMACHER, M.V.; VIEIRA, M. (Eds.). **Silvicultura do Eucalipto no Brasil**. 1 ed. Santa Maria, RS: UFSM, 2015. P. 225-247.
- ASSIS, T.; WARBURTON, P.; HARWOOD, C. Artificially induced protogyny: an advance in the controlled pollinization of *Eucalyptus*. **Australian Forestry**, v. 68, n. 1, p. 27-33, 2004.
- BARROS, I. P.; da COSTA, L. O. S.; da SILVA, P. H. M.; ARAUJO, M.; NOVAES, E. Genetic structure and diversity in wild and breeding populations of *Eucalyptus urophylla*. **Silvae Genetica**, v. 71, p. 128 – 136, 2022.
- BEERLI, P.; FELSENSTEIN, J. Maximum likelihood estimation of a migration matrix and effective population sizes in n subpopulations by using a coalescent approach. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 98, n.8, p. 4563–4568, 2001.
- BEERLI, P.; M. PALCZEWSKI. Unified framework to evaluate panmixia and migration direction among multiple sampling locations. **Genetics**, v.185, n. 1, p. 313–326, 2010.
- BEERLI, P.; MASHAYEKHI, S.; SADEGHI, M.; KHODAEI, M.; SHAW, K. Population Genetic Inference With MIGRATE. **Current Protocols in Bioinformatics**, v. 68, n. 1, p. 1-28, 2019.
- BECK, H. E.; MCVICAR, T. R.; VERGOPOLAN, N.; BERG, A.; LUTSKO, N. J.; DUFOUR, A.; ZENG, Z.; JIANG, X.; van DIJK, A. I. J. M.; MIRALLES, D. G. High-resolution (1 km) Köppen-Geiger maps for 1901–2099 based on constrained CMIP6 projections. **Scientific data**, v. 10, n. 1, p. 724, 2023.
- BEICHMAN, A. C.; HUERTA-SANCHEZ, E.; LOHMUELLER, K. E. Using genomic data to infer historic population dynamics of nonmodel organisms. **Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics**, v. 49, p. 433-456, 2018.
- BLAKE, S. T. Four new species of *Eucalyptus*. **Austrobaileya**, p. 1-9, 1977.
- BLOEMBERG, S. Report on a forest-botanical exploration of the island of Timor and Wetar. **Tectona**, v. 33, n. 2/3, p.101-196, 1940.
- BROWN, J.H.; GILLOOLY, J.F.; ALLEN, A.P.; SAVAGE, V.M.; WEST, G.B. Toward a metabolic theory of ecology. **Ecology**, v. 85, n. 7, p.1771-1789, 2004.

BUCSAN, B.; VIEIRA, F. **Relatório técnico da viagem da missão CVRD à Indonésia**. Companhia Vale do Rio Doce, Belo Horizonte, 1977, (Não publicado).

CABRAL, J. P. S. A entrada na Europa e a expansão inicial do eucalipto em Portugal Continental. **História da Ciência e Ensino: construindo interfaces**, v. 20, p. 18-27, 2019.

CARVAJAL, R., A.; CRANDALL, K. A.; POSADA, D. Recombination estimation under complex evolutionary models with the coalescent composite-likelihood method. **Molecular biology and evolution**, v. 23, n. 4, p. 817-827, 2006.

CHAHAL, G. K.; GHAI, M.; KAUR, J. Stress mechanisms and adaptations in plants. **Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry**, v. 11, n. 2, p. 109-114, 2022.

CROW, J. F. Twenty-five years ago in genetics: the infinite allele model. **Genetics**, v. 121, n. 4, p. 631, 1989.

DICK, C.W.; ABDUL-SALIM, K.; BERMINGHAM, E. Molecular systematics reveals cryptic Tertiary diversification of a widespread tropical rainforest tree. **American Naturalist**, v. 162, p.691-703, 2003.

DRUMMOND A. J.; SUCHARD MA.; XIE D.; RAMBAUT A. "Bayesian phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7". **Molecular Biology and Evolution**, v. 29, n. 8, p. 1969–1973, 2012.

DVORAK, W. S.; HODGE, G. R.; PAYN, K. G. The conservation and breeding of *Eucalyptus urophylla*: a case study to better protect important populations and improve productivity. **Southern Forests**, v. 70, n. 2, p. 77–85, 2008.

ELDRIDGE, K.; DAVIDSON, J.; HARWOOD, C.; WYK, G. V. **Eucalypt domestication and breeding**. Clarendon Press, 1993. (Oxford University Press: Oxford)

ESTOUP, A.; GUILLEMAUD, T. Reconstructing routes of invasion using genetic data: why, how and so what?. **Molecular ecology**, v. 19, n. 19, p. 4113-4130, 2010.

EWENS, W. J. The sampling theory of selectively neutral alleles. **Theoretical population biology**, v. 3, n. 1, p. 87-112, 1972.

EXCOFFIER, L.; MARCHI, N.; SOUSA, V. C. fastsimcoal ver 2.7 fsc27, 2021.

EXCOFFIER, L.; NOVEMBRE, J.; SCHNEIDER, S. Computer note. SIMCOAL: a general coalescent program for the simulation of molecular data in interconnected populations with arbitrary demography. **Journal of Heredity**, v. 91, n. 6, p. 506–509, 2000.

FERREIRA, M.; SANTOS, P. E. T. Melhoramento genético florestal dos Eucalyptus no Brasil: breve histórico e perspectivas. *In*: Iufro Conference on Silviculture And Improvement Eucalypts = conferência Iufro sobre silvicultura e melhoramento de eucaliptos, 1997, Salvador. Proceedings...= **Anais...** Colombo: EMBRAPA-CNPf, 1997. v. 1. p. 14-34.

FIELD, D. L.; AYRE, D. J.; WHELAN, R. J.; YOUNG, A. G. Patterns of hybridization and asymmetrical gene flow in hybrid zones of the rare *Eucalyptus aggregata* and common *E. rubida*. **Heredity**, v. 106, n. 5, p. 841-853, 2011.

FISHER, R. **The genetical theory of natural selection**, 1930.

FONTAINE, M. C.; SNIRC, A.; FRANTZIS, A.; KOUTRAKIS, E.; OZTURK, B.; OZTURK, A. A.; AUSTERLITZ, F. History of expansion and anthropogenic collapse in a top marine predator of the Black Sea estimated from genetic data. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 109, n. 38, p. E2569-E2576, 2012.

FRANKHAM, R.; BALLOU, J. D.; BRISCOE, D. A. **Introduction to Conservation Genetics**. Cambridge University Press, 2010.

FU, Y.X.; LI, W. H. Coalescing into the 21st century: an overview and prospects of coalescent theory. **Theoretical population biology**, v. 56, n. 1, p. 1-10, 1999.

GONÇALVES, R. C.; LAU, D.; OLIVEIRA, J. R.; MAFFIA, L. A.; CASCARDO, J. C. M.; ALFENAS, A. C. Etiology of bacterial leaf blight of eucalyptus in Brazil. **Tropical Plant Pathology**, v. 33, n. 3, p. 180-188, 2008.

GRATTAPAGLIA, D. Genômica aplicada à genética e melhoramento de *Eucalyptus* na Embrapa: 25 anos de avanços e as perspectivas para o futuro. In: OLIVEIRA, E. B.; PINTO JÚNIOR, J. E (org). **O eucalipto e a Embrapa: quatro décadas de pesquisa e desenvolvimento**. Brasília, DF: Embrapa, 2021. p. 33-112.

GRIFFIN, A.R.; BURGESS, I.P.; WOLF, L. Patterns of natural and manipulated hybridisation in the genus *Eucalyptus* L'Herit - a review. **Australian Journal of Botany**, v. 36, p. 41-66, 1988.

GUEZ, J.; ACHAZ, G.; BIENVENU, F.; CURY, J.; TOUPANCE, B.; HEYER, É.; JAY, F.; AUSTERLITZ, F. Cultural transmission of reproductive success impacts genomic diversity, coalescent tree topologies, and demographic inferences. **Genetics**, v. 223, n. 4, p. 1-14, 2023.

HARTL, D. L.; CLARK, A. G. **Princípios de Genética de Populações**. 4º ed. Artmed Editora, 2010.

HIJMANS, R. J.; BARBOSA, M.; GHOSH, A.; MANDEL, A. **raster**: Geographic Data Analysis and Modeling (Versão 3.5-21), 2024. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=raster>

HOUSE, A.P.N.; BELL, J.C. Isozyme variation and mating system in *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake. **Silvae Genetica**, v. 43, p. 167-176, 1994.

HOUSE, S. M. Reproductive biology of eucalypts. In: WILLIAMS, J.; WOINARSKI, J. (org.). **Eucalypt ecology: individuals to ecosystems**. 1997. 30-55p. (Cambridge University Press: Cambridge)

INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES. **Relatório Anual 2024**. Disponível em: <https://iba.org/datafiles/publicacoes/relatorios/relatorio2024.pdf>. Acesso em: 10 de nov. de 2024.

JØKER, D. *Eucalyptus urophylla* S.T. blake. Seed leaflet. **Forest e Landscape Denmark**, n. 89, p. 1-2, 2004.

JONES, E.M.; SHEPHERD, M.; HENRY, R.; DELVES, A.; Pollen flow in *Eucalyptus grandis* determined by paternity analysis using microsatellite markers. **Tree Genetics Genome**, v. 1, p. 7–47, 2008.

KINGMAN, J. F. C. Exchangeability and the evolution of large populations. *In*: KOCH, G.; SPIZZICHINO, F. (org.). **Exchangeability in Probability and Statistics**, v. 91, p. 97-112, 1982c.

KINGMAN, John FC. On the genealogy of large populations. **Journal of applied probability**, v. 19, n. A, p. 27-43, 1982a.

KINGMAN, John Frank Charles. The coalescent. **Stochastic processes and their applications**, v. 13, n. 3, p. 235-248, 1982b.

KITADA, S.; NAKAMICHI, R.; KISHINO, H. Understanding population structure in an evolutionary context: population-specific F_{ST} and pairwise F_{ST} . **G3**, v. 11, n. 11, p. jkab316, 2021.

KUHNER, M. K. Coalescent genealogy samplers: windows into population history. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 24, n. 2, p. 86-93, 2009.

KUHNER, M. K. LAMARC 2.0: maximum likelihood and Bayesian estimation of population parameters. **Bioinformatics**, v. 22, n. 6, p. 768-770, 2006.

LESTURGIE, P.; PLANES, S.; MONA, S. Coalescence times, life history traits and conservation concerns: An example from four coastal shark species from the Indo-Pacific. **Molecular Ecology Resources**, v. 22, n. 2, p.554-566, 2022.

LI, H.; DURBIN, R. Inference of human population history from individual whole-genome sequences. **Nature**, v. 475, n. 7357, p. 493-496, 2011

LIU, J. X.; GAO, T. X.; ZHUANG, Z. M.; JIN, X. S.; YOKOGAWA, K.; ZHANG, Y. P. Late Pleistocene Divergence and Subsequent Population Expansion of Two Closely Related Fish Species, Japanese Anchovy (*Engraulis Japonicus*) and Australian Anchovy (*Engraulis Australis*). **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 40, p.712–723, 2006.

LOUIS, M. **Social, ecological and genetic structures of bottlenose dolphins, *Tursiops truncatus*, in the Normano-Breton gulf and in the North-East Atlantic**. 298 f. Tese (Agricultural sciences) - Université de La Rochelle, 2014.

LU, W.; ARNOLD, R. J.; ZHANG, L.; LUO, J. Genetic diversity and structure through three cycles of a *Eucalyptus urophylla* ST Blake breeding program. **Forests**, v. 9, n. 7, p. 372, 2018. doi:10.3390/f9070372.

MAILUND, T.; SCHIERUP, M.H.; PEDERSEN, C.N.S.; MECHLENBORG, P. J. M.; MADSEN, J.N.; SCHAUSER, L. CoaSim: A Flexible Environment for Simulating Genetic Data under Coalescent Models. **BMC Bioinformatics**, v. 6, n. 1, p. 1-6, 2005.

MARJORAM, P.; JOYCE, P. Practical implications of coalescent theory. In: **Problem Solving Handbook in Computational Biology and Bioinformatics**. Springer, Boston, MA, 2010. 63-84p.

MARTIN, B.; COSSALTER, C. Les *Eucalyptus* des Iles de la Sonde. 1re partie. **Bois & Forets des Tropiques**, v. 163, p. 3-25, 1975.

MARTIN, B.; COSSALTER, C. Les *Eucalyptus* des îles de la Sonde. **Bois et Forêt des Tropiques**, v. 165, p. 3-20, 1976.

MATHER, N.; TRAVES, S. M.; HO, S. Y. W A practical introduction to sequentially Markovian coalescent methods for estimating demographic history from genomic data. **Ecology and Evolution**, v. 10, p. 579–589, 2020.

MEIJER-DRESS, E. List of tree and shrubs names from Timor. **Lapora**, v. 33, 1950.
MICHAUX, B. Distributional patterns and tectonic development in Indonesia: *Wallace* reinterpreted. **Australian Systematic Botany**, v. 4, n. 1, p. 25-36, 1991.

MORAN, P. A. P. Wandering distributions and the electrophoretic profile. **Theoretical population biology**, v. 8, n. 3, p. 318-330, 1975.

MOURA, V. P. G. **O germoplasma de *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake no Brasil**. [S.l.]: EMBRAPA- Recursos genéticos e biotecnologia, 2004. (Comunicado Técnico, 111).

MOURA, V.P.G. **Altitudinal variation in *Eucalyptus urophylla* S.T.Blake**. 1977. 168 f. Dissertação (mestrado) - Melbourne: University of Melbourne, 1977.

MOURA, V.P.G. **Provenance variation of *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh, in Brazil**. 1986. 304 f. Tese (Doutorado) - Oxford: Oxford University, 1986.

MÜLLER, B. S. F.; NEVES, L. G.; ALMEIDA FILHO, J. E. de; RESENDE JUNIOR, M. F. R.; MUÑOZ, P. R.; SANTOS, P. E. T.; PALUDZYSZYN FILHO, E.; KIRST, M.; GRATTAPAGLIA, D. Genomic prediction in contrast to a genome-wide association study in explaining heritable variation of complex growth traits in breeding populations of *Eucalyptus*. **BMC Genomics**, v. 18, n. 524, p. 1-17, 2017.

MYERS, N.; MITTERMEIER, R. A.; MITTERMEIER, C. G.; FONSECA, G. A. B.; KENT, J. Biodiversity hotspots for conservation priorities. **Nature**, v. 403, n. 6772, p. 853–858, 2000.

NICOLLE, D. **Classification of the Eucalypts (*Angophora*, *Corymbia* and *Eucalyptus*)**. Disponível em: <<http://www.dn.com.au/Classification-Of-The-Eucalyptus.pdf>>. Acesso em: 10 set. 2021.

NORDBORG, M. Coalescent theory. In: BALING, D. J.; BISHOP, M.; CANNINGS, C. (org.). **Hand of statistical genetics**, 2007. 843-876p.

NORDBORG, M. Coalescent theory. In: **Handbook of Statistical Genetics** (eds Balding DJ, Bishop M, Cannings C) John Wiley and Sons Ltd., Chichester, UK, p. 179–212, 2001.

NORVICK, M. S. The tectonic history of the Banda Arcs, eastern Indonesia: a review. **Journal of the Geological Society London**, v. 136, n. 5, p. 519–527, 1979.

PALCZEWSKI, M.; BEERLI, P. A continuous method for gene flow. **Genetics**, v. 194, n. 3, p. 687–696, 2013.

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

PAYN, K. G. **Molecular Genetic Diversity and Population Genetic Structure of the Commercially Important Tropical Forest Tree Species *Eucalyptus urophylla***. 2008. 178p. Dissertation (Degree of Doctor of Philosophy)- North Carolina State University, Raleigh, 2008.

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

PAYN, K. G.; DVORAK, W. S.; MYBURG, A. A. Chloroplast DNA phylogeography reveals the island colonisation route of *Eucalyptus urophylla* (Myrtaceae). **Australian Journal of Botany**, v. 55, n. 7, p. 673-683, 2007.

PEPE, B.; SURATA, K.; SUHARTONO, F.; SIPAYUNG, M.; PURWANTO, A.; DVORAK, W. S. Conservation status of natural populations of *Eucalyptus urophylla* in Indonesia and international efforts to protect dwindling gene pools. **Forest Genetic Resources**, v. 31, p. 62-64, 2004.

PINTO JÚNIOR, J. E.; SANTAROSA, E.; GOULART, I. C. G. R. Histórico do cultivo de eucalipto. In: SANTAROSA, E.; PENTEADO JÚNIOR, J. F.; GOULART, I. C. G. R. (org.) **Transferência de tecnologia florestal: cultivo de eucalipto em propriedades rurais: diversificação da produção e renda**. Brasília, DF: Embrapa, 2014.

PINTO JÚNIOR, J. E.; SILVEIRA, R. A.; A introdução do eucalipto no Brasil pela Embrapa: bases institucionais e sua estruturação para a pesquisa com eucaliptos e corímbias. In: OLIVEIRA, E. B.; PINTO JÚNIOR, J. E (org). **O eucalipto e a Embrapa:**

quatro décadas de pesquisa e desenvolvimento. Brasília, DF: Embrapa, 2021. p. 33-112.

PINYOPUSARERK, K.; GUNN, B.V.; WILLIAMS, E.R.; AND PRYOR, L.D. Comparative geographical variation in seedling morphology of three closely related red mahoganies, *Eucalyptus urophylla*, *E. pellita* and *E. scias*. **Australian Journal of Botany**, v. 41, n. 1, p. 23-34, 1993.

PORTELA, R. M.; TAMBARUSSI, E. V.; DE AGUIAR, A. V.; GANDARA, F. B.; PERES, F. S. B.; ROSA, J. R. B. F. Using a coalescent approach to assess gene flow and effective population size of *Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd. Ex Mart. in the Brazilian Atlantic Forest. **Tree Genetics & Genomes**, v. 16, p. 1-9, 2020.

POSADA, D.; WIUF, C. Simulating haplotype blocks in the human genome. **Bioinformatics**, v. 19, n. 2, p. 289-290, 2003.

POTTS, B. M.; WILTSHIRE, R. J.E. Eucalypt genetics and genecology. In: WILLIAMS, J. E.; WOINARSKI, J. C. Z (org.). **Eucalypt ecology: individuals to ecosystems**. Cambridge: University Press. 1997.

PRITCHARD, J. K.; STEPHENS, M.; DONNELLY, P. Inference of population structure using multilocus genotype data. **Genetics**, v. 155, n. 2, p. 945-959, 2000.

PRYOR, L. D.; WILLIAMS, E. R.; GUNN, B. V. A morphometric analysis of *Eucalyptus urophylla* and related taxa with descriptions of two new species. **Australian systematic botany**, v. 8, n. 1, p. 57-70, 1995.

PUPIN, S. **Produtividade, estabilidade e adaptabilidade em progênies de *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake.** 2014. 98p. Dissertação (Mestre em Agronomia) - Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Ilha Solteira, 2014.

PUPIN, S.; SEBBENN, A. M.; CAMBUIM, J.; SILVA, A. M.; ZARUMA, D. U.; SILVA, P. H. ROSSEEF, L.N.; SOUZA, I. C.G.; MARINO, C. L.; MORAES, M. L. 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**, v. 437, p. 272-281, 2019.

RAJ, A.; STEPHENS, M.; PRITCHARD, J. K. fastSTRUCTURE: variational inference of population structure in large SNP data sets. **Genetics**, v. 197, n. 2, p. 573-589, 2014.

RESENDE, M. D. V.; ALVES, R. S. Genética: estratégias de melhoramento e métodos de seleção. In: OLIVEIRA, E. B.; PINTO JÚNIOR, J. E (org). **O eucalipto e a Embrapa: quatro décadas de pesquisa e desenvolvimento.** Brasília, DF: Embrapa, 2021. p. 171-202.

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

ROQUE, P. J. C.; VIOLANDA, R. R.; BERNIDO, C. C.; SORIA, J. L. A. Earthquake occurrences in the Pacific Ring of Fire exhibit a collective stochastic memory for magnitudes, depths, and relative distances of events. **Physica A: Statistical Mechanics and its Applications**, v. 637, p. 129569, 2024

SANTOS, P. E. T.; PALUDZYSZYN FILHO, E.; RIBASKI, J.; DRUMOND, M. A.; OLIVEIRA, V. R. Melhoramento genético e lançamento de cultivares. *In*: OLIVEIRA, E. B.; PINTO-JÚNIOR, J. E. **O eucalipto e a Embrapa : quatro décadas de pesquisa e desenvolvimento**, Brasília, DF : Embrapa, 2021. 113-202. p.

SELN, C. C.; MITLÖHNER, R. ***Eucalyptus urophylla* S.T. blake: ecology and silviculture in Vietnam**. Bogor: CIFOR, 2011. 26 p.

SILVA, H. M. P.; VIEIRA, I. G.; MENDES, J. C. T.; ARAUJO, M. J.; MOREIRA, R. M. **Recursos genéticos de eucalipto nas estações experimentais de Ciências Florestais da Esalq: uso e manutenção**. Piracicaba, IPEF, 2023. 182p.

SINGH, R. S.; LEWONTIN, R. C.; FELTON, A. A. Genetic heterogeneity within electrophoretic" alleles" of xanthine dehydrogenase in *Drosophila pseudoobscura*. **Genetics**, v. 84, n. 3, p. 609-629, 1976.

STAPE, J. L.; BINKLEY, D.; RYAN, M. G.; FONSECA, S.; LOOS, R.; TAKAHASHI, E. N.; SILVA, C. R.; SILVA, S.; HAKAMADA, R. E.; FERREIRA, J. M.; LIMA, A. M.; GAVA, J. L.; LEITE, F. P.; SILVA, G.; ANDRADE, H.; ALVES, J. M. The Brazil *Eucalyptus* potential productivity project: influence of water, nutrients and stand uniformity on wood production. **Forest Ecology and Management**, v. 259, n. 9, p. 1684–1694, 2010.

TAN, B., GRATTAPAGLIA, D., MARTINS, G. S., FERREIRA, K. Z., SUNDBERG, B.; INGVARSSON, P. K. Evaluating the accuracy of genomic prediction of growth and wood traits in two *Eucalyptus* species and their F 1 hybrids. **BMC plant biology**, v. 17, p. 1-15, 2017.

TERHORST, J.; KAMM, J.A.; SONG, Y.S. Robust and scalable inference of population history from hundreds of unphased whole genomes. **Nature genetics**, v. 49, n. 2, p.303-309, 2017.

TRIPIANA, V.; BOURGEOIS, M.; VERHAEGEN, D.; VIGNERON, P.; BOUVET, J. M. Combining microsatellites, growth, and adaptive traits for managing in situ genetic resources of *Eucalyptus urophylla*. **Canadian journal of forest research**, v. 37, n. 4, p. 773-785, 2007.

TURNBULL, J.; BROOKER, I. **Timor mountain gum – *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake**. CSIRO, Melbourne, 1978 (Forest Trees Series 214).

VERDU, P.; AUSTERLITZ, F.; ESTOUP, A.; VITALIS, R.; GEORGES, M.; THERY S.; FROMENT, A.; LE, B. S.; GESSAIN, A.; HOMBER, T J. M.; VAN DER VEEN, L.; QUINTANA-MURCI, L.; BAHUCHET, S.; HEYER, E. Origins and genetic diversity of pygmy hunter-gatherers from Western Central Africa. **Current Biology**, v. 19, n. 4, p. 312-318, 2009.

VIEIRA, F. S.; BUCSAN, B. Ocorrências naturais de *Eucalyptus urophylla* na Indonésia. **Silvicultura**, v. 3, n. 14, p. 359-361, 1980.

VORIS, H. K. Maps of Pleistocene Sea levels in Southeast Asia: shorelines, river systems and time durations. **Journal of biogeography**, v. 27, n. 5, p. 1153-1167, 2000.

WAKELEY, J. **Coalescent theory: an introduction**, volume 1. Roberts & Company Publishers. 2009.

WATTERSON, G. On the number of segregating sites in genetical models without recombination. **Theoretical population biology**, v. 7, n. 2, p. 256–276, 1975.

WATTERSON, G. A. The sampling theory of selectively neutral alleles. **Advances in applied probability**, v. 6, n. 3, p. 463-488, 1974.

WATTERSON, G. A. The stationary distribution of the infinitely-many neutral alleles diffusion model. **Journal of Applied Probability**, v. 13, n. 4, p. 639-651, 1976.

WRIGHT, S. **Evolution and the Genetics of Populations**. Vol. 4: Variability within and among Natural Populations. University of Chicago Press, Chicago, 1978.

WRIGHT, S. The genetical structure of populations. **Annals of Eugenics**, v. 15, p. 323–354, 1951.

WU, S. J.; XU, J. M.; LU, Z. H.; LI, G.Y.; PAN, L.Q.; HAN, C. Effects of inbreeding on growth and wood properties of selfed *Eucalyptus urophylla* progenies. **Journal of Tropical Forest Science**, v. 27, n. 3, p. 369-375, 2015.

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**, v. 16, n. 39, p. 1-11, 2020.