

FILIPE MANOEL FERREIRA

**AVALIAÇÃO GENÉTICA DE *Corymbia maculata* E *Corymbia torelliana* VISANDO
A GERAÇÃO DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

Orientador: Leonardo Lopes Bhering

Coorientador: Aurélio Mendes Aguiar

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2020**

T

Ferreira, Filipe Manoel, 2020-
F383a Avaliação genética de *Corymbia maculata* e *Corymbia torelliana* visando a geração
2020 de híbridos interespecíficos / Filipe Manoel Ferreira. - Viçosa, MG, 2020.
47f. : il. ; 29 cm.

Inclui anexo.

Orientador: Leonardo Lopes Bhering.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Inclui bibliografia.

1. Plantas - Melhoramento genético. 2. Genética quantitativa. 3. *Eucalyptus*.
I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Biologia Geral. Programa de Pós-
Graduação em Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22 ed. 631.52

FILIFE MANOEL FERREIRA

**AVALIAÇÃO GENÉTICA DE *Corymbia maculata* E *Corymbia torelliana*
VISANDO A GERAÇÃO DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 20 de agosto de 2020.

Assentimento:



Filipe Manoel Ferreira

Autor



Leonardo Lopes Bhering

Orientador

*A minha mãe, Claudinéia Aparecida Manoel,
...por sempre sonhar junto comigo...
...muito obrigado.*

AGRADECIMENTOS

Primeiro a Deus, o universo, a natureza e a todas as forças do bem, por fazerem com que meu caminho cruze com o de tantas pessoas boas, positivas e competentes. Agradeço também, pela fraqueza e pela dúvida que nos ensina a ter força, paciência e sabedoria.

Agradeço a minha irmã Fernanda, ao meu pai Afonso e de maneira especial a minha mãe, Claudinéia, que me motiva e me mostra o quanto é importante proporcionar oportunidades aos outros, mesmo ela não tendo recebido muitas. Agradeço a minha namorada Luiza por todo o carinho e convívio, bem como a todos os meus queridos amigos.

Ao meu orientador Dr. Leonardo Lopes Bhering por seus valiosos conselhos, disponibilidade e apoio ao longo desta jornada. Ao meu coorientador Dr. Aurélio Mendes Aguiar pelo exemplo de profissional e por todo apoio proporcionado a este trabalho e aos meus primeiros passos nesta magnífica área do conhecimento.

Agradeço a Dr. Renato Domiciano Silva Rosado e ao Dr. Moyses Nascimento por terem aceitado o convite de participar da minha banca de dissertação e pelas valiosas contribuições para melhoria do trabalho. Além de a todos os professores pelos conhecimentos e a todos os colegas, especialmente os “Bucho Whitters”, pelas incansáveis horas de estudo e prazerosas horas de convívio.

Agradeço a Suzano S/A por ter permitido a coleta dos dados em seus experimentos e a equipe de campo que me acolheu com enorme carinho e profissionalismo.

Agradeço a todos meus colegas do laboratório de Biometria pela oportunidade de crescer juntos e pelos numerosos ensinamentos dentro e fora da área. Além disso, agradeço de forma especial a dois grandes futuros professores, João Romero e Rodrigo Alves que foram fundamentais na confecção deste trabalho.

Agradeço a Universidade Federal de Viçosa pela oportunidade de realização deste curso e por ser a minha segunda casa desde 2011.

A Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) pela concessão da bolsa de estudos. E a todas as pessoas que contribuíram com essa dissertação

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

“ Não importa o quanto a vida possa ser ruim, sempre existe algo que você pode fazer e triunfar. Enquanto há vida, há esperança. ”

Stephen Hawking

BIOGRAFIA

FILIPPE MANOEL FERREIRA, filho de Claudinéia Aparecida Manoel e Sebastião Afonso Ferreira, nascido em Visconde do Rio Branco no dia 20 de junho de 1993. Viveu sua infância na zona rural de Guiricema (MG). Aos 11 anos de idade, sua família mudou-se para a cidade de Visconde do Rio Branco (MG). Ao completar 14 anos, saiu de casa em busca de novas oportunidades. Ingressou no CEFET de Rio Pomba (MG) e se formou no ano de 2010 como Técnico Florestal. No ano seguinte, ingressou na Universidade Federal de Viçosa, no curso de Engenharia Florestal. Durante sua graduação, fez diversos estágios voluntários, duas Iniciações Científicas, participou da Florestal Júnior Consultoria UFV, fez intercâmbio em Missoula, no estado de Montana, nos Estados Unidos da América e realizou estágio externo no Centro de Tecnologia da Fibria Celulose S/A em Jacareí (SP). Graduou-se em julho de 2018 e no mês seguinte ingressou no curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, a nível de mestrado, da Universidade Federal de Viçosa.

RESUMO

FERREIRA, Filipe Manoel, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2020. **Avaliação genética de *Corymbia maculata* e *Corymbia torelliana* visando geração de híbridos interespecíficos.** Orientador: Leonardo Lopes Bhering. Coorientador: Aurélio Mendes Aguiar

As espécies do gênero *Corymbia*, compartilham boas características silviculturais e tecnológicas com os *Eucalyptus* e despontam como uma alternativa para regiões com condições menos favoráveis para a produção de madeira, como por exemplo seca. Os testes de progênes são uma eficiente maneira de selecionar famílias mais adaptadas à estas situações. Logo, este estudo teve como objetivos: avaliar a variabilidade genética, estimar parâmetros genéticos e realizar a seleção de genótipos de *Corymbia torelliana* e *Corymbia maculata*, visando a geração de híbridos interespecíficos em quatro testes de progênes. Foram avaliadas 140 progênes de duas espécies em dois ambientes, sendo sete testemunhas, em delineamento de blocos aumentados. As características avaliadas foram: circunferência altura do peito e altura de planta, aos 29 e 50 meses, além de, nota de kino, espessura de casca e densidade aparente, aos 50 meses. A metodologia de modelos mistos foi usada para estimar os componentes de variância e prever o valor genético dos indivíduos. De acordo com LRT, para o ambiente 1, circunferência altura do peito aos 29 meses, altura da planta aos 29 meses e densidade aparente aos 50 meses obtiveram efeito do genótipo significativos ($p < 0,01$) para *C. maculata*. Para *C. torelliana*, foram circunferência altura do peito e altura da planta nas duas idades e para espessura de casca aos 50 meses. No ambiente 2, para *C. maculata*, os efeitos significativos foram circunferência altura do peito para as duas idades e altura de planta aos 29 meses enquanto para *C. torelliana* foram circunferência altura do peito aos 29 meses e altura aos 29 meses. As herdabilidades no sentido restrito entre e dentro foram corrigidas com base na taxa de autofecundação esperada para a população. O coeficiente de variação genético ficou dentro do esperado para espécies arbóreas. Na análise conjunta, para *C. maculata* e *C. torelliana* o efeito da interação genótipos x ambientes foi significativo para as medidas realizadas aos 29 meses e para espessura de casca aos 50 meses para *C. torelliana*. Na seleção de famílias houve ganho com a seleção direta para todas as características variando de 0,36 a 15,11% e na seleção de indivíduos, como base no tamanho

efetivo, os ganhos variaram de 0,65 a 31,58%. Por fim, foi possível definir os melhores cruzamentos entre as populações de *C. torelliana* e *C. maculata* para cada região e para ambas as regiões simultaneamente.

Palavras-chave: Melhoramento. Eucalipto. Genética.

ABSTRACT

FERREIRA, Filipe Manoel, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2020. **Genetic evaluation of *Corymbia maculata* e *Corymbia torelliana* for the generation of interspecific hybrids.** Adviser: Leonardo Lopes Bhering. Co-adviser: Aurélio Mendes Aguiar.

Corymbia species share good silvicultural and technological characteristics with *Eucalyptus* and emerge as an alternative to regions with less favorable conditions for wood production, such as drought. Progeny testing is an efficient way to select families for these locations. Therefore, this study aimed to: evaluate genetic variability, estimate genetic parameters and select genotypes of *Corymbia torelliana* and *Corymbia maculata*, to indicate crosses for generate interspecific hybrids, in four progeny tests. We evaluated 140 progenies in two environments, in which seven were control, in an enlarged block design. Seven traits were evaluated. The mixed model methodology was used to estimate the variance components and to predict the genetic value of the individuals. According to LRT, for environment 1, circumference at breast height at 29 months, plant height at 29 months and apparent density at 50 months had significant genotype effect ($p < 0.01$) for *C. maculata*. For *C. torelliana*, circumference at breast height and plant height on both ages and for bark thickness at 50 months. In environment 2, for *C. maculata*, the significant effects were circumference at breast height for both ages and plant height at 29 months, while for *C. torelliana* the measurements taken at 29 months. Restricted heritability between and within were corrected based on the expected self-pollination rate for the population. The coefficient of genetic variation was within the expected range for tree species. In the joint analysis, for *C. maculata* and *C. torelliana* the effect of genotype x environment interaction was significant for the measurements taken at 29 months and bark thickness at 50 months for *C. torelliana*. In family selection there was gain with direct selection for all characteristics ranging from 0,36 to 15,11% and in selecting individuals based on effective size, gains ranged from 0.65 to 31.58%. Finally, it was possible to define the best crossings between the population of *C. torelliana* and *C. maculata* for each region and for both regions simultaneously.

Keywords: Breeding. *Eucalyptus*. Genetics

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	11
2. MATERIAL E MÉTODOS	13
2.1. Caracterização do Experimento	13
2.2. Metodologia de Coleta	15
2.2. Análises Estatísticas dos Experimentos Individuais	15
2.3. Estimação dos Parâmetros Genéticos	16
2.4. Índice de Seleção, Tamanho Efetivo Populacional, Tamanho Efetivo de Família e Diversidade Genética	19
2.5. Análise Conjunta e Correlações Genéticas.....	20
3. RESULTADOS.....	21
3.1. Análises Estatísticas dos Experimentos Individuais	21
3.1.1. Teste de Significância	21
3.1.2. Componentes de Variância e Parâmetros Genéticos.....	23
3.2.1. Teste de Significância	25
3.2.2. Componentes de Variância, Parâmetros Genéticos e Correlações genéticas	27
3.3. Seleção de Famílias	29
3.4. Seleção de Indivíduos.....	34
3.5. Seleção Genética.....	37
4. DISCUSSÃO	37
4.1. Teste de Significância	37
4.2. Componentes de Variância, Parâmetros Genéticos e Correlações genéticas	38
4.3. Ganho com a Seleção	41
5. CONCLUSÃO	42
6. REFERÊNCIAS	43

1. Introdução

No Brasil, a indústria de árvores plantadas gera mais de 5 mil produtos, sendo os principais: madeira serrada, carvão vegetal, papel, celulose, pisos e painéis de madeira. O setor é responsável por 1,3% do Produto Interno Bruto (PIB) brasileiro e por 6,9% do PIB industrial (IBA, 2019). O gênero mais plantado é o *Eucalyptus* com 5,7 milhões de hectares, o equivalente a aproximadamente 72% da área de florestas plantadas do país (IBA, 2019).

Essa enorme importância é justificada devido as boas características silviculturais e industriais dessa madeira e as constantes pesquisas e melhorias aplicadas na seleção e cultivo desse gênero. Entretanto, a expansão da fronteira agrícola (VIEIRA FILHO, 2016) estende os plantios para regiões ainda pouco ou não exploradas pelo setor florestal. Em adicional, há uma constante busca por genótipos que apresentam características tecnológicas superiores a fim de melhorar a adequação da matéria prima ao produto final. Diante disso, espécies puras e híbridos interespecíficos do gênero *Corymbia*, no passado classificado como *Eucalyptus* (HILL; JOHNSON, 1995), são pleiteados como uma potencial alternativa.

Nas últimas décadas há uma tendência de aumento da temperatura da superfície terrestre atribuída a intensificação do efeito estufa. Este fenômeno pode desregular o ciclo hidrológico afetando fauna, flora, agricultura e o cotidiano humano (SALVIANO; GROppo; PELLEGRINO, 2016). Pensando nisso, pesquisadores do setor florestal se interessaram pelo gênero *Corymbia*, uma vez que há evidências quanto à sua tolerância à seca. Silva (2008) estudou a influência do déficit hídrico em mudas de *Corymbia citriodora* e identificou que a transpiração, a resistência difusiva, o potencial hídrico

foliar, a área foliar, a área foliar específica e o conteúdo relativo de água não diferiram estatisticamente entre a alta e baixa disponibilidade de água no solo.

Em adicional, algumas espécies do gênero *Corymbia*, como por exemplo o *C. maculata* apresenta densidade básica que pode chegar a 1,080 g/cm³, além de boa resistência mecânica (BOLAND et al., 2006). Em estudo com *C. maculata* aos 10,5 anos de idade observou-se que esta espécie possui maior densidade do que algumas espécies de *Eucalyptus* plantadas em escala operacional, tais como: *E. grandis*, *E. saligna* e *E. urophylla*. Todavia, há interesse por parte das tradicionais indústrias de carvão vegetal, moveleiras e de polpa celulósica em ampliar o cultivo de *Corymbia* e explorar seu potencial produtivo, uma vez que o aumento da densidade está intimamente relacionada com a redução de custos nas etapas de transporte e com a qualidade industrial da matéria prima (PEREIRA, 2000).

Não obstante, os *Corymbias* apresentam alta produção de kino, um exsudato da madeira produzido por bolsas de resina, que se caracteriza pela coloração escura e aspecto viscoso (PONCE, 2019). O kino é rico em tanino, polifenóis e adstringentes (OGBOURNE; PARSONS, 2014) e é tradicionalmente utilizado para fins medicinais pelas comunidades aborígenes na Austrália (NOBAKHT et al., 2017). Apesar do grande potencial farmacêutico, principalmente como bactericida (NOBAKHT et al., 2017), o kino é ainda um fator limitante para os tradicionais usos da madeira. Uma vez que, dificulta o processo de desdobramento das toras (FILHO, 2019) e encarece o processo produtivo de celulose e papel branqueados, devido ao depósitos deste produto nos equipamentos, o que ocasiona paradas no processo de produção. Além de, reduzir as propriedades mecânicas e manchar os produtos de papel (BERGLUND, 2012).

Outro fator restritivo é a alta porcentagem de casca observada nas árvores deste gênero, uma vez que estas são descascadas no momento da colheita e este material é deixada no

campo ou destinado para a geração de energia nos complexos de caldeirarias. A quantidade de casca irá variar de acordo com o tamanho das árvores, o local do tronco, as sazonalidades climáticas e as idades cronológica e fisiológica (FOELKEL, 2019). Enquanto espécies melhoradas de *Eucalyptus* apresentam em média de 9 a 12% de casca em relação ao seu volume comercial, espécies pouco estudadas, como as do gênero *Corymbia*, podem ser constituídas de até 30% dessa partição (FOELKEL, 2019). Sendo assim, em experimentos de *Corymbia* sugere-se considerar, além das características de crescimento, a porcentagem de casca e a quantidade de kino produzida no momento da seleção de árvores superiores a fim de diminuir os custos com transporte e processamento da madeira.

Na literatura há escasso conteúdo científico sobre variabilidade e estratégias de seleção para *Corymbia maculata* (LARSEN, 1965; DARROW, 1985; SATO et al., 2010). Além de poucos trabalhos sobre *Corymbia torelliana* como espécie pura, sendo mais comum o estudo de híbridos desta espécie com outras espécies do gênero (SHEPHERD et al., 2007; LEE et al., 2009; DICKINSON; WALLACE; LEE, 2013). Logo, é de vultosa importância estudar estratégias de seleção atuais e eficientes para ambas as espécies. Diante do exposto, este trabalho teve como objetivos: avaliar a variabilidade genética, estimar parâmetros genéticos e realizar a seleção de genótipos de *Corymbia torelliana* e *Corymbia maculata* visando a geração de híbridos interespecíficos.

2. Material e Métodos

2.1. Caracterização do Experimento

Foram implantados dois testes de progênies, no mês de dezembro de 2014 na cidade de Aracruz – ES (19.8188° S, 40.2736° W), sendo um teste de *Corymbia torelliana*

e o outro de *Corymbia maculata*. Estes testes foram replicados na cidade de Três Lagoas-MS (20.7882° S, 51.7030° W) e estavam com 29 e 50 meses no momento das avaliações. O clima de Aracruz é classificado como tropical AW segundo a classificação atualizada de Köppen e Geiger (KOTTEK et al., 2006) com temperatura média de 24.4 °C e pluviosidade média anual de 1157 mm. O clima de Três Lagoas é classificado segundo a classificação atualizada de Köppen e Geiger (KOTTEK et al., 2006) como tropical Aw, com temperatura média de 24.2 °C e 1241 mm é a pluviosidade média anual (KOTTEK et al., 2006).

O esquema experimental adotado foi o delineamento em blocos aumentado, com 64 progênies de *Corymbia* e seis testemunhas comerciais de *Eucalyptus*, em 40 blocos, cada bloco foi subdividido em 7 sub-blocos, cada sub-bloco contou com 10 tratamentos. As testemunhas foram casualizadas dentro dos blocos. Nesse delineamento cada tratamento (árvore) representa uma parcela, sendo nomeada de parcela de planta única ou *single tree plot* – STP- (SANDON; COCHRAN; COX, 1958). As famílias de *C. maculata* foram nomeadas de 1 a 70, sendo os tratamentos 65, 66, 67, 68, 69 e 70 testemunhas comerciais de *Eucalyptus*. As famílias de *C. torelliana* foram numeradas de 71 a 142, onde os tratamentos 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141 e 142 são testemunhas comerciais de *Eucalyptus*.

Após 29 meses do plantio foi medido a altura (Ht 29) em metros, e a circunferência na altura do peito (CAP 29) em centímetros de todas as árvores. Aos 50 meses foi realizada uma amostragem de 6 árvores de cada família de meio-irmãos (FMI) em cada um dos experimentos. Essas plantas foram escolhidas com base nas medidas de CAP 29. Foram amostradas 2 árvores com CAP próximo ao valor da média, 2 com CAP próximo ao valor da média somado ao valor de um desvio padrão e 2 com CAP próximo ao valor da média subtraído do valor de um desvio padrão, de modo a representar a

variabilidade existente para esta característica. Das árvores amostradas aos 50 meses foram coletadas medidas de circunferência altura do peito (CAP 50) em metros, altura de planta (Ht 50) em centímetros, nota de kino (NK 50) assumindo valores de 4, 3, 2, ou 1, espessura de casca (Ec 50) em mm e densidade aparente (DA 50) através da ABNT NBR 14660: 2004.

2.2. Metodologia de Coleta

Aos 50 meses, as árvores amostradas foram medidas para circunferência altura do peito, a 1,30 metros do nível do solo com fita métrica flexível e graduada. Para a medição da altura foi utilizado o hipsômetro Vertex.

A indução da produção de kino, foi feita por meio da retirada de 2 cm² de casca a 1,30 metros do solo na face leste da árvore por meio de um extrator de casca de aço inox. Este procedimento simula um estresse ambiental. A nota dada foi com base em avaliação visual que ocorreu entre 15 e 20 dias após a extração da casca e variou de 4 (sem produção de kino) a 1 (alta produção de kino). O círculo de casca retirado, teve sua espessura aferida por meio de paquímetro.

Para o teste de densidade aparente foi extraída uma bagueta de 5 mm em toda extensão do diâmetro das árvores por meio de trado manual Sweden Forest. O material coletado foi devidamente identificado, estocado e conduzido para posterior análise em laboratório conforme a ABNT NBR 14660: 2004.

2.3. Análises Estatísticas dos Experimentos Individuais

A metodologia de modelos mistos conhecida como REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Predição Linear Não Viesada) foi empregada para

estimar os componentes de variância (PATTERSON; THOMPSON, 1971) e prever os valores genotípicos (HENDERSON; QUAAS, 1976). Essa metodologia permite analisar bancos de dados desbalanceados preservando o poder estatístico (PINHEIRO; BATES, 2006; BAAYEN, 2010).

As melhores famílias de cada experimento foram selecionadas com base em seus valores genéticos.

Devido a amostragem realizada aos 50 meses, o modelo indicado para a análise dos dados coletados aos 29 e 50 pode ser representado por:

$$y = Xr + Za + e,$$

em que:

y é o vetor de dados;

r é o vetor dos efeitos de repetição somados à média geral e o efeito das testemunhas (assumidos como fixos);

a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), e;

e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

2.4. Estimação dos Parâmetros Genéticos

A significância do efeito de genótipo no modelo estatístico foi testada usando o teste da razão de verossimilhança (LRT) (RAO, 1973), utilizando estatísticas do qui-quadrado com um grau de liberdade e 0,01 de nível de probabilidade. O LRT compara a qualidade do ajuste do modelo completo (MC) e do modelo reduzido que não contempla o efeito do genótipo (MR_{gen}), para determinar qual se ajusta melhor aos dados amostrais.

Na análise conjunta também foi comparado o modelo completo com o modelo reduzido que não contempla o efeito da interação genótipos x ambientes (MR_{gxa}).

Os *Corymbias* são tradicionalmente considerados como espécies alógamas (menos que 5% de autofecundação), entretanto há evidências de maiores taxas de autofecundação (s) nas espécies do gênero (PATTERSON et al., 2004a). Logo, é correto afirmar que os *Corymbias*, assim como outros gêneros de essências florestais, possuem sistema reprodutivo misto. Dessa forma, uma população inicialmente estruturada como família de meio-irmão, também pode apresentar outras relações de parentesco, como por exemplo de irmão completos (RESENDE, 2015).

Para progênies provenientes de campos de polinização aberta espera-se s variando de 10 a 38% (HODGSON, 1976) ou igual a 41% (PATTERSON et al., 2004b). No entanto, pouco conhecimento básico da biologia reprodutiva das espécies está disponível (BACLES et al., 2009).

Para o presente trabalho, o valor de s foi obtido por meio do coeficiente de parentesco de Wright (1922), representado por r .

$$r = \frac{(1+s)^2}{4}$$

Squillace (1974) estudou as relações de parentesco entre várias estruturas de família e sugeriu que para uma população composta por famílias de meio-irmãos, com frequente taxa de endogamia (FMI-S), ou seja, que possuem sistema reprodutivo misto, espera-se que r seja igual a 0,408. Logo, ao isolar s da equação acima, substituindo o r por 0,408 temos uma taxa de endogamia de 0,2775 ou 27,75%.

Desta forma, a herdabilidade no sentido restrito entre famílias (h_{ae}^2) para cada característica em cada local, poderá ser representada por:

$$h_{ae}^2 = \frac{\frac{1}{r}\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_e^2}$$

Onde:

$\hat{\sigma}_g^2$: é a variância genética;

$\hat{\sigma}_e^2$: é a variância residual.

A variância aditiva dentro da família (σ_{ad}^2) fica confundida no resíduo (σ_e^2), contudo é possível recuperá-la. Dessa forma, a herdabilidade no sentido restrito dentro da FMI-S (h_{ad}^2) poderá ser representada por:

$$h_{ad}^2 = \frac{\frac{4 - (1+s)^2}{4} * h_{ae}^2}{\frac{4 - (1+s)^2}{4} * h_{ae}^2 + (1 - h_{ae}^2)}$$

De posse dos resíduos individuais podemos ainda estimar o valor genético aditivo para cada indivíduo (\hat{a}_i) por meio da expressão:

$$\hat{a}_i = Z_i \hat{a}_g + h_{ad}^2 (y - x\beta - Z_i \hat{a}_g).$$

Sendo:

Z_i = matriz de incidência ao vetor de valores genéticos aditivos da família, cujos únicos elementos não zero equivalem a 1/2;

\hat{a}_g = vetor de valores genéticos aditivos da família;

y = vetor de dados fenotípicos;

x = matriz de incidência para efeitos fixos, referentes aos não genitores.

O coeficiente de variação genético (CV_g) e o coeficiente de variação experimental (CV_e) foram obtidos, respectivamente, por:

$$CV_g = \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{\mu},$$

$$CV_e = \frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\mu}.$$

em que: μ é a média geral da característica.

2.5. Índice de Seleção, Tamanho Efetivo Populacional, Tamanho Efetivo de Família e Diversidade Genética

Para o objetivo do estudo, o índice de seleção mais adequado é o multiplicativo (IM) proposto por Subandi et al, (1973), uma vez que é diretamente ou inversamente proporcional à variável analisada, de acordo com o objetivo. O IM pode ser descrito por:

$$IM = y_1^{k_1} y_2^{k_2} \dots y_n^{k_n}$$

em que: y_j é o valor genotípico da característica j ,

$k_j = 1$, se for considerada a relação direta do índice com a variável e ,

$k_j = -1$, se for considerada a relação inversa do índice com a variável.

O índice de seleção multiplicativo foi ajustado utilizando o software SELEGEN-REML / BLUP (RESENDE, 2016).

A seleção foi feita com base nos valores genéticos, sendo iniciada a partir do melhor indivíduo até o indivíduo cujo tamanho efetivo (N_e) correspondente fosse igual a 30, valor que segundo (RESENDE, 2002) é o recomendado para prevenir a deriva genética. Dessa forma, foi possível selecionar os melhores indivíduos dentro de cada FMI e sugerir os melhores cruzamentos interespecíficos para cada região.

O cálculo do tamanho efetivo foi realizado no software R (R Core Team, 2019) através da expressão:

$$N_e = [2 * (2 - s) * N_f * k_f] / \{ [(1+s)^2 * \frac{\sigma_{k_f}^2}{k_f}] + [(1+s)^2 * k_f] + [3 - (2*s) - s^2] \}.$$

Em que:

s = taxa de autofecundação, considerada 0,2775.

N_f = número de famílias selecionadas;

k_f = número médio de indivíduos selecionados por família;

$\sigma_{k_f}^2$ = variância do número de indivíduos selecionados por família.

O tamanho efetivo das famílias selecionadas (N_{ef}) foi definido com base na expressão abaixo, descrita por Resende (2015);

$$N_{ef} = \left[\frac{(\sum_{j=1}^n k_{fj})^2}{\sum_{j=1}^n k_{fj}^2} \right].$$

Onde: k_{fj} é o número de indivíduos selecionados na família j .

A diversidade genética entre famílias mantida após a seleção (D) foi calculada com base na expressão, descrita por (WEI; LINDGREN, 1996).

$$D = \frac{N_{ef}}{N_{f0}}.$$

Onde: N_{f0} é o número original de famílias.

2.6. Análise Conjunta e Correlações Genéticas

Para a análise conjunta foi utilizado o modelo a seguir, definido por:

$$y = Xr + Za + Wi + e,$$

em que:

y é o vetor de dados;

r é vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral e o vetor dos efeitos das testemunhas (assumidos como fixos);

a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios);

i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios) e;

e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O modelo acima considera a população como FMI com taxa de endogamia igual a zero. Logo, a herdabilidade no sentido restrito entre famílias foi corrigida com base na expressão:

$$h_{ae}^2 = \frac{\frac{1}{r} \hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2}$$

A herdabilidade no sentido restrito dentro e o valor genético aditivo foram calculados de maneira análoga à sugerida para as análises individuais.

Utilizou o IM para selecionar as melhores famílias de cada espécie. A intensidade de seleção adotada foi até o tamanho efetivo (N_e) de 30. Dessa forma, foi possível selecionar as melhores famílias dentro de cada espécie e sugerir os melhores cruzamentos interespecíficos dentro das populações estudadas.

As correlações genéticas entre pares de características ($r_{i,j}$) foi estimada, para cada espécie, com base na expressão:

$$r_{i,j} = \frac{\hat{\sigma}_{i,j}}{\sqrt{\hat{\sigma}_i^2 \hat{\sigma}_j^2}}$$

onde $\hat{\sigma}_{i,j}$ é a covariância genotípica estimada entre famílias para a característica i and j ;

$\hat{\sigma}_i^2$ é a variância genotípica da característica i ;

$\hat{\sigma}_j^2$ é a variância genotípica da característica j .

A covariância genotípica foi obtida diretamente da saída do modelo.

3. Resultados

3.1. Análises Estatísticas dos Experimentos Individuais

3.1.1. Teste de Significância

Utilizando o LRT testamos a hipótese de nulidade, que assume que não há diferença entre os modelos completo e reduzido. No ambiente 1 (ARA), para *C. maculata*, CAP 29, Ht 29 e DA 50 apresentaram efeitos genéticos significativos ($p < 0.01$) (Tabela 2). Ainda nesse mesmo ambiente para *C. torelliana* NK 50 e DA foram os únicos caracteres cujo efeito foi não significativo (Tabela 1).

Tabela 1: Deviance do modelo completo (MC), modelo reduzido (MR_{gen}) e o teste da razão de máxima verossimilhança (LRT) para efeito do genótipo para CAP 29, CAP 50, Ht 29, Ht50, NK 50, Ec 50 e DA 50, no ambiente ARA.

Característica	<i>C. maculata</i>			<i>C. torelliana</i>		
	MC	MR_{gen}	LRT	MC	MR_{gen}	LRT
CAP 29	10836.9	11274	437.14**	9693.14	10166.1	472.95**
CAP 50	1221.28	1221.53	0.25	1776.24	1827.74	51.5**
Ht 29	5991.86	6374.43	382.57**	2819.04	3500.34	681.3**
Ht 50	831.01	831.02	0.01	983.37	1034.8	51.43**
NK 50	324.94	325.78	0.84	351.96	352.04	0.08
Ec 50	-872.89	-872.62	0.27	-1296.9	-1288.3	8.58**
DA 50	-898.24	-889.06	9.18**	-1884.6	-1884.1	0.47

* e **: efeito do genótipo é significativo a nível de significância igual a 5 e 1% pelo teste de qui-quadrado com 1 grau de liberdade, respectivamente.

No ambiente 2, Ht 50, NK 50 e Ec 50 foram efeitos não significativos ($p < 0.01$) para o experimento de *C. maculata* (Tabela 2). Para *C. torelliana* as únicas estimativas significativas foram CAP 29 e Ht 29.

O modelo mais adequado para estimar parâmetros genéticos e prever valores genotípicos para cada característica é aquele no qual os efeitos são significativos.

Tabela 2: Deviance do modelo completo (MC), modelo reduzido (MR_{gen}) e o teste da razão de máxima verossimilhança (LRT) para efeito do genótipo para CAP 29, CAP 50, Ht 29, Ht50, NK 50, Ec 50 e DA 50, no ambiente TLA.

Característica	<i>C. maculata</i>			<i>C. torelliana</i>		
	MC	MR_{gen}	LRT_{gen}	MC	MR_{gen}	LRT_{gen}
CAP 29	12210.5	12468.5	258.03**	11715.3	12221.4	506.03**
CAP 50	2040.88	2051.57	10.69**	2227.87	2227.87	0.00
Ht 29	7026.86	7182.71	155.85**	3938.11	4851.82	913.71**
Ht 50	1318.01	1319.37	1.36	1406.99	1407	0.01
NK 50	528.61	528.73	0.12	529.83	529.86	0.03
Ec 50	-1344	-1342.40	1.60	-1377.8	-1377.7	0.01
DA 50	-1643.9	-1629.80	14.14**	-1634.7	-1634.7	0.01

* e **: efeito do genótipo é significativo a nível de significância igual a 5 e 1% pelo teste de qui-quadrado com 1 grau de liberdade, respectivamente.

3.1.2. Componentes de Variância e Parâmetros Genéticos

As estimativas dos componentes de variância, indicam que grande parte da variação observada no ambiente ARA (Tabela 3) e no ambiente TLA (tabela 4) foi devida a causas ambientais.

As estimativas de herdabilidade no sentido restrito entre famílias (h_{ae}^2) foram mais altas para as características medidas aos 29 meses que para as característica medidas aos 50 meses, para ambas as espécies tanto no ambiente ARA (tabela 3) quanto no ambiente TLA (tabela 4).

Os coeficientes de variação genética (CV_{gen}) apresentaram valores dentro do esperado para espécies perenes tanto no ambiente ARA (tabela 3) quanto no ambiente TLA (tabela 4).

Tabela 3: Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos para *C. maculata* e *C. torelliana* no ambiente ARA.

Espécie	Características	Componentes / Parâmetros					
		σ_g^2	σ_e^2	σ_f^2	h_{ae}^2	μ	CV_{gen}
<i>C. maculata</i>	CAP 29	27.8606	85.4468	113.3074	0.6027	36.8636	0.1432
	CAP 50	3.4579	121.0970	124.5549	0.0680	35.3360	0.0526
	Ht 29	2.0182	6.9936	9.0118	0.5489	12.6519	0.1123
	Ht 50	0.1226	17.2183	17.3408	0.0173	14.8186	0.0236
	NK 50	0.0780	1.2732	1.3512	0.1415	2.1458	0.1302
	Ec 50	0.0001	0.0031	0.0032	0.0797	0.1877	0.0541
	DA 50	0.0004	0.0017	0.0022	0.5051	0.5150	0.0410
<i>C. torelliana</i>	CAP 29	5.6113	17.8053	23.4166	0.5873	33.0613	0.0716
	CAP 50	17.3680	38.4231	55.7911	0.7630	42.8443	0.0973
	Ht 29	0.4621	1.0233	1.4854	0.7625	11.1083	0.0612
	Ht 50	1.7510	3.8867	5.6377	0.7616	17.5264	0.0755
	NK 50	0.0083	0.7748	0.7831	0.0261	2.6891	0.0339
	Ec 50	0.0008	0.0061	0.0069	0.2860	0.2259	0.1254
	DA 50	0.0000	0.0009	0.0010	0.0666	0.4819	0.0106

Sendo, CAP 29: circunferência a altura do peito aos 29 meses, CAP 50: circunferência a altura do peito aos 50 meses, Ht 29: altura aos 29 meses, Ht50: altura aos 50 meses, NK 50: nota de kino aos 50 meses, Ec 50: espessura de casca ao 50 meses, DA 50: densidade aparente aos 50 meses, σ_g^2 : variância genotípica, σ_e^2 : variância residual, σ_f^2 : variância fenotípica, h_{ae}^2 : herdabilidade no sentido restrito entre, μ : média geral, CV_{gen} : coeficiente de variação genético e CV_e : coeficiente de variação residual.

Tabela 4: Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos para *C. maculata* e *C. torelliana* no ambiente TLA.

Espécie	Característica	Componentes / Parâmetros					
		σ_g^2	σ_e^2	σ_f^2	h_{ae}^2	μ	CV_{gen}
<i>C. maculata</i>	CAP 29	18.2317	95.4758	113.7076	0.3930	46.3817	0.0921
	CAP 50	22.5344	142.1498	164.6842	0.3354	49.2658	0.0964
	Ht 29	1.1032	8.7089	9.8121	0.2756	15.6755	0.0670
	Ht 50	0.7732	16.1973	16.9705	0.1117	18.6216	0.0472
	NK 50	0.0202	1.4368	1.4570	0.0340	2.3428	0.0607
	Ec 50	0.0002	0.0041	0.0044	0.1285	0.1837	0.0824
	DA 50	0.0002	0.0009	0.0011	0.4304	0.4845	0.0290
<i>C. torelliana</i>	CAP 29	11.3395	35.7104	47.0498	0.5907	44.0102	0.0765
	CAP 50	0.7288	241.3602	242.0889	0.0074	36.0634	0.0237
	Ht 29	0.8990	1.5448	2.4437	0.9016	14.2602	0.0665
	Ht 50	0.0522	20.0715	20.1238	0.0064	15.4800	0.0148
	NK 50	0.0094	1.4004	1.4098	0.0163	2.0029	0.0483
	Ec 50	0.0000	0.0043	0.0044	0.0094	0.1991	0.0207
	DA 50	0.0000	0.0012	0.0012	0.0131	0.4950	0.0053

Sendo, CAP 29: circunferência a altura do peito aos 29 meses, CAP 50: circunferência a altura do peito aos 50 meses, Ht 29: altura aos 29 meses, Ht50: altura aos 50 meses, NK 50: nota de kino aos 50 meses, Ec 50: espessura de casca ao 50 meses, DA 50: densidade aparente aos 50 meses, σ_g^2 : variância genotípica, σ_e^2 : variância residual, σ_f^2 : variância fenotípica, h_{ae}^2 : herdabilidade no sentido restrito entre, μ : média geral, CV_{gen} : coeficiente de variação genético e CV_e : coeficiente de variação residual.

3.2. Análise Conjunta

3.2.1. Teste de Significância

Utilizando o teste de máxima verossimilhança (LRT) testamos a hipótese de nulidade, que assume que não há diferença entre os modelos completo (MC) e reduzidos retirando o efeito do genótipo (MR_{gen}) e retirando o efeito da interação genótipos x

ambientes (MR_{gxa}) para as duas espécies (Tabela 4). Para *C. maculata*, o efeito do genótipo foi significativo ($p < 0,01$) para CAP 29, CAP 50, Ht 29 e DA 50. Os caracteres CAP 29 e Ht 29 apresentaram efeitos genéticos significativos para a interação. Em adicional, *C. torelliana* teve efeito de genótipo significativo para CAP 29 e Ht 29. O efeito da interação se mostrou significativo para CAP 29 e Ht 29 e Ec 50.

O IM foi construído com base nas características que apresentaram variabilidade genética, ou seja, aquelas cujo efeito do genótipo foi significativo.

Tabela 5: Deviance do modelo completo (MC), modelo reduzido sem o efeito do genótipo (MR_{gen}), modelo reduzido sem o efeito da interação (MR_{gxa}) e o LRT para ambas as situações para sete características em dois ambientes.

Espécie	Deviance	Características						
		CAP 29	CAP 50	Ht 29	Ht 50	NK 50	Ec 50	DA 50
<i>C. maculata</i>	MC	23041.88	3262.83	13027.42	2147.62	854.35	2212.36	2525.77
	(MR_{gen})	23055.54	3267.84	13046.05	2149.67	854.30	2210.89	2518.38
	(MR_{gxa})	23206.14	3262.94	13115.63	2147.63	854.85	2212.34	2523.59
	LRT_{gen}	13.66**	5.01*	18.63**	2.05	-0.05	1.47	7.39**
	LRT_{gxa}	164.26**	0.11	88.21**	0.01	0.50	0.02	2.18
<i>C. torelliana</i>	MC	21688.96	4223.30	6848.34	2569.82	910.80	2653.91	3514.00
	(MR_{gen})	21698.53	4223.23	6864.15	2569.75	910.81	2653.94	3513.99
	(MR_{gxa})	21991.27	4224.00	7305.94	2570.40	910.89	2649.13	3513.87
	LRT_{gen}	9.57**	-0.07	15.81**	-0.07	0.01	-0.03	0.01
	LRT_{gxa}	302.31**	0.70	457.60**	0.58	0.09	4.78*	0.13

Sendo, CAP 29: circunferência a altura do peito aos 29 meses, CAP 50: circunferência a altura do peito aos 50 meses, Ht 29: altura aos 29 meses, Ht50: altura aos 50 meses, NK 50: nota de kino aos 50 meses, Ec 50: espessura de casca ao 50 meses e DA 50: densidade aparente aos 50 meses. * e **: efeito do genótipo é significativo a nível de significância igual a 5 e 1% pelo teste de qui-quadrado com 1 grau de liberdade, respectivamente.

3.2.2. Componentes de Variância, Parâmetros Genéticos e Correlações genéticas

A magnitude da h_{ae}^2 na análise conjunta para *C. maculata* (Tabela 6) foi moderada para CAP 29, CAP 50, Ht 29 e DA 50 e baixa para os demais caracteres. Para *C. torelliana*, todas as características apresentaram h_{ae}^2 de baixa magnitude (próxima a zero), exceto para CAP 29 e Ht 29 (Tabela 7). Para *C. maculata*, a acurácia variou de 0,0696 a 0,8955 e para *C. torelliana* os valores de acurácia foram considerados baixos (< 0,50).

Tabela 6: Componente de variância e parâmetros genéticos e não genéticos para CAP 29, CAP 50, avaliados em *C. maculata* com base na análise conjunta.

Caracteres	CAP 29	CAP 50	Ht 29	Ht 50	NK 50	Ec 50	DA 50
σ_g^2	11.3770	13.3367	0.9093	0.6415	0.0024	0.0002	0.0002
σ_a^2	27.8847	32.6878	2.2286	1.5724	0.0058	0.0004	0.0005
σ_{gxa}^2	11.6939	2.1036	0.6507	0.0748	0.0319	0.0000	0.0001
σ_e^2	90.7189	133.6593	7.8945	16.3934	1.3826	0.0037	0.0012
σ_f^2	113.7898	149.0995	9.4545	17.1098	1.4169	0.0039	0.0015
h_{ae}^2	0.2451	0.2192	0.2357	0.0919	0.0041	0.1096	0.3320
c_{gxa}^2	0.1028	0.0141	0.0688	0.0044	0.0225	0.0068	0.0649
r_g	0.4931	0.8638	0.5829	0.8955	0.0696	0.8663	0.6770
μ	41.5042	44.2550	14.1261	17.2735	2.2733	0.1854	0.4956
h_{ad}^2	0.1820	0.1448	0.1671	0.0568	0.0025	0.0684	0.2458

σ_g^2 : variância genotípica, σ_a^2 : variância do ambiente, σ_{gxa}^2 : variância da interação genótipos x ambientes; σ_e^2 : variância residual, σ_f^2 : variância fenotípica, h_{ae}^2 : herdabilidade no sentido restrito entre, c_{gxa}^2 : coeficiente de determinação da interação genótipos x ambientes; r_g : correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes, μ : média geral, h_{ad}^2 : herdabilidade no sentido restrito dentro.

Tabela 7: Componentes de variância e parâmetros genéticos e não genéticos para CAP 29, CAP 50, Ht 29, Ht50, NK 50, Ec 50 e DA 50 para *C. torelliana* analisados via análise conjunta.

Caracteres	CAP 29	CAP 50	Ht 29	Ht 50	NK 50	Ec 50	DA 50
σ_g^2	3.4269	0.2443	0.3345	0.0222	0.0018	0.0000	0.0000
σ_a^2	8.3992	0.5987	0.8199	0.0544	0.0044	0.0000	0.0000
σ_{gxa}^2	5.0559	3.1171	0.3466	0.2415	0.0069	0.0000	0.0000
σ_e^2	26.8958	143.4334	1.2880	12.4522	1.0795	0.0011	0.0011
σ_f^2	35.3785	146.7948	1.9691	12.7159	1.0882	0.0011	0.0011
h_{ae}^2	0.2374	0.0041	0.4164	0.0043	0.0041	0.0028	0.0028
c_{gxa}^2	0.1429	0.0212	0.1760	0.0190	0.0063	0.0097	0.0097
r_g	0.4040	0.0727	0.4912	0.0842	0.2070	0.1020	0.1020
μ	37.8579	39.7611	12.4892	16.5971	2.3805	0.4878	0.4878
h_{ad}^2	0.1849	0.0025	0.3768	0.0026	0.0024	0.0017	0.0017

σ_g^2 : variância genotípica, σ_a^2 : variância do ambiente, σ_{gxa}^2 : variância da interação genótipos x ambientes; σ_e^2 : variância residual, σ_f^2 : variância fenotípica, h_{ae}^2 : herdabilidade no sentido restrito entre, c_{gxa}^2 : coeficiente de determinação da interação genótipos x ambientes; r_g : correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes, μ : média geral, h_{ad}^2 : herdabilidade no sentido restrito dentro.

As correlações genéticas entre pares de características variaram de - 0,76 a 0,94 para *C. maculata* e de -0,43 a 0,96 para *C. torelliana* (Figura 1).

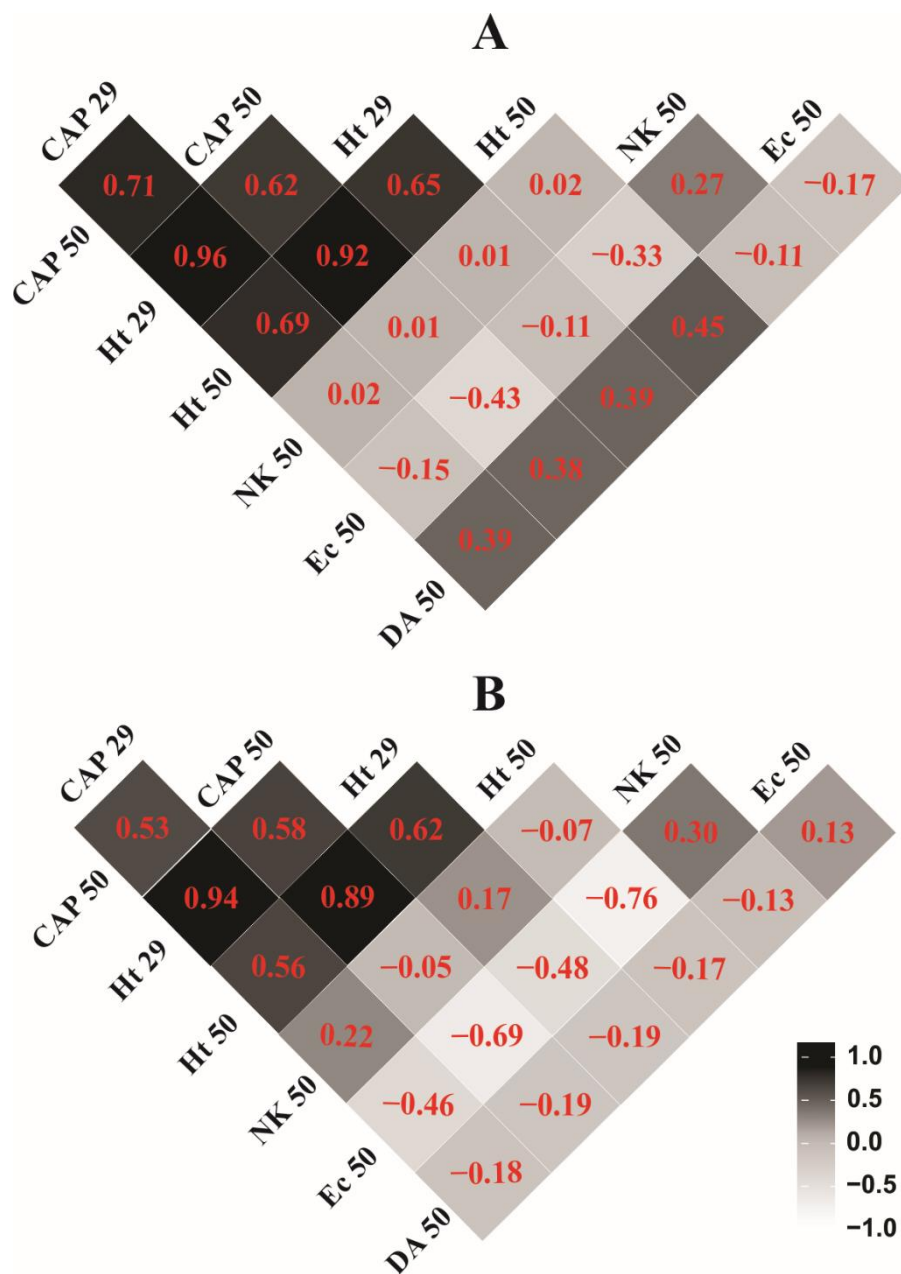


Figura 1: Correlação genética entre pares de características para *Corymbia maculata* (A) e para *Corymbia torelliana* (B).

3.3. Seleção de Famílias

As famílias de *C. maculata* selecionadas no ambiente ARA foram: 42, 3, 64, 37, 38, 12, 49, 14, 21, 16, 20, 15, 43, 8, 7, 1, 2, 5, 6 e 47 (Figura 2). No ambiente de TLA as

famílias de *C. maculata* selecionadas foram: 64, 42, 11, 21, 7, 1, 14, 38, 16, 37, 8, 6, 17, 15, 9, 3, 48, 13, 12 e 19.

As famílias de *C. torelliana* selecionadas no ambiente ARA foram: 134, 94, 125, 88, 111, 109, 101, 82, 83, 78, 76, 120, 126, 72, 99, 128, 98, 129, 73 e 122 (Figura 2). No ambiente de TLA as famílias de *C. torelliana* selecionadas foram: 135, 134, 88, 112, 83, 72, 114, 98, 125, 71, 133, 76, 110, 116, 127, 131, 86, 108, 122 e 80.

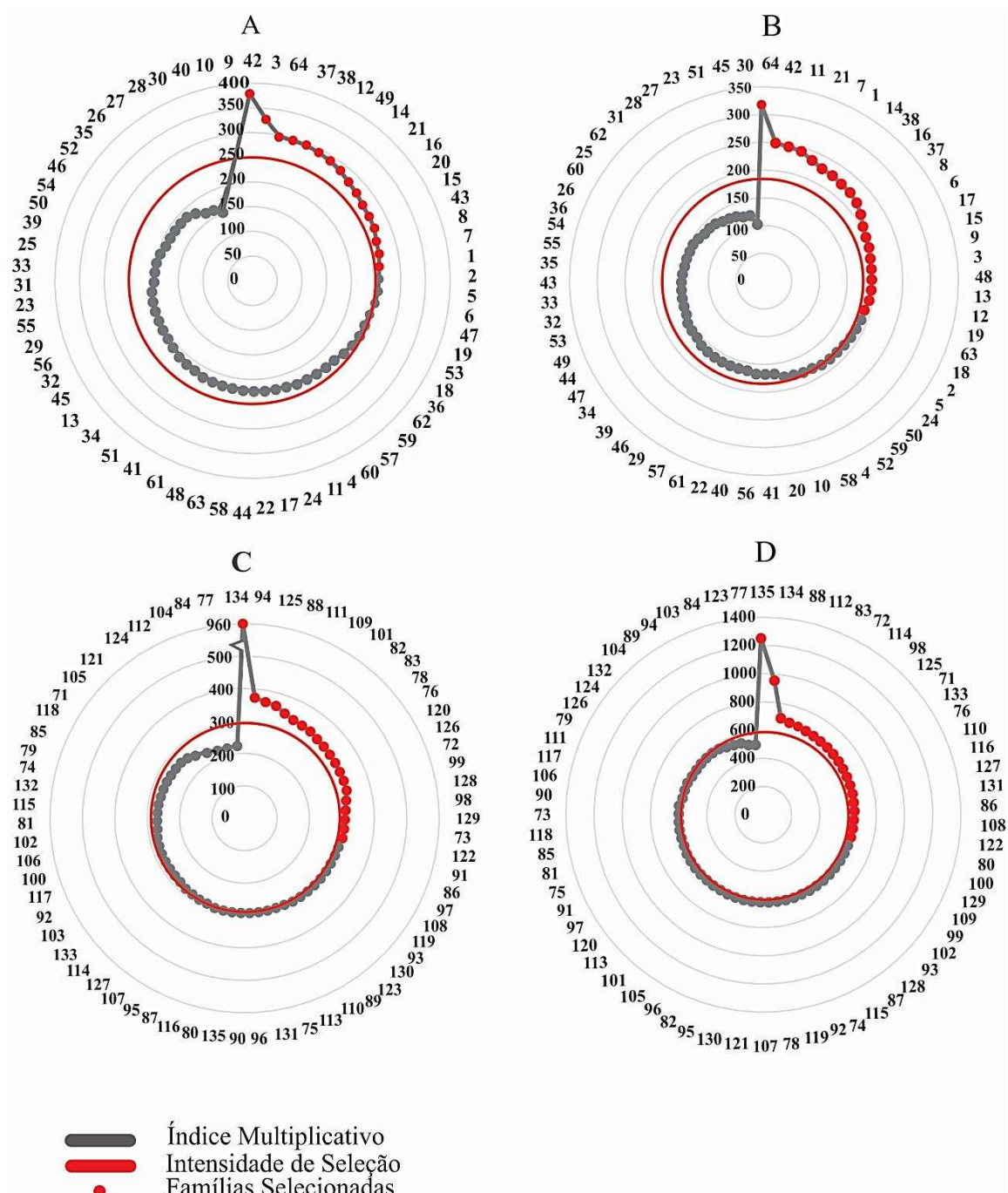


Figura 2: Ranking das famílias dos experimentos individuais e famílias selecionadas pelo Índice de Seleção Multiplicativo. Os experimentos de *Corymbia maculata* estão simbolizados por A (Aracruz) e B (Três Lagoas) e os experimentos de *Corymbia torelliana* estão simbolizados por C (Aracruz) e D (Três Lagoas).

Foi possível obter ganho direto para todas as características em todos os ambientes (Figura 3) e o ganho indireto (utilizando o índice de seleção multiplicativo) foi maior para

as características de crescimento como diâmetro altura do peito e altura de planta do que para as demais características.

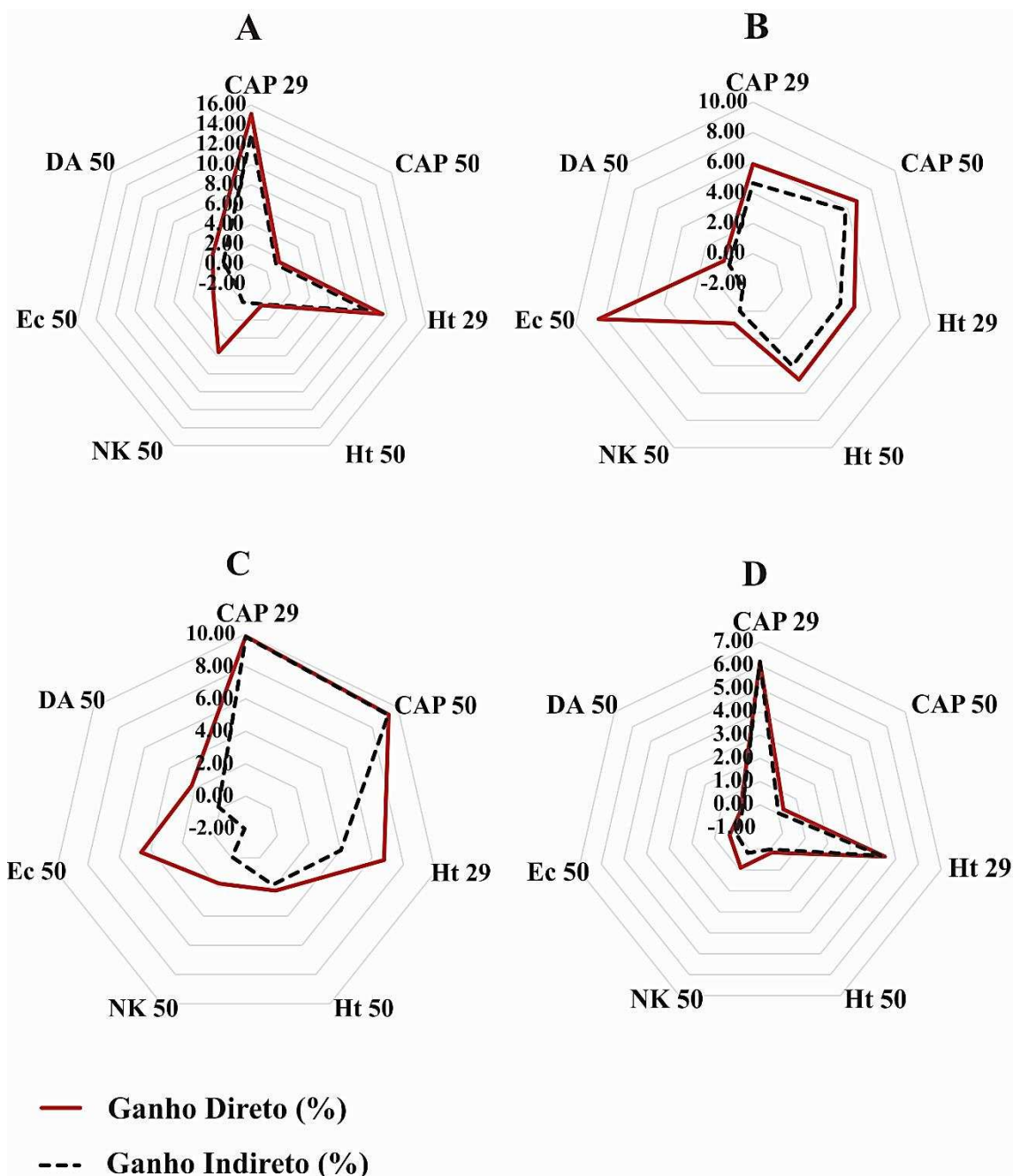


Figura 3: Ganho direto (%) e ganho indireto (%) obtido via seleção de famílias para circunferência altura do peito e altura de planta aos 29 e 50 meses e para nota de kino, espessura de casca e densidade aparente aos 50 meses. Os experimentos de Aracruz estão simbolizados por A (*Corymbia maculata*) e B (*Corymbia torelliana*) e os de TLA estão simbolizados por C (*Corymbia maculata*) e D (*Corymbia torelliana*).

Com base na análise conjunta foi possível selecionar as melhores famílias de cada espécie. Para *C. maculata* as famílias selecionadas foram: 64, 42, 21, 9, 38, 3, 7, 37, 10, 40, 11, 14, 1 16, 8, 12, 15, 6, 17 e 2. Para *C. torelliana* as famílias selecionadas foram: 134, 135, 88, 125, 83, 108, 86, 72, 98, 128, 76, 130, 133, 109, 129, 99, 110, 119, 87 e 114.(Figura 4).

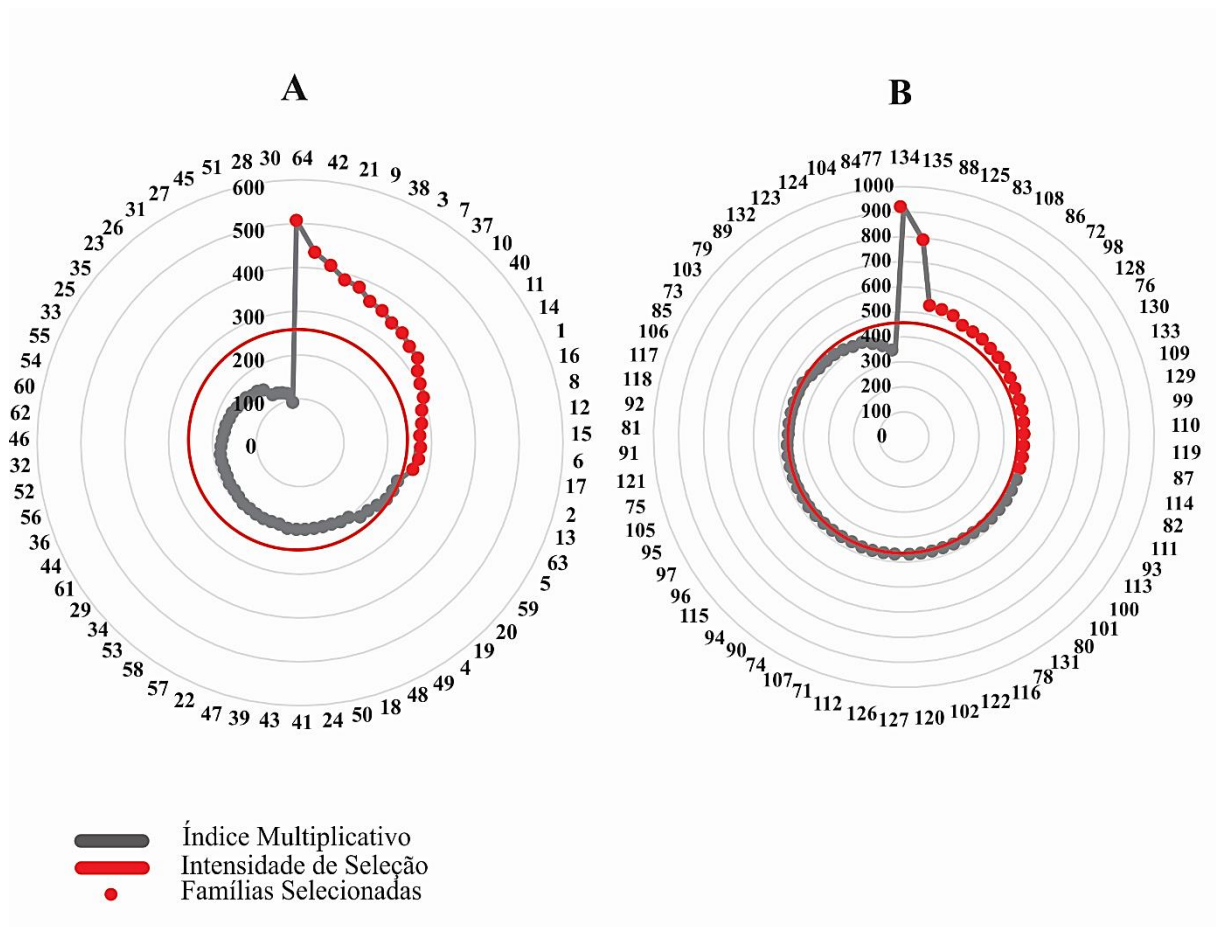


Figura 4: Ranking das famílias com base na análise conjunta e famílias selecionadas pelo Índice de Seleção Multiplicativo. A espécie *Corymbia maculata* está representada pela letra A e *Corymbia torelliana* está representado pela letra B.

O tamanho efetivo das famílias selecionadas (N_{ef}) foi de 14,86; 18,08; 18,68; 14,80; 14,90; 21,14 e 23,09 para *C. maculata* e para *C. torelliana* foi de 22,43; 14,77; 1,07; 14,73; 14,78; 22,02 e 23,90 para CAP 29, CAP 50, Ht 29, Ht 50, NK 50, Ec 50 e DA 50, respectivamente. A diversidade genética entre famílias mantida após a seleção

(D), para *C. maculata* foi de 0,23; 0,28; 0,29; 0,23; 0,23; 0,33 e 0,36 e para *C. torelliana* foi de 0,35; 0,23; 0,02; 0,23; 0,23; 0,34 e 0,37 para CAP 29, CAP 50, Ht 29, Ht 50, NK 50, Ec 50 e DA 50, respectivamente.

3.4. Seleção de Indivíduos

No experimento de *C. maculata* em Aracruz, utilizando uma intensidade de seleção que proporciona N_e igual a 30, obteve-se ganho com a seleção direta para todas as características individualmente (Tabela 8).

Tabela 8: Ganho direto via seleção individual para as características avaliadas de *C. maculata* em Aracruz – ES.

Características	Nº Ind. Selecionados	Média Original	Média Selecionados	Ganho Seletivo (%)
CAP 29	316	37.1612	48.8979	31.5832
CAP 50	63	35.3212	36.3709	2.9719
Ht 29	328	12.7226	15.6095	22.6911
Ht 50	65	14.8158	14.9128	0.6547
NK 50	83	2.1490	2.3223	8.0642
Ec 50	60	0.1879	0.1944	3.4593
DA 50	61	0.5149	0.5428	5.4185

Sendo, CAP 29: circunferência a altura do peito aos 29 meses, CAP 50: circunferência a altura do peito aos 50 meses, Ht 29: altura aos 29 meses, Ht50: altura aos 50 meses, NK 50: nota de kino aos 50 meses, Ec 50: espessura de casca aos 50 meses e DA 50: densidade aparente aos 50 meses.

No experimento de *C. torelliana* em Aracruz, obteve-se ganho com a seleção direta, utilizando uma intensidade de seleção igual a $N_e = 30$, de 17,71; 20,42; 17,80; 15,48; 1,27; 16,43 e 0,75% para CAP 29, CAP 50, Ht 29, Ht 50, NK 50, Ec50 e DA 50, respectivamente (Tabela 9).

Tabela 9: Ganho direto via seleção individual para as características avaliadas de *C. torrelliana* em Aracruz – ES.

Características	Nº Ind. Selecionados	Média Original	Média Selecionados	Ganho Seletivo (%)
CAP 29	201	33.0738	38.9329	17.7152
CAP 50	57	42.8613	51.6149	20.4231
Ht 29	187	11.1047	13.0812	17.7988
Ht 50	56	17.5327	20.2468	15.4802
NK 50	93	2.6891	2.7234	1.2755
Ec 50	75	0.2258	0.2629	16.4305
DA 50	75	0.4818	0.4854	0.7472

Sendo, CAP 29: circunferência a altura do peito aos 29 meses, CAP 50: circunferência a altura do peito aos 50 meses, Ht 29: altura aos 29 meses, Ht50: altura aos 50 meses, NK 50: nota de kino aos 50 meses, Ec 50: espessura de casca aos 50 meses e DA 50: densidade aparente aos 50 meses.

Nos experimentos de TLA, utilizando uma intensidade de seleção igual a $N_e = 30$, obteve-se ganho com a seleção direta para a espécie *C. maculata* de 17,28; 6,75; 10,76; 3,83; 2,73; 8,06 e 4,04 % para CAP 29, CAP 50, Ht 29, Ht 50, NK 50, Ec50 e DA 50, respectivamente (Tabela 10).

Tabela 10: Ganho direto via seleção individual para as características avaliadas de *C. maculata* em Três Lagoas – MS.

Características	Nº Ind. Selecionados	Média Original	Média Selecionados	Ganho Seletivo (%)
CAP 29	328	46.4994	54.5343	17.2796
CAP 50	71	49.2749	56.0213	6.7555
Ht 29	357	15.7043	17.3939	10.7588
Ht 50	73	18.6230	19.3356	3.8265
NK 50	85	2.3429	2.4070	2.7359
Ec 50	76	0.1837	0.1985	8.0566
DA 50	75	0.4847	0.5043	4.0437

Sendo, CAP 29: circunferência a altura do peito aos 29 meses, CAP 50: circunferência a altura do peito aos 50 meses, Ht 29: altura aos 29 meses, Ht50: altura aos 50 meses, NK

50: nota de kino aos 50 meses, Ec 50: espessura de casca aos 50 meses e DA 50: densidade aparente aos 50 meses.

Para *C. torelliana* obteve-se ganho seletivo por meio da seleção direta no ambiente de TLA de 18,65; 0,50; 16,69; 0,26; 1,49; 1,51 e 0,16% para CAP 29, CAP 50, Ht 29, Ht 50, NK 50, Ec50 e DA 50, respectivamente (Tabela 11).

Tabela 11: Ganho direto via seleção individual para as características avaliadas de *C. torelliana* em Três Lagoas - MS.

Características	Nº Ind. Selecionados	Média Original	Média Selecionados	Ganho Seletivo (%)
CAP 29	228	44.0152	52.2236	18.6490
CAP 50	80	36.0665	36.2463	0.4985
Ht 29	268	14.2565	16.6361	16.6913
Ht 50	95	15.4807	15.5208	0.2590
NK 50	86	2.0024	2.0322	1.4882
Ec 50	92	0.1991	0.2021	1.5068
DA 50	85	0.4950	0.4958	0.1616

Sendo, CAP 29: circunferência a altura do peito aos 29 meses, CAP 50: circunferência a altura do peito aos 50 meses, Ht 29: altura aos 29 meses, Ht50: altura aos 50 meses, NK 50: nota de kino aos 50 meses, Ec 50: espessura de casca aos 50 meses e DA 50: densidade aparente aos 50 meses.

As famílias selecionadas nos experimentos individuais são apresentadas na figura 1 e os melhores indivíduos de cada família podem ser consultados na tabela complementar (Anexo 1). As famílias selecionadas de cada espécie, com base na seleção conjunta, são apresentadas na figura 2. Os melhores indivíduos de cada família podem ser consultados na tabela complementar (Anexo 2).

3.5. Seleção Genética

Para gerar híbridos interespecíficos que serão cultivados no ambiente ARA, sugere-se que sejam cruzados, com base no índice de seleção multiplicativo, indivíduos de *C. maculata* pertencentes às famílias 42, 3, 64, 37, 38, 12, 49, 14, 21, 16, 20, 15, 43, 8, 7, 1, 2, 5, 6, 47 com indivíduos de *C. torelliana* pertencentes às famílias 134, 94, 125, 88, 111, 109, 101, 82, 83, 78, 76, 120, 126, 72, 99, 128, 98, 129, 73, 122. Para o ambiente TLA sugere-se que sejam cruzados indivíduos de *C. maculata* pertencentes às famílias 64, 42, 11, 21, 7, 1, 14, 38, 16, 37, 8, 6, 17, 15, 9, 3, 48, 13, 12 e 19, com indivíduos de *C. torelliana* pertencentes às famílias 135, 134, 88, 112, 83, 72, 114, 98, 125, 71, 133, 76, 110, 116, 127, 131, 86, 108, 122 e 80. Para a geração de híbridos, que serão plantados em ambos os ambientes, sugere-se que sejam cruzados indivíduos das famílias 64, 42, 21, 9, 38, 3, 7, 37, 10, 40, 11, 14, 16, 8, 12, 15, 6, 17 e 2 de *C. maculata* com plantas das famílias 134, 135, 88, 125, 83, 108, 86, 72, 98, 128, 76, 130, 133, 109, 129, 99, 110, 119, 87 e 114 de *C. torelliana*.

4. Discussão

4.1. Teste de Significância

Em programas de melhoramento genético de espécies florestais, a seleção somente poderá ser praticada em características que exibem variabilidade (NIELSEN et al., 2014). Por meio da análise de modelos mistos os efeitos aleatórios do modelo são testados via teste da razão de verossimilhança - LRT - (VAN EEUWIJK; BUSTOS-KORTS; MALOSETTI, 2016) expressando a variabilidade dos genótipos para as

características avaliadas. Assim, de acordo com o LRT há variabilidade genética no ambiente ARA para as características CAP 29, Ht 29 e DA 50 para *C. maculata* e para as características CAP 29, CAP 50, Ht 29, Ht 50 e Ec 50 da espécie *C. torelliana*. Para as demais características não foi possível identificar variabilidade genética.

A interação genótipos por ambientes ($G \times E$), refere-se ao comportamento diferenciado dos genótipos frente às variações ambientais (FALCONER, 1960). Na análise conjunta, o efeito dessa interação se mostrou significativo para CAP 29 e Ht 29 para *C. maculata* e para CAP 29, Ht 29 e Ec 50, para *C. torelliana*, de acordo como o teste de LRT (VAN EEUWIJK; BUSTOS-KORTS; MALOSETTI, 2016). A não detecção de variabilidade genética e da interação para a maioria das características avaliadas aos 50 meses, se deve, provavelmente, ao processo de mensuração (amostragem) adotado, uma vez que para estas características, obteve-se menores valores para o coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes (c_{gxa}^2). Baixos valores de c_{gxa}^2 indicam que a seleção genética pode ser realizada em apenas um dos locais (MARTINEZ et al., 2012).

4.2. Componentes de Variância, Parâmetros Genéticos e Correlações genéticas

As espécies de *C. maculata* e *C. torelliana* são de origem australiana. Como o experimentos foram implantados em regiões fora de sua ocorrência natural, espera-se que ocorra menor incidência de polinização cruzada, como foi observado por ((SOUTHERTON et al., 2004). Portanto, nessas populações, a correção das herdabilidades com base na taxa de autofecundação diminui o viés de estimação e gera estimativas com maior sentido biológico (TAMBARUSSI, 2018).

A herdabilidade individual no sentido restrito é um coeficiente de determinação que mede o quanto da variação total, se deve a variabilidade genotípica, ou seja, a relação entre o fenótipo e o valor genético (FALCONER, 1987). De acordo com Resende (2015), as herdabilidades individuais no sentido restrito podem ser classificadas como baixa magnitude ($0,01 \leq h_{ae}^2 \leq 0,15$) moderada magnitude ($0,15 \leq h_{ae}^2 \leq 0,50$) e alta magnitude ($h_{ae}^2 \geq 0,50$). Para *C. maculata*, CAP 29, Ht 29, DA 50 no ambiente ARA e Ht 50 no ambiente TLA apresentam alta magnitude. CAP 29, CAP 50, Ht 29 e DA 50 no ambiente TLA, apresentam moderada magnitude e as demais características para esta espécie são classificadas como baixa magnitude. Para *C. torelliana*, CAP 29, CAP 50, Ht 29, Ht 50 no ambiente ARA e CAP 29 e Ht 29 no ambiente TLA exibem alta magnitude. Ec 50 no ambiente ARA moderada e as demais características são classificadas como baixa magnitude. Na análise conjunta CAP 29, CAP 50, Ht 29 e DA 50 exibiram herdabilidades no sentido restrito entre famílias de moderada magnitude para *C. maculata* e CAP 29 e Ht 29 de baixa magnitude para *C. torelliana*. As demais características tiveram a herdabilidade no sentido restrito entre classificadas como baixa. Logo, para características que expressam maior herdabilidade, há maior confiança no valor genético associado à esta característica (FALCONER et al., 1987).

A proximidade entre os valores genéticos preditos e verdadeiros, são avaliados com base na acurácia seletiva r_g que é uma medida de qualidade das informações do experimento para prever os valores genéticos (VAN VLECK; POLLAK; OLTENACU, 1987). Segundo Resende and Duarte (2007), para *C. maculata*, a acurácia é classificada como baixa para NK 50, moderada para CAP 29 e DA 50 e alta para as demais características. Para *C. torelliana*, os valores de acurácia foram todos inferiores a 0,50 o que indica baixa acurácia e baixa precisão experimental, que provavelmente deve-se a alta taxa de mortalidade observada em campo. Quanto maior a acurácia, maior a

confiabilidade para realizar a seleção, pois menores são os desvios entre os valores genéticos paramétricos e os valores genéticos estimados ou preditos (RESENDE; DUARTE, 2007). O aumento da acurácia é possível por meio do aumento do número de repetições (RESENDE, 2002).

O coeficiente de variação genético individual representa a fração da variação fenotípica total que é natureza genética (RESENDE, 2002), estando correlacionado com a possibilidade de ganho com a seleção. Segundo Pimentel-Gomes, (2009), esta estimativa foi média ($10 \geq CV_{gen} \geq 20$) para CAP 29 e Ht 29 nos experimento de *C. maculata* em ARA e para Ec 50 no experimento de *C. torelliana* também em ARA. Para as demais características neste ambiente, bem como para todas as características no ambiente TLA as estimativas do coeficiente de variação genético foram classificadas como baixas ($CV_{gen} \leq 10$). Para as características de crescimento (CAP 29 e CAP 50) os valores ficaram dentro do esperados para Corymbias e outras espécies florestais comerciais (SATO et al., 2010; BUENO DE MORAES et al., 2014; COSTA et al., 2015). No geral, espera-se maior CV_{gen} para as características de crescimento do que para outras propriedades da madeira (YANG et al., 2018).

A grande variação dos valores de correlações genéticas entre pares de características demonstra a complexidade de selecionar com base em vários caracteres simultaneamente. As características de crescimento CAP e Ht são fortemente correlacionas, como encontrado por Alves (2018) e por Behera (2017) para *Eucalyptus*. Logo, ao selecionar para o aumento de uma característica, espera-se consequente aumento na outra (BEHERA et al., 2017). A espessura de casca apresentou correlação negativa com as características de crescimento, indicando que é possível selecionar árvores maiores e com menor percentual de casca (FIGUEIREDO; SCOLFORO; OLIVEIRA,

2005). O que é vantajoso, uma vez que a casca é um componente pouco valioso no processo industrial (PUPIN et al., 2017).

4.3. Ganho com a Seleção

O índice de seleção permite ganho genotípico ponderando um grupo de características de interesse, uma vez que seleciona com base em um agregado formado pela contribuição de todos os caracteres avaliados (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Os índices seletivos veem sendo amplamente usados para a seleção de famílias em programas de seleção recorrente de diversas culturas (SHARMA; DUVEILLER, 2003; SILVA; VIEIRA, 2008; SEZEGEN; CARENA, 2009; MARCELO et al., 2013; VIEIRA et al., 2016; ALVES et al., 2018b). Portanto, espera-se maior eficiência ao selecionar com base no índice que por meio da seleção direta, uma vez que pode haver correlação negativa entre caracteres, como por exemplo altura de planta e densidade aparente (SYOFYAN et al., 2019).

Cabe ressaltar que, naturalmente, houve diminuição no tamanho efetivo de famílias após a seleção, uma vez que nem todas as famílias foram selecionadas. A diversidade genética mantida entre famílias e o tamanho efetivo das famílias selecionadas é uma estratégia que auxilia na manutenção da variabilidade genética para os próximos ciclos seletivos (RESENDE, 2002)

Resende (2002) demonstra que 20 famílias são suficientes para iniciar um programa de melhoramento. Portanto, de posse das famílias selecionadas, uma interessante alternativa para futuros trabalhos seria o uso da seleção recorrente recíproca interpopulacional (SRRI) proposta por Comstock (1949) com o objetivo de combinar

genótipos divergentes. Dessa forma será possível continuar a selecionar, recombinar e avaliar estas famílias, melhorando-as ao longo do tempo (ZE-HUI *et al.*, 2013).

Nestes cruzamentos, recomenda-se o uso de *C. torelliana* como o genitor feminino, uma vez que esta espécie apresenta, em média, capacidade de enraizamento 30% superior em relação a outras espécies do gênero (REIS *et al.*, 2014). Logo, explorar essa vantagem pode aumentar a chance de sucesso dos cruzamentos e de propagação dos híbridos.

Em adicional, notou-se na revisão de literatura que muitos trabalhos não consideram a taxa de endogamia presente em espécies florestais o que pode estar comprometendo a acurácia das estimativas de variância genética aditiva, os parâmetros genéticos e, portanto, o ganho genético com a seleção (TAMBARUSSI *et al.*, 2018). Por fim, sugere-se que melhoristas florestais considerem a taxa de endogamia da população quando houver indícios de sua existência.

5. Conclusão

A variabilidade genética para as características associada aos valores de herdabilidades individuais e de média das famílias, sugerem um cenário positivo ao melhoramento das populações de *Corymbia* permitindo liberar variabilidade e encontrar indivíduos geneticamente superiores para os tradicionais usos da madeira.

Os parâmetros genéticos estimados indicam que as populações exibem variabilidade genética permitindo ganho com a seleção direta para todas as características estudadas.

O uso do IM e o N_e permitiu ranquear e selecionar as famílias superiores de cada experimento individual, além da seleção dentro de cada espécie, por meio da análise conjunta.

Por fim, foi possível definir os melhores cruzamentos entre a população de *C. torelliana* e *C. citriodora* para cada região ou para ambas as regiões simultaneamente. Logo, será possível delinear uma estratégia de Seleção Recorrente Recíproca Interpopulacional (SRRI) visando explorar o vigor híbrido e maximizar o ganho genético com o processo de seleção.

6. Referências

- ALVES, R. S.; DE AZEVEDO PEIXOTO, L.; TEODORO, P. E.; et al. Selection of *Jatropha curcas* families based on temporal stability and adaptability of genetic values. **Industrial Crops and Products**, v. 119, n. April, p. 290–293, 2018
- ALVES, R. S.; TEODORO, P. E.; DE RESENDE, M. D. V.; et al. Multiple-trait BLUP: a suitable strategy for genetic selection of *Eucalyptus*. **Tree genetics & genomes**, v. 14, n. 5, p. 77, 2018.
- BAAYEN, R. H. Language R: Data sets and functions with "Analyzing linguistic data: A practical introduction to statistics", 2010.
- BACLES, C. F. E.; BROOKS, J.; LEE, D. J.; et al. Reproductive biology of *Corymbia citriodora* subsp. *variegata* and effective pollination across its native range in Queensland, Australia. **Southern Forests**, v. 71, n. 2, p. 125–132, 2009.
- BEHERA, L.; KUMAR JHA, S.; GUNAGA, R.; NAYAK, D. Genetic variability and correlation study for growth characters among clones of *Eucalyptus*. **International Journal of Chemical Studies**, v.763, p.763-765, 2017.
- BERGLUND, J. Resin Profile in a Bleached Kraft Pulp Process. **Royal Institute of Technology**, Stockholm, Sweden, 2012.
- BOLAND, D. J.; BROOKER, M. I. H.; CHIPPENDALE, G. M.; et al. **Forest Trees of Australia**. 2006.
- BUENO DE MORAES, C.; FERNANDES BRIZOLLA, T.; GAMA TEIXEIRA, L.; et al. Scientia Forestalis Estimativas dos parâmetros genéticos para seleção de árvores de *Eucalyptus* Estimates of genetic parameters for selection of trees in *Eucalyptus*. **Scientia Forestalis/Forest Sciences**, v. 42, n. 104, p. 623–629, 2014.
- CARLOS, J.; PEREIRA, D. **Características da madeira de algumas espécies de**

eucalipto plantadas no Brasil. Colombo, PR, 2000.

COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H. F.; HARVEY, P. H. A Breeding Procedure Designed To Make Maximum Use of Both General and Specific Combining Ability1. **Agronomy Journal**, v. 41, n. 8, p. 360, 1949.

COSTA, R. B. DA; MARTINEZ, D. T.; CHICHORRO, J. F.; et al. Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais IPEF. **Scientia Forestalis/Forest Sciences**, v. 43, n. 105, p. 211–216, 2015.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Editora UFV, 2012.

DARROW, W. K. Provenance Trials of Eucalyptus maculata In South Africa: Tenth Year Results. **South African Forestry Journal**, v. 133, n. 1, p. 12–17, 1985.

DICKINSON, G. R.; WALLACE, H. M.; LEE, D. J. Reciprocal and advanced generation hybrids between *Corymbia citriodora* and *C. torelliana*: Forestry breeding and the risk of gene flow. **Annals of Forest Science**, v. 70, n. 1, p. 1–10, 2013.

VAN EEUWIJK, F. A.; BUSTOS-KORTS, D. V.; MALOSETTI, M. What should students in plant breeding know about the statistical aspects of genotype × environment interactions? **Crop Science**, v. 56, n. 5, p. 2119–2140, 2016.

FALCONER, D. S. Introduction to quantitative genetics. **Introduction to quantitative genetics.**, 1960. Oliver & Boyd, Edinburgh & London.

FIGUEIREDO, E. O.; SCOLFORO, J. R. S.; OLIVEIRA, A. D. DE. Estimativa do Percentual de Casca e do Fator de Forma em Povoamentos. **Comunicado técnico - EMBRAPA**, p. 1–5, 2005.

DOS SANTOS, P. E.; JÚNIOR, J.E.; FILHO, E. P. Escolha do material genético. **Agência Embrapa de Informação tecnológica**. Disponível em: https://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/eucalipto/arvore/CONTAG01_108_1912_200211920.html

FOELKEL, C. **Casca da árvore do eucalipto**: Aspectos morfológicos, fisiológicos, florestais, ecológicos e industriais, visando a produção de celulose e papel. Disponível em: <https://docplayer.com.br/10942916-Casca-da-arvore-do-eucalipto-aspectos-morfologicos-fisiologicos-florestais-ecologicos-e-industriais-visando-a-producao-de-celulose-e-papel.html>

HENDERSON, C. R.; QUAAS, R. L. Multiple Trait Evaluation Using Relatives' Records. **Journal of Animal Science**, v. 43, n. 6, p. 1188–1197, 1976. Narnia.

HILL, K. D.; JOHNSON, L. A. S. Systematic studies in the eucalypts 7. A revision of the bloodwoods, genus *Corymbia* (Myrtaceae). **Teloepa**, v. 6, n. 2/3, p. 185–504, 1995.

HODGSON, L. M. Some Aspects of Flowering and Reproductive Behaviour in *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden at J.D.M. Keet Forest Research Station. 2. The fruit, seed, seedlings, self fertility, selfing and inbreeding effects / ASPEKTE VAN BLOM EN VOORTPLANTINGSGEDRAG VAN E. **South African Forestry Journal**, v. 98, n. 1, p. 32–43, 1976.

INDUSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES. **Report IBA 2019**. 2019.

KOTTEK, M.; GRIESER, J.; BECK, C.; RUDOLF, B.; RUBEL, F. World Map of the Köppen-Geiger climate classification updated. *Meteorologische Zeitschrift*, v. 15, n. 3, p. 259–263, 2006.

LARSEN, E. **A study of the variability of *Eucalyptus maculata* Hook and *E. citriodora* Hook.**, n. No. 95, 1965.

LEE, D. J.; HUTH, J. R.; BRAUNER, J. T.; DICKINSON, G. R. Comparative performance of corymbia hybrids and parental species in subtropical Queensland and implications for breeding and deployment. *Silvae Genetica*, v. 58, n. 5–6, p. 205–212, 2009.

MARCELO, V.; DA SILVEIRA, S. F.; SILVAS VIVAS, J. M.; PEREIRA, M. G. Predição de ganhos genéticos e seleção de progênies de mamoeiro para resistência à pinta-preta. *Tropical Plant Pathology*, v. 38, n. 2, p. 142–148, 2013.

MARTINEZ, D. T.; RESENDE, M. D. V. DE; COSTA, R. B. DA; et al. Estudo da interação genótipo x ambiente em progênies de *Pinus taeda* por meio da análise de parâmetros genéticos. *Floresta*, v. 42, n. 3, p. 539–552, 2012.

MIMURA, M.; BARBOUR, R. C.; POTTS, B. M.; VAILLANCOURT, R. E.; WATANABE, K. N. Comparison of contemporary mating patterns in continuous and fragmented *Eucalyptus globulus* native forests. *Molecular Ecology*, v. 18, n. 20, p. 4180–4192, 2009.

MONTANER, C.; FLORIS, E.; ALVAREZ, J. M. Geitonogamy: a mechanism responsible for high selfing rates in borage (*Borago officinalis* L.). *Theor Appl Genet*, p. 375–378, 2001.

NIELSEN, H. B.; ALMEIDA, M.; JUNCKER, A. S.; et al. Identification and assembly of genomes and genetic elements in complex metagenomic samples without using reference genomes. *Nature Biotechnology*, v. 32, n. 8, p. 822–828, 2014.

NOBAKHT, M.; TRUEMAN, S. J.; WALLACE, H. M.; et al. Antibacterial Properties of Flavonoids from Kino of the Eucalypt Tree, *Corymbia torelliana*. **Plants (Basel, Switzerland)**, v. 6, n. 3, 2017. Multidisciplinary Digital Publishing Institute (MDPI).

OGBOURNE, S. M.; PARSONS, P. G. The value of nature's natural product library for the discovery of New Chemical Entities: The discovery of ingenol mebutate. *Fitoterapia*, v. 98, p. 36–44, 2014.

PATTERSON, B.; GORE, P.; POTTS, B. M.; VAILLANCOURT, R. E. Advances in pollination techniques for large-scale seed production in *Eucalyptus globulus*. **Australian Journal of Botany**, v. 52, n. 6, p. 781–788, 2004.

PATTERSON, B.; VAILLANCOURT, R. E.; PILBEAM, D. J.; POTTS, B. M. Factors affecting variation in outcrossing rate in *Eucalyptus globulus*. **Australian Journal of Botany**, v. 52, n. 6, p. 773, 2004.

PATTERSON, B.; VAILLANCOURT, R. E.; POTTS, B. M. **Eucalypt seed collectors: beware of sampling seedlots from low in the canopy.** 2001.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika*, v. 58, n. 3, p. 545–554, 1971. Narnia.

- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de Estatística Experimental**. Piracicaba, FEALQ, v. 15, 2009.
- PINHEIRO, J.; BATES, D. **Mixed-effects models in S and S-PLUS**. Springer Science & Business Media, 2006.
- PONCE, R.H. Madeira serrada de eucalipto: desafios e perspectivas. In: SEMINÁRIO INTERNACIONAL DE UTILIZAÇÃO DA MADEIRA DE EUCALIPTO PARA SERRARIA, 1995. São Paulo. **Anais**. Piracicaba: IPEF/IPT, 1995. p.50-58
- POTTS, B.; MCGOWEN, M.; WILLIAMS, D.; et al. **Advances in reproductive biology and seed production systems of Eucalyptus**: The case of *Eucalyptus globulus*, v. 70, 2009.
- PUPIN, S.; ZARUMA, D. U. G.; DE SOUZA, C. S.; et al. Parâmetros genéticos para caracteres de crescimento, espessura de casca e densidade básica da madeira em progênies de *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake. **Scientia Forestalis/Forest Sciences**, v. 45, n. 115, 2017. University of Sao Paulo.
- RAO, C. R. (ORG.). **Linear Statistical Inference and its Applications**. Hoboken, NJ, USA: John Wiley & Sons, Inc., 1973.
- REIS, C. A. F.; ASSIS, T. F. DE; SANTOS, A. M.; FILHO, E. P. *Corymbia torelliana*: estado da arte de pesquisas no Brasil. **Documentos, EMBRAPA**, v. 261, p. 2014, 2014.
- RESENDE, M. D. V. **Biometric genetics and statistics in perennial plant breeding *Eucalyptus* (in portuguese)**. Embrapa Informação Tecnológica, Colombo: Embrapa Florestas, 2002.
- RESENDE, M. D. V. **Genética Quantitativa e de Populações**. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2015.
- RESENDE, M. D. V. DE. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Emprapa Informação Tecnológica, 2002.
- RESENDE, M. D. V. DE. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 4, p. 330–339, 2016.
- RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precision and quality control in cultivation evaluation experiments (in portuguese). **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182–194, 2007.
- RESENDE, M. D. V. Genética quantitativa e de populações. **Suprema, Visconde do Rio Branco**, 2015.
- SALVIANO, M. F.; GROPPPO, J. D.; PELLEGRINO, G. Q. Trends Analysis of Precipitation and Temperature Data in Brazil, **Revista Brasileira de meteorologia**, v.31, n. 1, 2016.
- SANDON, F.; COCHRAN, W. G.; COX, G. M. Experimental Designs. **The Mathematical Gazette**, v. 42, n. 342, p. 334, 1958. Cambridge University Press.
- SATO, A. S.; FREITAS, M. L. M.; DE LIMA, I. L.; et al. Variação genética entre e dentro de procedências e progênies de *Corymbia maculata* (Hook.) K. D. Hill and L. A. S. Johnson, em pederneiras, sp. **Cerne**, v. 16, n. 1, p. 60–67, 2010.

- SEZEGEN, B.; CARENA, M. J. Divergent recurrent selection for cold tolerance in two improved maize populations. **Euphytica**, v. 167, n. 2, p. 237–244, 2009.
- SHARMA, R. C.; DUVEILLER, E. Selection Index for Improving Helminthosporium Leaf Blight Resistance, Maturity, and Kernel Weight in Spring Wheat. **Crop Science**, v. 43, n. 6, p. 2031–2036, 2003.
- SHEPHERD, M.; POMROY, P.; DIETERS, M.; LEE, D. Genetic control of propagation traits in a single *Corymbia torelliana* × *Corymbia variegata* family. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 37, n. 12, p. 2563–2574, 2007.
- SILVA, G. O. DA; VIEIRA, J. V. Componentes genéticos e fenotípicos para caracteres de importância agrônômica em população de cenoura sob seleção recorrente. **Horticultura Brasileira**, v. 26, n. 4, p. 481–485, 2008.
- SILVA, M. A. **Caracterização fisiológica em mudas de eucalyptus citriodora hook submetidas a déficit hídrico**. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais). Universidade Federal Rural de Pernambuco, PE, 2008.
- SOUTHERTON, S. G.; BIRT, P.; PORTER, J.; FORD, H. A. Review of gene movement by bats and birds and its potential significance for eucalypt plantation forestry. **Australian Forestry**, v. 67, n. 1, p. 44–53, 2004. Taylor & Francis.
- SQUILLACE, A. E. Average genetic correlations among offspring from open-pollinated forest trees. **Silvae Genet**, v. 23, 1974.
- SUBANDI, W. A.; COMPTON, W. A.; EMPIG, L. T. Comparison of the Efficiencies of Selection Indices for Three Traits in Two Variety Crosses of Corn 1. **Crop science**, v. 13, n. 2, p. 184–186, 1973.
- SYOFYAN, L.; MAIDELIZA, T.; . S.; . M. Variation of Wood Density and Anatomical Characters from Altitude Differences: Case Study of Selected Fabaceae Trees in West Sumatra Secondary Forest, Indonesia. **KnE Engineering**, v. 1, n. 2, p. 190, 2019.
- TAMBARUSSI, E. V.; PEREIRA, F. B.; DA SILVA, P. H. M.; LEE, D.; BUSH, D. Are tree breeders properly predicting genetic gain? A case study involving *Corymbia* species. **Euphytica**, v. 214, n. 8, 2018. Springer Netherlands.
- VIEIRA FILHO, J. E. R. Expansão da fronteira agrícola no Brasil: desafios e perspectivas. **Texto para Discussão**, v. 2223, p. 28, 2016.
- VIEIRA, R. A.; ROCHA, R.; SCAPIM, C. A.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; VIVAS, M. Selection index based on the relative importance of traits and possibilities in breeding popcorn. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 2, p. 1–11, 2016.
- VAN VLECK, L. D.; POLLAK, E. J.; OLTENACU, E. A. **Genetics for the animal sciences**. WH freeman and Company, 1987.
- WEI, R.-P.; LINDGREN, D. Effective Family Number Following Selection with Restrictions. **International Biometric Society**, v. 52, n. 2, p. 525-535, 1996.
- WRIGHT, S. Coefficients of Inbreeding and Relationship. **The American Naturalist**, v. 56, n. 645, p. 330–338, 1922.
- YANG, H.; WENG, Q.; LI, F.; et al. Genotypic Variation and Genotype-by-Environment Interactions in Growth and Wood Properties in a Cloned *Eucalyptus urophylla* × *E.*

tereticornis Family in Southern China. **Forest Science**, v. 64, n. 3, p. 225–232, 2018.

ZE-HUI, C.; YUN-FANG, Z.; AN-GUI, W.; et al. Two Maize Populations of Tuxpeno-Reid and Suwan-Lancaster by Reciprocal Recurrent Selection and the Heterosis. **Journal of Maize Sciences**, n. 4, p. 1-5, 10, 2013.