

UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
CURSO DE ENGENHARIA FLORESTAL

FELIPE SCHUMACHER SANT'ANNA

COMPARAÇÃO DE DIFERENTES MÉTODOS DE SELEÇÃO EM TESTE DE
PROGÊNIES DE *EUCALYPTUS* SPP.

CURITIBA

2015

FELIPE SCHUMACHER SANT'ANNA

COMPARAÇÃO DE DIFERENTES MÉTODOS DE SELEÇÃO EM TESTE DE
PROGÊNIES DE *EUCALYPTUS* SPP.

Trabalho apresentado à disciplina
de TCC – Trabalho de Conclusão
de Curso do curso de Engenharia
Florestal da Universidade Federal
do Paraná, como parte de sua
avaliação semestral.

Orientador: Antonio Rioyei Higa

CURITIBA

2015

Sumário

RESUMO.....	4
1 - INTRODUÇÃO.....	5
2 - REVISÃO DE LITERATURA.....	7
2.1 - Parâmetros genéticos.....	8
3 - MATERIAL E MÉTODOS.....	11
3.1 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos.....	12
3.2 - Comparação entre as estratégias de seleção.....	15
3.4 - Ganhos esperados com a seleção.....	16
3.5 - Tamanho efetivo da população e diversidade genética.....	16
4 - RESULTADOS E DISCUSSÕES.....	17
4.1 - Parâmetros Genéticos.....	17
4.2 - Ganho na seleção, tamanho efetivo e diversidade genética.....	22
5 - CONCLUSÃO.....	27
6 - REFERÊNCIAS.....	28
Apêndice.....	32

RESUMO

A crescente produtividade dos plantios comerciais de *Eucalyptus* spp. é resultante, principalmente, do desenvolvimento de programas de melhoramento genético combinada com práticas silviculturais adequadas. Nos programas de melhoramento genético existem vários métodos de selecionar os melhores indivíduos em testes de progênies, sendo que cada um destes métodos possuem suas peculiaridades. Sendo assim, este trabalho teve como objetivos: estimar os parâmetros genéticos e comparar três métodos de seleção, sendo eles: seleção massal, seleção entre e dentro e seleção individual em intensidade de seleção de 1,3%. O material genético utilizado neste trabalho corresponde a 86 progênies de polinização aberta de *Eucalyptus* spp., O experimento foi realizado em delineamento de blocos ao acaso (DBC), com seis plantas por parcela, em seis repetições situado em Itamarandiba – MG. O experimento foi avaliado aos três anos de idade para os caracteres de diâmetro a altura do peito (DAP) (cm), altura (m) e volume individual das árvores (m³). Os parâmetros genéticos foram estimados por meio do procedimento REML/BLUP. O teste de razão de verossimilhança (LRT) revelou diferenças significativas a 1% de probabilidade de erro ($p < 0,01$) para as características de DAP e altura e não significativa para o volume. Os coeficientes de variação experimental e os coeficientes de determinação dos efeitos de parcela apresentaram valores dentro do aceitável para as três características em estudo, demonstrando que há pouca influencia do ambiente sobre as estimativas genéticas. Para as três características em estudo, a seleção individual apresentou o maior ganho genético, no entanto apresentou o menor N_e e Divergência genética. A seleção massal e entre-dentro apresentaram valores semelhantes a respeito do N_e e da Diversidade genética para as três características, sendo que o ganho foi superior na seleção entre-dentro, foram superiores para o diâmetro e a altura, já para o volume a seleção massal apresentou maior ganho em relação a seleção entre-dentro.

1 - INTRODUÇÃO

Atualmente a cultura de eucalipto apresenta importância fundamental para o Brasil, sendo uma das culturas florestais mais plantadas no país, se expandindo para um horizonte de 5,1 milhões de hectares plantados, ABRAF (2013). Segundo ASSIS e RESENDE (2011), citado por COSTA (2014) o eucalipto é a base para o abastecimento de matéria prima para as grandes indústrias de base florestal, como as que produzem papel e celulose, carvão vegetal para siderurgia, painéis de madeira, além de poder ser utilizado para outros fins como madeira serrada, postes, bioenergia, cercas, etc.

O uso por madeiras provenientes de florestas plantadas acaba refletindo no consumo de madeira de floresta nativa, que segundo SERVIÇO FLORESTAL BRASILEIRO (2014), a produção de madeira em tora vem registrando aumentos desde 2009, alavancados pela produção das florestas plantadas, ao passo que a produção da floresta natural apresenta incrementos menos significativos nos últimos três anos, sendo este fato congruente com a diminuição do desmatamento para a produção de carvão e outros derivados da madeira. Conforme o IBGE (2013) 89,8 % da madeira em tora, 81,5 % do carvão vegetal e 62,3 % do consumo de lenha são provenientes de florestas plantadas.

Para atender a elevada demanda das indústrias, segundo Henriques (2012), o setor florestal, juntamente com as universidades e institutos de pesquisas intensificaram estudos de melhoramento genético aumentando conseqüentemente a produtividade e qualidade da madeira, passando de um patamar de aproximadamente 9,0 m³ ha/ano na década de 1970, para 45 m³/ha/ano em 2012 e densidade da madeira de aproximadamente 420 kg/m³ para 530 kg/m³ nas décadas de 1970 e 2010, respectivamente, na região de cerrado de Minas Gerais.

No melhoramento florestal existem vários métodos de seleção disponíveis para espécies alógamas, assim, o melhorista terá a tarefa de decidir sobre qual método utilizar no seu programa de melhoramento. Para auxiliar na tomada desta decisão, torna-se patente a necessidade de informações para que se proceda à escolha pelo método mais adequado e ou

eficiente para atender aos objetivos dos melhoristas (HALLAUER et al, 2010; RAMALHO et al, 2001).

Segundo Rezende, (2001), no início dos programas de melhoramento genético do eucalipto, as estratégias de melhoramento foram fundamentadas em introduções de diferentes espécies e procedências, identificando aquelas mais adaptadas as condições ambientais brasileiras, e na seleção massal de indivíduos superiores e seleção com famílias de meios-irmãos, com o objetivo de produzir sementes melhoradas.

Posteriormente, começaram a realizar testes de progênies provenientes de genitores previamente escolhidos e, com estes, eram realizados experimentos com repetições, onde avaliavam milhares de indivíduos para a escolha dos melhores. Para a obtenção dos melhores indivíduos existem algumas alternativas que podem ser utilizadas na sua identificação, tais como: seleção massal, seleção massal estratificada, seleção individual, seleção entre e dentro de progênies e índice de seleção combinada. (FREITAS et al., 2009; MARTINS et al., 2005; ROSADO et al., 2009).

Do exposto, foi realizado o presente trabalho com o objetivo de estimar os parâmetros genéticos para comparar ganhos genéticos e tamanho efetivo populacional em função de diferentes métodos de seleção: seleção massal, seleção entre e dentro de famílias e seleção individual em um teste de progênies de *Eucalyptus* no cerrado brasileiro no vale do Jequitinhonha em Minas Gerais.

2 - REVISÃO DE LITERATURA

Segundo Higa et al. (2000) o gênero *Eucalyptus* envolve mais de 600 espécies que estão adaptadas a diferentes climas e solos, podendo ser utilizadas para diferentes finalidades. Os *Eucalyptus* podem ser plantados como árvores ornamentais em parques e jardins; as folhas podem ser usadas em arranjos florais e para extração de óleo e as flores são utilizadas para produção de mel. O uso mais comum é o aproveitamento da madeira como lenha, postes, moirões de cerca, construções rurais, produção de madeira serrada, fabricação de painéis e fabricação de papel e celulose.

O gênero *Eucalyptus* foi introduzido no Brasil pela primeira vez no início do século XX pelo engenheiro agrônomo Edmundo Navarro de Andrade. Seu objetivo era plantar o gênero em modelo similar ao da agricultura, com o intuito de sanar as demandas por lenha, mourões, postes e dormentes da Companhia Paulista de Estradas de Ferro (FOELKEL, 2007).

Para atingir produtividade satisfatória iniciou-se em 1941, no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), um programa de melhoramento genético de eucalipto com os seguintes objetivos: melhorar a uniformidade das plantações, reduzir o número de falhas, melhorar a forma do tronco, aumentar o crescimento em altura e diâmetro das árvores (FERREIRA; SANTOS, 1997). A partir de 1967, o gênero *Eucalyptus* passou a ganhar força no setor florestal devido aos incentivos fiscais concedidos pelo governo para o reflorestamento, em especial com espécies exóticas de rápido crescimento, tornando este gênero economicamente importante no Brasil (ODA et al., 2007). No período de 1960 a 1980 foram enfatizados os testes de procedências, posteriormente a 1980 foram intensificados os testes de progênies e os programas de seleção recorrente intrapopulacional (SRI), (ASSIS, 1980; KAGEYAMA, 1980, KAGEYAMA & VENCOSKY, 1983 apud RESENDE et al. 2005). A partir de 1990 programas intensivos de hibridação foram implementados, e, a partir de 2000, iniciaram-se os programas de seleção recorrente recíproca (SRR) para o melhoramento de híbrido entre espécies divergentes (RESENDE et al. 2005).

2.1 - Parâmetros genéticos

Segundo Vencovsky (1969 apud HENRIQUES, 2012), a estimação de parâmetros genéticos, é sem dúvida, a busca de informações sobre o tipo de ação gênica em caracteres quantitativos e orientação sobre o procedimento mais adequado para a seleção dos materiais que darão sequência ao programa de melhoramento. Cruz *et al.* (2004); Ramalho *et al.* (2008), citam que o controle genético dos caracteres torna-se conhecido a partir das estimativas de parâmetros genéticos, sendo essas informações obtidas utilizando-se componentes de médias ou de variâncias. Silva (2014) cita que os parâmetros genéticos mais importantes para o melhoramento são: variância genotípica, componentes de herdabilidade, e as correlações genotípicas e fenotípicas.

A importância dos estudos dos componentes das variâncias se dá em razão de um dos modos mais utilizados para obter o estimador da variância genotípica, e de seus componentes aditivos e não-aditivos, ser por meio das esperanças matemáticas dos quadrados médios da análise de variância. Assim, a obtenção dos componentes de variância tem sido de grande interesse no melhoramento genético, uma vez que é possível, por meio de delineamentos experimentais, estimar as variâncias genotípicas a partir dos dados fenotípicos observados (CRUZ, 2005).

A variância genética aditiva transmite é a fração mais importante a ser determinada, pois ela é a principal causa da semelhança entre parentes e determinante funcional das propriedades genéticas da população, conseqüentemente, da sua resposta à seleção (FALCONER & MACKAY, 1996). A variação genética e principalmente sua parte aditiva mostra, para uma determinada característica, o potencial da população para fins de seleção e melhoramento NAMKOONG, (1979 apud VERARDI, 2014). O efeito aditivo dos genes controla a maioria dos caracteres das árvores. O seu conhecimento possibilita a seleção por caracteres de importância econômica, que tem garantido grandes avanços no aumento da produtividade SHIMIZU *et al.*, (1982 apud VERARDI, 2014).

Segundo Falconer (1987), o coeficiente de herdabilidade expressa a variação genética presente na variação fenotípica. Esse coeficiente é um parâmetro próprio de uma população em um determinado ambiente, não sendo propriedade somente de um caráter de uma espécie, podendo, dessa forma, variar em diferentes idades e ambientes.

A herdabilidade diz respeito à proporção relativa das influências genéticas e ambientais na manifestação fenotípica dos caracteres e indica, portanto, o grau de facilidade ou dificuldade para melhorá-los. Caracteres com herdabilidades baixas demandarão métodos de seleção mais elaborados que aqueles com herdabilidade alta, os métodos mais elaborados diz respeito aos de seleção por método com base nas estimativas genética, como o método de seleção individual e o método entre e dentro de família. O coeficiente de herdabilidade varia de 0 a 1, sendo que características com alto valor de herdabilidade têm alto controle genético, enquanto que características com baixo valor de herdabilidade são ditas influenciadas pelo ambiente. A herdabilidade pode ser dividida em duas: herdabilidade no sentido restrito, que é aquela que mede a proporção da variação fenotípica que pode ser atribuída à variância aditiva, ou seja, parte da variação pode ser transmitida aos descendentes, e herdabilidade no sentido amplo, que é aquela que contempla a variância genética total. (PIRES et al., 2011 & RESENDE 2011).

Para o melhoramento de espécies perenes o método de seleção a ser utilizado deve apresentar boa acurácia, para isso o uso de um software que compare diferentes métodos de seleção em termos de acurácia, ganho genético, tamanho efetivo, variância de ganhos genéticos torna-se imprescindível (RESENDE et al., 1997). Uma alternativa para obtenção de resultados acurados é o método REML/BLUP (Maximum Restricted Likelihood (máxima verossimilhança restrita)/ Best Linear Unbiased Prediction (predição linear não viciada)) utilizado pelo software SELEGEN (RESENDE, 2007). Segundo Moraes *et al.* (2008) o SELEGEN permite o delineamento de programas de melhoramento para a obtenção de máximos progressos genéticos imediatos, porém compatíveis com a manutenção de variabilidade genética suficiente para o melhoramento a longo prazo.

A seleção índice multiefeito obtida via BLUP baseia-se na multiplicação dos valores fenotípicos referentes a indivíduo, média de parcela, média de progênie, média de bloco e média geral do experimento pelos coeficientes de ponderação dos índices (herdabilidades). Os coeficientes de ponderação dos índices são determinados de forma que a correlação entre o índice e o valor genético seja máxima. Essa maximização ocorre pela regressão do valor genético sobre os valores fenotípicos, o que conduz a um sistema matricial (RESENDE et al, 1994).

STURION et al. (1994) em estudos de comparação entre os métodos seleção massal, seleção combinada e índice multiefeito encontraram diferenças de baixa magnitude entre os métodos, porém estes autores recomendam o uso do Índice Multiefeito, pois a seleção com base neste método maximiza o progresso genético em uma variável independente da estrutura experimental. Segundo SAMPAIO *et al.* (2000) a seleção pelo Índice Multiefeito possibilita as maiores estimativas de ganhos genéticos, pois além de considerar o desvio do valor individual em relação à média da progênie no bloco e no experimento, considera a fração da variância genética retida nos efeitos de parcela.

Segundo IPEF, na seleção massal as plantas são escolhidas em função de uma avaliação fenotípica, e as respectivas sementes são misturadas, sem teste de progênie, para se reproduzir a próxima geração. A seleção massal é efetiva para caracteres que são facilmente observados ou medidos, sendo de bastante importância no início dos programas de melhoramento ou quando há necessidade de produção de sementes a curto prazo.

Para os diferentes métodos de seleção é possível obter diferentes porcentagens de ganhos no melhoramento, segundo IPEF, o ganho genético para uma determinada característica é o parâmetro que exprime o avanço da geração seguinte em relação à população original, decorrente da seleção efetuada. O progresso genético é expresso em % de ganho, e para efeito de comparação normal, é dado em ganho por ano.

3 - MATERIAL E MÉTODOS

As sementes do teste de progênies foram oriundas de um pomar de recombinação de *Eucalyptos spp.* estabelecido em dezembro de 2006, em espaçamento 6 x 6 metros, em delineamento de uma planta por parcela e com 16 repetições, na áreas da Aperam Bioenergia Ltda, no município de Itamarandiba – MG. Por sua vez, as matrizes do pomar de recombinação advêm de 97 clones da empresa, os quais foram selecionados com base em densidade maior que 500 kg/m³ e produtividade superior a 32 m³/ha/ano.

O teste de progênie de polinização aberta do pomar de recombinação foi instalado em dezembro de 2011, na área experimental da empresa Aperam Bioenergia, no município de Itamarandiba, Minas Gerais, cuja a altitude é de aproximadamente 1000 m e precipitação média anual de 1.166 mm, temperatura média de 21°C e o clima é tropical de altitude (Cwa) temperado úmido com inverno seco e verão quente (Kopen). O solo é latossolo vermelho distrófico típico e vermelho amarelo distrófico típico, com textura argilosa ou muito argilosa, com déficit hídrico nos meses de maio a setembro (figura 1).

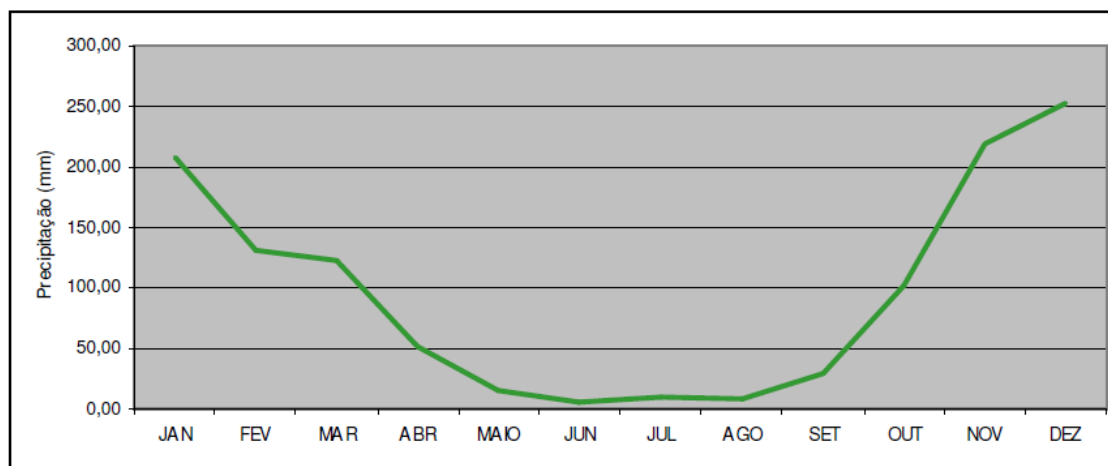


Figura 1 - Distribuição pluviométrica de Itamarandiba-MG (1975-2011).

O preparo do solo foi realizado no sistema de cultivo mínimo, conforme as técnicas da empresa, sendo o sulco preparado com profundidade e largura de 0,5 e 0,4 metros respectivamente. O plantio foi efetuado quando as mudas atingiram aproximadamente 30 cm de altura. A adubação de cobertura foi

realizada subsequente ao plantio, sendo composto por N-P-K 10-20-10 na dosagem de 400 kg/ha na linha de plantio.

O delineamento experimental utilizado na instalação do teste de progênie foi o de blocos ao acaso, contendo 86 progênies com seis plantas por parcelas em seis repetições, totalizando assim 3096 indivíduos. Aos três anos de idade as medições foram realizadas com auxílio de fita diamétrica para a medição do diâmetro e vertex para a medição da altura. Para estimar o volume individual de cada indivíduo optou-se por utilizar fator de forma utilizado pela empresa de 0,5, pois devido ao teste de progênie ter sido estabelecido por varias espécies não foi possível utilizar uma equação de volume da empresa.

$$Vol = \frac{\pi d^2}{40000} * h * 0,5$$

Onde:

Vol = volume (em m³)

d = diâmetro (em centímetro)

h = altura (em m)

3.1 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos

As estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos foram realizadas pelo método da máxima verossimilhança restrita e melhor predição linear não viciada pelo “software” genético-estatístico Selegen – Reml/Blup, desenvolvido por Resende (2007) para o melhoramento de plantas perenes, aplicado aos testes de progênies de meios-irmãos, o modelo estatístico utilizado foi: delineamento blocos ao acaso, várias plantas por parcela, uma medição por individuo (Modelo 1). Expresso em termos matriciais o modelo estatístico é dado por:

$$y = Xb + Za + Wc + e;$$

Onde:

y = vetor de dados.

b = vetor dos efeitos fixos de blocos;

a = vetor dos efeitos aleatórios genotípicos de progênies;

c = vetor dos efeitos aleatórios de ambiente comum das parcelas;

e = vetor de erros aleatórios ou resíduos.

(X, Z e W) = matrizes de incidência para os referidos efeitos

- Variância genética aditiva;

$$\sigma_a^2 = \frac{a' A^{-1} a + \sigma_e^2 \text{tr}(A^{-1} C^{22})}{q}$$

- Variância ambiental entre parcelas;

$$\sigma_c^2 = \frac{c' c + \sigma_e^2 \text{tr} C^{23}}{S_1}$$

- Variância residual (ambiental + não aditiva);

$$\sigma_e^2 = \frac{y'y - r'X'y - a'Z'y - c'W'y}{N - r(x)}$$

- Variância fenotípica;

$$\sigma_f^2 = \sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2$$

- Herdabilidade individual no sentido restrito;

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_f^2}$$

- Herdabilidade individual no sentido restrito, ajustado para os efeitos de parcela;

$$h_{aj}^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}$$

- Herdabilidade da média de progênie;

$$h_{mp}^2 = \frac{0,25 \sigma_a^2}{0,25 \sigma_a^2 + \frac{\sigma_c^2}{r} + \frac{0,75 \sigma_a^2 + \sigma_e^2}{nr}}$$

Onde:

n = número de plantas por parcela;

r = número de repetições;

- Herdabilidade da aditiva dentro da parcela;

$$h_{ad}^2 = \frac{0,75 \sigma_a^2}{0,75 \sigma_a^2 + \sigma_e^2}$$

- Coeficiente de variação genética aditiva individual;

$$CV_{gi}(\%) = \frac{\sigma_a^2}{m} \times 100$$

Onde:

m = média geral do caráter

- Coeficiente de variação experimental;

$$CV_e(\%) = \frac{\frac{0,75 \sigma_a^2 + \sigma_e^2}{n} + \sigma_c^2}{m} \times 100$$

- Coeficiente de variação relativa;

$$CV_r = \frac{CV_g}{CV_e}$$

- Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

$$C_p^2 = \frac{\sigma_c^2}{\sigma_f^2}$$

- Acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa;

$$r_{aa} = \sqrt{h_{mp}^2}$$

A seleção dos melhores indivíduos foi realizada pelo método do índice de Multi-efeitos, segundo este método tem como vantagem a redução do peso que se é dado para a média geral das matrizes, permitindo assim uma melhor

distribuição dos indivíduos selecionados nas progênes testadas (RESENDE 2007). A expressão do índice Multi-efeitos é:

$$\hat{I} = \hat{b}_1 Y_{ijk} + (\hat{b}_2 - \hat{b}_3) \bar{Y}_{i..} + (\hat{b}_3 - \hat{b}_1) \bar{Y}_{ij.} - \hat{b}_3 \bar{Y}_{.j.} + (\hat{b}_3 - \hat{b}_2) \bar{Y}_{...}$$

Onde:

Y_{ijk} = valor individual;

\bar{Y} = média geral do ensaio;

$\bar{Y}_{i..}$ = média da progênie no ensaio;

$\bar{Y}_{ij.}$ = média da progênie em determinado bloco (média da parcela);

$\bar{Y}_{.j.}$ = média do bloco;

\hat{b}_1 = herdabilidade, no sentido restrito, dentro de parcelas;

\hat{b}_2 = herdabilidade, no sentido restrito, de progênes;

\hat{b}_3 = herdabilidade, no sentido restrito, de parcelas.

3.2 - Comparação entre as estratégias de seleção

Com os dados obtidos através do Selegem/BLUP, foram comparadas diferentes estratégias de seleção pelo índice Multi-efeitos, com intensidade de seleção de 1,3 %, selecionando assim os 40 melhores indivíduos em cada método de seleção. As estratégias de seleção utilizadas e comparadas foram:

1 – Seleção massal

Foram selecionados os melhores indivíduos com as melhores características fenotípicas, independente da progênie ou repetição. Neste caso, obteve-se o ranking classificatório com base no caráter fenotípico para cada uma das características em estudo.

2 – Seleção entre e dentro

Para este método foi realizada a seleção em dois estágios distintos, primeiramente selecionaram-se os melhores genitores (seleção entre) e em

seguida os melhores indivíduos para cada família (seleção dentro). Na intensidade de seleção de 1,3 %, foram selecionadas primeiramente 23,25% dos melhores genitores, ou seja, as 20 melhores famílias, posteriormente selecionaram 5,5% dentro de cada família, ou seja, os dois melhores indivíduos de 36 de cada família.

3 – Seleção individual através do Índice Multi-efeitos (IME)

Foram selecionados os melhores indivíduos com o maior valor aditivo (BLUP individual), independente da progênie ou repetição.

3.4 - Ganhos esperados com a seleção

Os ganhos esperados com a seleção em função da média do experimento (GS) foram estimados para todas as estratégias de seleção com base na seguinte expressão:

$$GS(\%) = \frac{\bar{a}}{\bar{X}} * 100$$

Onde:

\bar{a} = IME = média do valor aditivo dos indivíduos selecionados

\bar{X} = média geral da característica avaliada no experimento

3.5 - Tamanho efetivo da população e diversidade genética

Os métodos de seleção bem como a intensidade de seleção levaram em conta o tamanho efetivo da população e número efetivo de progênies selecionadas.

O tamanho efetivo populacional (N_e) foi obtido com base em Resende (2002):

$$N_e = \frac{(4 \cdot N_f \cdot \bar{k}_f)}{\bar{K}_f + 3 + \left(\frac{\sigma_{kf}^2}{\bar{k}_f}\right)}$$

Onde:

\bar{k}_f = número médio de indivíduos selecionados por progênie;

N_f = nº de progênies selecionadas;

σ_{kf}^2 = estimativa da variância do número de indivíduos selecionados por progênie;

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

$$D = \frac{N_{ef}}{N_{fo}}$$

Onde:

$$0 < D \leq 1;$$

N_{fo} = número original de matrizes.

4 - RESULTADOS E DISCUSSÕES

4.1 - Parâmetros Genéticos

Aos três anos de idade, as progênies apresentaram média de DAP de 9,54 cm, média de altura de 13,25 metros e média de volume de 0,0499 m³. A significância dos efeitos genéticos foi avaliada por meio da análise da Razão de Verossimilhança (LRT), a partir desses resultados, os valores de LRT foram altamente significantes a um grau de liberdade (p<0,01) para a característica DAP e altura, já a característica de volume não apresentou diferença estatística.

As estimativas de variâncias estão apresentadas na tabela 1, as quais foram utilizadas para o cálculo de suas respectivas herdabilidades e coeficientes de variação. A estimativa de variâncias aditivas apresentou valores baixos para as três características em estudo devido à seleção precoce das progênies, sendo que estes valores tendem a aumentar com a idade do experimento, conforme observado no trabalho de HENRIQUES (2012), o qual realiza a correlação genética do 1º ao 7º ano de plantios de *Eucalyptus* spp. na mesma região do presente estudo, onde estimou a variância do primeiro ao sétimo ano, sendo que estes valores apresentaram de forma crescente ao longo dos anos. A estimativa de variâncias aditivas demonstra a principal causa de semelhança entre genitores e seus descendentes (FALCONER & MACKAY, 1996). De um modo geral a variância fenotípica apresentou maiores valores às demais variâncias para as três características em estudo (Tabela 1).

Tabela 1: Estimativas dos parâmetros genéticos.

Variáveis	Parâmetros			
	σ_a^2	σ_c^2	σ_e^2	σ_f^2
Diâmetro	0,3054	0,0245	2,0929	2,4229
Altura	0,5054	0,3207	1,6851	2,5112
Volume	0,000048	0,000015	0,000268	0,000332

Variância genética aditiva σ_a^2 , variância ambiental entre parcelas σ_c^2 , variância residual σ_e^2 , variância fenotípica σ_f^2 para o caráter Diâmetro à Altura do Peito (DAP cm), Altura e Volume em progênies de *Eucalyptus* spp.

Na tabela 2, pode-se observar os valores de Coeficiente de Variação Genético Aditivo para as três características em estudo, estes valores foram de 5,78% para o diâmetro, 5,36% para a altura e 13,92% para o volume. Os valores demonstram que há variabilidade genética dentro da população e é possível obter ganho satisfatório na seleção destes indivíduos, obtendo ganho maior para a característica de volume devido o maior coeficiente de variação.

Segundo a classificação de Pimentel Gomes (1990 apud HENRIQUES 2012), os coeficientes experimentais apresentaram valores baixos para o diâmetro e a altura, menor que 10%, demonstrando que existem erros experimentais, no entanto não é muito significativo. Para a característica de volume o coeficiente experimental apresentou valor um pouco elevado (16,25), porém ainda se encontra dentro do normal para a característica de volume conforme citado por (HOULE 1992).

Segundo Vencovsky (1987) quando o ($CV_r\%$) é igual ou superior à unidade, a condição é altamente favorável à seleção e quando ($CV_r\%$) é próximo de zero significa que há pouca variabilidade genética. O Coeficiente de Variação relativa ($CV_r\%$) apresentou valores medianos para as três características (DAP, altura e volume), sendo de 43,07% para o diâmetro, 43,60% para a altura e 42,82% para o volume. Segundo Vencovsky et al. (1992) quanto maior o valor de $CV_r\%$, maior é o controle genético dos caracteres e menor é a influência dos fatores ambientais no fenótipo.

Segundo Resende (2002) o coeficiente de determinação da parcela (C_p^2) mede a variabilidade dentro do bloco, onde um valor elevado significa alta variabilidade entre parcelas, sendo que, se a estimativa for acima de 10% ou 0,1 pode interferir nas estimativas dos parâmetros genéticos. Valores baixos de (C_p^2) revelam que o delineamento experimental empregado foi ótimo, pois não houve heterogeneidade ambiental entre as parcelas (ARANTES, 2010). O Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela está dentro do esperado para a característica de diâmetro e volume, sendo de 0,0101 e 0,0452 respectivamente, demonstrando que houve alta homogeneidade entre os experimentos, no entanto para a característica de altura, este valor foi de 0,1277 havendo assim, um pouco de heterogeneidade entre os experimentos.

Tabela 2: Estimativas dos parâmetros genéticos.

Variáveis	Parâmetros			
	CV_{gi} (%)	CV_e (%)	CV_r (%)	C_p^2
Diâmetro	5,7881	6,7183	43,07	0,0101
Altura	5,3648	6,1529	43,60	0,1277
Volume	13,9240	16,2594	42,82	0,0452

Coeficiente de variação genética aditiva individual CV_{gi} (%), Coeficiente de variação experimental CV_e (%), Coeficiente de variação relativa CV_r e Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela C_p^2 para o caráter Diâmetro à Altura do Peito (DAP cm), Altura e Volume em progênies de *Eucalyptus spp.*

No presente estudo seguiu-se a classificação de Resende (1995), onde os valores de herdabilidades são classificados em três categorias: valores entre 0,01 e 0,15 são considerados de herdabilidade baixa, valores entre 0,15 e 0,5 são considerados medianos e valores superiores a 0,5 são considerados altos. A herdabilidade diz respeito à proporção relativa das influencias genéticas e ambientais na manifestação fenotípica dos caracteres, sendo que características com alto valor de herdabilidade tem alto controle genético, enquanto as características de baixa herdabilidade são ditas altamente influenciadas pelo meio ambiente (PIRES et al., 2011).

Os valores de herdabilidade podem ser afetados pelo tipo de variável e pela diversidade genética da população, entre outros fatores, porem a herdabilidade no sentido restrito é a mais útil, uma vez que ela quantifica a importância relativa da proporção aditiva da variância genética, que pode ser transmitida para a próxima geração (BOREM e VIEIRA, 2009).

No presente estudo as herdabilidades no sentido restrito foi considerada baixa para o diâmetro e o volume, sendo estes de 0,126 para o diâmetro e 0,145 para o volume respectivamente, na característica da altura a herdabilidade foi classificada como mediana, sendo de 0,201. Rocha et al (2006) em estudo de *Eucalyptus grandis* aos 58 meses de idade encontraram herdabilidades de 0,225, 0,278 e 0,211 para diâmetro, altura e volume respectivamente, valores estes superiores aos encontrados no presente

estudo. Rocha et al (2006) avaliando parâmetros genéticos em cinco progênes de *Eucalyptus urophylla* encontraram valores para o DAP variando de 0,145 a 0,640 aos 58 meses de idade. Callister et al (2013) em progênes de *Eucalyptus globulus*, encontraram herdabilidades individuais variando de 0,08 a 0,12 para DAP e 0,01 a 0,24 para a altura e 0,14 a 0,19 para volume aos três anos e meio de idade.

Os valores de herdabilidade individual no sentido restrito ajustado para efeitos de parcela apresentaram valores semelhantes aos de herdabilidade individual no sentido restrito, estes valores representam a acurácia dos valores obtidos para herdabilidade no sentido restrito. Os valores para herdabilidade da média de progênes apresentaram valores superiores a herdabilidade individual no sentido restrito, sendo estes de 0,5268 para o diâmetro, 0,53279 para altura e 0,52382 para o volume, estas herdabilidades foram classificadas como alta para as três características em estudo. Rosado et al (2009) em estudo de *Eucalyptus urophylla* com 55 meses de idade encontraram valores semelhantes para herdabilidade da média de progênes, sendo de 0,59, 0,58 e 0,63 para diâmetro, altura e volume respectivamente. Rocha et al (2006) em estudo de *Eucalyptus urophylla* com 58 meses de idade encontraram para o DAP valores de herdabilidade da média de progênes variando de 0,4793 à 0,7554 em 5 teste de progênes.

A herdabilidade aditiva dentro de parcela foi classificada como baixa para o DAP e a volume, sendo estes de 0,0987 e 0,1193 respectivamente, já a característica de altura foi classificada como mediana, sendo de 0,1836.

Os valores da acurácia para as três características em estudo foram considerados alto, sendo estes de 0,726 para o diâmetro, 0,730 para a altura e 0,724 para o volume. Segundo Pires et al., (2011) a acurácia refere-se à correlação entre os valores genéticos preditos e os valores genéticos verdadeiros dos indivíduos, ou seja, mede a proximidade destes dois valores. Quanto maior a acurácia na avaliação de um indivíduo, maior é a confiança na avaliação e no valor genético predito deste indivíduo. RESENDE (2007) cita que nas etapas iniciais e intermediárias do melhoramento, acurácias de 70% ou mais são desejáveis para garantir a confiabilidade dos dados.

Tabela 3: Estimativas dos parâmetros genéticos.

Variáveis	Parâmetros				
	h_a^2	h_{aj}^2	h_{mp}^2	h_{ad}^2	r_{aa}
Diâmetro	0,1261	0,1274	0,5268	0,0987	0,726
Altura	0,201246	0,230711	0,532792	0,183624	0,730
Volume	0,145946	0,153001	0,523821	0,119314	0,724

Herdabilidade individual no sentido restrito h_a^2 , herdabilidade individual no sentido restrito ajustado para efeitos de parcela h_{aj}^2 , herdabilidade da média de progênies h_{mp}^2 , herdabilidade aditiva dentro de parcela h_{ad}^2 e Acuracia r_{aa} para o caráter Diâmetro à Altura do Peito (DAP cm), Altura e Volume em progênies de *Eucalyptus spp.*

4.2 - Ganho na seleção, tamanho efetivo e diversidade genética.

Neste trabalho, calculou-se a média do valor aditivo através do índice Multi-efeitos para os diferentes tipos de seleção na intensidade de 1,3%, ou seja, 40 indivíduos em cada método de seleção.

Os resultados apresentados na seleção de DAP para os diferentes métodos de seleção podem ser vistos na tabela 4, demonstrando a quantidade de progênies selecionadas bem como a quantidade de indivíduos selecionados em cada progênie. Estes resultados são importantes para saber o número médio de indivíduos selecionados por família, a variância do número de indivíduos selecionados por família e, principalmente, a obtenção dos ganhos na seleção e o que este pode provocar em termos de diversidade genética estimada (D) e tamanho efetivo (Ne). No apêndice 1, pode-se observar quais foram as progênies selecionadas e os respectivos números de indivíduos selecionados em cada família.

Para a característica de DAP a seleção individual apresentou maior ganho em relação às seleções entre-dentro e massal, sendo estes de 5,558, 4,939 e 4,558% respectivamente. Tal fato ocorre devido à seleção individual ser realizado a partir do ranking do valor aditivo dos indivíduos, tornando assim a maior média possível para o IME. A seleção entre-dentro apresentou valores

menores porque alguns indivíduos excepcionais que se encontravam em famílias piores são excluídos na seleção entre famílias, tornando assim o IME menor. A seleção massal demonstrou os menores ganhos devido à seleção ser realizada através do ranking com base no valor fenotípico, sendo que alguns destes indivíduos não apresentavam os melhores valores aditivos. Rosado et al (2009) em estudo de *Eucalyptus urophylla* com 55 meses de idade encontraram valores de 8,5% de ganho na seleção entre-dentro, e 10,93% para a seleção por BLUP.

Na mesma tabela pode-se observar o número, a média e a variância das famílias selecionadas, estes valores são utilizados para o cálculo do tamanho efetivo populacional. O tamanho efetivo populacional refere-se ao tamanho genético de uma população reprodutiva e não ao número efetivo de indivíduos que a compõe, ou seja, ao número equivalente em termos de indivíduos não aparentados (PIRES et al., 2011). Os valores de N_e observado no presente estudo foram de 22,2, 31,6 e 32 para a seleção individual, massal e entre-dentro respectivamente, sendo que o N_e inicial do experimento foi de 315,7, é possível observar que os valores de N_e para as diferentes estratégias reduziram drasticamente devido a alta intensidade de seleção, diminuindo assim o tamanho efetivo da população. O N_e foi menor para a seleção individual devido ao menor número de progênies selecionadas, é interessante observar os valores próximos na seleção massal e entre-dentro, que apesar da seleção massal possuir maior número de progênies apresentou menor N_e , tal fato se explica devido a variância do número de indivíduos selecionados por cada família ser maior para a seleção massal do que a seleção entre-dentro.

A diversidade genética mantida para os diferentes métodos de seleção foram de 11,3%, 22,7% e 23,3% para a seleção individual, massal e entre-dentro respectivamente. A diversidade genética foi menor para a seleção individual, pois selecionou um número menor de progênies. Segundo Xavier (1996), a importância da diversidade genética para o melhoramento reside no fato de que cruzamentos que envolvem progenitores geneticamente divergentes são os mais convenientes para produzir alto efeito heterótico e, também, maior variabilidade genética em gerações segregantes.

Tabela 4: Seleção dos melhores indivíduos para a característica de DAP a 1,3% de intensidade de seleção.

Seleção para DAP					
massal		entre-dentro		individual	
N	40	N	40	N	40
Nf	26	Nf	20	Nf	15
Ni	4	Ni	2	Ni	8
kf	1,54	kf	2	kf	2,67
σkf	0,82	σkf	0	σkf	4,10
Nfo	86	Nfo	86	Nfo	86
D	0,227	D	0,233	D	0,113
Ne	31,6	Ne	32,0	Ne	22,2
μ	9,5484	μ	9,5484	μ	9,5484
a	0,4352	a	0,4716	a	0,5307
Gs(%)	4,558	Gs(%)	4,939	Gs(%)	5,558

N: Número de indivíduos selecionados; Nf: Número de famílias selecionadas; Ni: Número máximo de indivíduos selecionados dentro de família; kf: Número médio de indivíduos selecionados por família; σ kf: variância do numero de indivíduos selecionados por família; Nfo: Número de famílias no experimento; D: Diversidade genética; Ne: Tamanho efetivo; μ : média do diâmetro da população do experimento; a: média do valor aditivo dos indivíduos selecionados; GS(%): ganho na seleção em percentagem.

Na tabela 5 pode-se observar a seleção para a característica de altura para os diferentes métodos de seleção, observando o número de progênies selecionadas bem como o número de máximo de indivíduos selecionados em família. No apêndice 2 pode-se observa quais progênies foram selecionadas e o número de indivíduos selecionadas para cada família.

Para a característica de altura a seleção individual apresentou maior ganho em relação às seleções entre-dentro e massal, sendo estes de 5,44%, 4,91% e 4,56% respectivamente. Apesar de, a seleção massal apresentar o menor ganho genético foi o método que apresentou o maior Ne, sendo este de 32,2, no entanto este valor foi muito semelhante ao Ne pela seleção entre-dentro, sendo que esta última apresentou ganho superior em 0,353% em relação a seleção massal, ressaltando também que a diversidade genética na seleção massal e na seleção entre-dentro foram semelhantes, sendo de 0,239

para a seleção massal e 0,233 para a seleção entre-dentro. A seleção individual apresentou valores inferiores de N_e e de diversidade genética em relação aos outros dois métodos de seleção, tal fato é explicado pelo baixo número de progênie e o elevado número de indivíduos por progênie, resultando em um elevado valor da variância do número de indivíduos selecionados por família. Rosado et al (2009) em estudo de *Eucalyptus urophylla* com 55 meses de idade encontraram valores de 6,04% de ganho na seleção entre-dentro, e 7,81% para a seleção por BLUP.

Tabela 5: Seleção dos melhores indivíduos para a característica de altura a 1,3% de intensidade de seleção.

Seleção para altura					
massal		entre-dentro		individual	
N	40	N	40	N	40
Nf	25	Nf	20	Nf	13
Ni	3	Ni	2	Ni	8
kf	1,60	kf	2,00	kf	3,08
σ_{kf}	0,58	σ_{kf}	0,00	σ_{kf}	4,41
Nfo	86	Nfo	86	Nfo	86
D	0,239	D	0,233	D	0,106
N_e	32,2	N_e	32,0	N_e	21,3
μ	13,2509	μ	13,2509	μ	13,2509
a	0,6048	a	0,6516	a	0,7216
Gs(%)	4,564	Gs(%)	4,917	Gs(%)	5,446

N: Número de indivíduos selecionados; Nf: Número de famílias selecionadas; Ni: Número máximo de indivíduos selecionados dentro de família; kf: Número médio de indivíduos selecionados por família; σ_{kf} : variância do numero de indivíduos selecionados por família; Nfo: Número de famílias no experimento; D: Diversidade genética; N_e : Tamanho efetivo; μ : média do diâmetro da população do experimento; a: média do valor aditivo dos indivíduos selecionados; GS(%): ganho na seleção em percentagem.

Na tabela 6 pode-se observar a seleção para a característica de volume para os diferentes métodos de seleção, observando o numero de progênies selecionadas bem como o número máximo de indivíduos seleciona em cada

família. No apêndice 3 pode-se observa quais progênies foram selecionadas e o número de indivíduos selecionadas para cada família.

Os ganhos genéticos obtidos para a característica em volume foi maior para a seleção individual, seguido pela massal e por último a seleção entre-dentro, sendo estes de 16,17, 14,35 e 14,02% respectivamente. A seleção entre-dentro apresentou o pior resultado devido à exclusão de alguns indivíduos superiores que encontram-se em famílias com médias ruins em relação ao valor aditivo. A seleção individual apresentou menor N_e e menor diversidade genética em relação aos outros dois métodos de seleção, porém maior ganho genético. Rosado et al (2009) em estudo de *Eucalyptus urophylla* com 55 meses de idade encontraram valores de 23,68% de ganho na seleção entre-dentro, e 31,7% para a seleção por BLUP.

Tabela 6: Seleção dos melhores indivíduos para a característica de volume à 1,3% de intensidade de seleção.

Seleção para volume					
massal		entre-dentro		individual	
N	40	N	40	N	40
Nf	29	Nf	20	Nf	19
Ni	3	Ni	2	Ni	6
kf	1,38	kf	2,00	kf	2,11
σ_{kf}	0,46	σ_{kf}	0,00	σ_{kf}	2,54
Nfo	86	Nfo	86	Nfo	86
D	0,274	D	0,233	D	0,143
N_e	34,0	N_e	32,0	N_e	25,3
μ	0,0500	μ	0,0500	μ	0,0500
a	0,0072	a	0,0070	a	0,0081
Gs(%)	14,359	Gs(%)	14,023	Gs(%)	16,175

N: Número de indivíduos selecionados; Nf: Número de famílias selecionadas; Ni: Número máximo de indivíduos selecionados dentro de família; kf: Número médio de indivíduos selecionados por família; σ_{kf} : variância do numero de indivíduos selecionados por família; Nfo: Número de famílias no experimento; D: Diversidade genética; N_e : Tamanho efetivo; μ : média do diâmetro da população do experimento; a: média do valor aditivo dos indivíduos selecionados; GS(%): ganho na seleção em percentagem.

5 - CONCLUSÃO

Os resultados do trabalho permitiram concluir que a seleção individual garante maior ganho genético, no entanto apresenta a menor base genética (N_e) e diversidade genética (D), demonstrando eficiente para uma estratégia a curto-prazo, no entanto, para uma estratégia a longo-prazo, o método de seleção recomendado é a seleção entre e dentro de famílias, pois apresenta maior base genética e maior diversidade genética, possibilitando futuras recombinações do material selecionado.

6 - REFERÊNCIAS

ABRAF, **Anuário estatístico da Associação Brasileira de Produtores de Florestas Plantadas**: ano base 2012/ ABRAF. – Brasília, 2013.

ANTUNES, F. S. **Avaliação da qualidade da madeira das espécies *Acacia crassicarpa*, *Acacia mangium*, *Eucalyptus nitens*, *Eucalyptus globulus* e *Populus tremuloides***. 2009. Dissertação (Mestrado em recursos florestais), Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Piracicaba-SP.

ARANTES, F.C. **Adaptabilidade e estabilidade de progênes de *Hevea brasiliensis* (Willd. ex Adr. de Juss) Muell.-Agr. em três diferentes regiões do Estado de São Paulo**. 2010. 62f. Dissertação (Mestrado em Agronomia)-Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira-SP.

ASSIS, T. F., RESENDE, M. D . V. **Genetic improvement of forest tree species**. Crop Breeding and Applied Biotechnology v1: 44-49, 2011.

BOREM, A.; VIEIRA, G.. **Melhoramento de plantas**. 5. ed. Viçosa: Editora UFV, 2009. 529p.

CALLISTER, A.N., ENGLAND, N., COLLINS, S. **Predicted genetic gain and realized gain in stand volume of *Eucalyptus globulus***. Tree Genetics and Genomes, v.9, p.361-375, 2013.

COSTA, R. M. L. **Variabilidade genética e seleção de progênes de *Eucalyptus benthamii* MAIDEN et CABBAGE**. 2014. Dissertação (Mestrado em ciências florestais). UNESP, Campus Botucatu-SP.

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

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. 1. ed. Viçosa, UFV, 2005, 391p.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. 1 ed., Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1987, p. 279.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. Fourth edition. Longman, Harlow. 1996, 464 p.

FERREIRA, M.; SANTOS, P. E. T. **Melhoramento genético florestal dos *Eucalyptus* no Brasil: breve histórico e perspectivas**. In: CONFERENCE ON SILVICULTURE AND IMPROVEMENT OF EUCALYPT, 5., 1997, Salvador.

FREITAS, R. G. et al. **Predição de ganhos genéticos em progênes de polinização aberta de *Eucalyptus urograndis* cultivadas em diferentes**

ambientes e submetidas a diferentes procedimentos de seleção. Revista Árvores, Viçosa, MG, v. 33, n.2, p. 255-263, mar./abr. 2009.

FOELKEL, C. **As plantações de florestas no Brasil.** In: BORÉM, A. (ED.). Biotecnologia florestal. Viçosa, MG: UFV, 2007. P. 13-24.

HIGA, R. C. V.; MORA, A. L.; HIGA, A. R. **Plantio de eucalipto na pequena propriedade rural.** EMBRAPA, documentos, 54, Colombo, 2000.

HOULE, D. **Comparing evolvability and variability of quantitative traits.** Genetics, n.30, p.195-204, 1992.

HENRIQUES, E. P. **Variabilidade genética em progênes de *Eucalyptus urophylla* S. T. Blake para carvão vegetal.** Dissertação (Mestrado em ciência florestal). UNESP, Campus Botucatu-SP.

____IBGE – **INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA.** Produção da extração vegetal e da silvicultura 2012. 2013. Disponível em: http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/pesquisas/pesquisa_resultados.php?id_pesquisa=45 . Acesso em: 04/03/2015.

____IPEF – **INSTITUTO DE PESQUISAS E ESTUDOS FLORESTAIS.** Melhoramento genético. Circular técnica Nº 21.

MARTINS, I. S. et al. **Comparação entre os processos de seleção entre e dentro e o de seleção combinada, em progênes de *Eucalyptus grandis*.** Cerne, Lavras, v 11, n. 1, p. 16-24, jan/mar. 2005.

MORAES, M.L.T; MORI, E. S; SILVA, A. M.; CANUTO, D. S. O.; SILVA, J. M.; GOMES, J. E.; AULES, D. S. **Demonstração da utilização do software selegen – “seleção genética computadorizada” para o melhoramento de espécies perenes.** Revista Científica Eletrônica de Engenharia Florestal, Garça, n. 12, 2008.

ODA, S. et al. **Melhoramento florestal.** In: BORÉM, A. (Ed.) Biotecnologia Florestal. Viçosa, MG: UFV, 2007. p. 51 – 71.

PIRES, I. E.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, R. L.; RESENDE JR.; M. F. R. **Genética florestal.** 1ed, Arka:Viçosa-MG, cap. 15, 2011. 318p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas.** Aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 1993. 271 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; PINTO, C. A. B. P. **Genética na agropecuária.** 4. Ed. Lavras: UFLA, 2008. 463 p.

RESENDE, M.D.V.; HIGA, A.R. **Estimação de valores genéticos no melhoramento de *Eucalyptus*: seleção em um caráter com base em**

informações do indivíduo e de seus parentes. Boletim de Pesquisas Florestais, Curitiba, v.28/29, p.11-35, 1994.

RESENDE, M.D.V.; OLIVEIRA, E.B. Sistema "SELEGEN" – **Seleção Genética Computadorizada para o Melhoramento de Espécies Perenes.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, Colombo, n 32. V. 9. Setembro, 1997.

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

RESENDE, M. D. V.; REZENDE, G. D. S. P.; AGUIAR, A. M.; BARBOSA, M. H. P. **Seleção recorrente e o melhoramento genético do eucalipto no Brasil.** In: Simpósio sobre Atualização em Genética e Melhoramento de Plantas, 2005, Lavras. Anais, 2005. v. 1. p. 59-84.

RESENDE, M. D. V. **Delineamento de experimentos de seleção para maximização da acurácia seletiva e do progresso genético.** Revista Árvore, v. 19, n. 4, p. 479-500, 1995.

RESENDE, M. D. V. de. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético.** Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 560 p.

RESENDE, M.D.V. **Genética Quantitativa.** In: PIRES, I.E.; RESENDE, M.D.V.; SILVA, R.L.; JR RESENDE, M.F.R. Genética floresta. Viçosa: Arka Editora, 2011, 319p.

REZENDE, G. D. S. P. **Melhoramento genético do eucalipto.** In: Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 9., 2001, Goiânia. Anais... Goiânia: EMBRAPA Arroz e Feijão, 2001.

ROCHA, M. G. B.; PIRES, I. E.; ROCHA, R. B.; XAVIER, A.; CRUZ, C. D. **Avaliação genética de progênies de meios irmãos de *Eucalyptus grandis* utilizando procedimentos REML/BLUP e da ANOVA.** Scientia Forestalis, Piracicaba, v. 71, n. 4, p. 99-107, 2006.

ROSADO, A. M. et al. **Ganhos genéticos preditos por diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus urophylla*.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v. 44, n 12, p. 1653-1659, dez. 2009.

SAMPAIO, P. T. B. ; RESENDE, M. D. ; ARAUJO, A. J. **Estimativa de Parâmetros genéticos e Métodos de Seleção para o Melhoramento Genético de *Pinus Caribaea* var. *hondurensis*.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v. 35, p. 2243-2253, 2000.

_____**SERVIÇO FLORESTAL BRASILEIRO.** Panorama econômico do setor florestal. Março de 2014, Ano 1, Edição 1. Disponível em: http://www.abimci.com.br/wp-content/uploads/2014/02/Panorama_Economico_1_2014-PUBLICADO.pdf. Acesso em: 04/03/2015.

SILVA, G. A. P. **Herança de caracteres quantitativos em diferentes populações de seringueira. 2014.** Tese (Doutorado em agricultura tropical e subtropical área de concentração em genética, melhoramento vegetal e biotecnologia). Instituto agrônomo pós-graduação, Campinas-SP.

STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V.; CARPANEZZI, A. A.; ZANON, A. **Variação genética e seleção para características de crescimento em teste de progênies de *Mimosa scabrella* var. *aspericarpa*.** Boletim de Pesquisa Florestal, Colombo, n. 28/29, p.73 83, 1994.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento.** Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 416 p.

VERARDI, C. K. **Predição de ganhos genéticos utilizando diferentes processos de seleção em progênies de seringueira em vários ambientes. 2014.** Tese (Doutorado em agricultura tropical e subtropical área de concentração em genética, melhoramento vegetal e biotecnologia). Instituto agrônomo pós-graduação, Campinas-SP.

XAVIER, A.; BORGES, R.C.G.; PIRES, I. E. **Variabilidade genética de óleo essencial e de crescimento em progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus citriodora* Hook.** Revista Árvore, Viçosa, v.17, n.2, p.224-234, 1993.

Apêndice

Apêndice 1: Número de indivíduos selecionados por família para a seleção em função da característica de DAP.

Seleção para DAP					
massal		entre-dentro		individual	
prog.	kf	prog.	kf	prog.	kf
16	2	16	2	16	8
70	1	64	2	64	5
42	1	70	2	70	4
87	1	42	2	42	5
27	2	75	2	75	2
73	1	87	2	87	1
80	1	77	2	27	3
15	2	27	2	73	2
3	1	73	2	85	1
6	1	85	2	80	2
63	1	2	2	15	2
50	3	80	2	74	1
74	2	95	2	69	1
69	4	15	2	56	2
56	4	78	2	59	1
40	2	3	2	-	-
1	1	6	2	-	-
36	1	41	2	-	-
62	1	22	2	-	-
37	2	97	2	-	-
20	1	-	-	-	-
59	1	-	-	-	-
65	1	-	-	-	-
24	1	-	-	-	-
57	1	-	-	-	-
82	1	-	-	-	-

Apêndice 2: Número de indivíduos selecionados por família para a seleção em função da característica de altura.

Seleção para altura					
massal		entre-dentro		individual	
prog.	kf	prog.	kf	prog.	kf
87	3	42	2	42	8
44	3	87	2	87	4
2	3	44	2	44	5
64	3	2	2	2	4
97	1	64	2	64	4
27	2	97	2	97	3
67	2	22	2	27	4
63	1	4	2	67	3
61	1	78	2	3	1
83	1	27	2	63	1
34	1	73	2	61	1
20	1	67	2	32	1
16	2	3	2	1	1
7	1	63	2	-	-
15	1	61	2	-	-
41	2	32	2	-	-
36	1	83	2	-	-
1	2	74	2	-	-
37	1	26	2	-	-
50	1	34	2	-	-
33	2	-	-	-	-
23	1	-	-	-	-
24	1	-	-	-	-
65	2	-	-	-	-
57	1	-	-	-	-

Apêndice 3: Número de indivíduos selecionados por família para a seleção em função da característica de volume.

Seleção para volume					
massal		entre-dentro		individual	
prog.	kf	prog.	kf	prog.	kf
42	1	64	2	64	5
27	2	42	2	42	5
16	3	27	2	27	6
87	1	16	2	16	3
73	1	87	2	87	2
63	2	2	2	2	1
15	1	70	2	73	2
3	1	73	2	63	2
80	1	63	2	15	3
61	1	15	2	3	1
41	1	78	2	80	2
1	3	85	2	41	1
50	2	3	2	1	1
74	1	80	2	50	1
66	1	75	2	74	1
7	1	97	2	37	1
69	2	67	2	40	1
37	1	22	2	36	1
83	1	6	2	59	1
40	1	44	2	-	-
20	1	-	-	-	-
36	1	-	-	-	-
56	3	-	-	-	-
65	2	-	-	-	-
24	1	-	-	-	-
59	1	-	-	-	-
93	1	-	-	-	-
57	1	-	-	-	-
71	1	-	-	-	-