

**EFEITOS DA ENDOGAMIA EM LINHAGENS PARCIALMENTE
ENDOGÂMICAS DE *EUCALYPTUS* SPP: UMA
INVESTIGAÇÃO QUANTITATIVA E MOLECULAR**

Relatório Científico Pós-Doutorado: modalidade Auxílio à Pesquisa Regular, fomentado pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo.

Projeto FAPESP #2023/04881-3

Pesquisador: Filipe Manoel Ferreira, Dr.

Supervisor: Evandro Vagner Tambarussi, Dr.

Botucatu, November 24, 2025

Informações Gerais do Projeto

- Título do projeto:

Efeitos da endogamia em linhagens parcialmente endogâmicas de *Eucalyptus* spp: uma investigação quantitativa e molecular

- Pesquisador bolsista:

Filipe Manoel Ferreira, Dr.

- Supervisor:

Evandro Vagner Tambarussi, Dr.

- Instituição sede do projeto:

Faculdade de Ciências Agrônômicas - Câmpus de Botucatu da Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho"

- Equipe de pesquisa:

Filipe Manoel Ferreira, Dr.

Evandro Vagner Tambarussi, Dr. (Supervisor)

- Número do projeto de pesquisa:

2023/04881-3

- Período de vigência:

01/09/2023 a 31/08/2025

- Período coberto por este relatório científico:

01/09/2023 a 31/08/2025

Resumo

O melhoramento genético é uma das ferramentas responsáveis pelo sucesso da silvicultura no Brasil e os avanços produtivos e de capital da indústria de árvores plantadas. Apesar de, no passado, os ganhos com a seleção terem sido satisfatórios em *Eucalyptus* spp., na última década, estes ganhos estão menores que os historicamente obtidos. Pesquisas sugerem que estratégias de seleção que exploram a endogamia, já consolidadas em culturas como o arroz e o milho, podem ser empregadas na prática dos programas de melhoramento de espécies florestais permitindo explorar as vantagens dos efeitos da complementariedade e da heterose. Pensando nisso, 20 matrizes superiores de *Eucalyptus* spp. da empresa Suzano S.A. foram autofecundadas gerando 30 descendentes por matriz. Os 600 indivíduos foram plantados em um delineamento em blocos casualizados e avaliados para características de crescimento aos 2 e 3 anos de idade. Os 600 indivíduos e as 20 matrizes foram genotipados utilizando SNPchip. Portanto, esta pesquisa dedicou-se em avaliar em um contexto quantitativo e molecular, o efeito da depressão endogâmica nesta população $S_0 : 1$ de *Eucalyptus* spp. Balizado pelos objetivos inicialmente propostos, este estudo buscou: i) investigar os padrões de autozigosidade na população com base em segmentos de homozigose por descendência (HBD); ii) estimar os parâmetros genéticos para uma população autofecundada ($S_{0,1}$) de *Eucalyptus* spp., iii) estimar a depressão por endogamia realizada a nível de família; e iv) avaliar o impacto do desbalanceamento entre o número de indivíduos autofecundados e cruzados por família na estimativa de depressão por endogamia, por meio do emprego de rotinas de simulação que emulam o conjunto de dados real. Este relatório visa expor os avanços alcançados nestes objetivos. Adicionalmente, visa pontuar as atividades correlatas realizadas pelo pesquisador durante o período de vigência da bolsa de Pós-doutorado.

Abstract

Genetic improvement is one of the key tools responsible for the success of forestry in Brazil, as well as for the productive and capital advances of the planted tree industry. Although, in the past, selection gains were satisfactory in *Eucalyptus* spp., in the last decade, the gains from selection have been lower than those historically obtained. Research suggests that selection strategies that exploit inbreeding—already consolidated in crops such as rice and maize—can be applied in forest species breeding programs, allowing for the exploitation of complementarity and heterosis. With this in mind, 20 superior *Eucalyptus* spp. parent trees from the company Suzano S.A. were self-pollinated, generating 30 offspring per parent. The 600 individuals were planted in a randomized complete block design and evaluated for growth traits at 2 and 3 years of age. The 600 individuals and the 20 parent trees were genotyped using a SNP chip. Therefore, this research is dedicated to evaluating, in a quantitative and molecular context, the effect of inbreeding depression in this $S_0 : 1$ population of *Eucalyptus* spp. Guided by the initial objectives, this study aimed to: i) investigate the patterns of autozygosity in the population based on homozygosity-by-descent (HBD) segments; ii) estimate genetic parameters for a self-pollinated population ($S_{0:1}$) of *Eucalyptus* spp.; iii) estimate inbreeding depression at the family level; and iv) assess the impact of imbalance between the number of selfed and outcrossed individuals per family on the estimation of inbreeding depression, through the use of simulation routines that emulate the real dataset. This report aims to present the progress achieved in these objectives.

Contents

Informações Gerais do Projeto	i
Resumo	ii
Abstract	iii
1 Realizações no período	1
2 Resumo da Pesquisa Central do Projeto Proposto	2
2.1 Introdução	2
2.2 Material e Métodos	3
2.2.1 População estudada e genotipagem	3
2.2.2 Controle de qualidade dos dados genômicos	3
2.2.3 Teste de paternidade	3
2.2.4 Estimativa de parâmetros genéticos	4
2.2.5 Coeficientes de endogamia	4
2.2.6 Depressão endogâmica	4
2.2.7 Simulações	5
2.2.8 Softwares e códigos do R	5
2.3 Resultados	5
2.3.1 Parâmetros genéticos	5
2.3.2 Coeficientes de endogamia	5
2.3.3 Depressão endogâmica	6
2.3.4 Simulações	6
2.3.5 Referências	6
2.4 Artigos relacionados à pesquisa central	8
2.4.1 Artigo submetido como primeiro autor	8
2.4.2 Artigo publicado como segundo-autor	8
2.4.3 Auxílios Vinculados	8
3 Plano de Gestão dos dados	10

4	Participação em evento científico	11
5	Lista de outras publicações no período de vigência da bolsa	12
5.1	Artigos publicados como primeiro autor	12
5.2	Artigos publicados como colaborador	12
5.3	Artigos submetidos como colaborador	13
6	Outras contribuições	14
6.1	Cursos ministrados	14
6.2	Docente convidado	14
6.3	Divulgação científica	14
6.4	Participação em bancas julgadora	14
6.5	Consultorias genética estatística	15
7	Prestação de contas da reserva técnica	16
7.1	Material Permanente	16
7.2	Participação em eventos	16
8	Anexos: Comprovantes	18

1 Realizações no período

Nos últimos 24 meses, tive o privilégio de ser contemplado com uma bolsa de Pós-Doutorado (PD) da FAPESP, o que me proporcionou, pela primeira vez, a tão necessária segurança financeira. Essa estabilidade permitiu que eu me dedicasse ao desenvolvimento do projeto de pesquisa e a outras atividades correlatas. Ao longo dos últimos 2 anos, tive a oportunidade de contribuir em dez artigos científicos, dois cursos de extensão, duas bancas de mestrado e uma aula de pós-graduação. Comprovantes serão apresentados ao longo do documento. Por fim, participei de 3 Concursos Públicos para cargos de professor do Magistério Superior, sendo cronologicamente classificado em terceiro, segundo e primeiro.

O presente projeto resultou na produção de um artigo científico no qual sou o primeiro autor e outro no qual sou o segundo autor. O primeiro, em processo de revisão na revista *Forestry* (Oxford) e o segundo, publicado na revista *Plants*. Também tive o privilégio de colaborar em outros oito artigos científicos, dos quais sete foram publicados até a presente data.

Neste relatório, apresento e descrevo brevemente parte das atividades realizadas no período de vigência da bolsa (2 anos), conforme exigido para a finalização das atividades referentes à bolsa de Pós-Doutorado da FAPESP. Este relatório trará uma breve descrição da pesquisa central e dos resultados alcançados, além de outras atividades de ensino, pesquisa e extensão desenvolvidas no período.

2 Resumo da Pesquisa Central do Projeto Proposto

2.1 INTRODUÇÃO

Na última década, há uma constante preocupação sobre o decréscimo do progresso genético em algumas espécies de eucalipto. O reduzido número de genitores na formação das progênes, a presença de endogamia nas populações de melhoramento e a ausência de programas de melhoramento estruturados podem estar contribuindo para este cenário. A endogamia aumenta o nível de homozigose em todo o genoma e pode causar um fenômeno denominado de depressão endogâmica [3]. A depressão endogâmica pode ser explicada pelo aumento de regiões com genes que contribuem para a redução da característica em homozigose.

Com uma geração de autofecundação (sem seleção) considerando que o genitor é heterozigoto, teoricamente, 50% dos locos na progênie seriam heterozigotos e os outros 50%, homozigotos. A endogamia esperada seria, portanto, de 0,5. Contra essa expectativa, Myburg et al. (2014), encontraram 65,5% de heterozigosidade em progênes de eucalipto autofecundadas, sendo o coeficiente de endogamia estimado de 0,355, evidenciando forte seleção contra homozigotos. Diferentes padrões de homozigosidade e heterozigosidade tem sido reportados nas mais variadas espécies de plantas [6, 12] e, como pode ser esperado, a depressão por endogamia e heterose agem de forma diferenciada. Dessa forma, é dificultado o entendimento desses eventos nas populações sob melhoramento.

Portanto, estudar o padrão genômico de heterozigosidade em populações endogâmicas e compreender os processos de depressão endogâmica e heterose, tem potencial de aumentar a taxa de ganho genético [7]. Para isso, é necessário entender de que modo a endogamia atua na expressão de caracteres fenotípicos visando escolher as melhores estratégias de seleção e cruzamentos. Infelizmente, ainda sabe-se pouco destes parâmetros para *Eucalyptus* [5]. Dessa forma, pretendíamos contribuir com estudos iniciais para entender esses padrões de endogamia e depressão por endogamia.

Os objetivos da pesquisa central foram adaptados para: i) investigar os padrões de autozigosidade na população com base em segmentos de homozigose por descendência (HBD); ii) estimar os parâmetros genéticos para uma população autofecundada ($S_{0:1}$) de

Eucalyptus spp., iii) estimar a depressão por endogamia realizada a nível de família; e iv) avaliar o impacto do desbalanceamento entre o número de indivíduos autofecundados e cruzados por família na estimativa de depressão por endogamia, por meio do emprego de rotinas de simulação que emulam o conjunto de dados real.

2.2 MATERIAL E MÉTODOS

2.2.1 População estudada e genotipagem

A população estudada foi composta de 20 matrizes superiores autofecundadas, sendo 11 oriundas do cruzamento entre *Eucalyptus urophylla* x *Eucalyptus grandis* - “urograndis”, cinco de *Eucalyptus urophylla*, uma de *Eucalyptus grandis* e três de *Eucalyptus* spp.. Após a germinação, 30 indivíduos de cada uma das progênies foram implantados em delineamento de blocos casualizados com uma única planta por parcela em abril de 2021. Foram adotados 30 blocos. Como testemunhas, oito genitores e mais cinco clones superiores foram implantados no experimento. Todas as análises de DNA foram terceirizadas. A Hereditas Tecnologia em Análise de DNA realizou as extrações, quantificações e purificação do DNA de todos os 620 indivíduos (600 progênies + 20 matrizes). Posteriormente, este mesmo laboratório enviou os DNAs para a Illumina, Inc. nos Estados Unidos, onde os indivíduos foram genotipados utilizando painéis Illumina Infinium BeadChips para mais de 60 mil SNPs de *Eucalyptus* [11]. Os inventários do teste foram realizados por empresa terceirizada contratada pela empresa SUZANO nos três anos subsequentes à implantação do experimento. As características medidas foram diâmetro altura do peito (DAP) e altura total (TH).

2.2.2 Controle de qualidade dos dados genômicos

O controle de qualidade foi realizado no software PLINK v1.9. SNPs com taxa de chamada inferior a 90% e frequência alélica menor que 5% ($MAF < 0.05$) foram excluídos.

2.2.3 Teste de paternidade

A atribuição de paternidade foi conduzida no software Cervus v.3.0.7 [8] com base em marcadores do tipo SNP codificados como 0 (homozigoto), 1 (heterozigoto) e 2 (homozigoto alternativo), utilizando o método de máxima verossimilhança e simulações de Monte Carlo com 95% de confiança.

2.2.4 Estimativa de parâmetros genéticos

Para a obtenção dos valores genéticos genômicos (VGG) dos indivíduos, foi ajustado o modelo aditivo-dominante utilizando dados genômicos (AD-GBLUP), representado por:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\beta + \mathbf{Z}_a\mathbf{a} + \mathbf{Z}_d\mathbf{d} + \epsilon$$

Sendo que: \mathbf{y} representa os valores fenotípicos observados para cada um dos caracteres, mensurado em cada um dos indivíduos, β é o vetor de efeitos fixos (blocos e média geral), \mathbf{a} é o vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos, com $\mathbf{a} \sim N(0, \mathbf{G}\sigma_a^2)$, sendo \mathbf{G} a matriz genômica e σ_a^2 a variância genética aditiva, \mathbf{d} é o vetor de efeitos aleatórios de dominância, sendo que $\mathbf{d} \sim N(0, \mathbf{D}\sigma_d^2)$, sendo \mathbf{D} a matriz de relacionamento de dominância e σ_d^2 a variância de dominância; ϵ é o vetor de efeitos residuais, em que $\epsilon \sim N(0, \mathbf{I}\sigma_e^2)$, sendo \mathbf{I} a matriz identidade e σ_e^2 a variância residual. \mathbf{X} , \mathbf{Z}_a e \mathbf{Z}_d são as matrizes de incidência para β , \mathbf{a} e \mathbf{d} , respectivamente.

2.2.5 Coeficientes de endogamia

A endogamia foi estimada com base nos segmentos homozigotos por descendência (HBD), utilizando o pacote RZooRoH [1] no R. O modelo é baseado em Cadeias de Markov ocultas, e as classes HBD (com taxas de recombinação $R_k = 2, 4, \dots, 512$) indicam a idade dos eventos de endogamia [2, 14]. O coeficiente de endogamia F_{HBD} foi obtido como a probabilidade média genômica de pertencimento a qualquer classe HBD.

2.2.6 Depressão endogâmica

A depressão endogâmica foi estimada em nível familiar com base na regressão linear do DAP em função de F_{HBD} :

$$y_i = X_i\beta_i + \epsilon_i$$

onde y_i é o vetor de DAP para a família i , X_i contém uma coluna de intercepto e outra de valores de F_{HBD} , e $\beta_i = [\beta_{0i}, \beta_{1i}]^T$ são os coeficientes da regressão. A fórmula proposta por [10] para populações com cruzamento misto foi utilizada:

$$ID(\%) = \frac{100}{\mu} \left[(X_C - X_S) \left(\frac{1}{2 - \phi} - \frac{\phi}{2 - \phi} \right) \right]$$

onde X_C e X_S são as médias fenotípicas dos indivíduos cruzados e autofecundados, respectivamente, e ϕ é o coeficiente de autofecundação da família.

2.2.7 Simulações

Foram realizadas simulações com o pacote `AlphaSimR` [4] para avaliar o viés da estimativa de $ID(\%)$ sob diferentes proporções de indivíduos cruzados e autofecundados. Foram simuladas 15 configurações, de 29:1 a 15:15 (autofecundados:cruzados), com 100 repetições cada. O viés e o erro quadrático médio (RMSE) foram usados como métricas de avaliação, comparando-se os valores simulados com os da população real.

2.2.8 Softwares e códigos do R

Todas as análises foram realizadas no ambiente R (v4.3.2, [9]) utilizando os pacotes `RZooRoH`, `ASReml-R` [13], `AlphaSimR` e `ggplot2` [15]. Os códigos gerados estão disponíveis em: https://github.com/filipe-manoel/Euca_Endogamy.

2.3 RESULTADOS

2.3.1 Parâmetros genéticos

Tanto os efeitos aditivos quanto os de dominância foram significativos pelo teste de razão de verossimilhança. A variância genética aditiva foi estimada em $\sigma_a^2 = 4,98$, a variância de dominância em $\sigma_d^2 = 2,86$ e a variância residual em $\sigma_e^2 = 12,62$, resultando em uma variância fenotípica total de $\sigma_p^2 = 20,46$.

A herdabilidade no sentido restrito foi estimada em $h^2 = 0,24$, enquanto a contribuição da dominância foi de $d^2 = 0,14$, levando a uma herdabilidade no sentido amplo de $H^2 = 0,38$. As acurácias das predições genéticas foram $r_{\hat{a}a} = 0,59$ para os efeitos aditivos e $r_{\hat{d}d} = 0,43$ para os efeitos de dominância. A resposta esperada à seleção dos 30 melhores indivíduos foi de 6,99% para DAP.

2.3.2 Coeficientes de endogamia

A média geral do coeficiente de endogamia genômica F_{HBD} foi de 0,2367. A maioria dos indivíduos apresentou valores inferiores a 0,15, indicando presença de seleção contra

homozigotos. As classes de HBD mais frequentes foram aquelas associadas a eventos mais recentes ($R_k = 8, 16$ e 512 gerações).

Ao analisar os 20 indivíduos mais endogâmicos, observou-se maior frequência da classe $R_k = 8$. Já os 20 indivíduos com maior valor genotípico (efeitos aditivos + dominância) apresentaram predominância da classe $R_k = 512$, sugerindo que menor endogamia está associada a melhor desempenho fenotípico.

2.3.3 Depressão endogâmica

A média do DAP foi de 13,88 cm para indivíduos cruzados e 9,73 cm para autofecundados. A depressão endogâmica média, considerando um sistema de cruzamento misto, foi estimada em 91,76%. Para a maioria das famílias, observou-se uma redução significativa do DAP com o aumento de F_{HBD} , exceto na família G29, que apresentou depressão heterótica (autofecundados com maior média que cruzados).

A regressão linear entre F_{HBD} e DAP revelou que até 42% da variação no DAP pode ser explicada pela endogamia genômica ($R^2 = 0,42$), reforçando a relação negativa entre homoziguidade e desempenho.

2.3.4 Simulações

As simulações mostraram que a estimativa de $ID(\%)$ é sensível ao desbalanceamento entre indivíduos cruzados e autofecundados. Cenários altamente desbalanceados (e.g., 29:1) apresentaram maior viés e erro quadrático médio (RMSE), enquanto configurações mais balanceadas (e.g., 15:15 ou 23:7) resultaram em estimativas mais precisas.

O viés relativo médio da estimativa de depressão endogâmica foi de 11,02%, sendo reduzido para 6,5% nos cenários mais balanceados. A simulação revelou que é necessário, no mínimo, 7 indivíduos cruzados por família (23,3%) para garantir uma estimativa confiável de $ID(\%)$.

Estes e outros resultados podem ser conferidos no Tópico 2.4 e seus anexos.

2.3.5 Referências

Referências do Resumo da Pesquisa Central


- [1] Amandine R Bertrand et al. “RZooRoH: an R package to characterize individual genomic autozygosity and identify homozygous-by-descent segments”. In: *Methods in Ecology and Evolution* 10.6 (2019), pp. 860–866.
- [2] Tom Druet and Mathieu Gautier. “A model-based approach to characterize individual inbreeding at both global and local genomic scales”. In: *Molecular ecology* 26.20 (2017), pp. 5820–5841.
- [3] Douglas Scott Falconer. *Introduction to quantitative genetics*. Pearson Education India, 1996.
- [4] R Chris Gaynor, Gregor Gorjanc, and John M Hickey. “AlphaSimR: an R package for breeding program simulations”. In: *G3* 11.2 (2021), jkaa017.
- [5] Philip W Hedrick, Uffe Hellsten, and Dario Grattapaglia. “Examining the cause of high inbreeding depression: analysis of whole-genome sequence data in 28 selfed progeny of *Eucalyptus grandis*”. In: *New Phytologist* 209.2 (2016), pp. 600–611.
- [6] Juan Pablo Jaramillo-Correa, Miguel Verdú, and Santiago C González-Martínez. “The contribution of recombination to heterozygosity differs among plant evolutionary lineages and life-forms”. In: *BMC Evolutionary Biology* 10 (2010), pp. 1–22.
- [7] Abdulqader Jighly et al. “Boosting genetic gain in allogamous crops via speed breeding and genomic selection”. In: *Frontiers in plant science* 10 (2019), p. 1364.
- [8] TC Marshall et al. “Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations”. In: *Molecular ecology* 7.5 (1998), pp. 639–655.
- [9] R Core Team. *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria, 2023.
- [10] M. D. V. Resende. *Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes*. Brasília: Embrapa, Informação Tecnológica, 2002.
- [11] OB Silva-Junior, DA Faria, and D Grattapaglia. “A flexible multi-species genome-wide 60K SNP chip developed from pooled resequencing of 240 *Eucalyptus* tree genomes across 12 species”. In: *New Phytologist* 206 (2015), pp. 1–12.

- [12] Andreia Somera et al. “Inbreeding depression and performance of partially self-fertilized maize progenies in a top cross”. In: *Chilean journal of agricultural research* 78.3 (2018), pp. 318–326.
- [13] The VSNi Team. *asreml: Fits Linear Mixed Models using REML*. R package version 4.2.0.267. 2023.
- [14] Elizabeth A Thompson. “Identity by descent: variation in meiosis, across genomes, and in populations”. In: *Genetics* 194.2 (2013), pp. 301–326.
- [15] Hadley Wickham. *ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis*. Springer-Verlag New York, 2016. ISBN: 978-3-319-24277-4.

2.4 ARTIGOS RELACIONADOS À PESQUISA CENTRAL


2.4.1 Artigo submetido como primeiro autor

Comprovante de submissão Forestry:

 **Ferreira, F.**, Vieira-Netto, J., Melchert, G., Benatti, T., Matos, J., Muniz, F., Brum, I., Nascimento, A., Bhering, L., Dias, K., Tambarussi, E. Unraveling the inbreeding depression patterns in a self-pollinated eucalyptus population. (2025). *Forestry*. Submetido em 20/05/2025 (página 19).

2.4.2 Artigo publicado como segundo-autor

Comprovante de Publicação

 Melchert, G., **Ferreira, F.**, Muniz, F., Matos, J., Benatti, T., Brum, I., Siqueira, L., Tambarussi, E. Genomic prediction in a self-fertilized progenies of Eucalyptus spp. (2025). *Plants*. Submetido em 01/03/2025 (página 20).

2.4.3 Auxílios Vinculados

O Auxílio à Pesquisa - Reunião - Exterior (processo nº 24/14912-6), concedido ao supervisor Prof. Dr. Evandro Vagner Tambarussi, teve como objetivo viabilizar sua participação na 32^a edição da Plant and Animal Genome Conference (PAG), que ocorreu entre

os dias 10 e 15 de janeiro de 2025 (ver comprovante na página 21). A conferência, considerada um dos principais eventos internacionais nas áreas de genômica e melhoramento genético de plantas e animais, representa uma oportunidade estratégica para o avanço das pesquisas desenvolvidas no projeto vinculado à bolsa FAPESP 23/04881-3. A participação no evento permitiu o intercâmbio de conhecimentos com renomados pesquisadores, bem como o fortalecimento de colaborações científicas no campo da genética e melhoramento florestal.

3 Plano de Gestão dos dados

O plano de gestão dos dados foi completamente seguido e alcançou quase que a totalidade dos resultados esperados. Os resultados alcançados foram: i) o entendimento da variação da heterozigiosidade e homozigiosidade das progênies oriundas da autofecundação e a seleção contra indivíduos com maior frequência de loci deletérios em homozigose; ii) a estimação da depressão por endogamia e da magnitude dos efeitos aditivos e de dominância; iii) a aplicação da seleção genômica para selecionar indivíduos com maiores valores genéticos genômicos (VGG) para serem utilizados para a obtenção de híbridos superiores em futuros cruzamentos dialélicos (Anexo II); e iv) a disponibilização de uma metodologia de simulação que possibilite prever o nível de endogamia em futuros ciclos de autofecundação (Anexo I).

Parte do objetivo iv não foi alcançado, uma vez que comumente a predição da expressão da heterose em híbridos provenientes de futuros cruzamentos é feita utilizando linhagens endogâmicas ou parcialmente endogâmicas. Infelizmente, a população estudada é uma população híbrida submetida a apenas uma geração de auto-fecundação; portanto, ainda há alto nível de heterozigiosidade, o que impossibilitou a predição do nível de endogamia com boa ou mediana confiabilidade. Além disso, os dados genômicos não estavam faseados (unphased genomic data), logo não é possível distinguir a origem (materna ou paterna) dos cromossomos homólogos, o que dificulta o processo de simulação baseado nos dados reais.


Portanto, novos projetos podem focar em realizar um maior número de autofecundações em populações de espécies puras. Adicionalmente, recomenda-se que se usem dados genômicos faseados (phased genomic data). Com o maior nível de homozigiosidade e melhores informações moleculares, espera-se maior confiabilidade na predição da performance dos futuros híbridos.

Como um objetivo alternativo para a simulação, nós avaliamos o impacto do desequilíbrio entre o número de indivíduos autofecundados e cruzados dentro das famílias nas estimativas de depressão por endogamia. Os dados foram simulados com base no conjunto de dados real.

De acordo com o plano de gestão dos dados inicialmente submetido, todos os dados serão mantidos em sigilo até a divulgação dos resultados desta pesquisa. Caso haja concordância de toda a equipe, os dados poderão ser compartilhados via e-mail.

4 Participação em evento científico

O resumo simples intitulado "Insights into inbreeding depression in a self-pollinated eucalyptus population" foi apresentado por Filipe Manoel Ferreira em formato de painel no evento científico Congresso de Plantações Florestais ocorrido de 13/05/2025 a 15/05/2025 em Piracicaba-SP.

 **Ferreira, F.**, Vieira-Netto, J., Melchert, G., Benatti, T., Muniz, F., Dias, K., Tambarussi, E. Insights into inbreeding depression in a self-pollinated eucalyptus population. (2025). *Congresso Plantações Florestais*, 13 a 15/05/2025, Piracicaba (página 22).

Filipe Manoel Ferreira compareceu ao evento científico XII Workshop em Estatística Aplicada e Biometria na Universidade Federal de Viçosa (UFV) ocorrido no dia 27 de junho de 2025, com carga horária de 08 horas em Viçosa-MG.


 Certificado XII Workshop em Estatística Aplicada e Biometria (2025). (página 24).


Em adicional, o pesquisador participou de outros diversos eventos, destacando-se cursos com pesquisadores e professores de renomadas instituições internacionais. Tais como o curso de "Quantitative Genetics and Molecular Breeding" ministrado pelo Prof. Dr. Fikret Isik da North Carolina State University (ver comprovante no Anexo página 25 e o curso de "Otimização de Programas de Melhoramento via Simulação e Seleção Genômica" ministrado pelo Dr. Marco Antônio Peixoto da University of Florida (ver comprovante no Anexo página 26).


5 Lista de outras publicações no período de vigência da bolsa

Além dos dois artigos, anteriormente citados, relacionados à pesquisa central, participei de outras oito publicações relacionadas abaixo:

5.1 ARTIGOS PUBLICADOS COMO PRIMEIRO AUTOR


 **Ferreira, F. M.**, Grattapaglia, D., Bush, D., Andrejow, G. M. P., Estopa, R. A., Tambarussi, E. V. Marker-based pedigree reconstruction reveals limited diversity within commercial *Eucalyptus benthamii* breeding populations in Brazil.(2024). *Tree Genetics & Genomes*, 20(5), 1-13.(página 27).


 **Ferreira, F. M.**, Chaves, S. F., Santos, O. P., Nunes, A. C., Tambarussi, E. V., Pereira, G. S., Santos, G. A., Bhering, L. L., Dias, K. O. Competition effects can mislead selection in eucalypt breeding trials. *Forest Ecology and Management*, 561, 121892. (página 28).


 Benatti, T. R. [†], **Ferreira, F. M.** [†], Costa, R. M., Moraes, M. L., Benatti, T. R., Aguiar, A. M., Dias, D. C., Matos, J. W., Fernandes, A. C., Andrade, M. C., Siqueira, L., Brum, I. J., Nascimento, A. V., Utsunomiya, Y. T., Garcia, J. F., Tambaourssi, E. V. (2024). Accelerating eucalyptus clone selection pipeline via cloned progeny trials and molecular data. *Plant Methods*. (página 29).

[†] **Benatti, T. R. e Ferreira, F. M. contribuíram igualmente para este trabalho.**


5.2 ARTIGOS PUBLICADOS COMO COLABORADOR


 Malikouski, R. G., **Ferreira, F. M.**, Chaves, S. F., Couto, E. G., Dias, K. O., Bhering, L. L. (2024). Recommendation of Tahiti acid lime cultivars through Bayesian probability models. *Plos one*, 19(3), e0299290. (página 30).

 Chaves, S. F. S., **Ferreira, F.M.**, Ferreira, G., Gezan, S., Dias, K. O. G. Incorporating spatial and genetic competition into breeding pipelines with the R package gencomp. *Heredity*. Artigo submetido no dia 02 de setembro de 2024. (página 31).

 Chaves, S. F. S., Dias, L. A. S., Alves, R. S., **Ferreira, F. M.**, Araújo, M. S., Resende, M. D. V., Takahashi, E. K., Souza, J. E., Leite, F. P., Fernandes, S. B., Dias, K. O. G. Realized genetic gain with reciprocal recurrent selection in a eucalyptus breeding program. *Tree Genetics & Genomes*. Artigo submetido no dia 30 de novembro de 2023. (página 32).

5.3 ARTIGOS SUBMETIDOS COMO COLABORADOR

 Canal, G. B., Santos, G. A., **Ferreira, F. M.**, Nogueira, T. C., Paixão, C. F., Bhering, L. L., Chaves, S. F. S., Dias, K. O. G. Longitudinal data improves selection of drought-tolerant Eucalyptus germplasm. *Tree Genetics & Genomes*. Artigo submetido no dia 01 de abril de 2025. (página 33).

 Marino, C. L., Arneiro, L. C., Kettener, K., Souza, I.C., Oda, S., Passos, J. R., Pereira, F.B., Rossini, B. C., **Ferreira, F. M.**, Tambarussi, E.V. Impact of lignotuber presence on growth traits in *Eucalyptus* spp.. *Forestry*. Artigo submetido no dia 11 de julho de 2025. (página 34).

6 Outras contribuições

6.1 CURSOS MINISTRADOS

Em abril de 2024 ministrei o curso intitulado "Análise de Dados de Melhoramento Genético no Software Selegen REML/BLUP, organizado pelo Laboratório de Plantas Agrícolas e Florestais (LAMPAF) da UNESP de Botucatu (ver comprovante no Anexo página 35. Em abril de 2025 ministrei o curso "Atualizações em análise de dados de experimentos de melhoramento de plantas", organizado pelo Laboratório de Plantas Agrícolas e Florestais (LAMPAF) da UNESP de Botucatu (ver comprovante no Anexo página 35.

6.2 DOCENTE CONVIDADO

Lecionei uma aula de 4 horas sobre "Endogamia e Deriva Genética" para alunos de pós-graduação da disciplina de Genética de Populações da Pós-graduação em Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa (UFV) a convite do professor Dr. Kaio Olimpio Dias (ver comprovante no Anexo página 36.

6.3 DIVULGAÇÃO CIENTÍFICA

Tive a oportunidade de escrever um artigo de divulgação científica no blog da VSNI (ver página 37). A VSNI é uma importante empresa do Reino Unido que comercializa aplicativos computacionais específicos para o melhoramento de animais e plantas.

6.4 PARTICIPAÇÃO EM BANCAS JULGADORA

Particpei de duas bancas de mestrado, sendo uma na Universidade Federal do Sul da Bahia e outra na Universidade de São Paulo. Em ambas, as estudantes foram aprovadas com êxito. Os comprovantes encontram-se na seção correspondente, no Anexo (páginas 38 e 39).

6.5 CONSULTORIAS GENÉTICA ESTATÍSTICA

Durante estes anos auxiliei alunos de graduação, mestrado e doutorado em análises de dados de melhoramento em diversas culturas destacando-se os estudantes do LAMPAF (FCA/UNESP - Botucatu).

7 Prestação de contas da reserva técnica

7.1 MATERIAL PERMANENTE

O pesquisador teve acesso a uma reserva técnica no valor de R\$25.663,44 dos quais R\$19.320,00 foram destinados para a compra de um computador de mesa para a realização de análises e ajustes de modelos estatísticos envolvendo o uso de dados genômicos e fenotípicos. A nota fiscal do computador encontra-se na página 40. Também foi adquirido um Nobreak APC para evitar prejuízos no funcionamento do computador devido à instabilidade da rede elétrica no valor de R\$835,00. A nota fiscal do nobreak encontra-se na página 41.

O comprovante de doação do computador para a instituição sede, seguindo o termo de transferência de material permanente, encontra-se na página 43. Abaixo, uma foto do computador montado (Figure 7.1) e uma foto do nobreak (Figure 7.2).

Foram realizados três orçamentos idênticos antes da compra do computador. Estes podem ser conferidos em: orçamento 1 na página 45, orçamento 2 na página 48 e orçamento 3 na página 49. O menor orçamento foi o orçamento 3; portanto, a empresa Eletti Informática foi a escolhida para fornecer o equipamento.

7.2 PARTICIPAÇÃO EM EVENTOS

O pesquisador utilizou três pernoites no período de 13/05/2025 a 16/05/2025, somando o valor de R\$1.680,00 quando apresentou o trabalho intitulado "Insights into inbreeding depression in a self-pollinated eucalyptus population" no Congresso de Plantações Florestais em Piracicaba-SP. O comprovante de participação no evento pode ser conferido na página 50. Adicionalmente, para o mesmo evento foi paga a inscrição no valor de R\$250,00 como indicado no comprovante na página 51. O deslocamento foi pago com recursos próprios.

O pesquisador utilizou uma pernoite no dia 27/06/2025 no valor de R\$560,00 quando participou do XII Workshop em Estatística Aplicada e Biometria na Universidade Federal de Viçosa (UFV) como indicado no comprovante na página 24. Tanto a inscrição quanto o deslocamento foram pagos com recursos próprios. Portanto, dos R\$25.663,44 disponíveis,

foram utilizados R\$22.645,00, permanecendo R\$3.018,44 restantes na reserva técnica que serão restituídos à FAPESP.

8 Anexos: Comprovantes



Filipe Manoel Ferreira <ferreira.fmanoel@gmail.com>

Forestry-2025-103

1 message

Forestry: An International Journal of Forest Research <onbehalfof@manuscriptcentral.com>Tue, May 20, 2025 at
8:23 AM

Reply-To: forestry.editorialoffice@theeditorialhub.com

To: filipe.manoel@unesp.br

Cc: filipe.manoel@unesp.br, joao.netto@ufv.br, guilherme.f.melchert@unesp.br, TBENATTI@suzano.com.br, JWMATOS@suzano.com.br, fabiana.muniz@suzano.com.br, ITARAJUBRUM@suzano.com.br, vieira.nascimento@unesp.br, leonardo.bhering@ufv.br, kaio.o.dias@ufv.br, evandro.tambarussi@unesp.br

20-May-2025

Dear Dr.FERREIRA,

I am writing to thank you for your manuscript entitled "Unraveling the inbreeding depression patterns in a self-pollinated eucalyptus population" and confirm that online submission was successful. The Editors will now consider your paper in consultation with suitable referees.

Your manuscript ID is Forestry-2025-103.

Please mention the above manuscript ID in all future correspondence or when contacting the office. If there are any changes in your address or e-mail, please log in to Manuscript Central at <https://mc.manuscriptcentral.com/forest> and edit your user information as appropriate.

Please note all authors must contact their email system administrator with a request to whitelist/add to safe list messages from noreply@manuscriptcentral.com, onbehalfof@manuscriptcentral.com and forestry.editorialoffice@theeditorialhub.com to ensure that they receive communication regarding this submission.

You can also view the status of your manuscript at any time by checking your Author Centre after logging in to <https://mc.manuscriptcentral.com/forest>.

OPTIONAL OPEN ACCESS – Please note that if your manuscript is accepted for publication in Forestry, you will have the option, at an additional charge, to make your paper freely available online immediately upon publication, under the Oxford Open initiative (see <http://www.oxfordjournals.org/oxfordopen/about>). Applicable Oxford Open charges can be found in the Authors Instructions http://www.oxfordjournals.org/foresj/for_authors/index.html. If you do not select the Open Access option, your paper will be published in the journal with standard subscription-based access and you will not be charged.

Thank you for submitting your manuscript to Forestry: An International Journal of Forest Research.

Yours sincerely,





Miss Isobel Gavan

Editorial Office, Forestry: An International Journal of Forest Research

Our Privacy Policy sets out how Oxford University Press handles your personal information, and your rights to object to your personal information being processed as part of our business activities. This policy also explains generally how we receive information about you: <https://global.oup.com/privacy?cc=gb>

Article

Genomic Prediction in a Self-Fertilized Progenies of *Eucalyptus* spp.

Guilherme Ferreira Melchert ¹, Filipe Manoel Ferreira ², Fabiana Rezende Muniz ³, Jose Wilacildo de Matos ³, Thiago Romanos Benatti ³, Itaraju Junior Baracuhy Brum ³, Leandro de Siqueira ³ and Evandro Vagner Tambarussi ^{2,*}

- ¹ Department of Forest Science, Soils and Environment, São Paulo State University (UNESP), School of Agricultural Sciences (FCA), Av. Universitária, Botucatu 18610-034, SP, Brazil; guilherme.f.melchert@unesp.br (G.F.M.)
- ² Department of Plant Production, São Paulo State University (UNESP), School of Agricultural Sciences (FCA), Av. Universitária, Botucatu 18610-034, SP, Brazil; ferreira.fmanoel@gmail.com (F.M.F.)
- ³ Suzano S.A., Jacareí 12340-010, SP, Brazil; fabiana.muniz@suzano.com.br (F.R.M.); jwmatos@suzano.com.br (J.W.d.M.); tbenatti@suzano.com.br (T.R.B.); itarajubrum@suzano.com.br (I.J.B.B.); lsiqueira@suzano.com.br (L.d.S.)
- * Correspondence: evandro.tambarussi@unesp.br (E.V.T.)

Abstract: Genomic selection in *Eucalyptus* enables the identification of superior genotypes, thereby reducing breeding cycles and increasing selection intensity. However, its efficiency may be compromised due to the complex structures of breeding populations, which arise from the use of multiple parents from different species. In this context, partial inbred lines have emerged as a viable alternative to enhance efficiency and generate productive clones. This study aimed to apply genomic selection to a self-fertilized population of different *Eucalyptus* spp. Our objective was to predict the genomic breeding values (GEBVs) of individuals lacking phenotypic information, with a particular focus on inbred line development. The studied population comprised 662 individuals, of which 600 were phenotyped for diameter at breast height (DBH) at 36 months in a field experiment. The remaining 62 individuals were located in a hybridization orchard and lacked phenotypic data. All individuals, including progeny and parents, were genotyped using 10,132 SNP markers. Genomic prediction was conducted using four frequentist models—GBLUP, GBLUP dominant additive, HBLUP, and ABLUP—and five Bayesian models—BRR, BayesA, BayesB, BayesC, and Bayes LASSO—using k-fold cross-validation. Among the GS models, GBLUP exhibited the best overall performance, with a predictive ability of 0.48 and an R^2 of 0.21. For mean squared error, the Bayes LASSO presented the lowest error (3.72), and for the other models, the MSE ranged from 3.72 to 15.50. However, GBLUP stood out as it presented better precision in predicting individual performance and balanced performance in the studied parameter. These results highlight the potential of genomic selection for use in the genetic improvement of *Eucalyptus* through inbred lines. In addition, our model facilitates the identification of promising individuals and the acceleration of breeding cycles, one of the major challenges in *Eucalyptus* breeding programs. Consequently, it can reduce breeding program production costs, as it eliminates the need to implement experiments in large planted areas while also enhancing the reliability in selection of genotypes.

Keywords: genomic selection; SNP; quantitative genetics; tree breeding



Academic Editors: Andreas W. Ebert, Yanguang Chu and Xiaohua Su

Received: 13 March 2025

Revised: 30 April 2025

Accepted: 3 May 2025

Published: 9 May 2025

Citation: Melchert, G.F.; Ferreira, F.M.; Muniz, F.R.; de Matos, J.W.; Benatti, T.R.; Brum, I.J.B.; de Siqueira, L.; Tambarussi, E.V. Genomic Prediction in a Self-Fertilized Progenies of *Eucalyptus* spp. *Plants* **2025**, *14*, 1422. <https://doi.org/10.3390/plants14101422>

Copyright: © 2025 by the authors. Licensee MDPI, Basel, Switzerland. This article is an open access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).



**Fomento à
Pesquisa**

**Pesquisa para
Inovação**

**Difusão do
Conhecimento**

**Acordos e
Convênios**

**Sobre a
BV FAPESP**

**Converse com a
FAPESP-BV**

Plant and Animal Genome Conference 32

Processo: 24/14912-6

Modalidade de apoio: [Auxílio à Pesquisa - Reunião - Exterior](#)

Data de Início da vigência: 10 de janeiro de 2025

Data de Término da vigência: 15 de janeiro de 2025

Área do conhecimento: [Ciências Biológicas](#) - [Genética](#) - [Genética Vegetal](#)

Pesquisador responsável: [Evandro Vagner Tambarussi](#)     

Beneficiário: [Evandro Vagner Tambarussi](#)     

Instituição Sede: [Faculdade de Ciências Agrônômicas \(FCA\), Universidade Estadual Paulista \(UNESP\), Campus de Botucatu, Botucatu, SP, Brasil](#)

Vinculado à bolsa: [23/04881-3 - Efeitos da endogamia em linhagens parcialmente endogâmicas de Eucalyptus spp: uma investigação quantitativa e molecular](#), BP.PD

Palavra(s)-Chave do Pesquisador: Genomic-prediction | inbreeding | Plant-Breeding | Genética e Melhoramento Florestal

Insights into inbreeding depression in a self-pollinated eucalyptus population

Filipe Manoel Ferreira¹,
João Amaro Ferreira Vieira Netto²,
Guilherme Ferreira Melchert³,
Thiago Romanos Benatti⁴,
Fabiana Rezende Muniz⁵,
Kaio Olimpio da Graças Dias⁶,
Evandro Vagner Tambarussi⁷

¹São Paulo State University (ferreira.fmanuel@gmail.com),

²Federal University of Viçosa (joao.netto@ufv.br),

³São Paulo State University (guilherme.f.melchert@unesp.br),

⁴Suzano S.A. (tbenatti@suzano.com.br),

⁵Suzano S.A. (fabiana.muniz@suzano.com.br),

⁶Federal University of Viçosa (kaio.o.dias@ufv.br),

⁷São Paulo State University (evandro.tambarussi@unesp.br)

ABSTRACT: *While past selection efforts in Eucalyptus spp. have yielded satisfactory genetic gains, the current response to selection has fallen below expectations. Inbreeding-based selection strategies, well established in maize, could be used in eucalyptus for the exploration of heterosis. In this context, 20 elite genotypes of Eucalyptus spp. were self-pollinated, producing 30 progenies per family. A total of 600 individuals were evaluated for growth at 3 years of age. Both the progeny and the 20 parent genotypes were genotyped using SNP chips. This research aimed to unravel the realized patterns of inbreeding depression (ID) in this selfed population of eucalyptus by estimating ID and genetic parameters and studying the impact of the unbalance between selfed and crossed individuals on the ID estimator. The results revealed that dominance accounted for a notable portion of the phenotypic variation for growth traits. ID was evident, since reductions in growth were observed in most homozygotic families. Simulations highlighted that unbalanced sample sizes of selfed and crossbred individuals could bias estimates of ID. By integrating genomic data and advanced quantitative methods, this study brings new information into the genetic consequences of self-pollination in eucalyptus, contributing to the development of new breeding strategies for planted forests.*

Keywords: *lineages, forest production, breeding strategies*

Realização:



UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA
CENTRO DE CIÊNCIAS EXATAS E TECNOLÓGICAS
DEPARTAMENTO DE ESTATÍSTICA

Certificado

Certificamos que

Filipe Manoel Ferreira

participou do "XII Workshop em Estatística Aplicada e Biometria", promovido pelo Grupo de Estudos em Estatística Aplicada e Biometria (GESTBIO), realizado no dia 27 de junho de 2025, com carga horária de 08 horas.

Apoio: Viçosa - MG, 10 de julho de 2025.

FUNARBE
Fundação Arthur Bernardes

 **Fundação
FACEV**
Cultura, Extensão e Ensino



DET
Departamento
de Estatística



**EDITORA
UFV**

UFV
Universidade Federal
de Viçosa

Certificado registrado às 14:27 de 10/07/2025

Código de registro:

2G2O.IGCL.B5PD

A autenticidade deste documento pode ser confirmada
no endereço <https://siadoc.ufv.br>

PALESTRAS

Palestra 1 - O elo perdido da experimentação
(Prof. Dr. Edenio Detmann)

Palestra 2 - Competição Genética e Interação GxE via Modelos Mistos: Fundamentos e Aplicações
(Prof. Dr. Kaio Olimpio)

Palestra 3 - Ferramentas Estatísticas Aplicadas ao Melhoramento
(Prof. Dr. Moysés Nascimento)

Palestra 4 - GM-generator: Um método para geração de matrizes de correlação customizadas
(Prof. Dr. Helgem Martins)



DECLARAÇÃO



Declaramos que

Filipe Manoel

participou do curso: Quantitative Genetics & Plant Molecular Breeding ministrado pelo Prof. Dr. Fikret Isik, oferecido pelo LAMPAF - Laboratório de Melhoramento de Plantas Agrícolas e Florestais da Faculdade de Ciências agrônômicas da Unesp/Botucatu em parceria com a North Carolina State University, nos dias 05, 06,07 e 08 de agosto de 2024, com atividades de planejamento e execução totalizando 28 horas.

Prof Dr Evandro Vagner Tambarussi
Departamento de Produção Vegetal
Coordenador LAMPAF

Profa Dra Maria Paula Nunes
Departamento de Produção Vegetal
Coordenadora LAMPAF

CERTIFICADO

Certificamos que

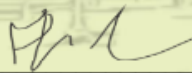
Filipe Manoel Ferreira

participou do curso intitulado "Otimização de Programas de Melhoramento via Simulações e Seleção Genômica", promovido pelo Grupo de Estudo em Genética e Melhoramento (GenMelhor) e ministrado pelo Dr. Marco Antônio Peixoto, com carga horária de 12 horas.

Universidade Federal de Viçosa

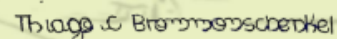
Viçosa, Brasil

27-28 maio, 2024



Felipe Lopes da Silva

Coordenador do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento - PPGGM/UFV



Thiago de Castro Brommonschenkel
Coordenador do Grupo de Estudos em Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa - GenMelhor/UFV





Marker-based pedigree reconstruction reveals limited diversity within commercial *Eucalyptus benthamii* breeding populations in Brazil

Filipe Manoel Ferreira¹ · Dario Grattapaglia² · David Bush³ · Gisela Maria Pedrassani Andrejow⁴ · Regiane Abjaud Estopa⁵ · Evandro Vagner Tambarussi¹

Received: 16 November 2023 / Revised: 15 August 2024 / Accepted: 1 September 2024
© The Author(s), under exclusive licence to Springer-Verlag GmbH Germany, part of Springer Nature 2024

Abstract

Despite extensive introductions of *Eucalyptus* germplasm to Brazil in the last 50 years, relatively little is known about the genetic diversity within current breeding programs, particularly for non-mainstream species. A prime example is *Eucalyptus benthamii*, a subtropical species with a restricted natural range, endangered due to anthropogenic population fragmentation. We used microsatellite markers to reconstruct the pedigrees and estimate diversity within the two most representative pools of *E. benthamii* germplasm managed in separate, commercial Brazilian breeding populations. The analysis, together with evidence from Australian Tree Seed Centre (ATSC), historical germplasm export data confirmed that the genetic diversity within the two populations is modest. In the two breeding populations, the estimated status number was in the range of 8.5–22.0 per population considering marker-based co-ancestry. Extensive close relatedness and family structure were identified within and across the two populations, confirming that they share a high proportion of founder ancestors. This is likely a result of the narrow genetic base of the initial introductions and subsequent directional selection and breeding. With the increasing importance of *E. benthamii* in Brazilian plantation forestry, and as further breeding will likely reduce the status number, our study highlights the need for infusions to augment the existing genetic diversity. Complementary to sourcing infusions, implementing breeding strategies that take advantage of the marker-based information reported in this study to carefully manage the pedigree should help to minimise inbreeding. Exchanging unrelated individuals between the two Brazilian breeding populations would also be advantageous.

Keywords Genetic diversity · Molecular breeding · Microsatellites

Introduction

Species of genus *Eucalyptus* L'Hér. constitute the most outstanding source of plantation forest trees in tropical and subtropical regions of the world. Rapid growth, extensive adaptability to a wide diversity of environments, coupled with multipurpose wood properties for energy, solid wood products, pulp and paper, justify their leading position. Although the genus includes more than 890 species in different subgenera and sections (Slee et al. 2006), approximately twenty species of subgenus *Symphomyrtus* account for 95% of the world's planted eucalypts (Harwood 2011). For over 50 years, extensive seed collections of large numbers of open pollinated progenies in several provenances of these species have been carried out by the CSIRO Australian Tree Seed Centre (ATSC). Continued introductions from this rich germplasm resource have been the key driver of several advanced breeding programs worldwide, which in turn led

Communicated by J. P. Jaramillo-Correa

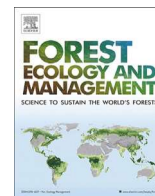
✉ Evandro Vagner Tambarussi
evandro.tambarussi@unesp.br

- ¹ Plant Production Department, College of Agriculture, São Paulo State University, Av. Universitária, 3780, Botucatu 18610-034, SP, Brazil
- ² Plant Genetics Laboratory, EMBRAPA Genetic Resources and Biotechnology, Brasília 70770-970, DF, Brazil
- ³ CSIRO Australian Tree Seed Centre, ACT, GPO Box 1700, Canberra 2601, Australia
- ⁴ Forestry R&D, WestRock, Rigesa Avenue, 2400, Três Barras 89490-000, SC, Brazil
- ⁵ Forestry R&D, Klabin S.A., Brasil Avenue, Telêmaco Borba 84275-000, PR, Brazil



Contents lists available at ScienceDirect

Forest Ecology and Management

journal homepage: www.elsevier.com/locate/foreco

Competition effects can mislead selection in eucalypt breeding trials

Filipe Manoel Ferreira^a, Saulo Fabrício da Silva Chaves^b, Osmarino Pires dos Santos^c, Andrei Caíque Pires Nunes^d, Evandro Vagner Tambarussi^a, Guilherme da Silva Pereira^b, Gleison Augusto dos Santos^b, Leonardo Lopes Bhering^b, Kaio Olimpico das Graças Dias^{b,*}

^a São Paulo State University, Botucatu, Brazil^b Federal University of Viçosa, Viçosa, Brazil^c Celulose Riograndense S.A., Guaíba, Brazil^d Federal University of Southern Bahia, Itabuna, Brazil

ARTICLE INFO

Keywords:

Eucalyptus dunii
Forest management
Tree breeding
Quantitative genetics
Forestry

ABSTRACT

The assessment of plant performance and the accuracy of genetic selection can be significantly affected by genetic competition among individuals. In addition to genetic causes, competition is influenced by external factors such as environment and age. This research uses multi-location multi-age *Eucalyptus dunii* trials to answer four questions: i) Are there major changes when competition effects (both genetic and residual) are estimated in single-age and multi-age models? ii) What are the implications of considering competition effects on the early selection of eucalypt clones? iii) What are the impacts of considering the reliability of direct (DGE) and indirect genotypic effects (IGE) as a weight in a selection index?, and iv) Which clones hold the potential to form highly productive clonal plantations in Southern Brazil when deployed together as clonal composites? The dataset contained three trials established in different locations in Southern Brazil, where growth traits were measured at 3.5 and 7 years. We fitted single-age and multi-age spatial competition models for each trial. The multi-age spatial competition model was a valuable tool for selecting superior eucalypt clones. Neglecting the IGEs led to changes in clone ranking, reducing the effectiveness of early selection. Additionally, a selection index where DGEs and IGEs are weighted by their reliability was proposed. Therefore, our study contributes to understanding the magnitude of IGE's impact on the daily practice of eucalypt breeding, such as early selection and multi-age analyses, and proposes selection strategies that consider the quantity and quality of information provided by the models for each individual.

1. Introduction

Competition or indirect genotypic effects (IGEs) disproportionately affect the growth of neighboring individuals and their response to biotic and abiotic stresses, resulting in the differential expression of an economic or adaptive trait (Costa e Silva et al., 2012, 2017). Models partitioning the genotypic observed variation into direct genotypic effects (DGEs) and IGEs were first proposed by Muir (2005) and Cappa and Cantet (2008) in a frequentist and Bayesian framework, respectively. Muir (2005) introduced a linear mixed model (LMM) to account for IGEs in animal and plant breeding, conceptualizing that IGEs are the influences that an individual's gene pool exerts on the phenotype of its neighbors. Cappa and Cantet (2008) contributed to this concept by also considering the number of closest neighbors and the rows and columns

distance among individuals for modeling the influence of competition on diameter at breast height of a *Pinus taeda* population. The authors concluded that using a selection strategy that enhances direct gain in the trait under competition is feasible.

An approach that jointly models the spatial and genetic competition via spatial-competition models (SCMs) was described by Stringer et al. (2011). Costa e Silva and Kerr (2013) simulated trials varying the genetic relatedness levels between individuals and survival rate within a neighborhood. They found that SCMs were important in enhancing artificial selection schemes, especially when neighboring plants are highly related. Costa e Silva et al. (2012) elaborated on the quantitative genetics of competition when neighbors are genetically related. The SCMs outperformed the non-competition models and IGEs influenced some traits more than others in *Corymbia citriodora* subsp. *variegata* (Hernán-

* Corresponding author.

E-mail address: kaio.o.dias@ufv.br (K.O.G. Dias).

<https://doi.org/10.1016/j.foreco.2024.121892>

Received 8 January 2024; Received in revised form 22 March 2024; Accepted 4 April 2024

Available online 11 April 2024


0378-1127/© 2024 Elsevier B.V. All rights reserved.

RESEARCH

Open Access



Accelerating eucalypt clone selection pipeline via cloned progeny trials and molecular data

Thiago Romanos Benatti^{1†}, Filipe Manoel Ferreira^{2†}, Rodolfo Manoel Lemes da Costa³, Mario Luiz Teixeira de Moraes³, Aurélio Mendes Aguiar¹, Donizete da Costa Dias¹, José Wilacildo de Matos¹, Aline Cristina Miranda Fernandes¹, Mateus Chagas Andrade¹, Leandro de Siqueira¹, Itaraju Junior Baracuhy Brum¹, André Vieira do Nascimento^{4,5}, Yuri Tani Utsunomiya^{5,6}, José Fernando Garcia⁶ and Evandro Vagner Tambarussi^{2*} 

Abstract

The high productivity of *Eucalyptus* spp. forest plantations is mainly due to advances in silvicultural techniques and genetic improvement associated with the potential that many species of the genus have for vegetative propagation. However, long reproduction cycles for forest species pose significant challenges for genetic progress via traditional breeding programs. Furthermore, there is often poor correlation between individual (seedling) performance in initial (progeny trials) and final (clonal trials) stages of the breeding program. In this scenario, cloned progeny trials (CPT) offer an alternative to accelerate the eucalypt clone selection pipeline, combining progeny and clonal trials in a single experiment. CPT has the potential to speed up the evaluation process and increase its efficiency by developing new commercial genotypes that were tested as clones from the initial stage of the breeding program. Thus, this study aims to assess the potential of CPT to accelerate eucalypt clone selection programs by estimating the genetic parameters, analyzing responses to selection, and predicting the adequate number of ramets to be used in CPT of *Eucalyptus urophylla* × *Eucalyptus grandis*. The results show that when the number of ramets per progeny was decreased from five to one there was a reduction in the estimates of broad-sense heritability and accuracy. However, three ramets/progeny can be used without significant reductions in these estimates. CPT accelerates clonal selection by combining progeny and clonal trial methodologies, enabling an evaluation of performance as both progeny and clone. This capacity is very important for vegetatively propagated crop species such as *Eucalyptus*. Integrating CPT with SNP markers can offer an alternative to shorten the tree clone selection pipeline, better estimate and decompose the genetic variance components, and improve the correlation between initial and final performance for selected genotypes. This study confirms the potential of CPT to improve selection processes and accelerate genetic gains in the eucalypt clone selection pipeline.

[†]Thiago Romanos Benatti and Filipe Manoel Ferreira contributed equally to this work.

*Correspondence:

Evandro Vagner Tambarussi
evandro.tambarussi@unesp.br

¹Suzano S.A, Jacareí, São Paulo, Brazil

²Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Botucatu, Brazil

³Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Ilha Solteira, SP, Brazil

⁴Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Jaboticabal, SP, Brazil

⁵AgroPartners Consulting, Araçatuba, SP, Brazil

⁶Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Araçatuba, SP, Brazil



© The Author(s) 2025. **Open Access** This article is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License, which permits use, sharing, adaptation, distribution and reproduction in any medium or format, as long as you give appropriate credit to the original author(s) and the source, provide a link to the Creative Commons licence, and indicate if changes were made. The images or other third party material in this article are included in the article's Creative Commons licence, unless indicated otherwise in a credit line to the material. If material is not included in the article's Creative Commons licence and your intended use is not permitted by statutory regulation or exceeds the permitted use, you will need to obtain permission directly from the copyright holder. To view a copy of this licence, visit <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>.

RESEARCH ARTICLE

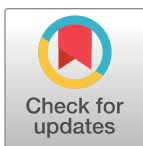
Recommendation of Tahiti acid lime cultivars through Bayesian probability models

Renan Garcia Malikouski¹, Filipe Manoel Ferreira², Saulo Fabrício da Silva Chaves³, Evellyn Giselly de Oliveira Couto³, Kaio Olimpio das Graças Dias¹, Leonardo Lopes Bhering¹*

1 Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brazil, **2** Department of Crop Science—College of Agricultural Sciences, São Paulo State University, Botucatu, São Paulo, Brazil, **3** Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brazil

* These authors contributed equally to this work.

* leonardo.bhering@ufv.br



Abstract

Probabilistic models enhance breeding, especially for the Tahiti acid lime, a fruit essential to fresh markets and industry. These models identify superior and persistent individuals using probability theory, providing a measure of uncertainty that can aid the recommendation. The objective of our study was to evaluate the use of a Bayesian probabilistic model for the recommendation of superior and persistent genotypes of Tahiti acid lime evaluated in 12 harvests. Leveraging the Monte Carlo Hamiltonian sampling algorithm, we calculated the probability of superior performance (superior genotypic value), and the probability of superior stability (reduced variance of the genotype-by-harvests interaction) of each genotype. The probability of superior stability was compared to a measure of persistence estimated from genotypic values predicted using a frequentist model. Our results demonstrated the applicability and advantages of the Bayesian probabilistic model, yielding similar parameters to those of the frequentist model, while providing further information about the probabilities associated with genotype performance and stability. Genotypes G15, G4, G18, and G11 emerged as the most superior in performance, whereas G24, G7, G13, and G3 were identified as the most stable. This study highlights the usefulness of Bayesian probabilistic models in the fruit trees cultivars recommendation.

OPEN ACCESS

Citation: Malikouski RG, Ferreira FM, Chaves SFdS, Couto EGdO, Dias KOdG, Bhering LL (2024) Recommendation of Tahiti acid lime cultivars through Bayesian probability models. PLoS ONE 19(3): e0299290. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0299290>

Editor: Mehdi Rahimi, KGUT: Graduate University of Advanced Technology, ISLAMIC REPUBLIC OF IRAN

Received: November 19, 2023

Accepted: February 8, 2024

Published: March 5, 2024

Peer Review History: PLOS recognizes the benefits of transparency in the peer review process; therefore, we enable the publication of all of the content of peer review and author responses alongside final, published articles. The editorial history of this article is available here: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0299290>

Copyright: © 2024 Malikouski et al. This is an open access article distributed under the terms of the [Creative Commons Attribution License](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original author and source are credited.

Data Availability Statement: The data relevant to this study are available from GitHub at: <https://github.com/malikouskirg/PONE-D-23-38484>.

Introduction

Breeding perennial fruit crops presents a set of challenges. The 3 to 5-year juvenile phase and the variable expression of quantitative traits over time can delay and mislead the selection of superior genotypes [1]. This differential performance over time can be a reflex of the genotypes-by-harvests interaction (GHI). The GHI in perennial species refers to the variation in gene expression and, consequently, the phenotypic traits of a plant due to the different environmental conditions and agricultural practices that occur in each planting cycle [2]. Therefore, in perennial fruit breeding, repeated measures on the same plant over time are important, which increases costs and the duration of breeding cycle [3]. In the presence of

ARTICLE

Incorporating spatial and genetic competition into breeding pipelines with the R package `gencomp`Saulo F. S. Chaves ^{1,2}, Filipe M. Ferreira ³, Getulio C. Ferreira ⁴, Salvador A. Gezan ⁵ and Kaio Olimpio G. Dias ^{1,2}✉

© The Author(s), under exclusive licence to The Genetics Society 2025

Genetic competition can obscure the true merit of selection candidates, potentially leading to altered genotype rankings and a divergence between expected and actual genetic gains. Despite a wealth of literature on genetic competition in plant and animal breeding, the separation of genetic values into direct genetic effects (DGE, related to a genotype's merit) and indirect genetic effects (IGE, related to the effects of a genotype's alleles on its neighbor's phenotype) in linear mixed models is often overlooked, likely due to the complexity involved. To address this, we introduce `gencomp`, a new R package designed to simplify the use of (spatial-) genetic competition models in crop and tree breeding routines. `gencomp` includes functions for constructing the genetic competition matrix, fitting (spatial-) genetic competition models via the variance-component approach, and extracting key results such as variance components, heritabilities, competition classes, and total genetic values. For tree breeding, `gencomp` also calculates the merit of different clonal mixtures using the estimated DGE and IGE of the selection candidates. In this paper, we first present the theoretical foundation of the methods implemented in the package. We then demonstrate the use of `gencomp` with two datasets: one simulated from a *Eucalyptus* spp. trial and a real potato dataset. We used both datasets to demonstrate the influence of genetic competition in variance component estimates, heritabilities and selection. Despite the dependency on ASReml-R, a paid resource, `gencomp` is a user-friendly tool that can popularize genetic competition models, contributing to more informed decision-making in plant breeding.

Heredity; <https://doi.org/10.1038/s41437-024-00743-9>

INTRODUCTION

Plants compete for above- and below-ground resources. The competition intensity will depend on several factors such as the species, density and resource availability. In plant breeding, competition may distort the selection process. This is because competitive plants may impair the capacity of sensitive neighbors to express their full genetic potential. Furthermore, selecting only aggressive individuals may decrease the correspondence between what was observed in trials and the actual performance in commercial farms (Besag and Kempton 1986; Kempton 1982). These are consequences of overlooking competition and selecting based only on the portion due to direct genetic effects (DGE) of the total heritable variation (Bijma 2011; Walsh and Lynch 2018, chapter 22). A possible solution is to consider the underlying competition capacity of selection candidates. This is done by taking the indirect genotypic effects (IGE) into account during the selection process (Bijma et al. 2007; Muir 2005).

IGE can be seen as the influence that the genetic makeup of one individual has on the phenotypic performance of its surrounding neighbors. Evidence suggests that competition ability is a quantitative genetic trait (Bailey and Desjonquères 2022; Griffing 1967; Sakai 1955). Under this scenario, the phenotypic value of an individual v , surrounded by n neighbors, is given by

$P_v = g_v + \sum_{k=1}^n c_k + e_v$, with g_v being the DGE, c_k being the IGE of the k^{th} neighbor, and e_v being the non-heritable terms (Bijma 2014), instead of just $P_v = g_v + e_v$ in traditional modeling approaches. Given that each candidate has its own competition capacity and that genetic competition is relevant to phenotypic expression (i.e., IGE are significant), the most appropriate selection criterion is the summation $g_v + \hat{\phi}c_v$, known as total genotypic (or genetic, if kinship is considered) value (TGV), with $\hat{\phi}$ being the mean competition intensity factor (see "Methods" for more details), and c_v the IGE of candidate v (Costa e Silva and Kerr 2013; Ferreira et al. 2023). Note that if $c_v \neq 0$, the merit of a selection candidate will be different when comparing models with and without competition. In other words, competition causes change in candidates' ranking, and, ultimately, in the selection.

Even with the relevant insights related to IGE in animal and plant breeding so far (Bijma 2010; Costa e Silva et al. 2017; Kempton and Lockwood 1984; Muir 2005), its statistical modeling is not straightforward. The main challenge is the construction of a competition matrix (IGE's incidence matrix), as there are many ways to obtain it and each methodology yields different results. Another difficulty is the incorporation of IGE into a linear mixed model, where it is important to ensure both DGE and IGE are estimated properly. The estimation of competition effects in the

¹Department of General Biology, Federal University of Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brazil. ²Institute of Artificial and Computational Intelligence (IDATA), Federal University of Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brazil. ³Plant Production Department, College of Agriculture, São Paulo State University, Botucatu, São Paulo, Brazil. ⁴Department of Genetics, Luiz de Queiroz College of Agriculture, University of São Paulo, Piracicaba, São Paulo, Brazil. ⁵VSN International, Hemel Hempstead, England, UK. Associate editor Yuan-Ming Zhang ✉ email: kaio.o.dias@ufv.br



Realized genetic gain with reciprocal recurrent selection in a *Eucalyptus* breeding program

Saulo F. S. Chaves¹ · Luiz A. S. Dias¹ · Rodrigo S. Alves² · Filipe M. Ferreira³ · Maurício S. Araújo⁴ · Marcos D. V. Resende^{5,6} · Elizabete K. Takahashi² · João E. Souza² · Fernando P. Leite² · Samuel B. Fernandes⁷ · Kaio Olimpio G. Dias⁸

Received: 30 November 2023 / Revised: 21 August 2024 / Accepted: 13 October 2024 / Published online: 5 November 2024
© The Author(s), under exclusive licence to Springer-Verlag GmbH Germany, part of Springer Nature 2024

Abstract

Key message: *Eucalyptus* breeding can benefit from strategies that capture dominance effects, as shown by the improvement in mean annual increment of wood volume across cycles of RRS.

Abstract: There is no empirical validation of reciprocal recurrent selection (RRS) in *Eucalyptus* breeding. Our study helps to fill this gap by quantifying the realized response to selection achieved after two cycles of RRS involving *Eucalyptus urophylla* and *E. grandis*. We also investigated the selection effects on the genetic parameters of the breeding populations. We evaluated 25 trials of the first cycle (C1) of RRS and 12 trials of the second cycle (C2) of RRS. These trials were established in two different regions, separated according to altitude. Fitting linear mixed models enabled the estimation of variance components and the prediction of mean components (general and specific hybridizing abilities). The realized response to selection was calculated as the difference between the mean of the predicted genotypic values of the C1 and C2. The RRS effectively improved the mean annual increment of wood volume by 28.5% in the high-altitude region and 12.3% in the low-altitude region from the C1 to C2. The genetic variability also increased as a result of the new genotypes that arose through recombination. These findings provide insights for decision-making and reinforce that *Eucalyptus* breeding can benefit from strategies that capture dominance effects.

Keywords Tree breeding · Heterosis · Response to selection · Genetic parameters · *Eucalyptus grandis* · *Eucalyptus urophylla*

Introduction

Eucalyptus L'Hér breeding programs aim to release clones for forest-based industries while increasing the frequency of favorable alleles in the breeding population (Rezende et al. 2014). Recurrent selection strategies allow breeders to simultaneously select high-performance candidates (testing/selection step) while keeping the decay of genetic variability between cycles at low levels (recombination step) (Kerr et al. 2004; Souza Jr. 2015). For successfully reaching these objectives, two factors play a major role: the genetic architecture of the traits under selection and the effective population size required to initiate (founders) and maintain (selected genotypes from one cycle to another) the breeding program in the medium and long terms (Isik and McKeand 2019).

Recurrent selection in *Eucalyptus* breeding programs can be conducted either within a single population or by employing two populations (Assis and Resende 2011). The latter strategy is known as reciprocal recurrent selection (RRS) (Comstock et al. 1949). RRS is particularly suitable for hybrid breeding, where the focus is not only on increasing the additive value of breeding populations but also on exploring the dominance effects via heterosis (Resende and Barbosa 2005; Covarrubias-Pazarán et al. 2023; Labroo et al. 2023). The concept of heterosis was first defined by Shull (1908) as the increased vigour of the heterozygote compared to their homozygous parents. This concept was later outlined as “baseline heterosis” in the population level (Lamkey and Edwards 1999). However, in *Eucalyptus* breeding, heterosis is achieved by crossing trees - which rarely are inbred - from two different species, deviating from the classical concept outlined by Shull (1908). Instead, *Eucalyptus* breeding RRS explores the mid-parent panmictic heterosis, defined as the difference between the value of the interspecific hybrid population and the mean value of the two panmictic pure-species

Communicated by C. Kulheim.

Extended author information available on the last page of the article

12 Longitudinal data improves selection of drought-tolerant
13 *Eucalyptus* germplasm

14 Guilherme B. Canal^a, Glêison A. dos Santos^a, Filipe M. Ferreira^b, Thales
15 A. P. C. Nogueira^c, Camila F. Paixão^a, Leonardo L. Bhering^c, Saulo F. da
16 S. Chaves^{d,**}, Kaio Olimpio G. Dias^{c,*}

^a*Department of Forest Science, Federal University of Viçosa, Av. PH
Rolf, Viçosa, 36570-900, Minas Gerais, Brazil*

^b*Department of Plant Production, College of Agriculture - São Paulo State
University, Av. Universitária, 3780, Botucatu, 18610-034, São Paulo, Brazil*

^c*Department of General Biology, Federal University of Viçosa, Av. PH
Rolf, Viçosa, 36570-900, Minas Gerais, Brazil*

^d*Department of Genetics, Luiz de Queiroz College of Agriculture, University of São
Paulo, Avenida Pádua Dias, 11, Piracicaba, 13418-900, São Paulo, Brazil*

17 **Abstract**

18 In Brazil, nearly half of the country's eucalyptus plantations are located in
19 regions where seasonal dry periods lasting three to five months bring monthly
20 rainfall below 50 mm. Thus, the main goal of this study was to evaluate the
21 potential benefits of incorporating multi-year and multi-environmental data,
22 as well as to investigate the impact of modeling different covariance structures
23 on the selection of drought-tolerant families, and thus compare the results
24 with the standard analysis model framework used in forest breeding. For this
25 purpose, we evaluated the diameter at breast height (DBH, cm) in 232 *Euca-*
26 *lyptus* families and six commercial clones, installed in different experimental
27 trials distributed in three distinct locations in Brazil. Three measurements
28 were performed for three years and six months after planting. Finally, we
29 identified promising families for cultivation under drought conditions. Our
30 results indicated significant variability among families in drought tolerance.
31 Models that incorporated multi-year and multi-environmental data, as well
32 as adjustments in the variance-covariance structures for genetic and resid-
33 ual effects, allowed for a better fit to the data, resulting in more consistent
34 variance component estimates, and increasing the accuracy of genetic and
35 spatial interaction assessments. Furthermore, the selected families promise
36 to continue regional breeding programs to develop drought-tolerant eucalyp-

*Corresponding author: Kaio Olimpio das Graças Dias. E-mail: kaio.o.dias@ufv.br
Preprint submitted to Forest Ecology and Management January 20, 2025
**Corresponding author: Saulo Fabricio da Silva Chaves. E-mail: saulo.chaves@ufv.br



Filipe Manoel Ferreira <ferreira.fmanoel@gmail.com>

Forestry: An International Journal of Forest Research - Account Created in Manuscript Central

1 message

Forestry: An International Journal of Forest Research <onbehalf@manuscriptcentral.com>

Fri, Jul 11, 2025 at 5:33 AM

Reply-To: forestry.editorialoffice@theeditorialhub.com

To: ferreira.fmanoel@gmail.com

11-Jul-2025

Dear Dr. Ferreira,

A manuscript titled Impact of lignotuber presence on growth traits in Eucalyptus spp. (Forestry-2025-162) has been submitted by Dr. Lidia Arneiro to Forestry: An International Journal of Forest Research in which you are listed as a co-author. As a result of this our online peer-review system, Manuscript Central, has automatically created a user account for you. Your USER ID and PASSWORD for your account is as follows:

Site URL: <https://mc.manuscriptcentral.com/forest>USER ID: ferreira.fmanoel@gmail.comPASSWORD: https://mc.manuscriptcentral.com/forest?URL_MASK=5e1dee8153d1495eaf8c75808c853527 Please note that the single use link will expire on 14-Jul-2025 8:33:58 AM GMT / 14-Jul-2025 4:33:58 AM EDT. If the single use link has expired, you can generate a single use password by entering your email address into the Password Help function on your site log in page: <https://mc.manuscriptcentral.com/forest>

You can use the above USER ID and PASSWORD to log in to the site and check the status of papers you have authored/co-authored. This password is case-sensitive and temporary. Please log in to <https://mc.manuscriptcentral.com/forest> to update your account information and change your password.

Thank you for your participation.

Yours sincerely,

Editorial Office, Forestry: An International Journal of Forest Research

[Log in to Remove This Account](#)

DECLARAÇÃO

Declaramos que

Filipe Manoel

ministrou o II Curso de Extensão: ANÁLISE DE DADOS DE MELHORAMENTO GENÉTICO NO SOFTWARE SELEGEN REML/BLUP oferecido pelo LAMP AF - Laboratório de Melhoramento de Plantas Agrícolas e Florestais da Faculdade de Ciências agrônômicas da Unesp/Botucatu, nos dias 15,16 e 17 de abril de 2024, com atividades de planejamento e execução totalizando 9 horas.

Evandro V. Tambarussi

Prof Dr Evandro Vagner Tambarussi
Departamento de Produção Vegetal
Coordenador LAMP AF

MP Nunes

Profa Dra Maria Paula Nunes
Departamento de Produção Vegetal
Coordenadora LAMP AF



Universidade Federal de Viçosa

MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA
DEPARTAMENTO DE BIOLOGIA GERAL

Campus Universitário – Viçosa, MG – 36570-900 – Telefone: (31) 3612-5000 / 3612-2355 - dbg@ufv.br

05 de Novembro de 2024

A QUEM POSSA INTERESSAR

Declaro para os devidos fins que Filipe Manoel Ferreira, pós-doutorando em Genética e Melhoramento na Faculdade de Ciências Agronômicas da Universidade Estadual Paulista (FCA-UNESP), ministrou uma aula na disciplina de pós-graduação (BIO641 Genética de Populações) intitulada "Deriva Genética e Endogamia" no dia 29 de Outubro de 2024, com carga horário de 4 horas. Sou o docente responsável pela disciplina.

Coloco-me à disposição para eventuais esclarecimentos.

Atenciosamente,

Kaio Olimpio das G. Dias

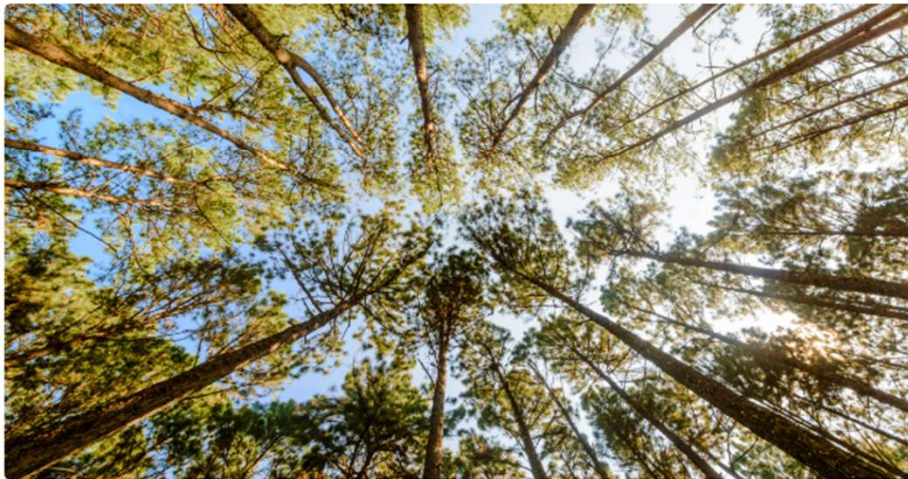
Kaio Olimpio das Graças Dias
Professor Adjunto
Departamento de Biologia Geral
Universidade Federal de Viçosa

<https://vsni.co.uk/blogs/competitive-genetics>

Competitive Genetics: Exploring the impact of direct and indirect genetic effects in tree breeding

Dr. Filipe Manoel Ferreira & Saulo Chaves & Dr Kaio Olimpio

Yesterday at 10:19 AM



Imagine a group of caged animals where everyone has its own set of abilities to acquire food. Among them, there is a notably competitive animal named Max. Max is driven by a strong desire to outshine his companions, particularly when it comes to securing a limited food resource within the cage. In this confined space, Max competitive nature tends to create a stressful environment, negatively affecting the access to food of his cage mates.

This metaphor helps us to understand two central concepts in competition modelling. The first is the Direct Genetic Effect (DGE) which is how much an individual's genes can influence its own trait performance. That is, Max's competitive nature and his ability to acquire enough food. The second is the Indirect Genetic Effect (IGE), also known as the genetic competition effect, which is the impact that the genes of one individual have on

Popular



Decoding the p-value: what statisticians need ...
04 May 2021



Mastering mixed models for repeated measures and...
01 March 2021



Pearson Correlation vs Simple Linear Regression
06 July 2021

Uncover our statistics software

Trusted and powerful data analysis tools
for your discovery needs

[Find out more](#)





Universidade de São Paulo

DECLARAÇÃO

O(A) Prof(a). Dr(a) Filipe Manoel Ferreira participou, na qualidade de membro, da Comissão Julgadora da Defesa da Dissertação de Mestrado do(a) pós-graduando(a) Cibelle Pinheiro Mourão, apresentada para a obtenção do título de Mestra em Ciências - Área: Recursos Florestais, realizada em 23 de Outubro de 2024, ocorrida no(a) Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", intitulada:

"Interação entre genótipos e ambientes em progênies em *Eucalyptus* spp."

A Comissão Julgadora foi constituída pelos seguintes membros:

Prof(a). Dr(a). Evandro Vagner Tambarussi (Presidente)

Prof(a). Dr(a). Fernanda Bortolanza Pereira

Prof(a). Dr(a). Filipe Manoel Ferreira

Piracicaba, 23 de Outubro de 2024.



DECLARAÇÃO

Declaro, para os fins a que se fizerem necessários, que aos 28 dias do mês de junho de 2024, os (as) pesquisadores (as) doutores (as) a seguir mencionados participaram como membros da banca de defesa de mestrado da discente Kethlin de Carvalho Santos Romão: Paulo Henrique Muller da Silva, Filipe Manoel Ferreira, Silvelise Pupin e Andrei Caíque Pires Nunes.

Itabuna, 28/06/2024.

Andrei Caíque Pires Nunes
Coordenador do Programa de Pós-Graduação em Biosistemas
Portaria Nº 926/2022
SIAPE 3028410

RECEBEMOS DE REP STORE LTDA OS PRODUTOS CONSTANTES DA NOTA FISCAL INDICADA AO LADO		NF-e
DATA DE RECEBIMENTO	IDENTIFICACAO E ASSINATURA DO RECEBEDOR	Nº 000.656.185 SÉRIE 001

 <p>REP STORE LTDA</p> <p>AVENIDA SANTOS DUMONT, 4240, G-5, G-6 - ZONA INDUSTRIAL NORTE, JOINVILLE, SC - CEP: 89219730 Fone:</p>	<p>DANFE</p> <p>Documento Auxiliar da Nota Fiscal Eletrônica</p> <p>0: Entrada 1: Saída</p> <p align="right">1</p> <p>Nº 000.656.185 SÉRIE:001</p> <p align="center">Folha 1 d 1</p>	
	<p>CHAVE DE ACESSO</p> <p align="center">4225 0835 4766 1500 0254 5500 1000 6561 8517 4438 3010</p> <p align="center">Consulta de autenticidade no portal nacional da NF-e www.nfe.fazenda.gov.br/portal ou no site da Sefaz Autorizadora</p>	

NATUREZA DA OPERAÇÃO		PROTOCOLO DE AUTORIZAÇÃO DE USO	
Venda de Merc. Adqui. ou Rece. de Terceiros		242250301639 07/08/2025 11:09:01	
INSCRIÇÃO ESTADUAL	INSC. ESTADUAL DO SUBST. TRIBUTÁRIO	CNPJ	
261432699		35.476.615/0002-54	

DESTINATÁRIO / REMETENTE			
NOME/RAZÃO SOCIAL		C.N.P.J / C.P.F.	DATA DA EMISSÃO
FILIPE FERREIRA (403863)		106.340.436-33	07/08/2025
ENDEREÇO		BAIRRO/DISTRITO	CEP
AVENIDA UNIVERSITARIA, 3780 - FAPESP 2023.04881-3		ALTOS DO PARAISO	18610034
MUNICÍPIO	FONE/FAX	UF	INSCRIÇÃO ESTADUAL
BOTUCATU		SP	
			HORA DE SAÍDA
			11:09:01

FATURA/DUPLICATA			

CÁLCULO DO IMPOSTO				
BASE DE CÁLCULO DO ICMS	VALOR DO ICMS	BASE DE CÁLCULO DO ICMS SUBSTITUIÇÃO	VALOR DO ICMS SUBSTITUIÇÃO	VALOR TOTAL DOS PRODUTOS
835,00	33,40	0,00	0,00	835,00
VALOR DO FRETE	VALOR DO SEGURO	DESCONTO	OUTRAS DESPESAS ACESSÓRIAS	VALOR DO IPI
0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
				VALOR TOTAL DA NOTA
				835,00

TRANSPORTADOR/VOLUME						
RAZÃO SOCIAL		FRETE POR CONTA	CODIGO ANTT	PLACA DO VEICULO	UF	CNPJ/CPF
		0 - Emitente				
ENDEREÇO			MUNICÍPIO	UF	INSCRIÇÃO ESTADUAL	
QUANTIDADE	ESPÉCIE	MARCA	NUMERAÇÃO	PESO BRUTO	PESO LÍQUIDO	
1				11,000		

INFORMAÇÕES DO LOCAL DE ENTREGA / RETIRADA			
NOME/RAZÃO SOCIAL		C.N.P.J / C.P.F.	INSCRIÇÃO ESTADUAL
		106.340.436-33	
ENDEREÇO		BAIRRO/DISTRITO	CEP
AVENIDA UNIVERSITARIA, 3780 - FAPESP 2023.04881-3 REFERENCIA: FAPESP		ALTOS DO PARAISO	18610034
MUNICÍPIO		UF	FONE/FAX
BOTUCATU		SP	

DADOS DO PRODUTO / SERVIÇOS												
CODIGO PRODUTO	DESCRIÇÃO DOS PRODUTOS / SERVIÇOS	NCM/SH	CST	CFOP	UNID.	QTD.	VLR UNIT.	VALOR TOTAL	B. CALC. ICMS	VALOR ICMS	VALOR IPI	ALÍQUOTAS ICMS IPI
731304447948	NOBREAK APC PARA COMPUTADOR BACK-UPS 1500VA BIVOLT	85044040	200	6108	UN	1	835,00	835,00	835,00	33,40	0,00	4,00 0,00

CÁLCULO DO ISSQN			
INSCRIÇÃO MUNICIPAL	VALOR TOTAL DOS SERVIÇOS	BASE DE CÁLCULO DO ISSQN	VALOR DO ISSQN

DADOS ADICIONAIS		RESERVADO AO FISCO
<p>Pedido Marketplace: 2000012575397708 Pagamento(s): Cartao de Credito(1x) R\$835,00, ; ICMS para UF Destino: R\$ 116,90 ; Atendimento:MERCADO LIVRE REP STORE FILIAL ; Trib Aprox: R\$ 242,15 Federal R\$ 28,39 Estadual Fonte: IBPT REF PEDIDO(s): 554622</p>		
		41

Nome e assinatura do Dirigente da Instituição: Renata Cristina Batista Fonseca



Renata Cristina Batista Fonseca
Vice-Diretora
no exercício da Direção

FAPESP, dezembro de 2020.



LMR – Consultoria e Assessoria em TI

Robinson Ferreira Leite ME

CNPJ: 22.069.094/0001-98 Insc. Mun. 1095/15

Pardinho, 09 de abril de 2025.

UNESP - FILIPE

Orçamento:

Computador de Mesa

Itens:

Processador Intel i9-14900kf – R\$5.600,00

Placa Mãe ASUS ROG STRIX B760-F – R\$ 2.800,00

4 Unidades Memória RAM Rise Mode 32GB DDR5 4800MHz – R\$4.000,00

SSD Kingston M2 1TR 3500 MB/S – R\$600,00

Placa Vídeo RTX4060 8GB – R\$2.700,00

Watercooler MyMax 360mm – R\$700,00

Gabinete Draxen Khamsa 4XCoolers – R\$650,00

Fonte ATX 800W 80PLUS Aerocool – R\$550,00

Kite Tecaldo Mouse Logitec Sem Fio MK245 – R\$250,00

Windows 11 Pro – R\$200,00

2 Unidades Monitor 27 AOC – R\$2.400,00

Total Geral – R\$ 20.450,00

Condições:

Entrega – 30 dias

Pagamento – à vista

Impostos – inclusos

Garantia – 12 meses



Robinson Ferreira Leite- MEI
CPF: 307.398.848-32



LMR – Consultoria e Assessoria em TI

Robinson Ferreira Leite ME

CNPJ: 22.069.094/0001-98 Insc. Mun. 1095/15



INFORMÁTICA

J.A. CARTUCHOS E TONNERS LTDA - ME
CNPJ: 10.916.189/0001-10 - I.E: 224.195.071.111
Fone/Fax: (14) 3882-4184

Botucatu, 09 de abril de 2025.

UNESP

Filipe

Orçamento:

Item 01

Processador Intel i9-14900kf 5

Valor Unitário – R\$ 5600,00

Valor Total (01 pç) – R\$ 5600,00

Item 02

Placa Mãe ASUS ROG STRIX B760-

Valor Unitário – R\$ 2850,00

Valor Total (01 pç) – R\$ 2850,00

Item 03

Unidades Memória RAM Rise Mode 32GB DDR5

Valor Unitário – R\$ 980,00

Valor Total (04 pç) – R\$ 3920,00

Item 04

SSD Kingston M2 1TR 3500 MB/S

Valor Unitário – R\$ 550,00

Valor Total (01 pç) – R\$ 550,00

Item 05

Placa Vídeo RTX4060 8GB

Valor Unitário – R\$ 3000,00

Valor Total (01 pç) – R\$ 3000,00

Item 06

Watercooler MyMax 360mm

Valor Unitário – R\$ 500,00

Valor Total (01 pç) – R\$ 500,00

Item 07

Gabinete Draxen Khamsa 4XCoolers

Valor Unitário – R\$ 700,00

Valor Total (01 pç) – R\$ 700,00

Item 08

Fonte ATX 800W 80PLUS Aerocool

Valor Unitário – R\$ 800,00

Valor Total (01 pç) – R\$ 800,00

Item 09

Kite Tecaldo Mouse Logitec Sem Fio MK245

Valor Unitário – R\$ 280,00

Valor Total (01 pç) – R\$ 280,00

Item 10

Windows 11 Pro

Valor Unitário – R\$ 260,00

Valor Total (01 pç) – R\$ 260,00

Item 11

Unidades Monitor 27 AOC

Valor Unitário – R\$ 1250,00

Valor Total (02 pç) – R\$ 2500,00

Total Geral – R\$ 19.710,00

Condições:

Entrega – 30 dias

Pagamento – à vista

Impostos – inclusos
Garantia – 03 meses



Hamilton Júnior



Ricardo José Pauletti EPP
CNPJ 00.169.973/0001-59
IE 224.060.751.119
Rua Amando de Barros, nº 1262 - Centro
Botucatu - SP

BOTUCATU 09/04/2025

Nome:
Email:
Fone:

ORÇAMENTO

Nº

QUANT.		UNITÁRIO	TOTAL
1	Processador Intel i9-14900kf	5400,00	5400,00
1	Placa Mãe ASUS ROG STRIX B760-F	2650,00	2650,00
4	Memoria RAM Rise Mode 32GB DDR5 4800MHz	910,00	3640,00
1	SSD Kingston M2 1TR 3500 MB/S	550,00	550,00
1	Placa Video RTX4060 8GB	2600,00	2600,00
1	Watercooler MyMax 360mm	610,00	610,00
1	Gabinete Draxen Khamsa 4XCoolers	650,00	650,00
1	Fonte ATX 800W 80PLUS Aerocool	500,00	500,00
1	Kite Tecaldo Mouse Logitech Sem Fio MK245	270,00	270,00
1	Windows 11 Pro	250,00	250,00
2	Monitor 27 AOC	1100,00	2200,00
		TOTAL	R\$19320,00

Processador Intel i9-14900kf

Prazo de Entrega.....: **07 dias**
Garantia de fábrica.....: **12 meses**
Impostos: **inclusos**
Validade da Proposta.....: **30 dias**
Frete.....: **inclusos**
Condições de Pagamento ..: **30 dias**



Eletti Informática

Rua Amando de Barros, 1262 - Botucatu - SP - Telefone (14) 3815-2078
e-mail: eletti@eletti.com.br

Certificamos que o trabalho intitulado

Insights into inbreeding depression in a self-pollinated eucalyptus population

De autoria de **Filipe Ferreira, João Vieira Netto, Guilherme Melchert, Thiago Benatti, Fabiana Muniz, Kaio Dias e Evandro Tambarussi**, foi apresentado na modalidade oral durante o Congresso Plantações Florestais 2025.

Realização: IPEF – Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais

Local do evento: Piracicaba – SP

Data da realização: 13 a 15 de maio de 2025

Piracicaba – SP, 15 de maio de 2025



José Otávio Brito
Diretor Executivo



INSTITUTO DE
PESQUISAS E
ESTUDOS
FLORESTAIS

Certificado registrado no IPEF sob o Nº 54



PREFEITURA DO MUNICÍPIO DE PIRACICABA
SECRETARIA MUNICIPAL DE FINANÇAS
DIVISÃO DE FISCALIZAÇÃO
DEPARTAMENTO DE ADMINISTRAÇÃO FAZENDÁRIA
NOTA FISCAL DE SERVIÇOS ELETRÔNICA - NFS-E



Número da Nota Fiscal
10324
Série: **E**
Data Emissão: **09/05/2025**
Certificação: **1E0C9-30F2D**

DADOS DO PRESTADOR

Nome/Razão Social: **IPEF-INSTITUTO DE PESQUISAS E ESTUDOS FLORESTAIS.**
Nome Fantasia:
CNPJ/CPF: **54.396.700/0001-76** Insc. Municipal: **47302** Insc. Estadual:
IPEF Endereço: **COMENDADOR PEDRO MORGANTI** N°: **3500**
Bairro: **MONTE ALEGRE** Compl.:
Município: **PIRACICABA** UF: **SP** CEP: **13415-000**
E-mail: **nfe@ipef.br** Telefone: **1921058606**

DADOS DO TOMADOR

Nome/Razão Social: **FILIPE MANOEL FERREIRA**
CNPJ/CPF: **106.340.436-33** Insc. Municipal: Insc. Estadual:
Endereço: **DOCTOR JOSE BARBOSA DE BARROS** N°: **1076**
Bairro: **JARDIM PARAISO** Compl.:
Município: **BOTUCATU** UF: **SP** CEP: **18610-307**
E-mail: **filipe.manoel@unesp.br** Telefone:

DISCRIMINAÇÃO DO SERVIÇO

INSCRICAO NO EVENTO "CONGRESSO DE PLANTACOES FLORESTAIS". ID 69019. PROCESSO FAPESP: 2023/04881-3

Item	Tributável	Qtde.	VI. Unitário R\$	Total R\$
SERVICOS DE TREINAMENTO	Sim	1,00	250,0000	250,00

Valor Tributável: R\$ 250,00	Valor não Tributável: R\$ 0,00	VALOR BRUTO DA NOTA			R\$ 250,00
Valor Total das Deduções: R\$ 0,00	Desconto Incondicionado: R\$ 0,00	Desconto Condicionado: R\$ 0,00	Base de Cálculo: R\$ 250,00	Alíquota: 2,0000%	Valor do ISS: R\$ 5,00
PIS: R\$ 0,00	COFINS: R\$ 0,00	INSS: R\$ 0,00	IR: R\$ 0,00	CSLL: R\$ 0,00	Outras Retenções: R\$ 0,00
Valor Aproximado de Impostos: Federais R\$ 0,00 Estaduais R\$ 0,00 Municipais R\$ 0,00				VALOR LÍQUIDO DA NOTA	R\$ 250,00

ENQUADRAMENTO DO SERVIÇO

8.02 - Instrução, treinamento, orientação pedagógica e educacional, avaliação de conhecimentos de qualquer natureza.

OUTRAS INFORMAÇÕES

Mês de Competência: **05/2025** Local do Recolhimento: **PIRACICABA/SP** Dt: **09/05/2025 15:12:57**
Recolhimento: **Sem Retenção** Tributação: **Tributação por Faturamento (Variável)** Competencia:
CNAE: **7210000**
Observações: Isento IRRF (IN SRF 765/2007 e 23/1986, Item II).
Isento PIS/Pasep e Cofins (MP 2158-35/2001 arts 13 e 14).
Isento CSLL (IN SRF 390/2004 art 12). Pago via site.

Nº RPS: **602539**
Série RPS: **E**

Impresso em: 12/05/2025 às 16:21:15 O conteúdo deste documento fiscal é de inteira responsabilidade do emissor.

Recebi(emos) de: IPEF-INSTITUTO DE PESQUISAS E ESTUDOS FLORESTAIS.
Os serviços constantes nesta Nota Fiscal de Serviços Eletrônica.

Data Assinatura do Recebedor

NOTA FISCAL DE SERVIÇOS ELETRÔNICA
Número: 10324
Certificação
1E0C9-30F2D