

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRONÔMICAS
CAMPUS DE BOTUCATU

**VARIABILIDADE GENÉTICA DE PROGÊNIES DE
POLINIZAÇÃO ABERTA DE *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden E
CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES E JUVENIL-ADULTO.**

THIAGO FERNANDES BRIZOLLA

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

BOTUCATU-SP

Setembro – 2009

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRONÔMICAS
CAMPUS DE BOTUCATU

**VARIABILIDADE GENÉTICA DE PROGÊNIES DE
POLINIZAÇÃO ABERTA DE *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden E
CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES E JUVENIL-ADULTO.**

THIAGO FERNANDES BRIZOLLA

Orientador: Prof. Dr. Edson Seizo Mori

Co-orientador: Léo Zimback

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

BOTUCATU-SP

Setembro – 2009

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA SEÇÃO TÉCNICA DE AQUISIÇÃO E TRATAMENTO DA INFORMAÇÃO - SERVIÇO TÉCNICO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - UNESP - FCA LAGEADO - BOTUCATU (SP)

B862v Brizolla, Thiago Fernandes, 1981-
Variabilidade genética de progênies de polinização aberta de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden e correlações entre caracteres e juvenil-adulto / Thiago Fernandes Brizolla. - Botucatu : [s.n.], 2009.
xi, 58 f., il., color. gráfs., tabs.

Dissertação (Mestrado)-Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agronômicas, Botucatu, 2009
Orientador: Edson Seizo Mori
Co-orientador: Léo Zimback
Inclui bibliografia

1. *Eucalyptus grandis*. 2. Variabilidade genética. 3. Parâmetros genéticos 4. Teste de progênie. 5. Parâmetros genéticos. I. Mori, Edson Seizo. III. Léo, Zimback. II. Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" (Campus de Botucatu). Faculdade de Ciências Agronômicas. III. Título.

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA "JÚLIO DE MESQUITA FILHO"
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRONÔMICAS
CAMPUS DE BOTUCATU

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO: "VARIABILIDADE GENÉTICA DE PROGÊNIES DE POLINIZAÇÃO ABERTA
DE *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden, CORRELAÇÕES JUVENIL-ADUL-
TO E ENTRE CARACTERES".

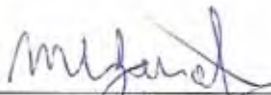
ALUNO: THIAGO FERNANDES BRIZOLLA

ORIENTADOR: PROF. DR. EDSON SEIZO MORI
CO-ORIENTADOR: PROF. DR. LÉO ZIMBACK

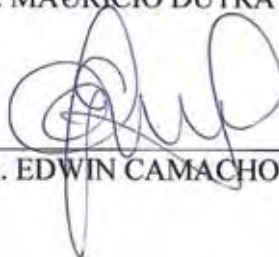
Aprovado pela Comissão Examinadora



PROF. DR. EDSON SEIZO MORI



PROF. DR. MAURÍCIO DUTRA ZANOTTO



PROD. DR. EDWIN CAMACHO PALOMINO

Data da Realização: 04 de setembro de 2009.

ÍNDICE

	Página
LISTA DE TABELAS.....	v
LISTA DE FIGURAS.....	vi
LISTA DE EQUAÇÕES.....	vii
RESUMO.....	viii
SUMMARY.....	x
1. INTRODUÇÃO.....	01
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	04
2.1. <i>Eucalyptus spp.</i>	04
2.2. <i>Eucalyptus grandis</i>	05
2.3 Melhoramento genético florestal.....	08
2.3.1. Testes de progênies.....	09
2.3.2. Parâmetros genéticos.....	11
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	19
3.1. locais de estudo.....	19
3.2. Material genético e delineamento experimental.....	21
3.3. Caracteres avaliados.....	21
3.4. Estimativa de parâmetros genéticos.....	21
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	25
5. CONCLUSÕES.....	42
8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	44

O Ulisses Gabriel (In memoriam),

Pelo exemplo de vida,

DEDICO

À minha esposa Mônica, meu filho Gabriel e a minha mãe Agnes

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

A minha mãe, Agnes Fernandes, expresso a minha eterna gratidão pelo carinho, apoio e incentivo presentes em todos os momentos da minha vida.

À minha esposa e filho pelo carinho, incentivos e paciência sempre presentes.

Ao professor Dr. Edson Seizo Mori, pela orientação, amizade e estímulos à elaboração deste trabalho.

Ao professor Dr. Leo Zimback pela co-orientação, amizade e pela valiosa e imprescindível contribuição.

Aos amigos Maíra Rodrigues Uliana, Pedro Ivo de Moraes, Wanderley, Mauro, Julia, Pedro e Valéria pelas valiosas sugestões e estímulos oferecidos.

A Raul Chávez e a Duratex S.A, pelo fornecimento dos dados experimentais e demais informações.

Aos funcionários do Departamento de Agricultura e Melhoramento Vegetal da FCA/UNESP de Botucatu, a seção de Pós-graduação e a Própria Faculdade de Ciências Agronômicas, pela oportunidade de realizar o Mestrado, e a todos os seus docentes pelos ensinamentos e pela amizade.

Aos funcionários da biblioteca da Faculdade de Ciências Agronômicas da Unesp - Câmpus de Botucatu, que sempre me atenderam com muito carinho e respeito.

Aos integrantes da Banca Examinadora da Defesa da Tese, pela atenção dispensada e pela grande contribuição ao aprimoramento do trabalho.

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela bolsa concedida durante o curso.

A todos os profissionais e amigos que contribuíram direta ou indiretamente para a realização deste trabalho.

LISTA DE TABELAS

Tabela		Página
1	Esquema de análise de variância individual para cada local.....	21
2	Parâmetros genéticos para o caractere D.A.P.....	25
3	Parâmetros genéticos para o caractere Altura total.....	27
4	Parâmetros genéticos para o caractere Volume de madeira.....	29
5	Correlações entre os caracteres diâmetro a altura do peito (DAP), altura de plantas (ALT) e volume de madeira (VOL) para os 03 experimentos implantados (E1, E2 e E3) nas duas localidades estudadas (Lençóis Paulista e Angatuba) em vários anos (02, 03, 04 05 e 06 anos).....	31
6	Correlações genéticas (r_A), acima da diagonal, e fenotípicas (r_F), abaixo da diagonal, entre as idades 02, 03, 04, 05 e 06 anos para os caracteres Diametro a altura do peito (DAP), altura de plantas (ALT) e volume de madeira (VOL) para os 03 experimentos implantados em Angatuba – SP (local 1).....	35
7	Correlações genéticas (r_A), acima da diagonal, e fenotípicas (r_F), abaixo da diagonal, entre as idades 02, 03, 04, 05 e 06 anos para os caracteres Diametro a altura do peito (DAP), altura de plantas (ALT) e volume de madeira (VOL) para os 03 experimentos implantados em Lençóis Paulista – SP (local 2).....	35
8	Classificação (Class) das árvores (Árv) selecionadas em Angatuba em três experimentos com seleção individual (SI) nos blocos (BI) e entre e dentro de famílias (Fam) de meios irmãos(ED) comparado com a média original do experimento (u) para ganho por seleção sexual aditiva (a) e clonal somando o componente dominante (d) resultando em genético (g) para volume em m ³ e os respectivos tamanhos efetivos da seleção (N_e).....	37
9	Classificação (Class) das árvores (Árv) selecionadas em Lençóis Paulista em três experimentos com seleção individual (SI) nos blocos (BI) e entre e dentro de famílias (Fam) de meios irmãos(ED) comparado com a média original do experimento (u) para ganho por seleção sexual aditiva (a) e clonal somando o componente dominante (d) para volume em m ³ e os respectivos tamanhos efetivos da seleção (N_e).....	39

LISTA DE FIGURAS

Figura		Página
1	Área de ocorrência natural de <i>Eucalyptus grandis</i>	6
2	Histograma das correlações fenotípicas e genéticas entre os caracteres DAP x altura de plantas para as idades de 02, 03, 04, 05 e 06 anos.....	32
3	Histograma das correlações fenotípicas e genéticas entre os caracteres DAP x volume de madeira para as idades de 02, 03, 04, 05 e 06 anos.....	33
4	Histograma das correlações fenotípicas e genéticas entre os caracteres Altura de plantas x Volume de madeira para as idades de 02, 03, 04, 05 e 06 anos.....	34

LISTA DE EQUAÇÕES

Equação		Página
1	volume de madeira.....	20
2	O coeficiente de herdabilidade ao nível de plantas individuais.....	21
3	O coeficiente de herdabilidade para à seleção massal dentro de famílias de meios-irmãos.....	21
4	O coeficiente de herdabilidade para seleção entre médias de famílias de meios-irmãos, dentro de cada ensaio.....	22
5	coeficiente de correlação genética aditiva.....	22
6	correlação fenotípica ao nível de médias de progênies.....	23
7	correlação fenotípica entre médias de progênies.....	23
8	progresso genético esperado na seleção entre e dentro de progênies.....	24
9	O progresso esperado entre os melhores indivíduos.....	24

VARIABILIDADE GENÉTICA DE PROGÊNIES DE POLINIZAÇÃO ABERTA DE *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden E CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES E JUVENIL-ADULTO.

RESUMO

A espécie *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden é a mais cultivada em estandes comerciais no Brasil e no mundo. A espécie é plantada como cultivar e também na forma de plantios clonais de seus híbridos interespecíficos. O trabalho é um estudo da variabilidade genética em progênies de polinização livre de *Eucalyptus grandis* de árvores selecionadas fenotipicamente em pomar de sementes por muda, cuja procedência é originária de Coff's Harbour – Austrália. Este pomar, de propriedade da empresa Duratex S.A. encontra-se na Fazenda Morro D'Ouro, no Município de Botucatu. Tem também como objetivo analisar as correlações entre os diferentes caracteres nas diferentes idades e estudar as correlações entre as idades juvenis e de final de rotação da cultura, visando subsidiar a seleção precoce em programas de melhoramento com espécie. Os ensaios foram instalados em três experimentos em cada um dos dois locais, Angatuba-SP e Lençóis Paulista-SP, em fevereiro de 1988. O delineamento experimental utilizado foi o blocos casualizados, com 10 repetições, 6 plantas por parcela, ao espaçamento de 3 x 2 metros e totalizando 75 progênies. Os caracteres avaliados foram o diâmetro a altura do peito (DAP); altura de planta e volume de madeira. As avaliações foram feitas em quatro anos consecutivos (02, 03, 04 e 05 anos) em Lençóis Paulista (local 2), sendo que em Angatuba (local 1) foram realizadas avaliações anuais do segundo ao sexto ano. Os resultados mostraram haver

variabilidade genética suficiente para avançar as gerações de melhoramento com a espécie, apresentando coeficientes de variação genética para os caracteres DAP ($CV_g = 8,10\%$), altura de plantas ($CV_g = 5,04\%$) e volume de madeira ($CV_g = 17,11\%$). As estimativas médias de herdabilidade médias de famílias foram altas para os caracteres analisados (0,58 para DAP, 0,51 para altura de plantas e 0,57 para volume de madeira). As correlações genéticas entre os caracteres estudados foram altas, variando na idade de final da rotação (06 anos) de 0,86 para DAP e altura de plantas, de 0,97 para DAP e volume de madeira e 0,87 para altura de plantas e volume de madeira. As correlações fenotípicas apresentaram valores muito próximos às genéticas. A seleção precoce para volume de madeira, pode ser realizada na idade de 02 anos, com uma correlação genética de 0,83 com a idade de rotação final (06 anos), e atinge o valor de 0,93, entre 03 e 06 anos, significando que na metade da rotação da cultura, quase toda seleção é aproveitada para o final da rotação. A seleção entre e dentro de progênies é aquela quee apresentou maior número efetivo populacional, quando comparado ao procedimento de seleção individual no teste de progênies.

Palavras-chave: teste de progênies, parâmetros genéticos, seleção precoce e programas de melhoramento.

GENETIC VARIABILITY OF *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden PROGENIES AND JUVENILE-MATURE CORRELATIONS. 2009. 61p. Dissertation (Master Degree in Forestry Science) Faculty of Agronomic Sciences (FCA) – São Paulo State University (UNESP)

Author: Thiago Fernandes Brizolla

Adviser: Edson Seizo Mori

Co-adviser: Léo Zimback

SUMMARY

The species *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden is the most commonly cultivated in commercial stands in Brazil and throughout the world. The species is planted as a cultivar, by seed, e also by clonal plantings of its interspecific hybrids. The research is a study of genetic variability in open pollinated progenies of *Eucalyptus grandis* of phenotypically selected trees in Seedling Seed Orchard of Coff's Harbour – Australia provenance. The orchard is of Duratex S.A. company located in Morro D'Ouro Experimental Station, in Botucatu city, S.P., Brazil. The study also have as objective to analyze the correlations between different traits in different ages and to study the correlations between juvenile and final of culture rotation, aiming to get support for procedures of early selection in forest tree breeding programs of *Eucalyptus grandis*. The experiments were set up by three trails in each one of two localities, Angatuba and Lençóis Paulista, both in São Paulo State, Brazil, in February of 1988. The experimental design was the randomized blocks, with 10 replications, 06 plants per plot, 3 x 2 spacing, and totalizing 75 progenies. The diameter of breast height (dbh), plant height, and wood volume were the studied traits. The evaluations were made through the consecutive years (02, 03, 04, and 05 years old) in Lençóis Paulista (Locality 2), and in Angatuba (Locality 1) were made annual evaluations from de second to the sixth years old. The results have shown sufficient genetic variability to advance breeding generations of species, presenting coefficients of genetic variation for the traits of dbh (CVg = 8.10%), plant height (CVg = 5.04%) e wood volume (CVg = 17.11%). The averages of heritability of progeny mean were high for all analyzed traits (0.58 for dbh,

0.51 for plant height, and 0.57 for wood volume). The genetic correlations between traits were high, varying in the final age of rotation (06 years old) of 0.86 for dbh and plant height, of 0.95 for dbh and wood volume, and 0.87 for plant height and wood volume. The phenotypic correlations have presented values close to the genetics. The early selection for wood volume can be done by the 02 years old, with 0.83 of genetic correlation of age of final rotation (06 years old), and it reaches the value of 0.93, between 03 and 06 years old, meaning that the half of culture rotation, almost all the selection was set up for the final of rotation. The selection within and among progenies is that presented better effective number when compared with individual selection procedure in the progeny test.

Key words: progeny trial, genetic parameters, early selection, and forest tree breeding program

1. INTRODUÇÃO

A silvicultura brasileira pode ser considerada uma das mais ricas em todo o planeta, dado a biodiversidade encontrada no país, as variações dos fatores edafo-climáticos e a boa adaptação de materiais genéticos introduzidos. Segundo Tuoto e Hoeflich (2009), ao longo das últimas décadas, o segmento do agronegócio que vêm apresentando o melhor desempenho é a silvicultura de espécies de rápido crescimento.

O setor de indústrias de base florestal brasileiro tem apresentado significativo desempenho e participação no desenvolvimento sócio-econômico nacional, tanto que no ano de 2007 gerou um PIB (Produto Interno Bruto) superior a US\$ 44,6 bilhões, equivalente a 3,4% do PIB nacional, propiciou quase 8,6 milhões de empregos (9% da população economicamente ativa) e um saldo comercial US\$ 7,4 bilhões ou 18,5% do superávit nacional (CIFLORESTAS,2009)

A principal vantagem competitiva do Brasil é a sua tecnologia florestal, baseada em programas de melhoramento genético e de multiplicação clonal do eucalipto desenvolvidos nos últimos trinta anos. Para Pinto Junior (2004), todo esse conhecimento científico e tecnológico gerou um ganho na produtividade das plantações florestais, passando de 20 m³

ha.ano⁻¹ [oito árvores (m³)⁻¹], no início da década de 1970, para 50 m³ ha.ano⁻¹ [3,1 árvores (m³)⁻¹], em 1999. O melhoramento genético da madeira de eucalipto baseia-se principalmente nos critérios de produtividade das árvores por hectare, sendo que os parâmetros tecnológicos, como é o caso da qualidade da madeira, também deveriam ser devidamente considerados nos programas de seleção.

Segundo Pinto Junior (2004), embora apresentem certas vantagens que possibilitam um setor florestal globalmente competitivo, principalmente devido aos fatores: (i) taxa de crescimento das espécies de *eucalipto* e *pinus* (dez vezes maior que aquelas do hemisfério norte); (ii) dimensões continentais; (iii) disponibilidade de áreas para plantios; (iv) domínio tecnológico; (v) facilidade de acesso marítimo; (vi) gestão profissional; e (vii) mão-de-obra qualificada, as indústrias florestais brasileiras podem e devem ter seu aproveitamento muito melhorado, ainda.

Segundo o CIFLORESTAS (2009) em 2008 havia no Brasil 4,285 milhões de hectares plantados com florestas de eucalipto, presentes em pouco mais de quinhentos municípios brasileiros.

De acordo com Angeli (2005), a possibilidade de uso da madeira de eucalipto para diversos fins tem estimulado a implantação de florestas de uso múltiplo, da maneira que muitos estudos estão sendo realizados para melhor se aproveitar o potencial econômico da floresta, destacando-se melhoramento de material genético e manejo silvicultural (teste de espaçamentos, idade de corte e técnicas silviculturais).

Segundo Tomaselli (2000), a escolha pelo *Eucalyptus grandis* é resultado da sua excelente resposta silvicultural, como boa forma e rápido crescimento, além das propriedades desejáveis para múltiplos usos da sua madeira. O *Eucalyptus grandis* é a espécie mais plantada no Brasil, atingindo em torno de 50 % da área total.

Um dos maiores avanços genéticos no melhoramento de plantas, de que se tem conhecimento foi obtido no Brasil, com a seleção massal, seguida da propagação vegetativa de indivíduos superiores de diferentes espécies de *Eucalyptus*. Esses avanços ocorreram principalmente devido à seleção intensiva de árvores fenotipicamente superiores, justificada pela existência de uma ampla variabilidade genética nas populações implantadas a partir de sementes (GONÇALVES et al., 2001).

Geralmente, na primeira etapa de seleção é fácil identificar os indivíduos superiores em uma população que apresenta diversidade genética. Porém, após a primeira amostragem dessa população, numa próxima etapa de seleção, torna-se mais difícil identificar árvores superiores àquelas selecionadas anteriormente (COMSTOCK, 1964; STEEL, TORRIE e DICKEY, 1997; GONÇALVES et al., 2001;).

Para que seja possível selecionar indivíduos superiores nas próximas etapas de seleção há necessidade da condução de programas de melhoramento intra ou interpopulacionais, capazes de ampliar as chances de gerar novas combinações genotipicamente superiores, bem como se torna igualmente importante o desenvolvimento de metodologias que aumentem a eficiência no processo seletivo (ASSIS, 1999; GONÇALVES et al. 2001).

Desta forma, existe atualmente a tendência de selecionar árvores matrizes para avaliação em teste de progênies, aproveitando os avanços alcançados pelos programas de melhoramento, e utilizando árvores selecionadas na implantação de pomares de sementes por muda e clonais da próxima geração.

O estudo aqui proposto pretende relatar e analisar a variabilidade existente entre e dentro de progênies de *Eucalyptus grandis*, bem como as características de indivíduos jovens que anunciam seu potencial de serem indivíduos adultos superiores, contribuindo para a realização de processos de seleção e clonagem mais eficazes e precoces, fornecendo ainda, subsídios para o direcionamento dos investimentos em ambientes florestais mais produtivos.

Portanto o objetivo do presente trabalho foi estudar: a) as variabilidades genética, ambiental e fenotípica dos principais caracteres siviculturais, em progênies selecionadas de *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden de origem de Coff's Harbour, Austrália; b) as correlações entre os caracteres estudados e c) correlações entre as idades juvenis e adultas com vista a seleção precoce em programas de melhoramento genético da espécie.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. *Eucalyptus* spp.

Os eucaliptos pertencem à família das Myrtaceas. É um gênero de diversas aplicabilidades, que vem se difundindo pelo mundo, crescendo satisfatoriamente em condições climáticas e edáficas mais adversas do que a existente em seu local de origem. Estimou-se em 1993, que a área mundial de eucalipto plantado era de 10 a 15 milhões de hectares, sendo que, mais de 40% destes no Brasil (ELDRIDGE et al., 1994).

Desde o uso inicial da madeira de eucalipto para a produção de celulose e papel, ocorrido na Europa, por volta de 1919, muitas espécies vêm ganhando crescente importância e tornando-se mundialmente expressivas. A tendência do comércio internacional de celulose de eucalipto continua motivando o estabelecimento de centenas de milhares de hectares de plantações no mundo. O uso de sua madeira para energia industrial e para o setor moveleiro também tem sido crescente em diversos países (FLYNN, 1999).

As primeiras mudas de eucaliptos chegaram ao Brasil por volta de 1825 e foram plantadas no Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Já os plantios agrupados aconteceram no Rio Grande do Sul em 1868, promovidos por Frederico de Albuquerque (ANDRADE, 1961).

Apenas a partir de 1904 é que o eucalipto foi introduzido em escala econômica por Edmundo Navarro de Andrade, a serviço da Companhia Paulista de Estradas de Ferro de São Paulo. Os plantios visavam, principalmente, à produção de dormentes, mourões e postes, para o abastecimento das caldeiras das locomotivas e a outros fins energéticos, visando a produção de madeira que pudesse atender ao funcionamento da ferrovia (MARTINI, 2004).

Conforme as florestas nativas foram sendo devastadas por conta da demanda crescente, espécies de rápido crescimento passaram a ser cultivadas como substituição natural. Entre essas espécies estavam o eucalipto, o pinus e a acácia. A partir daí, a atividade florestal tomou novos rumos, chegando à implantação de florestas homogêneas de espécies exóticas de rápido crescimento e a verticalização das empresas de grande porte, fazendo com que o Brasil comece a se tornar um importante exportador de papel, celulose e outros produtos derivados da madeira (FENNER, 1991; MARCELINO, 2004).

O *E. grandis*, pelas suas características silviculturais e qualidade da madeira, somado ao seu bom comportamento em diversas condições ecológicas, adquire cada vez maior importância em países de clima tropical e sub-tropical, merecendo, portanto, cada vez mais atenção em termos de melhoramento genético (KAGEYAMA, 1980; VAN WYK, 1983; MULLIN e GOUGH, 1983).

2.2. Eucalyptus grandis

O *Eucalyptus grandis* é uma espécie natural da costa leste da Austrália, com sua distribuição entre as latitudes 16 e 33 °S. A maioria das florestas naturais ocorre ao norte do Estado de New South Wales e ao sul do Estado de Queensland, Austrália, onde as altitudes variam desde terras baixas e colinas próximas ao nível do mar até 600 m de altitude, adentrando até 100 km da costa. Nas ocorrências mais ao norte da província de Queensland, as altitudes podem variar entre 500 e 1.100 m (ELDRIDGE et al., 2001; EMBRAPA, 1986).

Fonte: CANB SPECIMEN RECORDS-AUSTRALIA

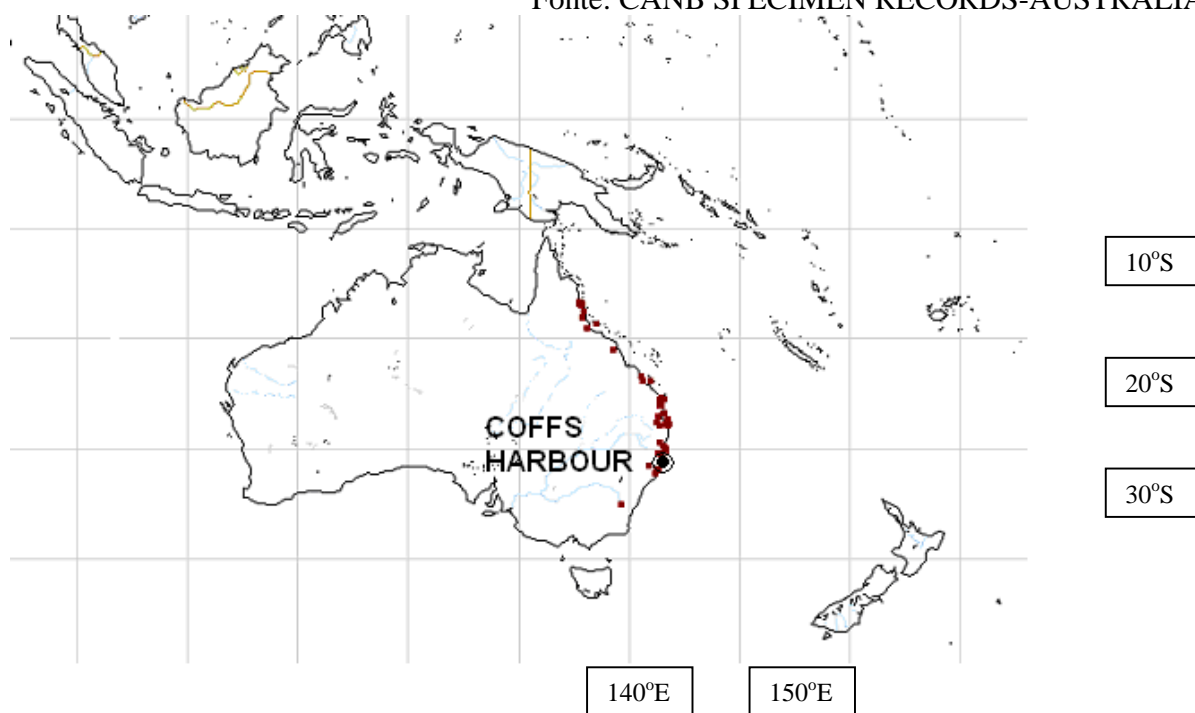


Figura 1. Área de ocorrência natural de *Eucalyptus grandis* e a procedência do material genético estudado.

O clima varia de subtropical úmido (área sul) ao tropical úmido. Na principal área de ocorrência, a temperatura média das máximas do mês mais quente está na faixa de 24 a 30°C, e a média das mínimas do mês mais frio de 3 a 8 °C. Nos locais de maior altitude, podem ocorrer geadas ocasionais. A precipitação média anual está em torno de 1.000 a 3.000 mm, com maior precipitação no verão, principalmente no centro e no norte de Queensland (EMBRAPA, 1986).

O *E. grandis* ocorre em diversos tipos de solo, mas geralmente ocupa solos com fertilidade moderada, em vales menos declivosos, nas adjacências das florestas tropicais úmidas. Entretanto, o *E. grandis*, pode também ocupar lugares declivosos (ELDRIDGE et al., 2001).

O *E. grandis* é uma árvore alta, variando entre 20 a 40 m, podendo chegar a mais de 75 m de altura. Seu tronco é retilíneo, com casca pulverulenta, desprendendo-se em tiras longas deixando aparecer em baixo uma superfície lisa branca, acinzentada, esverdeada ou salmão. Sua ramagem é longa e robusta, formando copa aberta ou alongada. As folhas do *E. grandis*, quando juvenis são opostas, depois alternas oval-lanceoladas pecioladas, e quando adultas, são lanceoladas falcadas, verde-escuras, brilhantes, com ápice agudo e margens levemente onduladas, com 10 a 20 cm de comprimento e pecíolos de 2 a 3cm. As flores, de 6 a 12, brancas, ocorrem em inflorescências do tipo umbelas axilares, com pedúnculo achatado. Seus botões são sésseis, piriformes, com opérculo ligeiramente apiculado. Os frutos são cápsulas piriformes, geralmente verde-azulados, deiscentes, com valvas encurvadas de aproximadamente 7 mm de diâmetro, com sementes pequenas e marrons. Sua madeira é de cor marrom rosada, ideal para construção e caixotaria. O *E. grandis* é uma espécie adequada para o reflorestamento, para plantios em lugares inundados e também para fixação de barrancos de rios, devido as suas raízes profundas (LORENZI et al., 2003). Segundo Angeli (2005), o *E. grandis* também pode ser utilizado para a produção de celulose e papel, lenha e carvão, serraria, movelaria e laminação.

Mora e Garcia (2000) relatam que o *E. grandis* supera qualquer outra espécie de *Eucalyptus* pelo incremento volumétrico, em condições ambientais adequadas, sendo a espécie do gênero mais plantada no Brasil, e também pela sua plasticidade genética, muito utilizada na obtenção de híbridos e na clonagem de árvores selecionadas.

Segundo Bellote (1990), a produtividade média do *E. grandis*, no estado de São Paulo, em plantios de empresas verticalizadas, com elevado nível de tecnologia, situa-se em torno de 40 m³ ha.ano⁻¹. Embora esta produtividade seja considerada boa, pode apresentar variações que vão de 19 a 72 m³ ha.ano⁻¹, dependendo muito das características naturais do solo, clima e relevo e do manejo.

O *E. grandis*, pelas suas características silviculturais e qualidade da madeira, somado ao seu comportamento em diversas condições ecológicas, adquire cada vez maior importância em países de clima tropical e sub-tropical, merecendo, portanto, cada vez mais atenção em termos de melhoramento genético (KAGEYAMA, 1980; VAN WYK, 1983; MULLIN e GOUGH, 1983). A maioria dos trabalhos que determinam parâmetros genéticos

em *E. grandis* visa a produtividade e as características da madeira (KAGEYAMA e VENCovsky, 1983; OSÓRIO et al., 2001; MORAES, 1987; SANTOS et al., 2004).

No Brasil, essa espécie vem sendo trabalhada intensivamente, gerando avanços nos programas de melhoramento genético (FREITAS et al., 1983; SILVA e JUSTO, 1983; ASSIS e BRUNE, 1983; BORGES e BRUNE, 1983; IKEMORI et al., 1983).

2.3. Melhoramento genético florestal

Lins et al. (2001) afirmam que o melhoramento florestal centra-se na identificação e quantificação da variabilidade apresentada por caracteres de interesse, e sua utilização na manutenção da produtividade. Onde o melhoramento de uma população para uma dada característica é resultado do ganho de seleção, que depende do diferencial de seleção, que por sua vez é a diferença entre a média do grupo selecionado e a média da população original. Portanto, em processo de seleção, quanto maior for a intensidade de seleção, maior será esse diferencial e, conseqüentemente, maior o progresso genético.

Dessa forma Zobel e Talbet (1984), definiram que os programas de melhoramento florestal consistem em: a) Determinar as espécies ou fontes geográficas dentro de uma espécie, que possam ser usadas em uma dada área; b) Determinar as causas, a quantidade e a natureza da variedade dentro de espécies; c) Produzir árvores que reúnam as combinações de caracteres desejados; d) Produzir maciçamente materiais melhorados para fins de reflorestamento e e) Desenvolver e manter uma população base, suficientemente adequada, para garantir progressos em gerações avançadas.

O êxito no melhoramento genético está associado à capacidade de acerto na escolha dos melhores indivíduos que serão os genitores das próximas gerações. Sendo que uma das maneiras de identificar indivíduos portadores de genes desejáveis se faz com a avaliação genética dos candidatos a seleção. A seleção deve ser feita nos valores genéticos aditivos dos indivíduos que serão utilizados na recombinação e nos valores genotípicos dos indivíduos que serão clonados, sendo necessária a obtenção da estimativa da variância genética aditiva, para a reprodução sexuada, e também da variância não aditiva, para a reprodução assexuada (ROCHA et al., 2006).

Shimizu, Kageyama e Higa (1982) salientaram que as seleções devem se concentrar em um ou poucos caracteres, dependendo da finalidade da matéria-prima ou mesmo das propriedades atribuídas às características nos diferentes ciclos de seleção. Destacam, ainda, que toda a seleção deve ser especificada quanto às condições do talhão em que foi efetuada e a identificação da população também deve ser realizada, com as devidas informações. Os programas de melhoramento genético são processos aplicados durante gerações, que tendem a restringir a amplitude da variabilidade genética, sempre na direção em que a seleção se processa com maior intensidade. Ao contrário dos programas de conservação genética, que objetivam os trabalhos na seleção, avaliação e utilização de todo material genético.

A estratégia adotada de melhoramento para o *Eucalyptus grandis* baseia-se no conceito de multipopulações, que busca conciliar ganho genético e a manutenção da base genética da população, subsidiando os programas de melhoramentos nas gerações avançadas. Esses procedimentos têm apresentado ganhos de produtividade e qualidade florestais, assim como, propiciando uma boa adaptação do germoplasma (LAVORANTI, DIAS e VENCOVSKY, 2002).

Chaperon (1984) coloca que o uso da propagação vegetativa, a partir da seleção dos indivíduos em testes de progênie, é utilizada para sua clonagem massal nas plantações e que estas árvores devem ser as mesmas que darão origem ao Pomar de Sementes Clonal de segunda geração.

2.3.1. Testes de progênies

Segundo Kageyama (1980), a utilização dos ensaios de progênies, tanto a partir de sementes livre, quanto de cruzamentos controlados, representa um dos mais vantajosos mecanismos para o melhoramento florestal.

Segundo Weir (1977), as árvores objeto do melhoramento genético são selecionadas de acordo com sua aparência superior (possuem um fenótipo desejável). Porém, faz-se necessário saber se elas irão produzir os descendentes ou progênies desejáveis. A melhor maneira de avaliar o valor genotípico dos pais selecionados é cultivar sua progênie de forma que seja possível uma avaliação de seus valores como reprodutores (teste de progênie).

Além da determinação do valor dos pais, o teste de progênie tem, em longo prazo, um uso de igual ou até mesmo de maior importância, que é seu emprego como fonte de material genético. O método para seleção consiste em separar os melhores indivíduos das melhores famílias e incluí-los nos pomares de segunda geração.

Dentre os esquemas para a geração de progênies mais utilizados em espécies florestais, Kageyama (1980) cita: testes de progênie clonal; progênies de polinização aberta; progênies obtidas por policruzamentos; delineamento I da Carolina do Norte; delineamento de testadores (delineamento II da Carolina do Norte); delineamento de cruzamentos dialélicos. O método mais utilizado em espécies florestais para se testar progênies, bem como para a obtenção de parâmetros genéticos, é o método de polinização aberta. Isso se justifica pela sua facilidade de instalação em relação aos ensaios de progênies que exigem polinização controlada. O mesmo autor ressaltou ainda que muitas vezes a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos de populações é oriunda de ensaio de progênies, que tem como principal objetivo testar árvores mães para os programas de melhoramento.

Ditlevsen (1980) alertou para o fato de que alguns casos pode-se ter insegurança quanto à existência de parentesco entre sementes individuais. Enfatizou, ainda, que é possível também, a ocorrência de sementes autofecundadas e que, além disso, pode-se ter alguns dos descendentes que são irmãos completos.

Pelo volume de trabalhos de estimativa de parâmetros genéticos através de polinização aberta fica evidente que se trata da metodologia mais utilizada em espécies florestais apesar das desvantagens apresentadas.

2.3.2. Parâmetros genéticos

A obtenção de populações melhoradas que satisfaçam as exigências da produtividade florestal depende da capacidade de identificar genótipos desejados na população sob seleção. Grandes esforços vêm sendo realizados a fim de determinar parâmetros genéticos para as espécies florestais mais importantes, dada a impossibilidade de pensar no melhoramento florestal em curto prazo com a seleção recorrente sendo empregada por diversos ciclos e, também, ao desconhecimento sobre as respostas à seleção praticada para as diversas características (KAGEYAMA, 1980).

Os parâmetros genéticos que interessam ao melhorista, sendo freqüentemente visados nos estudos envolvendo progênies, se referem às variâncias genéticas em suas componentes aditivas e não-aditivas, ao coeficiente de herdabilidade tanto no sentido amplo como restrito, às interações dos efeitos genéticos e ambientais e, finalmente, às correlações genéticas entre características (ROBINSON e COCKERHAM, 1965).

Dentre os parâmetros genéticos a variância genética aditiva é o componente mais importante, pois é a principal causa da semelhança entre parentes, logo, é o principal indicador das propriedades genéticas observadas em uma população e sua resposta à seleção (FALCONER, 1981). Portanto, estimativas precisas dos componentes de variância são importantes para a predição de valores genéticos e para maximizar a acurácia da seleção em programas de melhoramento do *Eucalyptus grandis*.

Dentre os parâmetros populacionais, a herdabilidade é o mais importante. Não é um parâmetro constante, pois as estimativas de herdabilidade variam em função do caráter, do método de estimação, da diversidade na população, do nível de endogamia da população, do tamanho da amostra avaliada, do número e tipo de ambientes considerados, da unidade experimental considerada, da precisão na condução do experimento e da coleta de dados (BOREM, 1998).

Moraes (2001) ao comentar sobre as variâncias coloca a herdabilidade como o quociente entre as variâncias genotípicas e fenotípicas, sendo que por meio dela pode-se medir a eficiência esperada da seleção no aproveitamento da variabilidade genética. Este coeficiente de herdabilidade pode representar um sentido amplo ou restrito, onde o sentido

amplo expressa a proporção da variância genética em relação à variância fenotípica total observada e o sentido restrito apresenta a quantidade relativa da variância genética que é utilizável no melhoramento.

Vencovsky (1969) explanando sobre as estimativas dos parâmetros genéticos coloca que estes se prestam a obterem informações sobre o tipo de ação dos genes em caracteres quantitativos, a orientar sobre o esquema mais adequado de seleção a ser adotado e a estimar do progresso esperado na seleção.

A predição de valores genéticos exige a prévia estimação dos componentes de variância e de parâmetros genéticos. De maneira genérica, a predição pode ser efetuada por três procedimentos e situações distintas (RESENDE, 1997a): a) Melhor Predição – BP (“Best Prediction”) - iguais quantidades e precisões de informações associadas a todos os candidatos à seleção, onde as médias e variâncias são conhecidas ou estimadas com exatidão; b) Melhor Predição Linear – BLP (“Best Linear Prediction”) - diferentes quantidades e precisões de informações associadas a todos os candidatos à seleção, com médias e variâncias conhecidas ou estimadas com precisão e c) Melhor Predição Linear Não - Viciada - BLUP (“Best Linear Unbiased Prediction”)- diferentes quantidades e precisões das informações associadas aos candidatos à seleção, sendo a variância conhecida ou estimada com precisão e a média não conhecida.

Desta forma, o método BP utiliza os mesmos pesos (ponderadores das informações fenotípicas) para todos os indivíduos candidatos à seleção, ao passo que os métodos BLP e BLUP implicam na utilização de diferentes pesos para os candidatos à seleção. Dentre esses procedimentos, o BLUP é o mais completo e conduz à maximização do ganho genético, por ciclo de seleção (RESENDE, 1997a e 1997b).

Para o método BLUP, a análise consiste, basicamente, na predição de valores genéticos dos efeitos aleatórios do modelo estatístico associados às observações fenotípicas, ajustando os dados aos efeitos fixos e ao número desigual de informações nas parcelas por meio de metodologia de modelos mistos. A predição de valores genéticos usando o BLUP assume que os componentes de variância são conhecidos, entretanto, na prática não se conhecem os verdadeiros componentes de variância, que devem ser estimados com o

procedimento da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), desenvolvido por Patterson e Thompson (1971).

De acordo com Resende (2002a), a forma clássica de analisar dados de testes de progênie, representados por modelos estatísticos, se dá através da Análise da Variância (ANOVA) proposta por Fisher em 1925. Nessas análises de dados, os modelos que representam a variação nos caracteres, próprios para a estimação, podem indicar efeitos de natureza fixa (modelo I) ou aleatória (modelo II).

No caso de predição de efeitos aleatórios, como os valores genéticos aditivos dos indivíduos representando a progênie de meios-irmãos, a análise de dados pode ser feita por programas de seleção genética, como aquela proposta por Resende, Higa e Lavoranti (1994b), que se baseia no método de índice de multi-efeitos, onde os componentes ou efeitos do modelo que explicam a variação são efeitos aleatórios, exceto para a média geral e o efeito de blocos.

Para Searle, Casella e Mcculloch (1992), embora muito úteis e eficientes no melhoramento de espécies anuais e perenes, em experimentos com dados balanceados, os modelos matemáticos tradicionais ajustados à ANOVA não são adequados à seleção genética para dados não balanceados sob qualquer delineamento com blocos, pois fornecem estimativas não exatas e tendenciosas das diferenças entre os tratamentos genéticos.

Por definição, modelos mistos, cujo método foi desenvolvido por Henderson (1973), contêm efeitos de natureza fixa e aleatória com dupla utilidade, ou seja, servem para estimar médias de blocos pelo Método dos Mínimos Quadrados Generalizados (GLS) e para prever valores genéticos aditivos de indivíduos, nos testes de progênie de meios-irmãos. A importância das estimativas de parâmetros genéticos pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita - REML (“Restricted Maximum Likelihood”), nos modelos mistos, é que essa metodologia gera estimativas não tendenciosas dos parâmetros (SCHAEFFER, 1999).

Outra grande vantagem desses modelos é que eles consideram a covariância genética entre as observações e ponderam os genótipos com desigual número de informações, na mesma ou em diferentes gerações (RESENDE, 2002a). Isso faz da avaliação genética (predição de valores genéticos) pelos modelos mistos, um instrumento mais eficaz que o da

avaliação, partindo de estimativas pelo método dos mínimos quadrados, segundo Kennedy e Sorensen (1988), na seleção de genitores, famílias e árvores, pelo uso da informação da própria entidade ou de aparentados, avaliadas no mesmo ou em diferentes locais, épocas ou gerações (RESENDE, 1999b).

No modelo misto, os blocos, ambientes e tempo (anos avaliados) são efeitos fixos, constantes, mas interferem na predição dos efeitos genéticos ou aleatórios, segundo Searle, Casella e McCulloch (1992), tendo a necessidade de ajuste dos efeitos fixos no modelo.

A seleção de indivíduos ou progênes de uma população pode ser fenotípica, quando o valor fenotípico do caráter é o referencial, ou genotípica quando baseada nos valores genéticos desses indivíduos. Valores genéticos aditivos, como aqueles estimados nos testes de progênes de meios-irmãos, são efeitos aleatórios. Estes podem ser obtidos pelo procedimento BLUP, que estima os efeitos fixos (médias de blocos) pelo método dos mínimos quadrados generalizados, considerando as variâncias, sendo esta a razão da maior acuidade. Ao mesmo tempo, o procedimento prediz os valores dos efeitos genéticos aleatórios e dos efeitos aleatórios não-correlacionados incluídos no modelo (RESENDE, 2002a).

Indiferente ao modelo de predição BLP ou BLUP, os valores genéticos aditivos, no caso de variáveis aleatórias de progênes de meios-irmãos, dependem de estimativas exatas dos componentes de variância que podem ser obtidas por meio do método dos mínimos quadrados ordinários e por meio do método da máxima verossimilhança restrita. Para isso, podem ser utilizados métodos computacionalmente de menor demanda, como aquele desenvolvido por Henderson, baseados no método dos mínimos quadrados. No entanto, esse difere da tradicional análise de variância, pela sua possibilidade de trabalhar com baixos níveis de dados não balanceados. Porém, nesse caso, os estimadores perdem algumas das propriedades desejáveis e são obtidos valores negativos de estimativas de componentes de variância, o que contraria a definição clássica de que variâncias são sempre positivas (SEARLE, CASELLA e MCCULLOCH, 1992).

Diante disso, o uso de modelos mistos associados aos métodos iterativos, como os de máxima verossimilhança, é mais indicado (RESENDE, 1999b), os quais superam o aspecto negativo dos dados não balanceados.

Os métodos de máxima verossimilhança que interagem nas equações do modelo misto são o de Máxima Verossimilhança (ML) e o de Máxima Verossimilhança Restrita (REML), distintos pelos seguintes prismas: a) cronológico, do ML de Fisher para o REML de Patterson e Thompson (1971); b) do tendencioso (ML) para o não-tendencioso dos estimadores (REML) e c) da simplicidade (ML) para maiores demandas computacionais (REML).

O método REML possui propriedades estatísticas superiores quando comparadas àquelas do método dos mínimos quadrados, para a estimação dos parâmetros genéticos com dados não balanceados (SEARLE, CASELLA e MCCULLOCH, 1992). Devido às vantagens desse método, seu emprego no melhoramento florestal tem crescido expressivamente no exterior, como pode ser observado nos trabalhos de Dieters et al. (1995) e Dieters (1996); e, no Brasil, por Resende et al. (1996), Bueno Filho (1997), Resende (1999b), Paludzyszyn Filho (2000), Resende (2001), Mora (2002) e Duda (2003), dentre outros.

O Método de Máxima Verossimilhança Restrita é operacionalizado por algoritmos computacionais, sendo os mais utilizados o Livre de Derivação (DF) de Graser, Smith e Tier (1987) e o da Informação Média (AI) de Johnson e Thompson (1995).

O Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) é, atualmente, o método padrão para a estimação dos componentes de variância, a partir de dados não balanceados em espécies perenes (PATTERSON e THOMPSON, 1971).

Resende (2002a) fornece os estimadores para os componentes de variância associados aos modelos estatísticos para os delineamentos experimentais de blocos ao acaso, látice, linha e coluna, associadas aos vários delineamentos de cruzamentos (meios irmãos, dialélicos e outros).

Resende (2002b) reestruturou recentemente o programa computacional SELEGEN - Seleção Genética, elaborado pelo próprio autor e cooperadores (RESENDE, HIGA e LAVORANTI; 1994b), adequando-o para a análise de qualquer tipo de dado, pelo procedimento ótimo de Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e Melhor Predição Linear Não Viciada (BLUP), com aperfeiçoamentos contemplando cinquenta diferentes

estruturas experimentais, inclusive testes de progênies e procedências em vários locais, com estudo de interação genótipo x ambiente.

A partir do surgimento dos modelos mistos ou BLUP individual, houve grande mudança na forma de estimação dos componentes de variância. Anteriormente, as covariâncias entre parentes eram estimadas e interpretadas em termos de suas esperanças matemáticas (igualando-as aos seus valores esperados), gerando os componentes de variância. Atualmente, os componentes de variância podem ser estimados diretamente com as variâncias dos efeitos aleatórios do modelo linear misto (RESENDE, 2002a).

O SELEGEN-REML/BLUP atende às exigências de experimento balanceado e não balanceado. Se adotados modelos em nível individual, o programa computacional fornece a) valores genéticos aditivos preditos; b) valores genotípicos preditos; c) estimativas de componentes de variância; d) ordenamento dos candidatos à seleção, segundo valores genéticos aditivos ou genotípicos; e) estimativas de ganhos genéticos; f) estimativas do tamanho efetivo populacional; g) estimativas da interação genótipo x ambiente e h) estimativas do valor genético de cruzamentos. Outra vantagem, é que o SELEGEN-REML/BLUP abrange os delineamentos experimentais de blocos ao acaso e látice, os delineamentos de cruzamento para polinização aberta e controlada (progênies de meios irmãos e irmãos germanos, cruzamentos dialélicos, fatoriais, hierárquicos, delineamentos não balanceados, híbridos), bem como testes clonais, uma ou várias populações, experimentos repetidos em vários locais, uma ou várias plantas por parcela, presença ou ausência de medidas repetidas (RESENDE, 2002b).

O programa emprega modelos, estimadores e preditores apresentados por Resende et al. (1994c) e Resende (1999b; 2000; 2002a), podendo ser aplicado às plantas alógamas, autógamas e com sistema reprodutivo misto. É direcionado às espécies perenes e semiperenes, podendo também ser aplicado às espécies anuais.

O SELEGEN-REML/BLUP tem sido utilizado com sucesso, em algumas espécies florestais, tais como acácianegra (MORA, 2002), pinus (DUDA, 2003), erva-mate (RESENDE et al., 2000), seringueira (RESENDE, MORAES e PAIVA, 1996; COSTA et al., 2000) e espécies frutíferas como a pupunheira (FARIAS NETO e RESENDE, 2001), cacau (RESENDE e DIAS, 2000), aceroleira (PAIVA, RESENDE e CORDEIRO; 2002),

umbuzeiro (OLIVEIRA et al., 2004), cupuaçu (SOUZA, RESENDE e SOUZA; 2002) e mais cafeeiro (RESENDE et al., 2001) e dendê (PURBA et al., 2001).

Face às inúmeras vantagens do método REML, a estimação de parâmetros genéticos deve se basear no procedimento REML/BLUP sob modelo individual, para as espécies perenes, onde os dados são obtidos em nível de indivíduos, e para o caso de se ter informações sobre a genealogia da espécie (RESENDE, 2002a).

De acordo com Resende et al. (2000), as principais vantagens do procedimento REML/BLUP são: a) simultaneamente corrige os dados para os efeitos ambientais, estima os parâmetros genéticos e prediz os valores genéticos; b) permite comparar indivíduos através do tempo e espaço; c) produz resultados não viciados; d) maximiza a acurácia seletiva; e) maximiza o ganho genético e a eficiência dos programas de melhoramento; f) não exige balanceamento dos dados; g) permite utilizar simultaneamente um grande número de informações, gerando estimativas mais precisas; h) permite lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes locais, diferentes gerações, diferentes idades, interação genótipos x ambientes, cruzamentos dialélicos e fatoriais, delineamentos em látice, etc) e i) permite a predição de efeitos de dominância.

Em experimento no qual foram considerados indivíduos de 245 progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus grandis* de 13 procedências do norte da Austrália e que teve como objetivo a avaliação genética de progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus grandis*, Rocha et al.(2006) constataram a existência de variabilidade genética e possibilidade de ganhos por seleção nas características diâmetro à altura de peito (DAP), altura total (ALT) e volume individual (VOL). Os coeficientes de variação genética aditiva apresentaram valores maiores na característica volume (VOL), seguido do diâmetro à altura do peito (DAP), sendo similares nos dois procedimentos de avaliação (REML e ANOVA). Foram obtidas estimativas de herdabilidade individuais no sentido restrito na ordem de 0,2247 para diâmetro à altura do peito (DAP), 0,2778 altura total (ALT) e de 0,2111 para volume individual (VOL), respectivamente.

TABELA 1. Estimativas de herdabilidade h^2 (no sentido restrito, em nível de planta) para dap de algumas espécies de Eucalyptus.

Espécies	idade (anos)	h^2	AUTORES
<i>E. grandis</i>	6	0,25	PINTO JÚNIOR et al (2006)
<i>E. grandis</i>	5,1	0,21	PINTO JÚNIOR et al (2006)
<i>E. grandis</i>	5	0,21	PINTO JÚNIOR et al (2006)
<i>E. grandis</i>	4,8	0,22	ROCHA et al (2006)
<i>E. grandis</i>	4,8	0,32	ROCHA et al (2006)
<i>E. grandis</i>	4,8	0,22	ROCHA et al (2007)
<i>E. urophylla</i>	4,8	0,28	ROCHA et al (2007)
<i>E. dunnii,</i>	3,3	0,24	SCHENONE (2002)
<i>E. dunnii,</i>	3,3	0,4	SCHENONE (2002)
<i>E. dunnii,</i>	3,3	0,27	SCHENONE (2002)
<i>E. dunnii,</i>	3,3	0,23	SCHENONE (2002)
<i>E. dunnii,</i>	3,3	0,48	SCHENONE (2002)
Média		0,28	

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Locais de estudo

Os experimentos foram realizados em duas fazendas de propriedade da Duratex S. A. localizadas nos municípios de Angatuba e Lençóis Paulista, Estado de São Paulo. Estes municípios estão situados em uma região que compreende uma grande variedade de tipos de solos, incluindo desde areias quartzosas, solos podzólicos e latossolos com grande variação de textura, profundidade e fertilidade. O clima é subtropical úmido com uma estação seca nos meses de maio a julho, sendo janeiro/fevereiro, os de maior precipitação. No que diz respeito à vegetação, as regiões estão inseridas em uma zona de transição ecológica constituída pelo contato entre dois domínios vegetacionais, incluindo a mata mesófila e várias fisionomias de cerrado, como a savana arborizada, formas de cerrado e cerradão (savana florestada). Por serem dois ecossistemas considerados *hotspots* e altamente ameaçados, todos os remanescentes de vegetação natural ou mesmo em estado seminatural são considerados importantes nessa região. Entre as Unidades de Conservação ali representadas estão: o Parque Estadual Carlos Botelho, no extremo Sul da região, a Área de

Proteção Ambiental Botucatu-Tejupá ao Norte, e as Estações Ecológicas de Angatuba e Paranapanema a Noroeste (LEMOS et al., 1960; OLIVEIRA JÚNIOR, 1998).

Angatuba é um município da região administrativa de Sorocaba, e tem como principal atividade econômica a agropecuária. A contagem da população em 2007 (IBGE) resultou em 21.523 pessoas, numa área total de 1.029 km² (DURATEX, 1988).

Em Angatuba, está localizada a Fazenda Santo Antônio, onde o ensaio foi instalado na quadra 5-A, na latitude 23° 29' sul, longitude 48° 25' oeste e altitude 650 m, numa área de 4,7 ha. A precipitação média anual na área é de 1262 mm, e o clima, segundo a classificação de Köepen é do tipo Cfa – clima temperado úmido com verão quente, com temperaturas médias mínimas de 14°C e máximas de 21°C, sem estação seca bem definida e com regime de chuva de 1.250 mm ano (DURATEX, 1988).

Lençóis Paulista é um município da região administrativa de Bauru, e tem como principal atividade econômica a produção de açúcar e álcool. A contagem da população em 2007 (IBGE) resultou em 59.366 pessoas, numa área de 804 km². Em 2006 (IBGE), o PIB per capita estava em 26.043,00 reais, com 86 empresas de agricultura, pecuária, silvicultura e exploração florestal, e 1.573 pessoas ocupadas nesses serviços (DURATEX, 1988).

Em Lençóis Paulista localiza-se a segunda área experimental, na Fazenda Rio Claro, onde o ensaio esta situado na quadra 98, latitude 22° 36' norte, 48° 48' oeste, altitude 550m, ocupando uma área de 4,7 ha. O clima característico da região, conforme a classificação Koeppen, é o Cwa – clima quente e úmido, de inverno seco, precipitação média anual de aproximadamente 1.328 mm, temperatura média anual em torno de 21°C e a umidade relativa média do ar de 60% (DURATEX, 1988).

Os solos predominantes na região, segundo nomenclatura da EMBRAPA, são os Latossolos Vermelho – Amarelo (LV56/LVA) nas áreas altas e Latossolos Roxo (LV6) nas áreas baixas (OLIVEIRA JUNIOR, 1998). A nomenclatura anterior e de domínio público classificava os solos da região como Latossolos Vermelho Amarelo – Fase arenosa nas áreas altas e Latossolos Roxo nas áreas baixas (LEMOS et al., 1960).

3.2. Material genético e delineamento experimental

O material genético utilizado neste estudo é proveniente de um pomar de sementes clonal, situado na Fazenda Morro D'Ouro em Botucatu, SP, cuja procedência é de Coffs Harbour – Austrália.

Os ensaios foram instalados em fevereiro de 1988 nos dois locais, com três experimentos de 25 progênies em cada local. Delineamento experimental utilizado foi blocos casualizados, com 10 repetições e 6 plantas por parcela, ao espaçamento de 3 x 2 metros, totalizando 75 progênies de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden.

3.3. Caracteres avaliados

Os parâmetros selecionados para serem estudados no presente trabalho foram:

- crescimento em diâmetro – Diâmetro à Altura do Peito (DAP);
- crescimento em altura de plantas (ALT);
- volume de madeira (VOL), calculado segundo a Equação (1) (DURATEX, 1988):

$$\text{VOL (m}^3\text{)} = \frac{[0,027196645 * (\text{DAP}^{1,752458725}) * (\text{ALT}^{1,264704686})]}{1000} \quad \text{Equação (1)}$$

3.4. Estimativa de Parâmetros Genéticos

A análise de variância individual para os dados de cada local foi a usual, segundo o delineamento em blocos casualizados. As análises em blocos casualizados ao nível de médias de parcelas, por planta, ou de totais de parcelas, as estruturas das análises de variâncias individuais estão apresentadas na Tabela 1.

Tabela 2. Esquema de análise de variância individual para cada local.

F.V.	G.L.	QM	E(QM)
Progênes	24	Q_1	$(1/\tilde{n})\sigma_d^2 + \sigma_e^2 + r\sigma_p^2$
Erro	216	Q_2	$(1/\tilde{n})\sigma_d^2 + \sigma_e^2$

Dentro	1250	Q_3	σ_d^2

σ_p^2 = variância entre progênes; σ_e^2 = variância entre parcelas; σ_d^2 = variância dentro de parcelas; n = números de plantas por parcela (média harmônica).

O coeficiente de herdabilidade ao nível de plantas individuais, referente à seleção entre plantas em cada ensaio, fica então:

$$h_1^2 = \frac{4\sigma_p^2}{\sigma_d^2 + \sigma_e^2 + \sigma_p^2} \quad \text{Equação (2)}$$

Essa estimativa de σ_p^2 contém, na verdade, conforme colocam Robinson & Cockerham (1965), um componente adicional devido à interação (σ_{p1}^2), não sendo adequada para estimativas do coeficiente de herdabilidade envolvendo todos os locais.

O coeficiente de herdabilidade para a seleção massal dentro de famílias de meios-irmãos, para cada local de ensaio, foi obtido por:

$$h_d^2 = \frac{3\sigma_p^2}{\sigma_d^2} \quad \text{Equação (3)}$$

Considerando-se que dentro das progênes de meios-irmãos existem só $\frac{3}{4}$ de variância genética aditiva.

O coeficiente de herdabilidade para seleção entre médias de famílias de meios-irmãos, dentro de cada ensaio, foi obtido a partir da seguinte expressão:

$$\mathbf{h}_{ml}^2 = \frac{\sigma_p^2}{\frac{\sigma_d^2}{r\tilde{n}} + \frac{\sigma_e^2}{r} + \sigma_p^2} \quad \text{Equação (4)}$$

A estimativa de covariância entre progênes Cov_p para duas características e/ou duas idades, em cada local, foi obtida através da análise de covariância através das esperanças dos produtos médios, relativas à progênes e ao erro, pode ser calculada a covariância entre progênes, que juntamente com as variâncias entre progênes para as duas características individuais ($\sigma_p^2(x)e\sigma_p^2(y)$) permite estimar o coeficiente de correlação genética aditiva entre essas duas características, para um local, segundo FALCONER (1964), através de:

$$\mathbf{r}_{A(x,y)} = \frac{Cov_p}{\sqrt{\sigma_{p(x)}^2 \cdot \sigma_{p(y)}^2}} \quad \text{Equação (5)}$$

A correlação fenotípica ao nível de médias de progênes, entre pares de características e/ou pares de idades, foi obtida, segundo QUEIROZ (1969), por:

$$\mathbf{r}_{F(x,y)} = \frac{Cov_{F(x,y)}}{\sqrt{\sigma_{F(x)}^2 \cdot \sigma_{F(y)}^2}} \quad \text{Equação (6)}$$

As análises de covariâncias individuais, envolvendo pares das características avaliadas, foram realizadas segundo o método de Kempthorne (1966), citado por Geraldi (1977), com as progênes comuns aos dois locais de experimentação.

Os quadrados médios para as características individuais (QMx e QMy) utilizados para o cálculo dos produtos médios foram os correspondentes das análises de variâncias individuais já discutidas.

As estimativas de variâncias genéticas e não genéticas e de parâmetros afins para as características altura, DAP e volume de madeira foram extraídas das esperanças dos quadrados médios das análises de variâncias, em blocos casualizados.

As estimativas de progresso genético esperado (G_{s1}) na seleção entre e dentro de progênies foram obtidas por meio das expressões apresentadas por Vencovsky (1978). As constantes K1 e K2 são os diferenciais de seleção estandardizado entre e dentro de progênies, respectivamente.

$$G_{s1} = \frac{k1(1/4)\sigma_A^2}{\sqrt{\frac{\sigma_d^2}{r\tilde{n}} + \frac{\sigma_e^2}{r} + \sigma_p^{2'}}} + \frac{k2(3/4)\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_d^2}} \quad \text{Equação (7)}$$

O progresso esperado entre os melhores indivíduos no teste (G_{s2}) de progênies foi estimado pela expressão:

$$G_{s2} = \frac{k(1/4)\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_d^2 + \sigma_e^2 + \sigma_p^{2'}}} \quad \text{Equação (8)}$$

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas da variabilidade genética para os caracteres DAP, altura de plantas e volume de madeira para os três experimentos com 25 progênies cada, nas duas localidades estão apresentadas nas Tabelas 2, 3 e 4.

Tabela 3. Estimativas de variância aditiva (σ_A^2), variância ambiental (σ_e^2), variância fenotípica ao nível de indivíduos (σ_F^2), herdabilidade ao nível de indivíduos não ajustada (h_a^2), ajustada (h_{aj}^2) e ao nível de média de progênes, (h_{mp}^2), acurácia ao nível de progênes (Ac_{prog}), herdabilidade aditiva dentro de progênes (h_{ad}^2), coeficientes de variação genética ao nível de indivíduos (CV_{gi} %) e de progênes (CV_p %), coeficiente de variação experimental (CV_{exp} %), coeficiente de variação relativa (CV_r) e média do caráter DAP.

Experimentos Ano	2		3		4		5		6
E 1	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba
σ_A^2	0,3884	0,0882	0,7960	0,0825	1,0204	0,3004	1,7558	0,2890	1,2881
σ_e^2	2,9046	7,0878	5,9234	11,8375	6,9801	16,5518	9,6485	19,8673	12,3498
σ_F^2	3,4174	7,2054	6,9183	11,9708	8,1386	16,9400	11,4477	20,2603	13,7157
h_a^2	0,1137	0,0122	0,1151	0,0069	0,1254	0,0177	0,1534	0,0143	0,0939
h_{aj}^2	0,1179	0,0123	0,1185	0,0069	0,1275	0,0178	0,1540	0,0143	0,0944
h_{mp}^2	0,5964	0,1529	0,6075	0,0921	0,6409	0,2066	0,7011	0,1731	0,5837
Ac_{prog}	0,7723	0,3911	0,7795	0,3034	0,8006	0,4546	0,8373	0,4160	0,7640
h_{ad}^2	0,0911	0,0093	0,0916	0,0052	0,0988	0,0134	0,1201	0,0108	0,0726
CV_{gi} %	6,63	3,14	7,41	2,51	7,92	4,25	9,31	3,92	7,88
CV_{gp} %	3,32	1,57	3,70	1,25	3,96	2,12	4,65	1,96	3,94
CV_{exp} %	8,62	11,70	9,41	12,46	9,37	13,16	9,61	13,56	10,52
CV_r	0,38	0,13	0,39	0,10	0,42	0,16	0,48	0,14	0,37
Média (cm)	9,3986	9,4459	12,0443	11,4447	12,7586	12,9077	14,2332	13,7023	14,4038

Experimentos Ano	2		3		4		5		6
E 2	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba
σ_A^2	0,3912	0,3770	0,8919	0,4760	1,4061	0,7629	1,7558	0,8295	2,2355
σ_e^2	2,8718	7,3834	5,6393	12,4487	6,2530	17,9549	9,6485	20,9179	11,5307
σ_F^2	3,2783	7,7869	6,5598	12,9631	7,6925	18,7744	11,4477	21,8131	13,8064
h_a^2	0,1193	0,0484	0,1360	0,0367	0,1828	0,0406	0,1534	0,0380	0,1619
h_{aj}^2	0,1199	0,0486	0,1366	0,0368	0,1836	0,0408	0,1540	0,0381	0,1624
h_{mp}^2	0,6431	0,4195	0,6737	0,3539	0,7375	0,3775	0,7011	0,3620	0,7137
Ac_{prog}	0,8019	0,6477	0,8208	0,5949	0,8588	0,6144	0,8373	0,6016	0,8448
h_{ad}^2	0,0927	0,0369	0,1060	0,0279	0,1443	0,0309	0,1201	0,0289	0,1269
CV_{gi} %	6,54	6,59	7,70	6,10	9,12	6,87	9,31	6,74	10,22
CV_{gp} %	3,27	3,29	3,85	3,05	4,56	3,43	4,65	3,37	5,11
CV_{exp} %	7,71	12,25	8,47	13,03	8,60	13,94	9,61	14,16	10,23
CV_r	0,42	0,27	0,45	0,23	0,53	0,25	0,48	0,24	0,50
Média (cm)	9,5607	9,3217	12,2718	11,3084	13,0054	12,7201	14,2332	13,5071	14,6359

Experimentos Ano	2		3		4		5		6
E 3	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba
σ_A^2	0,1976	0,1841	0,2933	0,3567	0,3616	0,3758	0,6956	0,4986	0,8310
σ_e^2	3,5268	7,5223	7,1585	12,6141	8,6382	17,4994	12,1985	20,3477	14,1272
σ_F^2	3,7411	7,7250	7,4880	13,0053	9,0512	17,9248	12,9455	20,9006	15,0144
h_a^2	0,0528	0,0238	0,0392	0,0274	0,0400	0,0210	0,0537	0,0239	0,0553
h_{aj}^2	0,0531	0,0239	0,0394	0,0275	0,0402	0,0210	0,0539	0,0239	0,0556
h_{mp}^2	0,4399	0,2622	0,3668	0,2902	0,3704	0,2377	0,4447	0,2622	0,4524
Ac_{prog}	0,6632	0,5120	0,6056	0,5387	0,6086	0,4875	0,6669	0,5120	0,6726
h_{ad}^2	0,0403	0,0180	0,0298	0,0208	0,0304	0,0159	0,0410	0,0180	0,0423
$CV_{gi} \%$	4,68	4,59	4,42	5,29	4,63	4,79	5,84	5,19	6,20
$CV_{gp} \%$	2,34	2,29	2,21	2,64	2,32	2,39	2,92	2,59	3,10
$CV_{exp} \%$	8,36	12,18	9,19	13,07	9,55	13,55	10,32	13,75	10,79
CV_r	0,28	0,19	0,24	0,20	0,24	0,18	0,28	0,19	0,29
Média	9,4927	9,3482	12,2419	11,2963	12,9757	12,8065	14,2776	13,6172	14,6930

Anos Médias	2		3		4		5		6
	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba
σ_A^2	0,3258	0,2164	0,6604	0,3051	0,9293	0,4797	1,4024	0,5390	1,4515
σ_e^2	3,1011	7,3311	6,2404	12,3001	7,2904	17,3354	10,4985	20,3776	12,6693
σ_F^2	3,4789	7,5724	6,9887	12,6464	8,2941	17,8797	11,9470	20,9913	14,1788
h_a^2	0,0953	0,0282	0,0967	0,0237	0,1160	0,0264	0,1202	0,0254	0,1037
h_{aj}^2	0,0970	0,0283	0,0981	0,0237	0,1171	0,0265	0,1206	0,0255	0,1041
h_{mp}^2	0,5598	0,2782	0,5493	0,2454	0,5829	0,2739	0,6157	0,2657	0,5833
Ac_{prog}	0,7458	0,5169	0,7353	0,4790	0,7560	0,5188	0,7805	0,5099	0,7605
h_{ad}^2	0,0747	0,0214	0,0758	0,0179	0,0912	0,0201	0,0937	0,0192	0,0806
$CV_{gi} \%$	5,95	4,77	6,51	4,63	7,22	5,30	8,15	5,28	8,10
$CV_{gp} \%$	2,98	2,39	3,25	2,32	3,61	2,65	4,08	2,64	4,05
$CV_{exp} \%$	8,23	12,04	9,02	12,86	9,17	13,55	9,85	13,82	10,51
CV_r	0,36	0,20	0,36	0,18	0,40	0,19	0,42	0,19	0,39
Média (cm)	9,48	9,37	12,19	11,35	12,91	12,81	14,25	13,61	14,58

Todos os parâmetros genéticos variaram com as diferentes idades estudadas para o caráter DAP. O coeficiente de herdabilidade média com 6 anos de idade foi alto apresentando um valor de 0,58. As herdabilidades no sentido restrito ao nível de plantas individuais foi de 0,10 e a herbabilidade dentro foi de 0,08, valor em conformidade com os apresentados por Kageyama e Vencovsky (1983) com a mesma espécie estudada.

O coeficiente de variação genética ao nível de plantas foi de 8,10% e o coeficiente de variação experimental foi de 10,51%, mostrando para experimentos de campo, um erro dentro dos limites aceitáveis.

Tabela 4. Estimativas de variância aditiva (σ_A^2), variância ambiental (σ_e^2), variância fenotípica ao nível de indivíduos (V_F), herdabilidade ao nível de indivíduos não ajustada (h_a^2), ajustada (h_{aj}^2) e ao nível de média de progênies, (h_{mp}^2), acurácia ao nível de progênies (Ac_{prog}), herdabilidade aditiva dentro de progênies (h_{ad}^2), coeficientes de variação genética ao nível de indivíduos (CV_{gi} %) e de progênies (CV_{gp} %), coeficiente de variação experimental (CV_{exp} %), coeficiente de variação relativa (CV_r) e média do caráter altura de plantas.

Experimentos Ano	2		3		4		5		6
E 1	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba
σ_A^2	0,3427	0,1969	0,4233	0,4233	0,7344	0,7217	1,5054	0,8336	1,5406
σ_e^2	1,9167	1,9859	5,0423	5,0423	7,3467	18,2892	10,1994	23,8783	15,9722
σ_F^2	2,5317	2,1915	6,2297	6,2297	9,1004	19,4410	12,3306	25,0965	17,9571
h_a^2	0,1354	0,0331	0,0679	0,0679	0,0807	0,0371	0,1221	0,0332	0,0858
h_{aj}^2	0,0123	0,0342	0,0774	0,0774	0,0909	0,0380	0,1286	0,0337	0,0880
h_{mp}^2	0,1529	0,3003	0,3897	0,3897	0,4401	0,3358	0,5995	0,3180	0,5386
Ac_{prog}	0,3911	0,5480	0,6242	0,6242	0,6634	0,5795	0,7743	0,5639	0,7339
h_{ad}^2	0,0093	0,0259	0,0592	0,0592	0,0697	0,0287	0,0997	0,0255	0,0675
CV_{gi} %	3,14	2,31	3,81	3,81	4,40	4,27	5,72	4,27	5,14
CV_{gp} %	1,57	1,15	1,90	1,90	2,20	2,14	2,86	2,14	2,57
CV_{exp} %	11,70	6,05	7,54	7,54	7,84	9,50	7,39	9,89	7,52
CV_r	0,13	0,21	0,25	0,25	0,28	0,22	0,39	0,22	0,34
Média (m)	9,4459	11,3959	17,0807	17,0807	19,4960	19,8840	21,4619	21,3632	24,1452
Experimentos Ano	2		3		4		5		6
E 2	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba
σ_A^2	0,0693	0,3955	0,2677	0,6717	0,7231	1,2357	1,5054	1,2832	2,5854
σ_e^2	1,9859	5,1623	4,6603	10,8888	6,2696	18,7235	10,1994	25,3456	13,4593
σ_F^2	2,1915	5,7452	5,2173	11,6651	7,4513	20,1031	12,3306	26,7358	16,4847
h_a^2	0,0316	0,0688	0,0513	0,0576	0,0970	0,0615	0,1221	0,0480	0,1568
h_{aj}^2	0,0337	0,0712	0,0543	0,0581	0,1034	0,0619	0,1286	0,0482	0,1611
h_{mp}^2	0,2669	0,4740	0,3783	0,4560	0,5314	0,4747	0,5995	0,4167	0,6825
Ac_{prog}	0,5166	0,6885	0,6151	0,6753	0,7290	0,6890	0,7743	0,6455	0,8262
h_{ad}^2	0,0255	0,0543	0,0413	0,0442	0,0796	0,0472	0,0997	0,0366	0,1259
CV_{gi} %	2,31	4,65	3,02	4,83	4,33	5,64	5,72	5,32	6,67
CV_{gp} %	1,15	2,32	1,51	2,42	2,17	2,82	2,86	2,66	3,34
CV_{exp} %	6,05	7,74	6,12	8,34	6,43	9,38	7,39	9,96	7,19
CV_r	0,19	0,30	0,25	0,29	0,34	0,30	0,39	0,27	0,46
Média (m)	11,3959	13,5349	17,1298	16,9612	19,6358	19,7035	21,4619	21,2871	24,1040

Experimentos	2		3		4		5		6
Ano									
E 3	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba
σ_A^2	0,2322	0,1861	0,3062	0,4595	0,2049	0,7231	0,1558	0,6349	0,6474
σ_e^2	2,3452	5,6999	5,4927	11,3043	8,2296	18,3089	12,6364	24,1030	18,1785
σ_F^2	2,6941	5,9034	6,1499	11,7987	8,8113	19,0961	13,4162	24,8041	19,1543
h_a^2	0,0862	0,0315	0,0498	0,0389	0,0233	0,0379	0,0116	0,0256	0,0338
h_{aj}^2	0,0901	0,0316	0,0528	0,0391	0,0243	0,0380	0,0122	0,0257	0,0344
h_{mp}^2	0,5197	0,3196	0,3698	0,3676	0,2241	0,3606	0,1241	0,2760	0,3200
Ac_{prog}	0,7209	0,5653	0,6081	0,6063	0,4734	0,6005	0,3522	0,5254	0,5657
h_{ad}^2	0,0691	0,0239	0,0401	0,0296	0,0183	0,0288	0,0092	0,0194	0,0260
$CV_{gi} \%$	4,28	3,19	3,24	3,98	2,30	4,29	1,84	3,74	3,32
$CV_{gp} \%$	2,14	1,60	1,62	1,99	1,15	2,15	0,92	1,87	1,66
$CV_{exp} \%$	6,51	7,36	6,69	8,25	6,76	9,04	7,74	9,58	7,64
CV_r	0,33	0,22	0,24	0,24	0,17	0,24	0,12	0,20	0,22
Média (m)	11,2533	13,5223	17,0818	17,0453	19,6908	19,8168	21,4168	21,3034	24,2625
Anos	2		3		4		5		6
Médias	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba
σ_A^2	0,2147	0,2595	0,3324	0,5182	0,5541	0,8935	1,0555	0,9172	1,5911
σ_e^2	2,0826	4,2827	5,0651	9,0785	7,2820	18,4405	11,0118	24,4423	15,8700
σ_F^2	2,4724	4,6134	5,8657	9,8979	8,4543	19,5467	12,6925	25,5455	17,8653
h_a^2	0,0844	0,0445	0,0563	0,0548	0,0670	0,0455	0,0853	0,0356	0,0921
h_{aj}^2	0,0454	0,0457	0,0615	0,0582	0,0729	0,0460	0,0898	0,0359	0,0945
h_{mp}^2	0,3132	0,3646	0,3792	0,4044	0,3985	0,3904	0,4410	0,3369	0,5137
Ac_{prog}	0,5428	0,6006	0,6158	0,6353	0,6219	0,6230	0,6336	0,5783	0,7086
h_{ad}^2	0,0346	0,0347	0,0469	0,0443	0,0559	0,0349	0,0695	0,0272	0,0731
$CV_{gi} \%$	3,25	3,38	3,36	4,21	3,68	4,74	4,43	4,45	5,04
$CV_{gp} \%$	1,62	1,69	1,68	2,10	1,84	2,37	2,21	2,22	2,52
$CV_{exp} \%$	8,09	7,05	6,78	8,04	7,01	9,31	7,51	9,81	7,45
CV_r	0,22	0,24	0,25	0,26	0,26	0,25	0,30	0,23	0,34
Média (m)	10,70	12,82	17,10	17,03	19,61	19,80	21,45	21,32	24,17

Também para o caráter altura de plantas, todos os parâmetros genéticos variaram para as diferentes idades estudadas, sendo que para o parâmetro coeficiente de herdabilidade média com 6 anos de idade foi alto apresentando um valor de 0,51. As herdabilidades no sentido restrito ao nível de plantas individuais foi de 0,09 e a herbabilidade dentro foi de 0,07.

O coeficiente de variação genética ao nível de plantas foi de 5,04% e o coeficiente de variação experimental foi de 7,45%, mostrando para experimentos de campo, um erro experimental relativamente baixo.

Tabela 5. Estimativas de variância aditiva (σ_A^2), variância ambiental (σ_e^2), variância fenotípica ao nível de indivíduos (V_F), herdabilidade ao nível de indivíduos não ajustada (h_a^2), ajustada (h_{aj}^2) e ao nível de média de progênies, (h_{mp}^2), acurácia ao nível de progênies (Ac_{prog}), herdabilidade aditiva dentro de progênies (h_{ad}^2), coeficientes de variação genética ao nível de indivíduos (CV_{gi} %) e de progênies (CV_{gp} %), coeficiente de variação experimental (CV_{exp} %), coeficiente de variação relativa (CV_r) e média do caráter volume de madeira.

Experimentos	2		3		4		5		6
Ano									
E 1	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba
σ_A^2	0,000035	0,000028	0,000153	0,000082	0,000373	0,000373	0,000598	0,000608	0,001467
σ_e^2	0,000175	0,000755	0,001677	0,003075	0,003353	0,008069	0,008031	0,013431	0,013864
σ_F^2	0,00023	0,000789	0,001958	0,003184	0,004	0,008574	0,009087	0,014216	0,015779
h_a^2	0,1506	0,0359	0,0781	0,0257	0,0933	0,0435	0,0658	0,0428	0,0930
h_{aj}^2	0,1648	0,0361	0,0836	0,0259	0,1002	0,0442	0,0693	0,0433	0,0957
h_{mp}^2	0,6186	0,3446	0,4727	0,2709	0,5147	0,3800	0,4440	0,3792	0,5548
Ac_{prog}	0,7865	0,5870	0,6875	0,5205	0,7175	0,6165	0,6663	0,6158	0,7448
h_{ad}^2	0,1289	0,0273	0,0640	0,0195	0,0771	0,0335	0,0529	0,0329	0,0735
CV_{gi} %	14,8	9,79	11,88	8,77	14,07	12,27	13,24	12,69	16,72
CV_{gp} %	7,4	4,89	5,94	4,38	7,03	6,13	6,62	6,34	8,36
CV_{exp} %	18,37	21,36	19,85	22,76	21,61	24,78	23,42	25,69	23,68
CV_r	0,4	0,22	0,30	0,19	0,33	0,25	0,28	0,25	0,35
Média (m³)	0,0397	0,0543	0,1041	0,1030	0,1373	0,1575	0,1847	0,1943	0,2290
Experimentos	2		3		4		5		6
Ano									
E 2	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba
σ_A^2	0,000033	0,000064	0,000279	0,000221	0,000691	0,000694	0,001399	0,000905	0,002628
σ_e^2	0,000193	0,000758	0,001674	0,003121	0,003064	0,008436	0,007382	0,014233	0,012404
σ_F^2	0,000233	0,000828	0,001966	0,003355	0,003849	0,009165	0,008904	0,01519	0,015114
h_a^2	0,1424	0,0776	0,1421	0,0658	0,1795	0,0758	0,1571	0,0596	0,1739
h_{aj}^2	0,1466	0,0782	0,1431	0,0661	0,1840	0,0760	0,1593	0,0598	0,1748
h_{mp}^2	0,6590	0,5342	0,6814	0,4960	0,7143	0,5320	0,6959	0,4716	0,7261
Ac_{prog}	0,8118	0,7309	0,8255	0,7043	0,8452	0,7294	0,8342	0,6867	0,8521
h_{ad}^2	0,1141	0,0598	0,1113	0,0504	0,1447	0,0581	0,1244	0,0455	0,1371
CV_{gi} %	14,06	15,14	15,61	14,70	18,54	17,03	19,68	15,65	21,96
CV_{gp} %	7,03	7,57	7,81	7,35	9,27	8,51	9,84	7,83	10,98
CV_{exp} %	15,99	22,35	16,88	23,43	18,54	25,25	20,57	26,20	21,32
CV_r	0,44	0,34	0,46	0,31	0,50	0,34	0,48	0,30	0,51
Média (m³)	0,0410	0,0530	0,1071	0,1011	0,1418	0,1548	0,1901	0,1923	0,2334

Experimentos		2		3		4		5		6
Ano										
E 3		Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba
σ_A^2		0,000006	0,00002	0,00006	0,000105	0,000168	0,000206	0,00037	0,000475	0,000927
σ_e^2		0,000235	0,000761	0,002081	0,00315	0,004151	0,008394	0,0094	0,013746	0,016194
σ_F^2		0,000247	0,000783	0,002187	0,003264	0,004471	0,008627	0,010043	0,014263	0,017414
h_a^2		0,0246	0,0249	0,0276	0,0322	0,0376	0,0239	0,0368	0,0333	0,0532
h_{aj}^2		0,0252	0,0250	0,0282	0,0323	0,0389	0,0240	0,0379	0,0334	0,0541
h_{mp}^2		0,2496	0,2707	0,2742	0,3246	0,3272	0,2622	0,3290	0,3319	0,4271
Ac_{prog}		0,4996	0,5203	0,5236	0,5697	0,5721	0,5121	0,5736	0,5761	0,6536
h_{ad}^2		0,0190	0,0189	0,0213	0,0244	0,0295	0,0181	0,0287	0,0253	0,0412
$CV_{gi} \%$		6,14	8,34	7,24	10,13	9,02	9,24	9,95	11,34	12,66
$CV_{gp} \%$		3,07	4,17	3,62	5,06	4,51	4,62	4,98	5,67	6,33
$CV_{exp} \%$		16,82	21,65	18,62	23,10	20,45	24,51	22,48	25,44	23,18
CV_r		0,18	0,19	0,19	0,22	0,22	0,19	0,22	0,22	0,27
Média (m³)		0,0402	0,0530	0,1074	0,1013	0,1438	0,1555	0,1932	0,1923	0,2405
Médias										
		Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba	Lençóis	Angatuba
σ_A^2		0,000024	0,000037	0,000164	0,000136	0,000411	0,000424	0,000789	0,000663	0,001674
σ_e^2		0,000201	0,000758	0,001811	0,003115	0,003523	0,0083	0,008271	0,013803	0,014154
σ_F^2		0,0002367	0,0008	0,002037	0,003268	0,004107	0,008789	0,0093447	0,014556	0,016102
h_a^2		0,106	0,046	0,083	0,041	0,103	0,048	0,087	0,045	0,107
h_{aj}^2		0,112	0,046	0,085	0,041	0,108	0,048	0,089	0,046	0,108
h_{mp}^2		0,509	0,383	0,476	0,364	0,519	0,391	0,490	0,394	0,569
Ac_{prog}		0,699	0,613	0,679	0,598	0,712	0,619	0,691	0,626	0,750
h_{ad}^2		0,087	0,035	0,066	0,031	0,084	0,037	0,069	0,035	0,084
$CV_{gi} \%$		11,66	11,09	11,58	11,20	13,88	12,85	14,29	13,23	17,11
$CV_{gp} \%$		5,83	5,54	5,79	5,60	6,94	6,42	7,15	6,61	8,56
$CV_{exp} \%$		17,06	21,79	18,45	23,10	20,20	24,85	22,16	25,77	22,73
CV_r		0,34	0,25	0,32	0,24	0,35	0,26	0,33	0,26	0,38
Média (m³)		0,0403	0,0534	0,1062	0,1018	0,1409	0,1559	0,1893	0,1929	0,2343

O volume de madeira apresentou uma grande variação de valores no decorrer das diferentes idades estudadas. O coeficiente de herdabilidade média, com 6 anos de idade, também foi alto (0,57). As herdabilidades no sentido restrito ao nível de plantas individuais foi de 0,11 e a herbabilidade dentro foi de 0,08.

O coeficiente de variação genética ao nível de plantas foi de 17,11% e o coeficiente de variação experimental foi de 22,73%, mostrando para experimentos de campo, um erro dentro dos limites que normalmente ocorrem nos testes de progênies de eucaliptos em campo. O volume de madeira é um caráter quantitativo muito influenciado pelo ambiente ($CV_e = 50,78\%$) e os experimentos de campo, normalmente de grandes dimensões não possibilitam melhor precisão.

As correlações entre os caracteres de crescimento DAP, altura de plantas e volume de madeira para os três experimentos e dois locais são apresentadas na tabela 6.

Tabela 6. Correlações entre os caracteres diâmetro a altura do peito (DAP), altura de plantas (ALT) e volume de madeira (VOL) para os 03 experimentos implantados (E1, E2 e E3) nas duas localidades estudadas (Lençóis Paulista e Angatuba) em vários anos (02, 03, 04 05 e 06 anos).

Locais		Angatuba						Lençóis Paulista					
Ano	Exper.	DAP x ALT		DAP x VOL		ALT x VOL		DAP x ALT		DAP x VOL		ALT x VOL	
		r_F	r_A	r_F	r_A	r_F	r_A	r_F	r_A	r_F	r_A	r_F	r_A
2	E1	0,78	0,91	0,93	0,95	0,81	0,92	0,90	0,88	0,96	0,94	0,86	0,88
	E2	0,79	0,87	0,95	0,98	0,83	0,90	0,91	0,91	0,96	0,97	0,88	0,91
	E3	0,76	0,69	0,94	0,92	0,82	0,80	0,91	0,91	0,96	0,95	0,86	0,87
	média	0,78	0,82	0,94	0,95	0,82	0,87	0,91	0,90	0,96	0,95	0,87	0,89
3	E1	0,81	0,87	0,95	0,96	0,82	0,86	0,90	0,88	0,96	0,95	0,85	0,81
	E2	0,82	0,87	0,96	0,99	0,83	0,88	0,92	0,92	0,97	0,97	0,87	0,90
	E3	0,81	0,69	0,96	0,93	0,83	0,69	0,92	0,89	0,97	0,97	0,86	0,80
	média	0,81	0,81	0,96	0,96	0,83	0,81	0,91	0,90	0,97	0,96	0,86	0,84
4	E1	0,84	0,89	0,95	0,96	0,86	0,90	0,92	0,90	0,96	0,97	0,86	0,81
	E2	0,85	0,92	0,96	0,98	0,86	0,94	0,92	0,94	0,97	0,98	0,86	0,88
	E3	0,87	0,81	0,96	0,93	0,87	0,78	0,92	0,84	0,97	0,96	0,85	0,72
	média	0,85	0,87	0,96	0,96	0,86	0,87	0,92	0,89	0,97	0,97	0,86	0,80
5	E1	0,80	0,87	0,95	0,96	0,84	0,90	0,93	0,90	0,97	0,97	0,87	0,82
	E2	0,85	0,93	0,96	0,99	0,85	0,94	0,94	0,91	0,97	0,98	0,88	0,86
	E3	0,87	0,77	0,96	0,92	0,87	0,79	0,94	0,89	0,97	0,96	0,87	0,76
	média	0,84	0,86	0,96	0,96	0,85	0,88	0,94	0,90	0,97	0,97	0,87	0,81
6	E1	0,86	0,86	0,97	0,97	0,86	0,87	-	-	-	-	-	-
	E2	0,84	0,93	0,96	0,99	0,84	0,94	-	-	-	-	-	-
	E3	0,89	0,80	0,97	0,96	0,87	0,79	-	-	-	-	-	-
	média	0,86	0,86	0,97	0,97	0,86	0,87	-	-	-	-	-	-

Em geral, observando-se a Tabela 6, as correlações entre os caracteres de crescimento estudados apresentaram valores elevados. Podemos observar que as menores correlações foram entre DAP e altura, mesmo assim acima de 0,78 para correlação fenotípica no ano 2 e acima de 0,81 para a correlação aditiva no ano 3, mostrando que a seleção para qualquer um dos caracteres pode resultar em resposta correlacionada no outro caráter mesmo na seleção precoce. Na Figura 2 podemos visualizar as correlações de DAP e altura em Angatuba que chegou ao sexto ano de avaliação, mostrando uma leve tendência de valores menores nos dois primeiros anos mas garantindo a resposta correlacionada mesmo assim.

As correlações fenotípicas e genéticas aditiva entre DAP e volume de madeira foram as mais altas com pouca diferença entre os primeiros e os últimos anos (Figura 3),

mostrando que o DAP é o caráter mais correlacionado ao volume nesta população. Tanto que os valores de correlação entre altura e volume (Figura 4) foram semelhantes ao DAP x altura também com valores um pouco menores nos anos 2 e 3. Em Lençóis Paulista as correlações fenotípicas e aditivas de DAP x altura mostraram valores melhores que em Angatuba e intermediárias entre DAP x volume e volume x altura sem diferenças entre idades, mas não o suficiente para inferir que haja algum efeito ambiental na resposta correlacionada. Entretanto, se utilizarmos um índice de seleção com os três caracteres, o DAP e o volume devem ter um peso maior na classificação das progênies e plantas nesta população de *E. grandis* porque vai ocorrer maior resposta nos ganhos genéticos.

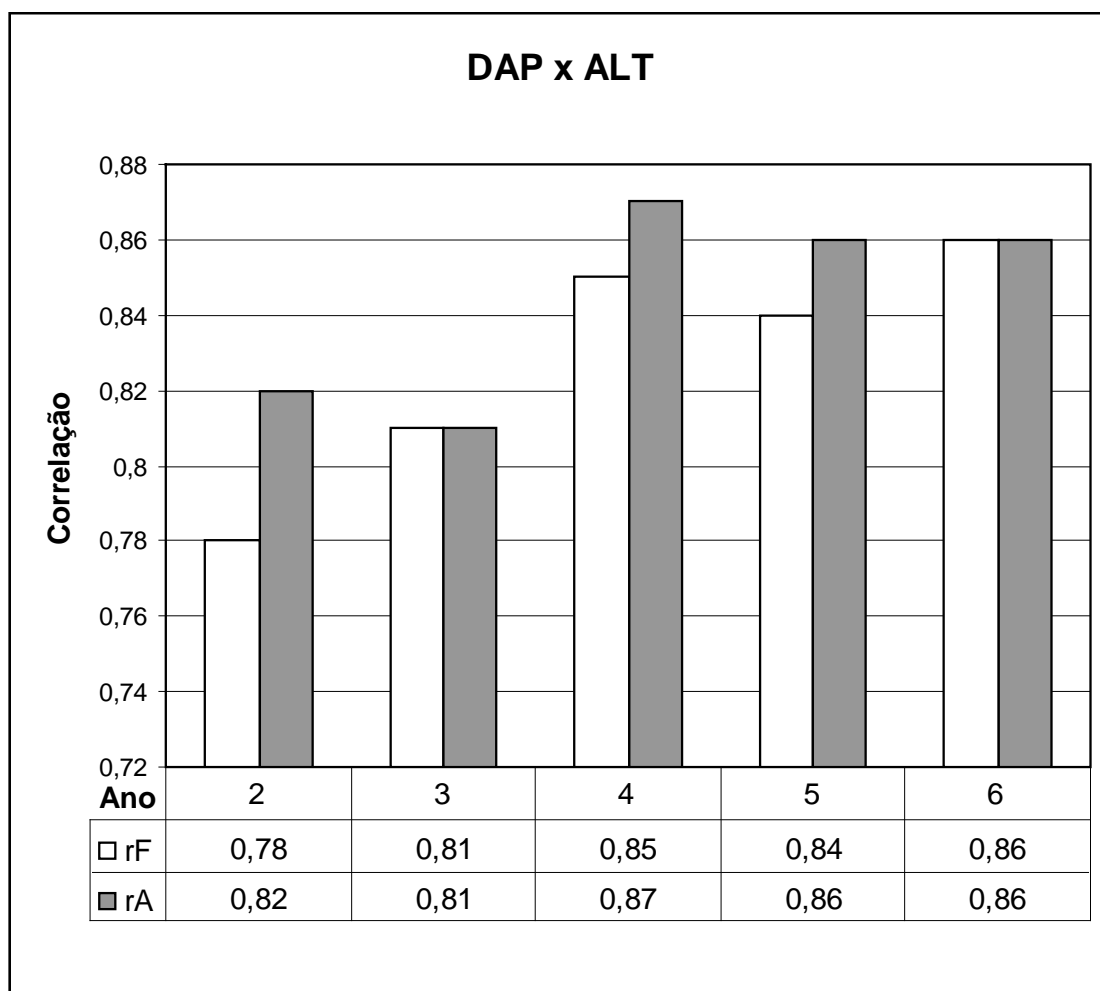


Figura 2. Histograma das correlações fenotípicas e genéticas entre os caracteres DAP x altura de plantas para as idades de 02, 03, 04, 05 e 06 anos.

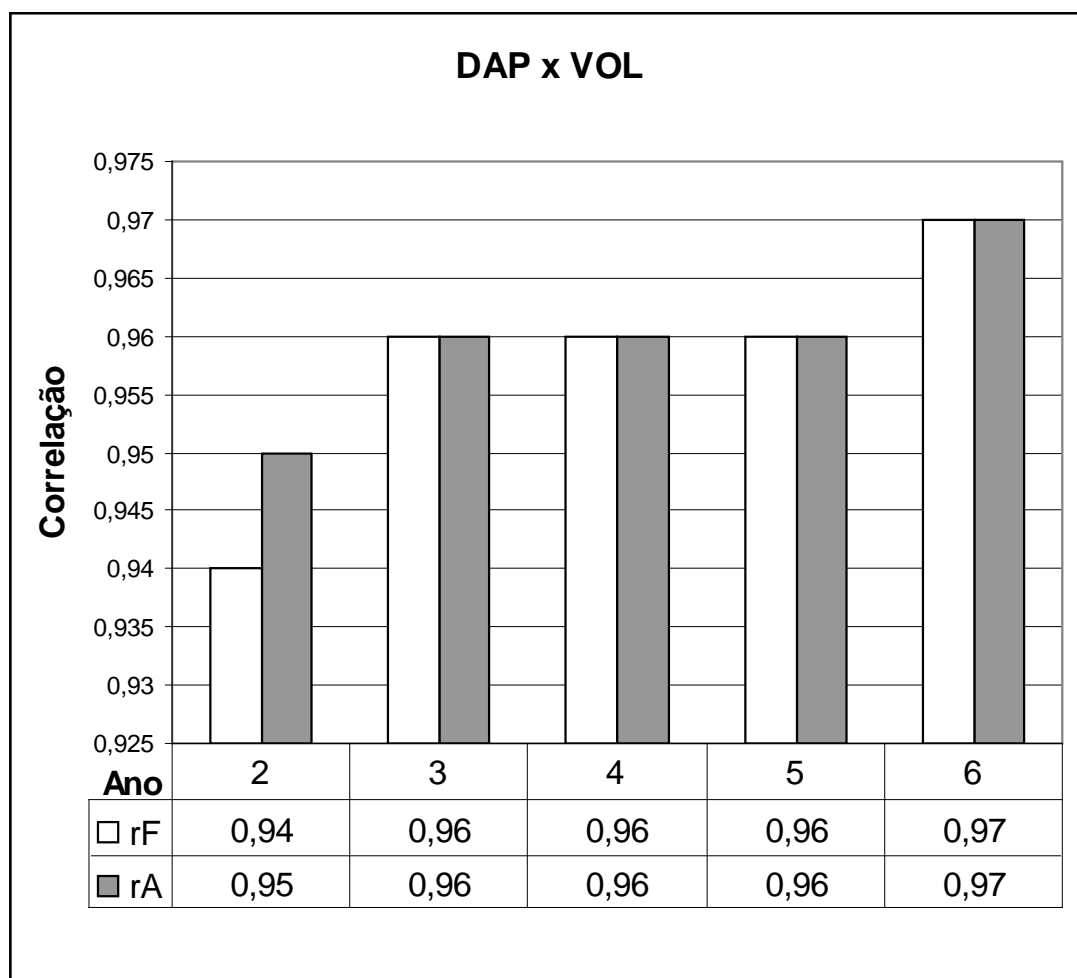


Figura 3. Histograma das correlações fenotípicas e genéticas entre os caracteres DAP x volume de madeira para as idades de 02, 03, 04, 05 e 06 anos.

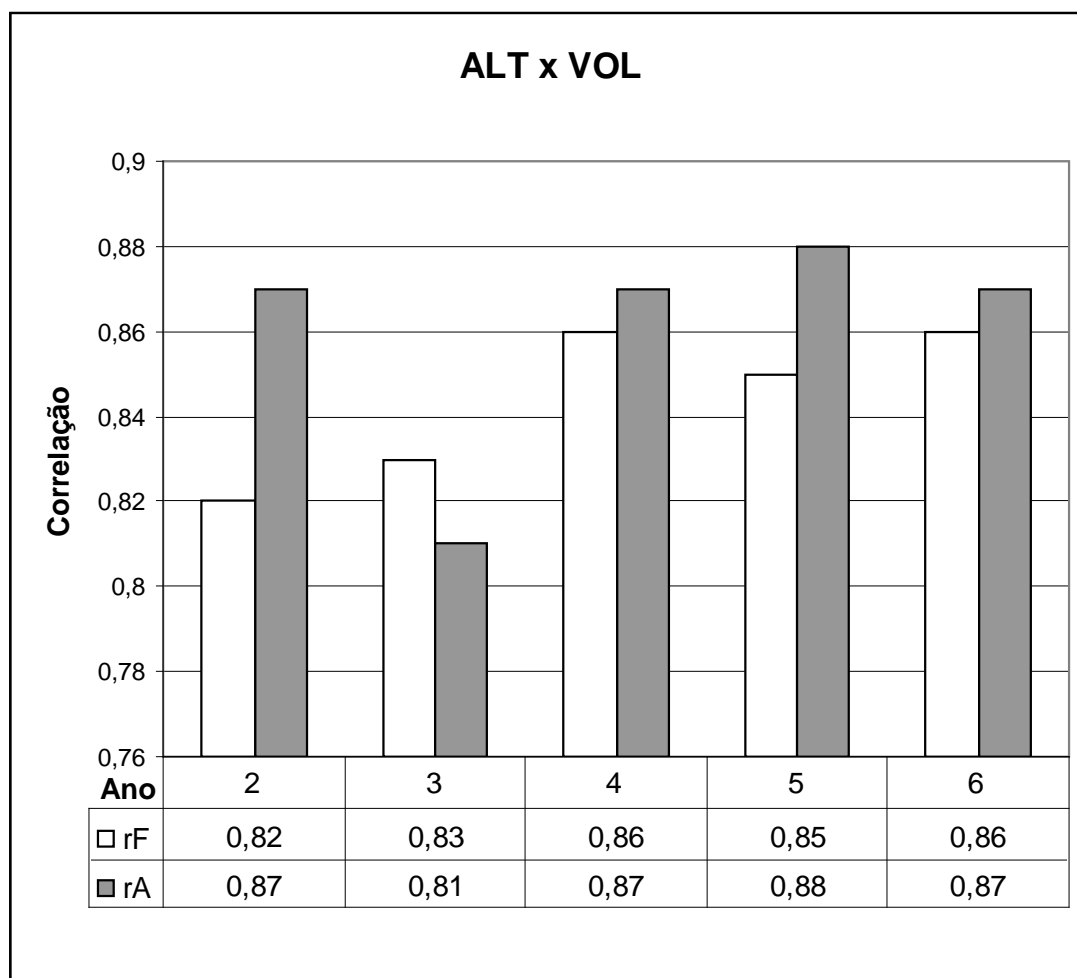


Figura 4. Histograma das correlações fenotípicas e genéticas entre os caracteres Altura de plantas x Volume de madeira para as idades de 02, 03, 04, 05 e 06 anos.

As correlações genéticas e fenotípicas entre as idades para os caracteres DAP, altura de plantas e volume de madeira para os 03 experimentos implantado em Angatuba (Tabela 6) e em Lençóis Paulista (Tabela 7) mostram potencialidades na utilização de seleção, precoce em programas de melhoramento genético.

Tabela 7. Correlações genéticas (r_A), acima da diagonal, e fenotípicas (r_F), abaixo da diagonal, entre as idades 02, 03, 04, 05 e 06 anos para os caracteres Diâmetro a altura do peito (DAP), altura de plantas (ALT) e volume de madeira (VOL) para os 03 experimentos implantados em Angatuba – SP (local 1).

Exp.	Anos	r_A														
		DAP					ALT					VOL				
		2	3	4	5	6	2	3	4	5	6	2	3	4	5	6
E 1	2	-	0,97	0,95	0,84	0,89	-	0,81	0,87	0,87	0,79	-	0,96	0,93	0,91	0,89
	3	0,90	-	0,97	0,88	0,94	0,66	-	0,84	0,86	0,83	0,87	-	0,96	0,93	0,92
	r_F 4	0,87	0,94	-	0,93	0,97	0,62	0,81	-	0,91	0,92	0,86	0,94	-	0,97	0,98
	5	0,62	0,66	0,71	-	0,95	0,40	0,53	0,67	-	0,94	0,65	0,71	0,77	-	0,97
	6	0,78	0,85	0,90	0,74	-	0,52	0,64	0,76	0,73	-	0,80	0,87	0,92	0,79	-
E 2	2	-	0,93	0,91	0,89	0,86	-	0,69	0,76	0,81	0,72	-	0,93	0,92	0,90	0,86
	3	0,80	-	0,98	0,96	0,96	0,63	-	0,81	0,86	0,87	0,79	-	0,96	0,96	0,95
	r_F 4	0,87	0,83	-	0,99	0,98	0,65	0,73	-	0,95	0,95	0,88	0,83	-	0,99	0,97
	5	0,81	0,76	0,92	-	0,98	0,58	0,63	0,80	-	0,94	0,79	0,76	0,91	-	0,98
	6	0,82	0,79	0,94	0,91	-	0,63	0,68	0,86	0,82	-	0,82	0,79	0,94	0,91	-
E 3	2	-	0,90	0,86	0,83	0,81	-	0,77	0,58	0,62	0,57	-	0,84	0,75	0,73	0,74
	3	0,88	-	0,97	0,95	0,93	0,64	-	0,69	0,74	0,76	0,87	-	0,92	0,92	0,93
	r_F 4	0,86	0,96	-	0,97	0,94	0,63	0,80	-	0,78	0,84	0,87	0,95	-	0,95	0,96
	5	0,77	0,83	0,87	-	0,97	0,52	0,65	0,78	-	0,89	0,77	0,83	0,88	-	0,95
	6	0,77	0,85	0,89	0,89	-	0,54	0,66	0,83	0,84	-	0,79	0,86	0,92	0,89	-
Média	2	-	0,93	0,91	0,85	0,86	-	0,76	0,74	0,76	0,69	-	0,91	0,87	0,85	0,83
	3	0,86	-	0,98	0,93	0,94	0,64	-	0,78	0,82	0,82	0,84	-	0,95	0,94	0,93
	r_F 4	0,87	0,91	-	0,96	0,96	0,63	0,78	-	0,88	0,90	0,87	0,90	-	0,97	0,97
	5	0,73	0,75	0,83	-	0,97	0,50	0,61	0,75	-	0,92	0,74	0,77	0,85	-	0,97
	6	0,79	0,83	0,91	0,85	-	0,56	0,66	0,82	0,80	-	0,80	0,84	0,93	0,86	-

Tabela 8. Correlações genéticas (r_A), acima da diagonal, e fenotípicas (r_F), abaixo da diagonal, entre as idades 02, 03, 04, 05 e 06 anos para os caracteres Diâmetro a altura do peito (DAP), altura de plantas (ALT) e volume de madeira (VOL) para os 03 experimentos implantados em Lençóis Paulista – SP (local 2).

Exp.		r_A												
		DAP				ALT				VOL				
		anos	2	3	4	5	2	3	4	5	2	3	4	5
E1	r_F	2	-	0,93	0,84	0,78	-	0,86	0,79	0,70	-	0,90	0,81	0,76
		3	0,97	-	0,93	0,90	0,90	-	0,92	0,85	0,95	-	0,95	0,91
		4	0,94	0,96	-	0,97	0,86	0,90	-	0,95	0,92	0,96	-	0,98
		5	0,91	0,94	0,96	-	0,83	0,86	0,93	-	0,91	0,94	0,97	-
E2	r_F	2	-	0,99	0,95	0,90	-	0,93	0,91	0,86	-	0,97	0,94	0,88
		3	0,98	-	0,98	0,93	0,93	-	0,96	0,93	0,96	-	0,98	0,94
		4	0,95	0,97	-	0,96	0,88	0,93	-	0,96	0,94	0,97	-	0,97
		5	0,87	0,88	0,89	-	0,80	0,85	0,88	-	0,82	0,85	0,86	-
E3	r_F	2	-	0,95	0,92	0,88	-	0,93	0,91	0,91	-	0,93	0,89	0,85
		3	0,95	-	0,96	0,95	0,90	-	0,93	0,93	0,94	-	0,96	0,96
		4	0,88	0,90	-	0,96	0,81	0,86	-	0,93	0,87	0,92	-	0,96
		5	0,75	0,77	0,74	-	0,69	0,74	0,72	-	0,76	0,79	0,76	-
Média	r_F	2	-	0,96	0,90	0,85	-	0,91	0,87	0,82	-	0,93	0,88	0,83
		3	0,97	-	0,96	0,93	0,91	-	0,94	0,90	0,95	-	0,96	0,94
		4	0,92	0,94	-	0,96	0,85	0,90	-	0,95	0,91	0,95	-	0,97
		5	0,84	0,86	0,86	-	0,77	0,82	0,84	-	0,83	0,86	0,86	-

Considerando o caráter DAP, as correlações genéticas e fenotípicas entre as diferentes idades foram altas na localidade de Angatuba. Considerando individualmente os três experimentos estudados as correlações fenotípicas entre as idades 02, a mais precocemente analisada, e 06 anos, idade final de rotação da cultura, não houve muitas diferenças de estimativas. As correlações fenotípicas médias variaram de 0,73, entre as idades 02 e 05 anos, até 0,91 entre as idades 04 e 06 anos. A melhor correlação fenotípica entre as idades juvenil e adulta foi de 0,83 entre 03 e 06 anos e 0,79 entre 02 a 06 anos. Quanto às correlações genéticas médias, os valores variaram desde 0,85, para as idades de 02 e 05 anos, a 0,98 para 03 e 04 anos, com a melhor correlação juvenil e adulto (0,86) para as idades de 02 e 06 anos e melhorando substancialmente para 0,94, quando considerados 03 e 06 anos (Tabela 7). Individualmente por experimentos as correlações não variam muito dos valores médios.

Para a altura de plantas, a melhor correlação genética (0,90) foi entre as idades de 04 e 06 anos e a pior (0,69) foi entre 02 e 06 anos e a melhor correlação fenotípica média dos três experimentos foi entre as idades de 04 e 05 anos (0,82). As correlações fenotípicas médias entre as idades juvenis e adultas não foram muito altas, sendo de 0,56 (entre 02 e 6 anos) e de 0,66 (entre 03 e 06 anos).

Comercialmente, o caráter que melhor representa os ganhos comerciais é o volume da madeira. Para este caráter 0,83 foi a correlação genética entre as idades mais juvenil (02 anos) e a de final de rotação (06 anos). Existe uma boa correlação que pode ser usada em seleção precoce nos programas de melhoramento genético de *Eucalyptus grandis*. No entanto, considerando a metade da rotação, ou seja, 03 anos, a correlação genética com a idade final de rotação, melhora substancialmente para 0,93. Praticamente todos os indivíduos com os melhores volumes de madeira na idade de 03 anos são os mesmos no final da rotação.

A seleção precoce pode ser usada com grande eficiência para a seleção de caracteres de crescimento em programas de melhoramento genético de *Eucalyptus grandis*.

Existem duas situações que podem ocorrer na seleção, as seleções de indivíduos superiores independentemente se estão na mesma progênie e a seleção entre e dentro de progênies aumentando assim o tamanho efetivo da população selecionada, preservando assim variabilidade para novos ciclos de seleção e ou variabilidade de outros caracteres não selecionados. Isto é apresentado na Tabela 9 onde foram selecionados cinco indivíduos superiores e cinco progênies de um indivíduo de cada experimento, totalizando quinze indivíduos e quinze progênies da população em Angatuba.

Tabela 9. Classificação (Class) das árvores (Árv) selecionadas em Angatuba em três experimentos com seleção individual (SI) nos blocos (Bl) e entre e dentro de famílias (Fam) de meios irmãos(ED) comparado com a média original do experimento (u) para ganho por seleção sexual aditiva (a) e clonal somando o componente dominante (d) para volume em m³ e os respectivos tamanhos efetivos da seleção (N_e).

	Class	Bl	Fam	Árv	a	u+a	Ganho	média	N_e	d	g	média
Experimento 1								0,2290				0,2290
SI	1	8	9	4	0,0493	0,2784	0,0493	0,2784	1,0	0,0182	0,0675	0,2966
	2	10	5	1	0,0453	0,2743	0,0473	0,2763	2,0	0,0179	0,0631	0,2922
	3	4	9	1	0,0445	0,2736	0,0464	0,2754	2,5	0,0150	0,0595	0,2886
	4	4	5	2	0,0433	0,2724	0,0456	0,2746	3,2	0,0166	0,0599	0,2890
	5	3	9	5	0,0418	0,2708	0,0448	0,2739	3,5	0,0131	0,0549	0,2839
ED	1	8	9	4	0,0493	0,2784	0,0493	0,2784	1,0	0,0182	0,0675	0,2966
	2	10	5	1	0,0453	0,2743	0,0473	0,2764	2,0	0,0179	0,0631	0,2944
	3	9	18	6	0,0387	0,2677	0,0435	0,2735	3,0	0,0139	0,0526	0,2901
	4	3	15	5	0,0373	0,2664	0,0417	0,2717	4,0	0,0184	0,0557	0,2888
	5	1	13	4	0,0370	0,2660	0,0413	0,2706	5,0	0,0147	0,0517	0,2872
Experimento 2								0,2334				0,2334
SI	1	7	34	1	0,0679	0,3013	0,0679	0,3013	1,0	0,0228	0,0907	0,3241
	2	9	32	2	0,0660	0,2994	0,0669	0,3004	2,0	0,0333	0,0993	0,3337
	3	5	34	4	0,0646	0,2981	0,0662	0,2996	2,5	0,0206	0,0853	0,3202
	4	10	49	3	0,0645	0,2979	0,0657	0,2992	3,5	0,0316	0,0960	0,3308
	5	2	49	2	0,0640	0,2975	0,0654	0,2988	4,1	0,0313	0,0953	0,3301
ED	1	7	34	1	0,0679	0,3013	0,0679	0,3013	1,0	0,0228	0,0907	0,3241
	2	9	32	2	0,0660	0,2994	0,0669	0,3004	2,0	0,0333	0,0993	0,3284
	3	10	49	3	0,0645	0,2979	0,0657	0,2995	3,0	0,0316	0,0960	0,3288
	4	2	39	3	0,0637	0,2971	0,0651	0,2989	4,0	0,0304	0,0942	0,3285
	5	2	47	4	0,0633	0,2968	0,0649	0,2985	5,0	0,0273	0,0906	0,3276
Experimento 3								0,2405				0,2405
SI	1	1	76	4	0,0339	0,2744	0,0339	0,2744	1,0	0,0078	0,0417	0,2822
	2	6	72	6	0,0334	0,2739	0,0336	0,2742	2,0	0,0119	0,0453	0,2861
	3	8	76	5	0,0318	0,2723	0,0330	0,2735	2,5	0,0064	0,0382	0,2799
	4	5	76	2	0,0315	0,2720	0,0326	0,2732	2,7	0,0061	0,0376	0,2793
	5	9	76	4	0,0314	0,2719	0,0324	0,2729	2,7	0,0061	0,0374	0,2790
ED	1	1	76	4	0,0339	0,2744	0,0339	0,2744	1,0	0,0078	0,0417	0,2822
	2	6	72	6	0,0334	0,2739	0,0336	0,2742	2,0	0,0119	0,0453	0,2840
	3	2	57	5	0,0274	0,2679	0,0298	0,2721	3,0	0,0087	0,0360	0,2815
	4	9	71	6	0,0247	0,2652	0,0284	0,2704	4,0	0,0117	0,0364	0,2804
	5	8	64	1	0,0210	0,2615	0,0257	0,2686	5,0	0,0112	0,0322	0,2788

O resultado da seleção sexual mostra que o ganho da seleção entre e dentro de progênies foi pouco inferior à seleção de indivíduos nos três experimentos, mas o tamanho efetivo da seleção de indivíduos variou de 2,7 a 4,1, o que pode comprometer a variabilidade da população. Para manter o mesmo tamanho efetivo de 5,0 o número de indivíduos deveria ser maior e a média da população selecionada cairia, mostrando a eficiência da seleção entre e dentro de progênies.

A componente da seleção dominante indicada na tabela na realidade inclui também componentes epistáticos que podem ser fixados com a clonagem dos indivíduos. Observando os ganhos obtidos com a seleção clonal temos que no experimento 1 a seleção entre e dentro chegou a superar a seleção individual, enquanto que nos outros dois experimentos as médias foram muito próximas entre si, o que amplia a vantagem do método de seleção entre e dentro porque a clonagem restringe a variabilidade genética nos plantios, pois um tamanho efetivo alto em clones cultivados pode evitar um risco elevado principalmente com relação a doenças e pragas. Outro fato observado é que a componente não aditiva é menor que a aditiva nos melhores genótipos nos dois locais estudados, de modo que a clonagem tem alguma vantagem ao utilizar a componente, mas não é a principal na expressão do clone.

Os tamanhos efetivos obtidos na seleção individual em Lençóis Paulista (Tabela 10) variaram de 2,5 a 3,5, sendo que na seleção sexual e na seleção clonal há uma pequena vantagem deste método, mas o mesmo vale com relação à discussão da tabela anterior de que esta pequena vantagem não compensa o risco de perda de variabilidade ou de uma base genética de clones muito estreita. Neste ambiente as quinze progênies selecionadas mudam um pouco, indicando materiais genéticos mais estáveis e outros mais específicos por local existindo então uma interação genótipo por ambiente ao nível de família.

Tabela 10. Classificação (Class) das árvores (Árv) selecionadas em Lençóis Paulista em três experimentos com seleção individual (SI) nos blocos (Bl) e entre e dentro de famílias (Fam) de meios irmãos(ED) comparado com a média original do experimento (u) para ganho por seleção sexual aditiva (a) e clonal somando o componente dominante (d) resultando em genético (g) para volume em m³ e os respectivos tamanhos efetivos da seleção (N_e).

	Class	Bl	Fam	Árv	a	u+a	Ganho	média	N_e	d	g	média
Experimento 1								0,1943				0,1943
SI	1	2	9	1	0,0249	0,2192	0,0249	0,2192	1,0	0,0052	0,0301	0,2244
	2	8	9	5	0,0238	0,2180	0,0243	0,2186	1,6	0,0045	0,0282	0,2231
	3	4	9	2	0,0235	0,2178	0,0241	0,2183	2,0	0,0043	0,0279	0,2226
	4	5	9	6	0,0234	0,2176	0,0239	0,2182	2,3	0,0042	0,0276	0,2224
	5	8	9	1	0,0234	0,2176	0,0238	0,2180	2,5	0,0042	0,0276	0,2222
ED	1	2	9	1	0,0249	0,2192	0,0249	0,2192	1,0	0,0052	0,0301	0,2244
	2	4	5	1	0,0197	0,2139	0,0218	0,2166	2,0	0,0069	0,0266	0,2226
	3	5	11	4	0,0187	0,2130	0,0213	0,2154	3,0	0,0080	0,0268	0,2221
	4	9	13	3	0,0177	0,2119	0,0204	0,2145	4,0	0,0061	0,0238	0,2211
	5	8	16	1	0,0156	0,2098	0,0195	0,2136	5,0	0,0085	0,0241	0,2205
Experimento 2								0,1923				0,1923
SI	1	1	32	4	0,0330	0,2253	0,0330	0,2253	1,0	0,0100	0,0430	0,2353
	2	3	29	3	0,0304	0,2227	0,0317	0,2240	2,0	0,0076	0,0380	0,2316
	3	10	29	2	0,0295	0,2218	0,0310	0,2232	2,5	0,0070	0,0365	0,2302
	4	2	32	5	0,0288	0,2210	0,0304	0,2227	3,2	0,0072	0,0359	0,2299
	5	3	32	5	0,0281	0,2203	0,0300	0,2222	3,5	0,0067	0,0348	0,2289
ED	1	1	32	4	0,0330	0,2253	0,0330	0,2253	1,0	0,0100	0,0430	0,2353
	2	3	29	3	0,0304	0,2227	0,0317	0,2240	2,0	0,0076	0,0380	0,2328
	3	7	40	2	0,0254	0,2177	0,0275	0,2219	3,0	0,0092	0,0346	0,2308
	4	5	38	4	0,0221	0,2144	0,0252	0,2200	4,0	0,0085	0,0306	0,2289
	5	2	34	2	0,0198	0,2120	0,0236	0,2184	5,0	0,0105	0,0303	0,2276
Experimento 3								0,1923				0,1923
SI	1	1	57	6	0,0182	0,2105	0,0182	0,2105	1,0	0,0060	0,0243	0,2165
	2	5	71	4	0,0171	0,2094	0,0177	0,2099	2,0	0,0057	0,0228	0,2158
	3	1	57	3	0,0165	0,2088	0,0173	0,2096	2,5	0,0049	0,0215	0,2145
	4	1	57	2	0,0165	0,2088	0,0171	0,2094	2,7	0,0049	0,0214	0,2143
	5	3	71	3	0,0162	0,2085	0,0169	0,2092	3,5	0,0051	0,0213	0,2143
ED	1	1	57	6	0,0182	0,2105	0,0182	0,2105	1,0	0,0060	0,0243	0,2165
	2	5	71	4	0,0171	0,2094	0,0177	0,2100	2,0	0,0057	0,0228	0,2158
	3	6	56	5	0,0154	0,2077	0,0164	0,2092	3,0	0,0031	0,0185	0,2141
	4	4	73	4	0,0152	0,2075	0,0163	0,2088	4,0	0,0066	0,0218	0,2141
	5	8	64	2	0,0139	0,2061	0,0154	0,2082	5,0	0,0042	0,0181	0,2134

5. CONCLUSÕES

Com base nos resultados obtidos podem ser apresentadas as seguintes conclusões:

- a) As progênies estudadas mostraram que a população de melhoramento apresenta variabilidade genética e potencial para a continuidade das seleções recorrentes em programa de melhoramento genético do *Eucalyptus grandis*.
- b) Existem altas correlações, tanto genéticas como fenotípicas, positivas entre os caracteres de crescimento estudados, facilitando os procedimentos de seleção no avanço das gerações de melhoramento;
- c) A seleção precoce pode ser realizada na idade de 02 anos com uma correlação genética de 0,83 para o caráter volume de madeira, e atinge o valor de 0,93 no terceiro ano, que é a metade do período da rotação da cultura.

d) Os ganhos genéticos utilizando os métodos com seleção entre e dentro de progênies e seleção individual nos testes de progênies não apresentaram grandes diferenças com relação aos acréscimos de volume de madeira, no entanto, o tamanho efetivo populacional diminuiu consideravelmente na seleção individual dentro dos testes de progênies, sendo a seleção entre e dentro de progênies a mais recomendada por manter maior variabilidade genética.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ANDRADE, E. N. de **O eucalipto**. 2 ed. CPEF: Jundiaí, 1961. 640 p.

ANGELI, A. **Identificação de espécies florestais**. IPEF: Instituto de Pesquisa Florestal, dez. 2005. Disponível em: <<http://www.ipef.br/identificacao/eucalyptus/indicacoes.asp>>. Acesso em: 18 de jan. De 2009.

ASSIS, T. F. de. Aspectos do melhoramento de Eucalyptus para a obtenção de produtos sólidos da madeira. WORKSHOP: **Técnicas de abate, processamento e utilização da madeira de eucalipto**. Viçosa, 1999. p. 61-72.

ASSIS, T. F. de; BRUNE, A. Heritabilities and correlations between characters in progenies of *Eucalyptus grandis* from Australia, South Africa and Brazil. **Silvicultura**, São Paulo, 8(31): 524-5, jul/ago. 1983.

BACHA, C. J. C.; BARROS, A. L. M. Reflorestamento no Brasil: evolução recente e perspectivas para o futuro. **Scientia Florestalis**, Piracicaba. n. 66, p. 191-203, dez. 2004.

BAENA, E. de S. **Análise da viabilidade econômica da resinagem em *Pinus elliottii* Elgelm. var *elliottii* nas regiões Sul do Estado do Paraná e Sul e Sudoeste do Estado de São Paulo**. 1994. 94 p. Curitiba. Tese (Doutorado em Ciências Florestais) Universidade Federal do Paraná.

BELLOTE, A. F. J. Naehrelementversorgung und Wuchsleistung von geduengten *Eucalyptus grandis*-Plantagen im Cerrado von São Paulo (Brasilien). **Freiburger Bodenkundliche Abhandlungen**, Freiburg, n.26, p.1-159, 1990.

BLUM, W. E. H. Alternativas e restrições ecológicas de um manejo racional da floresta amazônica. **Silvicultura**, 13-A: 77-84, 1978.

BOLDMAN, K. G. et al. **A manual for use of MTDFREML**: a set of programs to obtain estimates of variances and covariances. Washington: ARS: USDA, 1993. 120 p.

BOREM, A. 1998. **Melhoramento de plantas**. 2. ed. Viçosa: UFV, 1998.

BORGES, R. de C. G.; BRUNE, A. Heritability estimates and correlations between characters in *Eucalyptus grandis*. **Silvicultura**, São Paulo, 8(31): 525-7, jul./ago. 1983.

BUENO FILHO, J. S. S. **Modelos mistos na predição de valores genéticos aditivos em testes de progênies florestais**. 1997. 118 f. Tese (Doutorado em Genética) - Escola Superior de Agricultura "Luis de Queiroz", Piracicaba.

CHAPERON, H. Influence of propagation by cuttings on the breeding strategy of forest trees. In: BARNES, R.D.; GIBSON, G.L. **Provenance and genetic improvement strategies in tropical forest trees**. Mutare, IUFRO/Institute of Oxford, 1984. p.135-48.

CIFLORESTAS. Indicadores sócio-econômicos. disponível em:
<http://www.ciflorestas.com.br/> acesso em 27 de novembro de 2009.

COMSTOCK, R.E. Selection procedures in corn improvement. **Proceedings of the Hybrid Corn Industry Research Conferences**, Chicago, v.19, 87-94, 1964.

COSTA, R. B. et al. Selection and genetic gain in rubber tree (*Hevea*) populations using a mixed mating system. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 23, n. 3, p. 671-679, 2000.

DIETERS, M. J. J. Genetic parameters for slash pine (*Pinus elliottii*) growth in southeast Queensland, Australia: growth, stem straightness and crown defects. **Forest Genetics**, v. 3, n.1, p. 27-36, 1996.

DIETERS, M. J. J.; WHITE, T. L.; HODGE, G. R. Genetic parameter estimates for volume from full-sib tests of slash pine (*Pinus elliottii*). **Canadian Journal of Forest Research**, Ottawa, v. 25, p. 1397-1408, 1995.

DITLEVSEN, B. Interpretación estadística de los resultados de ensayos. In:
FAO/DANIDA. Mejora genética de árboles forestales: Informe sobre el curso de capacitación sobre la mejora genética de arboles forestales. Roma, FAO/DANIDA, 1980. p. 118-40.

DUDA, L. L. **Seleção genética de árvores de Pinus taeda L. na região de Arapoti, Paraná.** 2003. 50f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

DURATEX. **Teste de progênies.** 01.02. Documento Interno. Agudos, 1988.

ELDRIDGE, K. et al. **Eucalypt domestication and breeding.** New York: Oxford University Press, 2001. 288p.

ELDRIDGE, K. G. et al. **Eucalyptus domestication and breeding.** New York: Oxford University Press, 1994. 288 p.

EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Florestas. **Zoneamento ecológico para plantios florestais no Estado do Paraná.** Brasília: EMBRAPA-DDT, 1986. 89 p.

FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics.** New York: Longman, 1981. 340 p.

FARIAS NETO, J. T. de; RESENDE, M. D. V. de. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes* L). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 23, n. 2, p. 320-324, 2001.

FENNER, P. T. **Estudo descritivo de acidentes do trabalho em uma empresa florestal.** Curitiba, 1991. 140 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) – Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná.

FERREIRA, P. V. **Melhoramento de plantas.** Maceió: EDUFAL, 2006. 279 p.

FLYNN, R. Eucalyptus: progress in higher value utilization - a global review. **R. Flynn & Associates and Economic Forestry Associates** (eds). Washington, 1999. 212 p.

FREITAS, M. et al. Programa com *Eucalyptus grandis* na Champion Papel e Celulose S.A. **Silvicultura**, São Paulo, 8(31): 537-9, jul./ago.1983.

GOMES, F. P. **Curso de Estatística Experimental**. 6ª ed. Piracicaba: Nobel, 1976, 430 p.

GONÇALVES, F. et al. Progresso genético por meio de seleção de clones de eucalipto em plantios comerciais. **Revista Árvore**, v. 25, p. 295-301, 2001.

GRASER, H. U.; SMITH, S. P.; TIER, B. A. A derivative free approach for estimating variance components in models by restricted maximum likelihood. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 64, n. 5, p. 1362-1370, 1987.

HENDERSON, C. R. Sire evaluation and genetic trends. In: **Animal Breeding and Genetics Symposium in Honor of J. Lush**, Champaign, 1973. Proceedings... Champaign: American Society of Animal Science, 1973. p. 10-41.

IBGE. Contagem populacional 2007. disponível em:

<http://www.ibge.gov.br/cidadesat/topwindow.htm?1> acesso em 15 de abril de 2009.

IKEMORI, Y.K. et al. Teste de Progênies de *Eucalyptus grandis* Procedentes de Atherton Tableland, Queensland (Austrália), na região de Aracruz (E.S.) – Resultados Preliminares aos 3 anos de Idade. **Silvicultura**, São Paulo, 8(28): 309-12, jan./fev. 1983.

JOHNSON, D. L.; THOMPSON, R. Restricted maximum likelihood estimation of variance components for univariate animal models using sparse matrix techniques and average informatin. **Journal of Dairy Science**, v. 78, p. 449-456, 1995.

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

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

KEIDING, H. - Selection of individual trees. In: **FAO/DANIDA training course on forest tree improvement.** Limuru, set./oct. 1973. Rome, FAO, 1974. p. 165-75.

KENNEDY, B. W.; SORENSEN, D. A. Properties of mixed model methods for prediction of genetic merit under different genetic models in selected and nonselected populations. In: WEIR, B. et al. (Ed.). **Second International Conference on Quantitative Genetics**, Raleigh, 1988. **Proceedings...** Raleigh: North Carolina State University, 1988. p. 47-56.

LAVORANTI, O. J.; DIAS, C. T. S.; VENCOVSKY, R. Estudo da adaptabilidade e estabilidade fenotípica de progênes de *Eucalyptus grandis* via metodologia AMMI. **Bol. Pesq. Fl.**, Colombo, n. 44, p. 107-124, jan./jun. 2002.

LEMONS, R. C. de et al. **Carta dos solos do Estado de São Paulo. Escala 1: 500.000.** Ministério da Agricultura. 1960.

LINS, V. S. et al. Variações e ganhos genéticos em progênes de *Grevillea robusta* A. Cunn. **Floresta e Ambiente**, Seropédica, v. 8, n. 1, p. 180-186, 2001.

LORENZI, H. et al. **Árvores exóticas no Brasil.** São Paulo: Instituto Plantarum, 2003. 368 p.

MARCELINO, F. A. **Análise técnica e econômica da resinagem de *Pinus elliottii* Engelm var. *elliottii* na região de Manduri, SP.** Botucatu. 2004. 85 f. Dissertação (Mestrado em

Agronomia / Energia na Agricultura). Faculdade de Ciências Agronômicas, Universidade Estadual Paulista. 2004.

MARTINI, A. J. **O plantador de eucaliptos: a questão da preservação florestal no Brasil e o resgate documental do legado de Edmundo Navarro de Andrade**. 2004. Dissertação de Mestrado, São Paulo, FFLCH/USP.

MEYER, K. **DFREML – Version 3.0: user notes**. Armidale: Institute of Animal Genetics of Edinburgh: Animal Genetics and Breeding. Unit, University of New England. 1998. 31 p.

MINETTI, L. J. et al. Estudo antropométrico de operadores de motosserra. **Revista Brasileira Engenharia Agrícola Ambiental**. 2002. In:
<<http://www.scielo.br/scieloOrg/php/reflinks.php?refpid=S1415-4366200600030002100009&pid=S1415-43662006000300021&lng=en>>. Acesso em: 23 de março de 2008.

MORA, A. L. **Aumento da produção de sementes geneticamente melhoradas de *Acacia mearnsii* De Wild. (Acácia-negra) no Rio Grande do Sul**. 2002. 140 f. Tese (Doutorado em Ciência Florestal) - Setor de Ciências Agrárias – Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

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

MORAES, M. L. T. **Variação genética e aplicação da análise multivariada em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var. *hondurensis* Barret e Golfari**. 2001. 124 p. Tese de livre docência . Faculdade de Engenharia do Campus de Ilha Solteira, Universidade Estadual Paulista “Julio de Mesquita Filho”. 2001.

MORAES, M. L. T. de. **Variação genética da densidade básica da madeira em progênies de *Eucalyptus grandis* Hill Ex Maiden e suas relações com as características de crescimento.** 1987. 115p. Dissertação (Mestrado em ciências Florestais) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1987.

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

MULLIN, L. J.; GOUCH, J. **Variação da sobrevivência e crescimento em altura em progênies de *Eucalyptus grandis* (Hill ex Maiden) aos 18 meses de idade em Zimbabwe.** **Silvicultura**, São Paulo, 8 (31): 413-4, jul./ago. 1983.

OLIVEIRA JÚNIOR, E. D. **Compactação do solo devido ao tráfego de carretas florestais com dois tipos de pneus inflados a diferentes pressões.** Piracicaba. 1998. 67 p. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) – Universidade de São Paulo.

OLIVEIRA, V. R. et al. Variabilidade genética de procedências e progênies de umbuzeiro via metodologia de modelos lineares mistos (REML/BLUP). **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jabotocabal-SP, v. 26, n.1, p. 53-56, 2004.

OSÓRIO, L. F. et al. Age trends of heritabilities and genotype-by-environment interactions for growth and wood density from clonal trials of *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Silvae Genética**, Frankfurt, v. 50, p. 30-37, 2001.

PAIM, A. **A potencialidade inexplorada do setor florestal brasileiro.** Sociedade Brasileira de Silvicultura. 2002. Disponível em: <http://www.sbs.org.br/potencialidade_inexplorada.htm?PHPSESSID=8de27651879b6ca343831d462db09539>. Acesso em: 10 de jan. 2008.

PAIVA, R. de; RESENDE, M. D. V. de; CORDEIRO, E. R. Índice multi-efeitos e estimativas de parâmetros genéticos em aceroleira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília. v. 37, n. 2, p. 381-388, jun. 2002.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, London, v. 58, p. 545-554, 1971.

PALUDZYSZYN FILHO, E. **Eficiência da seleção precoce em Pinus taeda L. por método retrospectivo**. 2000. 93 f. Tese (Doutorado em Genética) – Setor de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

PINHEIRO, G. Um apelo ao bom senso: carta à sociedade brasileira. Disponível em: <http://www.sbef.org.br/carta_sociedade.htm>. Acesso em: 17 jul. 2006.

PINTO JÚNIOR, J. E. **REML / BLUP para a análise de múltiplos experimentos, no melhoramento genético de eucalyptus grandis w. hill ex maiden**. 2004. 113 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

PINTO JUNIOR, J. E. Avaliação Simultânea de Produtividade, Adaptabilidade e Estabilidade Genotípica de *Eucalyptus grandis* em Distintos Ambientes do Estado de São Paulo **Boletim de Pesquisas Florestais**. Colombo, n. 53, p. 79-108 jul./dez. 2006.

PURBA A. R. et al. Prediction of oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) agronomic performances using the best linear unbiased predictor (BLUP). **Theoretical and Applied Genetics**, n. 101, p. 787-792, 2001.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F. OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 2005. 300 p.

RESENDE, M. D. V. de. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília: **Embrapa Informação Tecnológica**; Colombo: Embrapa Florestas, 2002a. 975 p.

RESENDE, M. D. V. de. **Software SELEGEN-REML/BLUP**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002b. 67 p. (Embrapa Florestas, Documentos 77).

RESENDE, M. D. V. de. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 101 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 47).

RESENDE, M. D. V. de. Avanços da biométrica florestal. In: ENCONTRO SOBRE TEMAS DE GENÉTICA E MELHORAMENTO, 1997, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 1997a. p. 20-46.

RESENDE, M. D. V. de. Melhoramento genético de essências florestais. In: SANTOS, J. B. **SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS**. Universidade Federal de Lavras, 1997b, p. 59-93.

RESENDE, M. D. V. de; DIAS, L. A. S. Aplicação de metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos em espécies frutíferas. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 22, n. 1, p. 44-52, 2000.

RESENDE, M. D. V. de et al. **Estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP**. Bragantia, Campinas, v. 60, n. 3, p. 185-193, 2001.

RESENDE, M. D. V. de et al. **Programa de melhoramento da erva-mate coordenado pela Embrapa: resultados da avaliação genética de populações, progênies, indivíduos e clones**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 66 p. (Embrapa Florestas. Circular Técnica, 43).

RESENDE, M. D. V. de et al. Efeito do tamanho amostral na estimativa de herdabilidade em espécies perenes. **Floresta**, Curitiba. v. 28 p. 51-63, 1998.

RESENDE, M. D. V. de et al. Melhor predição linear não viciada (BLUP) de valores genéticos no melhoramento de Pinus. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, v. 32/33, p. 3-22, 1996.

RESENDE, M. D. V. de et al. **Seleção Genética Computadorizada**: manual do usuário. Colombo: EMBRAPA - CNPF, 1994c. 31 p.

RESENDE, M. D. V. de; HIGA, A. R.; LAVORANTI, O. J. Regressão geno-fenotípica multivariada e maximização do progresso genético em programas de melhoramento de Eucalyptus. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 28/29, p. 57-71, 1994b.

RESENDE, M. D. V. de; MORAES, M. L. T.; PAIVA, J. R. **Comparação de métodos de avaliação genética e seleção no melhoramento da seringueira**. Floresta. Curitiba, v. 26, n. 1/2, p.25-47, 1996.

RESENDE, M. D. V. de.; ROSA-PEREZ, J. R. H. Melhoramento animal: predição de valores genéticos pelo modelo animal (BLUP) em bovinos de leite, bovinos de corte, ovinos e suínos. **Archives of Veterinary Science**, v. 4, n. 1, p. 17-30, 1999b.

RESENDE, R. M. S. **Avaliação genética de populações e progênies de ervamate (*Ilex paraguariensis* Saint Hilaire), em três locais no estado do Paraná**. 2001. 126 f. Tese (Doutorado em Genética) - Setor de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

REZENDE, J. L. P.; PAULA JUNIOR, G. G., RIBEIRO, G. A. Técnicas de análises econômicas usadas na tomada de decisão referentes à reforma de eucaliptais. In:

SEMINÁRIO SOBRE ASPECTOS TÉCNICOS E ECONÔMICOS DA REFORMA DE EUCALIPTAIS, 1987, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: Universidade Federal de Viçosa/Sociedade de Investigação Florestal, 1987. 82p.

ROCHA, M. G. B. et al. Avaliação genética de progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus grandis* por meio dos procedimentos REML/BLUP e da ANOVA. **Scientia Forestalis**, n. 71, p. 99-107, ago. 2006.

ROCHA, M. G. B. et al Seleção de genitores de *eucalyptus grandis* e de *eucalyptus urophylla* para a produção de híbrido interespecífico utilizando REML/BLUP e informação de divergência genética. **Revista Árvore**. Viçosa, Vol 31, n.06, p.977-987 Nov/dez.2007.

ROBINSON, H. F.; COCKERHAM, C.C. Estimación y significado de los parâmetros genéticos. **Fitotecnia Latino Americana**, v. 2, p. 23-38, 1965.

SANTOS, P. E. T. et al. Estimates of genetic parameters of woods traits for timber production in *Eucalyptus grandis*. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 27, n.4, p. 567-573, 2004.

SAMPAIO, P.T.B.; RESENDE, D.M.V.; ARAÚJO, A.J. Estimativas de parâmetros genéticos e método de seleção para o melhoramento genético do *Pinus oocarpa* Schiede. Brasília, **Pesq. Agrop. Bras.**, V. 37, n.5, p 625-636, 2002.

SEARLE, S. R.; CASELLA, G.; MCCULLOCH, C. E. **Variance components**. New York: J. Wiley, 1992. 528 p.

SEBBENN, A. et al. Variação genética em cinco procedências de *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Ktze. no sul do estado de São Paulo. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 16, n. 2, p. 91-99, dez. 2004.

SCHAEFFER, L. R. **Linear Models**. P.1-8, 1999. Internet. Disponível em:
<<http://aps.uoguelph.ca/~Irs/animalz/lesson8/>>. Acesso em: 06 de junho de 2009.

SHELBOURNE, C. J. A.; COCHREM, F. R. M. - Progeny and clonal test designs for New Zealand's tree breeding programs. **New Zealand For. Res. Inst.** (Tree improvement report, 41), 1969.

SHELBOURNE, C. J. A.; STONECYPHER, R. M. - The inheritance of bole straightness in young loblolly pine. **Silvae Genetica**, Frankfurt, 12: 151-6, 1971.

SCHENONE, R. A. ;STORCK, L. e PIMENTEL MARTINS-CORDER, M. Variabilidad Genetica, Procedencias, Progenies, Endogamia, *Eucalyptus dunnii*. **Bosque (Valdivia)**, vol.23, no.1, p.79-89, 2002.

SHIMIZU, J. Y., KAGEYAMA, P. Y.; HIGA, A. R. **Procedimentos e recomendações para estudos de progênies de essências florestais**. Colombo: EMBRAPA-URPFCS, 1982. 33 p. (EMBRAPA-URPFCS. Documentos, 11).

SILVA, J.O. ; JUSTO, F.C. Programa de Melhoramento de *Eucalyptus grandis*, com procedência de Coff's Harbour, para produtividade e resistência ao cancro causado por *Diaporthe cubensis*. **Silvicultura**, São Paulo, 8(31): 561-5, jul./ago.1983.

SILVA, J. de C. **Vantagens comparativas e competitivas da madeira de eucalipto**. 2003. Disponível em: <<http://www.amda.org.br/downloads/21SILVA.doc>>. Acesso em: 21 de maio 2004.

SOCIEDADE BRASILEIRA DE SILVICULTURA. **Estatísticas do Setor Florestal Brasileiro**. São Paulo, 2000 e 2001. Disponível em: <<http://www.sbs.org.br/estatisticas.htm>>. Acesso em: 30 de jan. de 2008.

SOUZA, A. G. C.; RESENDE, M. D. V. de; SOUZA, N. R. **The cupuaçu genetic improvement of Embrapa Amazônia Ocidental.** Crop Breeding and Applied Biotechnology, Londrina, v.2, n.3, p. 471-478, 2002.

SQUILASSI, M. G. **A importância do eucalipto.** Disponível em: <<http://www.fazendeiro.com.br/Cietec/artigos/ArtigosTexto.asp?Codigo=811>>. Acesso em: 14 junho de 2009.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H.; DICKEY, D. A. **Principles and Procedures of Statistics a Biometrical Approach.** 3 ed. Nova York: McGraw-Hill, 1997. 666p.

TODA, R. Heritability problems in forest genetics. In: IUFRO GENET SABAO JOINT SYMPOSIA. Tokyo, 1972. **Annales...** Tokyo: IUFRO, 1972. p. 1-9.

TOMASELLI, I. Processing young Eucalyptus. In: THE FUTURE OF EUCALYPTS FOR WOOD PRODUCTS, 2000, Launceston, Tasmania. **Proceedings...** Launceston: IUFRO, 2000. p. 167-174.

TUOTO, M.; HOEFLICH, V. A. Floresta plantada poupa mata. **Celulose Online.** Disponível em: <<http://www.celuloseonline.com.br>>. Acesso em: 10 de jan. de 2009.

VALE, R. S. **Agrossilvicultura com eucalipto como alternativa de desenvolvimento sustentável da Zona da Mata de Minas Gerais.** 2004. Tese de doutorado em Ciências Florestais. Universidade Federal de Viçosa.

VAN WYK, G. Pomares de sementes clonais de *Eucalyptus grandis* na África do Sul. **Silvicultura**, São Paulo, 8(31): 566-8, jul./ago.1983.

VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In. KERR, W. E. (org.) - **Melhoramento e Genética**, São Paulo, Melhoramentos, 1969. p. 17-28.

VENCOVSKY, R. Herança Quantitativa. In: PATERNIANI, E. (coord.). **Melhoramento de milho no Brasil**. Piracicaba, Fundação Cargill. 122-199, 1978.

ZOBEL, B.; TALBERT, J. **Applied forest tree improvement**. New York: John Wiley & Sons, 1984. 496 p.

WEIR, R. J. Progeny testing. In: **Tree improvement short course**. N. C. State University. Industry Cooperative program, School of Forest Resources: Raleigh, p. 102-103, 1977.