# RESSALVA

Atendendo solicitação do(a) autor(a), o texto completo será disponibilizado somente a partir de 07/03/2026

At the author's request, the full text will not be available online until March 7, 2026

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

FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRONÔMICAS
UNESP | BOTUCATU

GUILHERME FERREIRA MELCHERT

# ESTUDOS GENÉTICOS EM PROGÊNIES AUTOFECUNDADAS DE *Eucalyptus* spp.

Botucatu
2025

**GUILHERME FERREIRA MELCHERT**

# ESTUDOS GENÉTICOS EM PROGÊNIES AUTOFECUNDADAS DE *Eucalyptus* spp.

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

Orientador: Evandro Vagner Tambarussi

**Botucatu**

**2025**

M518e

Melchert, Guilherme
Estudos genéticos em progênies autofecundadas de Eucalyptus spp. / Guilherme Melchert. -- Botucatu, 2025
81 p.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agronômicas, Botucatu
Orientador: Evandro Vagner Tambarussi

1. genética-quantitativa. 2. linhagens-endogâmicas. 3. seleção-gênomica. I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Dados fornecidos pelo autor(a).

## CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: ESTUDOS GENÉTICOS EM PROGÊNIES ENDOGÂMICAS DE Eucalyptus spp.

**AUTOR: GUILHERME FERREIRA MELCHERT**
**ORIENTADOR: EVANDRO VAGNER TAMBARUSSI**
**COORIENTADOR: MARCIO JOSÉ DE ARAUJO**

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

Documento assinado digitalmente
EVANDRO VAGNER TAMBARUSSI
Data: 09/03/2025 19:46:46-0300
Verifique em https://validar.iti.gov.br

Prof. Dr. EVANDRO VAGNER TAMBARUSSI (Participaçao Virtual)
Departamento de Produção Vegetal / Faculdade de Ciências Agronômicas - Unesp Botucatu

Pesquisadora Dr.ª FABIANA REZENDE MUNIZ (Participaçao Virtual)
Sustentabilidade, Pesquia e Inovação / Suzano Papel e Celulose S/A

Documento assinado digitalmente
BRUNO CESAR ROSSINI
Data: 07/03/2025 15:10:05-0300
Verifique em https://validar.iti.gov.br

Documento assinado digitalmente
FABIANA REZENDE MUNIZ
Data: 07/03/2025 16:00:32-0300
Verifique em https://validar.iti.gov.br

Dr. BRUNO CESAR ROSSINI (Participaçao Virtual)
Departamento de Genética / Instituto de Biociências de Botucatu

Botucatu, 07 de março de 2025

## AGRADECIMENTOS

Gostaria, primeiramente, de expressar minha profunda gratidão aos meus pais, Jacicleide e William, pelo apoio incondicional, tanto emocional quanto financeiro, ao longo de todos os meus anos de estudo.

Agradeço também à equipe do Laboratório de Melhoramento de Plantas Agrícolas e Florestais (LAMPAF), em especial ao meu orientador, Evandro Vagner Tambarussi, por me proporcionar a oportunidade de desenvolver esta pesquisa e por todas as portas que abriu para mim desde a graduação. Minha sincera gratidão à Dandara, por toda a assistência na pesquisa, pelas conversas enriquecedoras e pela troca de experiências, que contribuíram significativamente para o meu crescimento acadêmico e profissional.

Aos meus amigos e colegas, agradeço o apoio e incentivo ao longo desses dois anos de mestrado. Um agradecimento especial à minha namorada, Mayara Martins Bueno, por sempre acreditar em mim, mesmo nos momentos em que eu próprio duvidava.

À Suzano S.A., minha imensa gratidão por disponibilizar os dados essenciais para esta pesquisa, além da valiosa colaboração, tanto financeira quanto intelectual, que permitiu aprimorar ainda mais o estudo.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - 88887.86646/2023-00.

**RESUMO**

O melhoramento genético por meio do cruzamento de indivíduos heterozigotos, utilizando a seleção recorrente recíproca, é comumente aplicado no gênero *Eucalyptus*. Indivíduos com características de interesse são clonados para explorar os efeitos aditivos e não-aditivos. Atualmente, o desafio do melhoramento genético desse gênero é aumentar a resposta à seleção, o que torna fundamental a busca por novos métodos de melhoramento. Assim, o uso de linhagens é uma alternativa para explorar a complementaridade entre genótipos contrastantes. No entanto, para implementar essa estratégia, é necessário compreender os padrões de endogamia da população autofecundada. Dessa forma, a pesquisa apresentada teve como objetivo estudar esses padrões em uma população $S_{0:1}$. Vinte clones superiores de diferentes espécies de *Eucalyptus* spp. (população $S_0$) foram autofecundados, e mudas dessas autofecundações foram produzidas. Aproximadamente 30 mudas de cada genitor foram implantadas em um experimento de campo com 30 blocos e uma planta por parcela, enquanto o restante dos indivíduos (62 no total) foram implantados em um pomar de hibridação. Tanto os indivíduos quanto seus genitores (682 indivíduos) foram genotipados usando o painel customizado da empresa, com 10.132 SNPs. Adicionalmente, as mudas foram avaliadas quanto ao Diâmetro na Altura do Peito (DAP, em centímetros) aos 36 meses de idade. No primeiro capítulo, os coeficientes de endogamia foram estimados por meio das *Runs of Homozigosity* (ROHs). A depressão por endogamia foi estimada aos 36 meses, utilizando uma regressão entre os fenótipos dos indivíduos e seus respectivos coeficientes de endogamia. Também foram definidos blocos haplotípicos para investigar o impacto da endogamia sobre essas estruturas genômicas. Já no segundo capítulo, os valores genéticos genômicos dos indivíduos foram estimados, e uma análise de associação genômica ampla (GWAS) foi realizada para identificar possíveis regiões do genoma com maior influência nas características avaliadas. Foram testados quatro modelos frequentistas (ABLUP, GBLUP, GBLUP-AD e HBLUP) e cinco modelos bayesianos (BRR, Bayes A, Bayes B, Bayes C e Bayes LASSO) de predição genômica, com o objetivo de prever o desempenho de indivíduos não fenotipados no pomar de hibridação. No primeiro capítulo, não foi observada depressão endogâmica até os 36 meses de idade. Os coeficientes de endogamia individuais, estimados pelas ROHs, variaram de 0 a 0,41, com os cromossomos mais endogâmicos sendo os 4 (0,27), 9 (0,39) e 10 (0,28). Para os blocos haplotípicos, os cromossomos 6 (56 blocos) e 8 (51 blocos) apresentaram o maior número de blocos, sendo que os blocos de maior extensão estavam associados aos cromossomos mais endogâmicos. No segundo capítulo, a análise GWAS não identificou nenhuma região do genoma com maior influência no fenótipo. Foram determinados os parâmetros de seleção genômica para todos os modelos avaliados. Dentre os modelos de seleção genômica testados, o GBLUP se destacou como superior em todos os parâmetros estimados. Os resultados obtidos indicam que o GBLUP tem grande potencial para uso no gênero *Eucalyptus*, devido à sua adaptação à homozigose no genoma. Além disso, esses resultados reforçam a importância de compreender os padrões de endogamia para selecionar de forma criteriosa os indivíduos que avançarão para as próximas gerações de autofecundação, com o objetivo de obter híbridos superiores e específicos.

**Palavras-chave**: genética-quantitativa; linhagens-endogâmicas; seleção-genômica.

## ABSTRACT

Genetic breeding through the crossing of heterozygous individuals, using reciprocal recurrent selection, is commonly applied to the *Eucalyptus* genus. Individuals with traits of interest are cloned to exploit additive and non-additive effects. Currently, the challenge in the genetic breeding of this genus is to improve the response to selection, which makes the search for new breeding methods fundamental. Thus, the use of inbred lines is an alternative to explore complementarity between contrasting genotypes. However, to implement this strategy, it is necessary to understand the inbreeding patterns of self-fertilized populations. Therefore, the present research aimed to study these patterns in an $S_{0:1}$ population. Twenty superior clones from different *Eucalyptus* spp. (S0 population) were self-fertilized, and seedlings from these self-fertilizations were produced. Approximately 30 seedlings from each parent were planted in a field experiment with 30 blocks and one plant per plot, while the remaining individuals (62 in total) were planted in a hybridization orchard. Both the individuals and their parents (682 individuals) were genotyped using the company's custom panel, with 10,132 SNPs. Additionally, the seedlings were evaluated for diameter at breast height (DBH, in centimeters) at 36 months of age. In the first chapter, inbreeding coefficients were estimated using *Runs of Homozygosity* (ROHs). Inbreeding depression was estimated at 36 months, using a regression between an individual's phenotypes and their respective inbreeding coefficients. Haplotype blocks were also defined to investigate the impact of inbreeding on these genomic structures. In the second chapter, the genomic estimated breeding values of the individuals were assessed, and a genome-wide association study (GWAS) was performed to identify potential regions of the genome with greater influence on the evaluated traits. Four frequentist models (ABLUP, GBLUP, GBLUP-AD, and HBLUP) and five Bayesian models (BRR, Bayes A, Bayes B, Bayes C, and Bayes LASSO) of genomic prediction were tested to predict the performance of non-phenotyped individuals in the hybridization orchard. In the first chapter, no inbreeding depression was observed up to 36 months of age. Individual inbreeding coefficients, estimated by ROHs, ranged from 0 to 0.41, with chromosomes 4 (0.27), 9 (0.39), and 10 (0.28) being the most inbred. For the haplotype blocks, chromosomes 6 (56 blocks) and 8 (51 blocks) showed the largest number of blocks, with the longest blocks being associated with the most inbred chromosomes. In the second chapter, the GWAS analysis did not identify any region of the genome with greater influence on the phenotype. Genomic selection parameters were determined for all evaluated models. Among those tested, GBLUP stood out as superior for all estimated parameters. The results obtained indicate that GBLUP has significant potential for use with the *Eucalyptus* genus, due to its adaptability to homozygosity in the genome. Furthermore, these results reinforce the importance of understanding inbreeding patterns to judiciously select individuals that will advance to the next generations of self-fertilization, with the aim of obtaining superior and specific hybrids.



**Keywords**: quantitative-genetics; inbred-lines; genomic-selection.

**SÚMARIO**


**INTRODUÇÃO GERAL**..... **13**

**CAPÍTULO 1 - EFEITOS DA AUTOFECUNDAÇÃO NO GENOMA DE *Eucalyptus* spp.**..... 23

1.1 INTRODUÇÃO..... 25

1.2 MATERIAL E MÉTODOS..... 27

1.2.1 População estudada..... 27

1.2.2 Controle e qualidade dos SNPs..... 27

1.2.3 Análise de Parentesco..... 28

1.2.4 *Runs of Homozigosity* (ROH)..... 28

1.2.5 Depressão por Endogamia..... 29

1.2.6 Decaimento do Desequilíbrio de Ligação (DL)..... 30

1.2.7 Blocos Haplotípicos..... 30

1.3 RESULTADOS..... 30

1.3.1 Taxas de autofecundação e de cruzamento do experimento..... 30

1.3.2 *Runs of Homozigosity* (ROHs)..... 31

1.3.3 *Regressão e correlação entre valores fenotípicos e genotípicos e análise de depressão endogâmica*..... 37

1.3.4 *Decaimento do desequilíbrio de ligação*..... 38

1.3.5 *Blocos Haplotípicos*..... 39

1.4 DISCUSSÃO..... 40

1.4.1 Efeitos da autofecundação no genoma do eucalipto..... 40

1.4.2 Ausência de depressão por endogamia dentro da $S_{0:1}$ de *Eucalyptus*..... 42

1.5 CONCLUSÕES..... 43

REFERÊNCIAS ..... 45

**CAPÍTULO 2 – SELEÇÃO GENÔMICA APLICADA A UMA POPULAÇÃO AUTOFECUNDADA DE *Eucalyptus* spp.** ..... **50**

2.1 INTRODUÇÃO..... 52

2.2 MATERIAL E MÉTODOS..... 54

2.2.1 População estudada..... 54

2.2.2 Associação genômica ampla (Genome-wide analysis -GWAS) ..... 54
2.2.3 Controle de qualidade dos SNPs..... 55
2.2.4 Seleção e predição genômica..... 55
2.3 RESULTADOS..... 61
2.3.1 Associação genômica ampla (GWAS)..... 61
2.3.2 Parâmetros da predição genômica ..... 63
2.4 DISCUSSÃO..... 65
2.4.1 Associação genômica ampla (GWAS)..... 65
2.4.2 Seleção e predição genômica..... 66
2.5 CONCLUSÕES..... 68
REFERÊNCIAS..... 70
**CONSIDERAÇÕES FINAIS**..... **75**
**REFERÊNCIAS**..... **77**

# INTRODUÇÃO GERAL

A seleção intrapopulacional consiste na escolha dos melhores indivíduos dentro de uma mesma população, visando aumentar a frequência de alelos favoráveis (Borém; Miranda, 2013), são os métodos amplamente utilizados para o melhoramento de espécies do gênero *Eucalyptus* L'Hér. (Ferreira; Lima, 2018). Seu uso resulta em ganhos genéticos significativos (Assis, 2014). Quando os indivíduos provenientes desses cruzamentos apresentam características de interesse econômico, eles são clonados com o objetivo de aproveitar todos os efeitos presentes na variância genética total (Assis, 1986).

À medida que os plantios comerciais de *Eucalyptus* se concentram cada vez mais no uso de materiais genéticos clonados, a identificação de genótipos superiores torna-se essencial para a manutenção dos ganhos de produtividade (Tambarussi *et al*., 2022). No entanto, os avanços alcançados pelos métodos tradicionais de melhoramento estão enfrentando um platô, limitando o potencial de ganho adicional (Grattapaglia *et al*., 2018).

Este platô ocorre em decorrência de diversos fatores como, populações de *Eucalyptus*, apresentam uma ampla base genética, resultando alta variabilidade. Isso é associado a experimentos com baixos tamanhos amostrais, gera *breeding values* pouco acurados, limitando a plena compreensão da variabilidade genética presente nos cruzamentos (Andanov *et al*., 2017). Portanto, a seleção de indivíduos somente com base na única representação do mesmo, associado a baixa compreensão dos padrões de variabilidade resultam em testes de progênies e seus testes clonais com baixas correlações (Reis *et al*., 2011, Shalizi; Isik, 2019). Além disso, com o aumento das áreas plantas e evolução de pragas e doenças que geram perda de produtividade de genótipos, limita o aumento dos ganhos, e criando desafios para atender à crescente demanda de mercado (FAO, 2022).

Portanto, é essencial explorar novos métodos de melhoramento para o gênero *Eucalyptus*, aliando essas abordagens às ferramentas biotecnológicas mais avançadas para a seleção de genótipos superiores, com o objetivo de superar o platô de ganhos genéticos, promovendo maior eficiência na identificação e desenvolvimento de genótipos superiores.

Uma opção viável é a utilização de linhagens endogâmicas, prática amplamente adotada em culturas agronômicas alógamas, como o milho, desde 1908, a fim de desenvolver híbridos mais produtivos (East, 1908; Shull, 1908; Shull, 1911; Jones, 1918). Este método eficaz explora os efeitos positivos da heterose e a complementariedade genética entre indivíduos contrastantes (Shull, 1909). Contudo, até o momento, essa abordagem não foi aplicada às populações pertencentes ao gênero *Eucalyptus*. A implementação de um programa de melhoramento desse tipo demanda uma compreensão aprofundada dos efeitos da depressão endogâmica e da heterozigosidade nas populações em processo de melhoramento do *Eucalyptus*, aspectos que permanecem sub-explorados e pouco conhecidos pelos melhoristas (Ramalho *et al*., 2022).

O uso dos marcadores moleculares é uma ferramenta crucial nos programas de melhoramento, uma vez que está mais acessível em termos de custo, facilitando sua aplicação (Grattapaglia, 2022). Dentre os diversos tipos de marcadores disponíveis, os marcadores do tipo SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*/ Polimorfismos de Nucleotídeo Único) estão entre os atualmente mais utilizados. Esses marcadores são baseados em alterações de bases únicas na cadeia de bases nitrogenadas (Appleby *et al*., 2009). Os SNPs são marcadores bialélicos, encontrados em todo o genoma, influenciando caráteres fenotípicos (Grattapaglia, 2017).

O uso destes marcadores em programas de melhoramento do *Eucalyptus* permite a compreensão dos padrões genômicos associados à endogamia, incluindo a depressão induzida por esse processo, a heterozigosidade do genoma, bem como a complementaridade entre genótipos, chamada heterose (Caballero *et al*., 2021). Portanto, torna-se crucial a utilização para estabelecer novos critérios de seleção e conduzir cruzamentos de eucaliptos de maneira mais eficaz, proporcionando ganhos genéticos mais significativos (Grattapaglia; Kirst, 2008).

Assim, a presente pesquisa teve como objetivo estudar os efeitos da endogamia em uma população autofecundada de *Eucalyptus* ($S_{0:1}$) e com o uso de informações moleculares, identificar e selecionar indivíduos para possíveis cruzamentos visando explorar heterose, bem como para avançar as gerações de autofecundação para a obtenção de linhagens.

# CONSIDERAÇÕES FINAIS

A identificação precisa de indivíduos endogâmicos e a seleção genômica de genótipos superiores, pilares dos resultados apresentados nestes capítulos, representam uma transformação fundamental para as etapas subsequentes do programa de melhoramento genético da Suzano S.A. Esses achados não apenas viabilizam a implementação eficiente do método de linhagens endogâmicas em *Eucalyptus*, oferecendo o conhecimento essencial, mas também sinalizam uma estratégia promissora para atender à crescente demanda por ganhos genéticos expressivos, impulsionando o futuro do melhoramento do gênero.

## REFERÊNCIAS


ALFENAS, A. C.; ZAUZA, E. A. V.; MAFIA, R. G.; ASSIS, T. F. **Clonagem e doenças do eucalipto**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2009.

ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético de plantas**. São Paulo: Edgard Blucher. 381 p, 1971.

ANDRADE, E. N. Evolução do melhoramento do gênero *Eucalyptus*. **Revista Brasileira de Silvicultura,** São Paulo, v. 2, n. 3, p. 34-40, 1961.

APPLEBY, N.; EDWARDS, D.; BATLEY, J. New Technologies for Ultra-High Throughput Genotyping in Plants. In: **Plant Genomics**, **Methods in Molecular Biology**, vol 513. Humana Press, 2009.

ASSIS, T. F. Melhoramento genético de eucalipto para produção de carvão vegetal. In: **SIMPOSIO LATINO-AMERICANO DE RECURSOS GENÉTICOS**, 1., Brasília. Anais [...]. Brasília: EMBRAPA, 1986. p. 141-150, 1986.

ASSIS, T. F. Métodos de melhoramento do *Eucalyptus*. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 6, n. 3, p. 514-528, 2011.

ASSIS, T. F. Uso de clones e híbridos no melhoramento de eucaliptos. In: **SIMPOSIO SOBRE MELHORAMENTO GENÉTICO FLORESTA**L, 2014, Viçosa. Anais [...]. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa. p. 75-98, 2014.

ASSIS, T. F.; ABAD, J. I.; AGUIAR, A. M. Técnicas de melhoramento genético do eucalipto para produção de madeira. **Revista Brasileira de Engenharia Florestal,** Brasília, v. 35, n. 3, p. 456-470, 2015.

BARRAGAN, A. C.; COLLENBERG, M.; SCWAB, R.; KERSTEN, S.; KERSTENS, M. H. L.; POŽÁROVÁ, D.; BEZRUKOV, I.; BEMM, F.; KOLÁR, F.; WEIGEL. D. Deleterious phenotypes in wild *Arabidopsis arenosa* populations are common and linked to runs of homozygosity. **G3: Genes, Genomes, Genetics**, v. 14, n. 3, p. jkad290, 2024.

BARRETT, S. C.; HARDER, L. D. Ecology and evolution of plant mating. **Trends Ecol Evol.** Feb;11(2):73-9, 1996.

BERNARDO, R. **Breeding for Quantitative Traits in Plants (2nd ed.).** Stemma Press, 2010.

BOERJAN, W. Biotechnology and the domestication of forest trees. **Current Opinion in Biotechnology**, 16(2), 159-166, 2005.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 7. ed. Viçosa: Editora UFV. 572 p, 2009.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa: Editora UFV, 2013.

BORRALHO, N. M. G., POTTS, B. M.; SNIEGOWSKI, P. Genetic improvement of *Eucalyptus* for pulpwood. **Appita Journal**, *45*(2), 105-113, 1992.

CABALLERO, A.; VILLANUEVA, B.; DRUET, T. On the estimation of inbreeding depression using different measures of inbreeding from molecular markers. **Evolutionary Applications**, v. 14, n. 2, p. 416-428, 2021.
CASTRO, G. S. A. *et al*. Avanços no florescimento precoce em eucalipto. **Revista Brasileira de Ciência Florestal**, Brasília, v. 55, n. 2, p. 225-240, 2021.

CHARLESWORTH, D.; WILLIS, J. H. The genetics of inbreeding depression. **Nature Reviews Genetics**, v. 10, p. 783-796, 2009.

COLLARD, B. C. Y.; MACKILL, D. J. Marker-assisted selection: an approach for precision plant breeding in the twenty-first century. **Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences**, v. 363, n. 1491, p. 557-572, 2008.
CRNOKRAK, P.; BARRETT, S. C. H. Perspective: Purging the genetic load: a review of the experimental evidence. **Evolution**, v. 56, n. 12, p. 2347-2358, 2002.

CRUTE, I. R.; PINK, D. A. C. Genetics and utilisation of pathogen resistance in plants. **Plant Cell**, 8(11), 1747–1755, 1996.

DE ASSIS, T. F.; ABAD, J. I. M.; AGUIAR, A. M. Melhoramento genético do eucalipto. In: **SILVICULTURA DO EUCALIPTO NO BRASIL**. p. 215, 2016.

DEKKERS, J. C. M.; HOSPITAL, F. The use of molecular genetics in the improvement of agricultural populations. **Nature Reviews Genetics**, London, v. 3, n. 1, p. 22-32, 2002.

DE LOS CAMPOS, G. *et al*. Predicting quantitative traits with regression models for dense molecular markers. **Genetics**, Bethesda, v. 182, n. 1, p. 375-385, 2009.

DENIS, M.; BOUVET, J.M. Efficiency of genomic selection with models including dominance effect in the context of *Eucalyptus* breeding. **Tree Genetics & Genomes**, 9, 37–51, 2013.

DO CANTO, J.; STUDER, B.; LUBBERSTEDT, T. Overcoming self-incompatibility in grasses: a pathway to hybrid breeding. **Theoretical and Applied Genetics**, 129(10), 1815–1829 (2016).

DUVICK, D. N. Biotechnology in the 1930s: the development of hybrid maize. **Nature Reviews Genetics**, 2(1), 69-74, 2001.

EAST, E. M. Inbreeding in corn. **Connecticut Agricultural Experiment Station Report**, New Haven, v. 42, p. 419-428, 1908.

ELDRIDGE, K. G.; DAVIDSON, J.; HARWOOD, C. E.; VAN WYK, G**.** Eucalypt domestication and breeding. **Oxford: Clarendon Press**, 1994.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to Quantitative Genetics (4th ed.).** Longman Group Ltd, 1996.

FAO. Global forest sector outlook 2050: Assessing future demand and sources of timber for a sustainable economy – Background paper for The State of the World's Forests 2022. **FAO Forestry Working Paper, No. 31.** Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations, 2022.

FERENČAKOVIĆ, M. *et al*. Autozygosity and the estimation of inbreeding depression in selected populations. **Animal Genetics**, Oxford, v. 42, n. 2, p. 273-283, 2011.

FERREIRA, M. Histórico do plantio de eucalipto no Brasil. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 13, n. 4, p. 325-332, 1989.

FERREIRA, D. S.; SOUZA, A. P.; LIMA, M. M. Aplicação da seleção recorrente recíproca no melhoramento genético de *Eucalyptus* spp. **Revista Brasileira de Genética Florestal**, 22(4), 145-160, 2018.

GABRIEL, S. B.; SCHAFFNER, S. F.; REICH, D.; LAUTENBACH, A.; ALTSCHULER, D.; BOTSTEIN, D.; DALY, M. J. The structure of haplotype blocks in the human genome. **Science,** v. 296, n. 5576, p. 2225-2229, 2002.

GANAL, M. W.; ALTMANN, T.; RÖDER, M. S. SNP identification in crop plants. **Plant Biotechnology Journal**, Cambridge, v. 7, n. 3, p. 224-234, 2009.

GIANOLA, D. *et al*. Efficiency of genomic selection in crop breeding. **Nature Genetics,** New York, v. 52, n. 1, p. 15-22, 2021.

GIANOLA, D.; VAN KAAM, J. B. C. H. M. Reproducing kernel Hilbert spaces regression methods for genomic-assisted prediction of quantitative traits. **Genetics**, 178(4), 2289-2303, 2008.

GIBSON, J. *et al*. Runs of homozygosity: windows into population history and trait architecture. **Nature Reviews Genetics**, London, v. 7, n. 6, p. 384-394, 2006.

GONÇALVES, J. L. M.; ALVARES, C. A.; HIGA, A. R.; SILVA, L. D.; ALFENAS, A. C., STAHL, J.; OLIVEIRA, J. C. Integrating genetic and silvicultural strategies to minimize abiotic and biotic constraints in Brazilian eucalypt plantations. **Forest Ecology and Management**, 301, 6-27, 2013.

GRATTAPAGLIA, D. Genomic selection in forest tree breeding. **Tree Genetics & Genomes**, Heidelberg, v. 13, n. 2, p. 1-12, 2017.

GRATTAPAGLIA, D. Aplicações de marcadores moleculares no melhoramento de eucalipto. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 45, n. 3, p. 267-276, 2022.

GRATTAPAGLIA, D.; KIRST, M. *Eucalyptus* applied genomics: from gene sequences to breeding tools. **New Phytologist**, 179(4), 911-929, 2008.

GRATTAPAGLIA, D.; RESENDE, M. D. V. Genomic selection in forest tree breeding. **Tree Genetics & Genomes**, Heidelberg, v. 7, n. 4, p. 763-775, 2011.

GRATTAPAGLIA, D.; RESENDE, M. D. V.; SANSALONI, C.; PETROLI, C. D.; FARIA, D.; MISSIAGGIA, A. A.; TAKAHASHI, E. K.; ZAMPROGNO, K. C**.** Genomic Selection for growth and wood traits in tropical *Eucalyptus*: a paradigm shift in forest tree breeding**. *EMBRAPA Genetic Resources and Biotechnology***, 2018.

GRIFFIN, A. R.; COTTERILL, P. P. Genetic variation in growth of outcrossed, selfed and open-pollinated progenies of *Eucalyptus Regnans* and some implications for breeding strategy. **Silvae Genetica**, 37(4), 124-131, 1988.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. Quantitative Genetics in Maize Breeding. **Springer**, 2010.
HAYES, B. J. *et al*. Genomic selection for complex traits. **Nature Reviews Genetics**, London, v. 10, n. 6, p. 381-391, 2009.

HAYKIN, S. **Kalman Filtering and Neural Networks**. Wiley-Interscience, 2001.

HAYWARD, M.D.; BOSEMARK, N.O.; ROMAGOSA, T. (Ed.). Plant breeding: principles and prospects. **Springer Science; Business Media**, 2012.

HEDRICK, P. W.; HELLSTEN, U.; GRATTAPAGLIA, D. The impact of genomics on conservation genetics. **Evolutionary Applications**, Hoboken, v. 9, n. 5, p. 667-683, 2016.

HEDRICK, P.W. **Genetics of populations**. Jones; Bartlett Publishers, 2009.

HEFFNER, E. L. *et al*. Genomic selection for crop improvement. **Crop Science**, Madison, v. 49, n. 1, p. 1-12, 2009.

IBÁ - INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES. **Relatório anual de atividades 2024**. São Paulo: IBÁ, 2024.

JANNINK, J. L. *et al*. Bayesian models for genomic prediction. **Genetics**, Bethesda, v. 183, n. 4, p. 1167-1181, 2009.

JONES, D. F. The effects of inbreeding and crossbreeding upon development. **Bulletin 104 of the Connecticut Agricultural Experiment Station**, New Haven, p. 5-40, 1918.

KARIMI, Z. The role of ROH islands in plant breeding. **Journal of Plant Breeding and Genetics**, Tehran, v. 47, n. 4, p. 112-120, 2013.

KELLER, L. F.; WALLER, D. M. Inbreeding effects in wild populations. **Trends in Ecology & Evolution**, 17(5), 230–241, 2002.

KRUG, C. A.; ALVES, J. P. Melhoramento genético de *Eucalyptus*: Uma abordagem histórica. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 18, n. 2, p. 85-92, 1949.

LENCZ, T. *et al*. Runs of homozygosity reveal highly penetrant recessive loci in *schizophrenia*. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, Washington, v. 104, n. 50, p. 19942-19947, 2007.

MEUWISSEN, T. H. E.; HAYES, B. J.; GODDARD, M. E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. **Genetics**, Bethesda, v. 157, n. 4, p. 1819-1829, 2001.

NICOLLE, D.; RITTER, M. K.; JONES, R. C.; PHILLIPS, G. P.; FRENCH, M. E.; CUMMING, R.; BELL, S. A. J. The genus problem – *Eucalyptus* as a model system for minimising taxonomic disruption. **Taxon**, 72(1), 132-145, 2023.

NORDBORG, M. Linkage disequilibrium, gene trees and selfing: an ancestral recombination graph with partial self-fertilization. **Genetics**, v. 154, n. 2, p. 923-929, 2000.

PÉREZ-RODRÍGUEZ, P.; CROSSA, J.; BONNETT, D. Modelling genetic effects in genomic selection. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 133, n. 4, p. 1087-1099, 2020.

PINTO JÚNIOR, E. L.; SILVEIRA, R. Adaptabilidade das espécies de eucalipto ao clima brasileiro. **Revista Brasileira de Climatologia**, Londrina, v. 19, n. 4, p. 789-798, 2021.

PURFIELD, D. C.; BERRY, D. P.; MCPARLAND, S.; BRADLEY, D. G. Runs of homozygosity and population history in cattle. **BMC genetics**, v. 13, p. 1-11, 2012.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, H. G, SOUZA T. S. *Eucalyptus* breeding programs: a proposal for the use of inbred progenies. **Cerne**, v. 28, pp. 1-9, 2022.

REIS, C. A. F.; GONÇALVES, F. M. A.; ROSSE, L. N.; COSTA, R. R. G. F.; RAMALHO, M. A. P. Correspondence between performance of *Eucalyptus* spp trees selected from family and clonal tests. **Genet. Mol. Res**. 10, 1172–1179, 2011.

RESENDE, M. D. V. Genética Quantitativa e Seleção em Plantas Perenes: Aplicações ao Melhoramento do Eucalipto. **Embrapa Florestas**, 2002.

RESENDE, M. D. V. **Melhoramento genético de árvores florestais**. 2. ed. Colombo: Embrapa Florestas. 463 p, 2012.

SHULL, G. H. Hybridization methods in plant breeding. **Proceedings of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 6, p. 79-94, 1909.

SHULL, G. H. Pure-line inheritance. **Zeitschrift für induktive Abstammungs- und Vererbungslehre**, Jena, v. 5, p. 51-65, 1911.

SHULL, G. H. The composition of a field of maize. **American Breeders Association Report**, Chicago, v. 4, p. 296-301, 1908.

VIEIRA, M. L. C.; SANTINI, L.; DINIZ, A. L.; MUNHOZ, C. F. Microsatellite markers: what they mean and why they are so useful. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 39, n. 3, p. 312-328, jul./set. 2016

VIGNAL, A.; MILAN, D.; SANCRISTOBAL, M.; EGGEN, A. A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. **Genetics Selection Evolution,** 34(3), 275-305, 2002.

YANG, J. *et al*. Genome partitioning of genetic variation for complex traits using common SNPs. **Nature Genetics**, New York, v. 43, n. 6, p. 519-526, 2013.