

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO CENTRO-OESTE, UNICENTRO-PR

**GANHOS GENÉTICOS VIESADOS PELO SISTEMA
MISTO DE REPRODUÇÃO EM *Eucalyptus* spp.**

DISSERTAÇÃO

CAROLINE STEIN

IRATI –PR

2017

CAROLINE STEIN

GANHOS GENÉTICOS VIESADOS PELO SISTEMA MISTO DE REPRODUÇÃO EM
Eucalyptus spp.

Dissertação apresentada à Universidade Estadual do Centro-Oeste, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Ciências Florestais, área de concentração Manejo Sustentável de Recursos Florestais, para obtenção do título de Mestre em Ciências Florestais.

Prof. Dr. Evandro Vagner Tambarussi

Orientador

Prof. Dr. João Ricardo Bachega Feijó Rosa

Coorientador

IRATI-PR

2017

Catálogo na Fonte
Biblioteca da UNICENTRO

STEIN, Caroline.

S819g

Ganhos genéticos viesados pelo sistema misto de reprodução em *Eucalyptus* spp. / Caroline Stein. – Irati, PR : [s.n], 2017.

38f.

Orientador: Prof. Dr. Evandro Vagner Tambarussi

Coorientador: Prof. Dr. João Ricardo Bacheга Feijó Rosa

Dissertação (mestrado) - Programa de Pós-Graduação em Ciências Florestais. Área de Concentração: Manejo Sustentável de Recursos Florestais. Universidade Estadual do Centro-Oeste, PR.

1. Engenharia Florestal – dissertação. 2. Eucalipto. 3. Genética. 4. Melhoramento florestal.
I. Tambarussi, Evandro Vagner. II. Rosa, João Ricardo Bacheга Feijó. III. UNICENTRO. IV. Título.

CDD 583.42

TERMO DE APROVAÇÃO

Defesa Nº 110

Caroline Stein

**“Ganhos genéticos viesados pelo sistema misto de reprodução
em *Eucalyptus* spp.”**

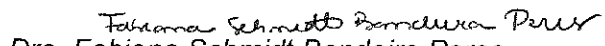
Dissertação aprovada em 06/11/2017 como requisito parcial para obtenção do grau de Mestre, no Programa de Pós-Graduação em Ciências Florestais, área de concentração em Manejo Sustentável de Recursos Florestais, da Universidade Estadual do Centro-Oeste, pela seguinte Banca Examinadora:



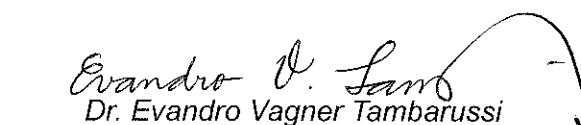
Dra. Dagma Kratz
Universidade Federal do Paraná
Primeira Examinadora



Dr. João Ricardo Bachega Feijó Rosa
FTS Sementes
Segundo Examinador



Dra. Fabiana Schmidt Bandeira Peres
Universidade Estadual do Centro-Oeste
Terceira Examinadora



Dr. Evandro Vagner Tambarussi
Universidade Estadual do Centro-Oeste
Orientador e Presidente da Banca Examinadora

Irati - PR
2017

AGRADECIMENTOS

Aos meus pais, por sempre me apoiarem e darem suporte em todas as minhas escolhas, me incentivarem a continuar nessa caminhada. Obrigada pai e mãe pelos sacrifícios feitos até hoje para que eu pudesse chegar aonde cheguei.

À minha irmã, pelo incentivo, carinho, por ouvir meus desabafos, e compreender a minha ausência.

Ao meu namorado, por me apoiar, e me incentivar a ser uma pessoa melhor a cada dia.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Evandro Vagner Tambarussi, pela orientação ao longo deste trabalho, pelos muitos conselhos, e pela paciência, por me incentivar e dar oportunidade de desenvolver e expandir meus horizontes acadêmicos.

Ao meu co-orientador, Prof. Dr. João Ricardo Bachega Feijó Rosa, pelas muitas contribuições ao longo do desenvolvimento do trabalho.

À Aperam BioEnergia, na pessoa do MSc. Rodolfo Costa por ter cedido o estágio de férias ao graduando Matheus Perek e os dados da pesquisa.

Aos colegas de laboratório, pelos momentos de descontração, amizade, apoio.

A todos meus amigos que de alguma forma sempre estiveram presentes, física ou emocionalmente.

À Universidade Estadual do Centro-Oeste pela disponibilidade da infraestrutura e aos seus funcionários, por todo suporte prestado.

À Fundação Araucária, pela concessão da bolsa e a todos que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS	i
LISTA DE FIGURAS	ii
RESUMO	iii
ABSTRACT	iv
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	3
2.1. Objetivo geral	3
2.2. Objetivos específicos	3
3. REVISÃO DE LITERATURA	4
3.1. <i>Eucalyptus</i> no Brasil	4
3.2. <i>Eucalyptus camaldulensis</i> Dehn	4
3.3. <i>Eucalyptus pellita</i> F. Muell	6
3.4. Sistemas de reprodução e a sua importância para o melhoramento	7
3.5. Parâmetros genéticos	8
3.5.1. Diferenciação genética entre e dentro de procedências (populações)	8
3.5.2. Coeficientes de variação.....	9
3.5.3. Coeficientes de herdabilidade	10
3.5.4. Ganhos de seleção e perdas	11
3.5.5. Correlações genéticas e fenotípicas.....	12
4. MATERIAL E MÉTODOS	13
4.1. Local e delineamento experimental	13
4.2. Análise e componentes de variância	15
4.3. Estimativa dos parâmetros genéticos	16
4.4. Ganhos de seleção	18
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	20
5.1. Análise e componentes de variância	20
5.2. Diferenciação genética entre e dentro de procedências	20
5.3. Coeficientes de variação	22

5.4. Coeficientes de herdabilidades e ganhos genéticos	24
5.5. Correlações fenotípicas e genéticas	28
6. CONCLUSÃO	29
7. REFERÊNCIAS	30

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Localização e características dos testes de progênies de <i>E. camaldulensis</i> e <i>E. pellita</i> , realizados em polinização aberta, estabelecidos em Itamarandiba, estado de Minas Gerais, mensurados aos 25 meses de idade.	14
Tabela 2 - Análise de variância e seus respectivos componentes quadráticos aplicados para cada caractere.	15
Tabela 3 - Análise de variância do teste de progênies e procedências de <i>E. camaldulensis</i> e <i>E. pellita</i> , referente aos caracteres diâmetro à altura do peito (DAP), altura (H) e volume (VOL), mensurados aos 25 meses de idade em Itamarandiba-MG, e seus respectivos componentes quadráticos aplicados para cada caractere.	20
Tabela 4 - Estimativas genéticas para progênies de <i>E. pellita</i> e <i>E. camaldulensis</i> em relação à divergência genética entre e dentro de progênies e procedências, para os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP), altura (H) e volume (VOL), aos 25 meses de idade em Itamarandiba-MG.	21
Tabela 5 - Estimativas genéticas para progênies de <i>E. pellita</i> e <i>E. camaldulensis</i> em relação ao diâmetro à altura do peito (DAP), altura (H) e volume (VOL), com 25 meses de idade em Itamarandiba-MG..	22
Tabela 6 - Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP), altura (H) e volume (VOL), assumindo progênies de <i>E. pellita</i> como meios-irmãos (MI) e de sistema misto de cruzamento (SM) e progênies de <i>E. camaldulensis</i> como meios-irmãos (MI), mensurados aos 25 meses de idade em Itamarandiba-MG.	26
Tabela 7 - Estimativas de correlações genéticas (\hat{r}_g) e fenotípicas (\hat{r}_f) entre os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP), altura (H) e volume (VOL), para progênies de <i>E. pellita</i> e <i>E. camaldulensis</i> , com 25 meses de idade em Itamarandiba- MG.	29

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Localização das procedências de <i>E. peltita</i> e de <i>E. camaldulensis</i> , nos países Austrália e Papua-Nova Guiné.	14
--	----

RESUMO

As estimativas de variâncias genéticas e coeficientes de herdabilidades são fundamentais em programas de melhoramento genético para a quantificação do ganho que será obtido com a seleção. Nesta pesquisa objetivou-se comparar espécies de eucalipto com diferentes sistemas reprodutivos para avaliar as superestimativas dos ganhos genéticos quando se desconsidera o correto sistema de reprodução das espécies. Foram testadas cinco procedências de *Eucalyptus camaldulensis* (preferencialmente alógama) e sete procedências de *Eucalyptus pellita* (preferencialmente mista). Os experimentos foram instalados em condições de campo no ano de 2014, com o delineamento de blocos completos casualizados com dez repetições e sete plantas por parcela para *E. camaldulensis* e seis plantas por parcela para *E. pellita*. Aos dois anos de idade foram mensurados os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP), altura (H) e volume (VOL). A herdabilidade média (\hat{h}_m^2) variou entre 0,96 (DAP), 0,93 (VOL) a 0,90 (H) para *E. pellita* e de 0,49 (DAP), 0,48 (H) a 0,32 (VOL) para *E. camaldulensis*. Por meio das superestimativas observadas do ganho genético, as perdas variaram de 56,81% a 75,60%. As correlações genotípicas e fenotípicas foram altas e estatisticamente significativas para todos os caracteres, indicando a possibilidade de realizar a seleção indireta. Esses resultados mostram que a incorporação de dados do sistema reprodutivo nas estimativas de parâmetros genéticos aumenta a precisão e direciona o melhorista para a conservação e ganhos não viesados das populações sob melhoramento nos próximos ciclos de seleção.

Palavras-chave: Sistema de reprodução; parâmetros genéticos; melhoramento florestal.

ABSTRACT

Estimates of genetic variance and coefficients of heritability are fundamental in to breeding programs to quantify the gains that will be obtained through selection. In this study, we compare eucalyptus species with different reproductive systems to assess the overestimation of genetic gains the breeding system of the species is disregarded. Five provenances of *Eucalyptus camaldulensis* (predominantly allogamous) and seven provenances of *Eucalyptus pellita* (predominantly mixed-mating) were tested. The experiments were installed on field conditions in 2014, a complete randomized block design, with ten replicates, and seven plants per plot for *E. camaldulensis* and six plants per plot for *E. pellita*. At two years of age, we measured diameter at breast height (DBH), height (H), and volume (VOL). The mean heritability (\hat{h}_m^2) varied between 0.96 (DBH), 0.93 (VOL), and 0.90 (H) for *E. pellita*, and between 0.49 (DBH), 0.48 (H), and 0.32 (VOL) for *E. camaldulensis*. Due to the observed overestimation of genetic gains, losses ranged from 56.81% to 75.60%. The genotypic and phenotypic correlations were high and statistically significant for all characteristics, indicating the possibility of performing indirect selection. These results show that incorporating reproductive system data into estimates of genetic parameters increases accuracy and directs the breeder toward the conservation and production of non-biased gains in subsequent breeding population cycles.

Key-words: Reproductive system; genetic parameters; forest improvement.

1. INTRODUÇÃO

A estimativa de variâncias e covariâncias genéticas é a base da estimativa de parâmetros genéticos quantitativos, tais como herdabilidades e correlações genéticas entre caracteres. Esses parâmetros são fundamentais para a estimação do ganho esperado com a seleção em programas de melhoramento e a sua magnitude é dependente do sistema de reprodução das espécies (NANKOONG, 1966; BUSH et al., 2015).

Por meio do conhecimento sobre este sistema de reprodução é possível realizar a estimação da taxa de cruzamento entre indivíduos bem como entender de que maneira ocorrerá a transmissão dos genes de uma geração para outra (BROWN, 1970). Seu conhecimento é fundamental em qualquer programa de melhoramento (GUSSON et al., 2006). O sistema de reprodução das espécies, em conjunto com a maneira que ocorre a dispersão de pólen e sementes (GUSSON et al., 2006), é de suma importância na determinação da estrutura genética das populações (HAMRICK, 1983; HAMRICK e LOVELLESS, 1986). Pesquisas buscando constantemente o melhoramento, a conservação genética e a produção de sementes necessitam ser fundamentadas em informações sobre o modo de reprodução das espécies (GUSSON et al., 2006).

De forma geral, as plantas podem ser classificadas em três tipos de sistemas de reprodução, a saber: (i) alógamo; (ii) autógamo e (iii) misto. As plantas alógamas são aquelas que praticam apenas cruzamentos e apresentam taxa de cruzamento (t) maiores que 0,95. As plantas autógamas são aquelas que praticam autofecundação e possuem taxas de cruzamentos menores que 0,05. As plantas que permanecem neste intervalo ($0,05 \leq t \leq 0,95$) são consideradas mistas.

Normalmente, o melhoramento genético e os estudos relacionados a esta área são realizados com as espécies alógamas e autógamas (ALLARD, 1960; VENCOVSKY et al., 2001). No entanto, estudos com as espécies de sistema misto de reprodução são escassos e representam um problema para os geneticistas e melhoristas florestais. As populações mistas são diferentes daquelas com alogamia ou com autogamia completa, pois, nestas, existe uma mistura de indivíduos com diferentes graus de endogamia (VENCOVSKY et al., 2001). A endogamia afeta os valores fenotípicos individuais, bem como as variâncias genéticas, de modo que o efeito da seleção é mais complexo neste tipo de população. Dessa forma, as herdabilidades, o tamanho efetivo e, por consequência, o ganho genético ficam superestimados se menosprezarmos os diferentes tipos de progênies que são produzidas por estas espécies (VENCOVSKY et al., 2001; SEBBENN, 2007; TAMBARUSSI et al., 2014).

A partir de um levantamento bibliográfico sobre o sistema de reprodução do eucalipto, Eldridge et al. (1993) encontraram que 12 espécies apresentaram taxas de cruzamento variando entre 0,62 e 0,84. Desta forma, é correto afirmar que, para várias espécies economicamente importantes deste gênero, o sistema de reprodução não é completamente alógamo e sim apresentam um sistema misto de reprodução.

Buscando obter avanços no entendimento do processo de melhoramento e conservação genética das populações de espécies com o sistema misto, a presente pesquisa avaliou duas espécies do gênero *Eucalyptus*. A primeira espécie avaliada foi o *Eucalyptus camaldulensis* Dehn, que é predominantemente alógama e possui uma taxa de cruzamento que varia entre $0,75 \leq t \leq 1,0$ (BUTCHER et al., 2002). A segunda espécie foi o *Eucalyptus pellita* F. Muell, que apresenta um sistema reprodutivo considerado misto e possui uma taxa de cruzamento que varia entre $0,45 \leq t \leq 0,86$ (HOUSE e BELL, 1996).

A primeira espécie possui alta plasticidade de adaptação ambiental, o que favorece o seu plantio em diferentes regiões, além de apresentar grande variabilidade genética (COSTA et al., 2012). É uma árvore de crescimento rápido, sendo utilizada em construção civil, toretes de madeira, celulose e papel, marcenaria, carpintaria, postes, lenha, carvão e dormentes (NIETO; RODRIGUEZ, 2003; RESENDE, 1999). A segunda espécie possui uma madeira avermelhada, conhecida como mogno vermelho, sendo fácil de trabalhar e possui um bom acabamento, podendo, assim, ser utilizada para a fabricação de pisos, construção, estruturas, revestimentos, marcenaria e carpintaria. No entanto, o seu crescimento é um pouco lento em relação às outras espécies de eucalipto devido à falta de melhoramento da cultura (ZANATA et al., 2010).

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo geral

Estimar parâmetros genéticos de forma tradicional, baseado em métodos para espécies alógamas, e, posteriormente, corrigi-los com informações moleculares, obtidos para espécies mistas.

2.2. Objetivos específicos

- i)* estimar os componentes de variâncias genéticas e os coeficientes de herdabilidades de forma tradicional e corrigi-los para as espécies de sistema misto de reprodução;
- ii)* estimar se há perda sobre o ganho genético quando estimado de forma tradicional em espécies com o sistema misto de reprodução e
- iii)* verificar a magnitude e o sentido das correlações genéticas e fenotípicas entre os caracteres diâmetro à altura do peito, altura e volume.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1. *Eucalyptus* no Brasil

O gênero *Eucalyptus* constitui atualmente a maior área de floresta plantada brasileira, sendo responsável por 5,7 milhões de hectares (IBÁ, 2017). Muitas espécies do gênero foram trazidas para o Brasil no início do século XX pelo engenheiro agrônomo Edmundo Navarro de Andrade a pedido da Companhia Paulista de Estradas de Ferro. O objetivo da introdução de espécies de *Eucalyptus* no Brasil era o de abastecer as demandas por lenha, mourões, postes e dormentes para os trilhos, sendo que sua ideia principal era a de plantar as árvores de maneira similar aos plantios agrícolas (FOELKEL, 2007). Com isso observou-se o potencial das espécies visando a seleção dos melhores indivíduos e mais produtivos para o plantio em grande escala, iniciando assim as primeiras pesquisas com o gênero, serviriam de base para os primeiros trabalhos de melhoramento do eucalipto no Brasil.

Os maiores incentivadores e investidores de pesquisas florestais na área de melhoramento florestal são as grandes empresas de base florestal. Os programas de melhoramento são de cunho estratégico e muito valorizados já que aumentam as receitas, devido os ganhos genéticos (FILHO et al., 2011).

Em 2016 o Brasil foi um dos países que despontou no *ranking* global de produtividade florestal, em relação aos países que também possuem florestas plantadas, sendo responsável por uma média de 35,7 m³/ha ao ano em plantios do gênero *Eucalyptus*. Esses altos índices são resultado da versátil adaptação das espécies às condições do solo e do clima existentes no Brasil, como também dos investimentos sucessivos por parte das empresas de base do setor no Brasil para aperfeiçoar suas pesquisas na área florestal (IBÁ, 2017).

3.2. *Eucalyptus camaldulensis* Dehn

O *E. camaldulensis* é a espécie que vem sendo estudada no Brasil para uso em reflorestamentos comerciais em áreas que possuem déficit hídrico (GONZAGA et al., 2016). Possui sistema de reprodução predominantemente alógamo, sendo que apresenta uma taxa de cruzamento que varia entre $0,75 \leq t \leq 1,0$ (BUTCHER et al., 2002).

Está distribuída por toda a Austrália continental, sendo possível encontrá-la em todos os estados australianos, exceto na Tasmânia. Sua ocorrência natural vai desde formações vegetais tropicais secas até floresta úmida. Distribui-se em regiões com 250 a 625 mm de precipitação média, tolerante à estação seca de quatro a oito meses, com temperaturas médias que variam de 20 a 28 °C e altitudes que vão desde o nível do mar até 1.000 m. Sendo um dos primeiros *Eucalyptus* a ser plantado com sucesso fora da Austrália (NIETO e RODRIGUEZ, 2003 ; SILVA, 2010).

Na Austrália, o *E. camaldulensis* foi uma das espécies pioneiras do gênero que foram inseridas com ótimos resultados em plantios florestais, além de apresentar resultados satisfatórios em outros países além da Austrália (ELDRIDGE et al., 1993). O sucesso dos plantios de *E. camaldulensis* como espécie exótica é imposto devido ao seu melhor desempenho na produção de madeira se comparado com outras espécies do gênero em condições ambientais adversas.

A espécie se desenvolve em locais secos e de baixa fertilidade, apresenta tolerância à seca e altas temperaturas, possui um crescimento rápido e também capacidade de rebrota, tolera inundações periódicas ou encharcamento de quatro a cinco meses, tolerância a salinidade do solo e leve tolerância à geada (ELDRIDGE et al., 1993, MORAES et al., 1997).

A ocorrência do *E. camaldulensis* em condições ambientais adversas e o consequente sucesso de plantios como espécie exótica é explicado pela ampla distribuição natural da espécie, que possibilita grande plasticidade de adaptação a diferentes condições ambientais, em relação a pluviosidade, solos, e outros fatores, além de ressaltar a existência de grande variabilidade genética na espécie (BUTCHER e WILLIAMS, 2002; SILVA, 2010, COSTA, et al., 2012).

E. camaldulensis é uma espécie que possui um crescimento rápido e possuindo também uma copa muito densa (BUTCHER e WILLIAMS, 2002). A espécie possui em seu sistema radicular a presença de lignotubérculos, o que torna o seu sistema radicular muito eficiente e também é devido a esse fator que se explica a sua tolerância ao frio e à seca, podendo suportar temperaturas mínimas de -6,7 °C e máximas de 52,8 °C, além de apresentar grande resistência ao vento (NIETO e RODRIGUEZ, 2003).

A madeira de *E. camaldulensis* é dura, com densidade básica de 0,68 g/cm³ (STURION et al., 1987), o que possibilita a sua utilização em construções civis além de interiores, toretes de madeira, celulose e papel, marcenaria, carpintaria, postes, lenha, carvão e dormentes. A

espécie também é plantada com a finalidade de quebra-ventos, sombreamento, assim como para a produção de mel (RESENDE, 1999; NIETO e RODRIGUEZ, 2003).

No Brasil, a espécie tem se tornado importante para fins de melhoramento genético que objetivam introduzir caracteres de interesse da espécie em seus híbridos. Este fato leva a uma demanda proporcional de estudos de caracterização e conservação genética da espécie (SILVA, 2010). Sua extensa variabilidade genética entre e dentro de populações permitiu consideráveis avanços genéticos para a produção, justificando sua adoção em programas de melhoramento genético no Brasil (SILVA et al., 2010, 2016).

3.3. *Eucalyptus pellita* F. Muell

O *E. pellita* é conhecido na Austrália como mogno vermelho devido a cor de sua madeira. Possui porte médio, com dimensões em torno de 40 metros de altura e de 1,0 metro de diâmetro (HARWOOD, 1998), e tronco reto, com a presença de muitos ramos. Mesmo estando presente em sítios pobres, esta espécie pode alcançar de 15 a 20 metros de altura, e quando presente em solos rochosos, secos, margeando as praias, onde é comumente encontrado, é reduzido de 5 a 10 metros de altura (DAVIDE, 1992).

A distribuição da espécie ocorre desde o sul de Nova Guiné ao norte de *Queensland*, na Austrália. Seu local de ocorrência varia desde o nível do mar até cerca de 600 metros de altitude, estando presente, principalmente em zona climática quente e úmida. A precipitação média anual está entre 1.080 a 3.550 mm, com distribuição quase uniforme no sul e período chuvoso definido no verão, ao norte (CLARKE et al. 2009). Segundo Clarke et al, (2009) a ocorrência da espécie normalmente ocorre em topografias suaves a moderadas. Tem preferência por encostas mais baixas e grandes montanhas, crescendo ao lado de rios nas regiões mais secas e quentes. Os solos da região de sua ocorrência variam de arenosos e pouco profundos a arenos-rochosos e limosos profundos.

A madeira do *E. pellita* é muito apreciada para uma variedade de produtos, tais como a madeira serrada para móveis finos devido à sua coloração avermelhada, também é utilizado na construção civil e na indústria de papel e celulose (CLARKE et al., 2009). Tais atributos da madeira da espécie tornaram-na atraente para o plantio e pesquisas visando o melhoramento da espécie foram iniciadas. A espécie também possui rápido crescimento, fuste reto, boa adaptação à várias condições ambientais, boa resistência a pragas e doenças, etc (CLARKE et al., 2009).

3.4. **Sistemas de reprodução e a sua importância para o melhoramento**

O conhecimento do sistema de reprodução é importante para que se possa realizar as estimativas dos parâmetros genéticos e de seus componentes, os quais são fundamentais para que se possa estimar o ganho esperado com a seleção em programas de melhoramento (TAMBARUSSI et al., 2014). Dessa forma, é de suma importância conhecê-lo e considerá-lo nas estimativas de parâmetros genéticos, pois, por meio dele, é possível determinar como serão transmitidas as informações genéticas entre as gerações (WRIGHT, 1921; NANKOONG, 1966; BUSH et al., 2015). A magnitude do ganho genético é totalmente dependente do sistema de reprodução das espécies.

Pesquisas buscando o melhoramento das espécies, a conservação genética e a produção de sementes melhoradas devem estar diretamente ligada com informações referentes ao sistema de reprodução das espécies (GUSSON et al., 2006), pois a forma de condução de um programa de melhoramento é determinada pelo sistema reprodutivo da espécie, sendo que o sistema reprodutivo pode ser de natureza alógama, autógama ou mista (FERREIRA et al., 2001).

Em se tratando de reprodução de espécies arbóreas, pode ser caracterizado pelos cruzamentos biparentais (cruzamentos entre indivíduos aparentados), aleatórios (panmíticos), autofecundações, apomixia, além de suas combinações (HAMRICK e LOVELLESS, 1986). O sistema de reprodução vem sendo estimado com a utilização de marcadores moleculares (GUSSON et al., 2006).

O que torna a informação sobre o sistema de reprodução imprescindível nos programas de melhoramento é o fato que a endogamia altera as estruturas genéticas populacionais tornando-as muito diferentes. A importância em detectar a endogamia que ocorre nas populações quando se tem por objetivo estimar os componentes de variância genética é devido ao fato de que a endogamia causa uma diminuição da variabilidade genética dentro das progênies. Os melhoristas florestais consideram que dentro de progênies de polinização aberta, todos os indivíduos são meios-irmãos, porém quando há endogamia, esse grau de parentesco entre os indivíduos pode ser maior do que aquele esperado para meios-irmãos, levando assim à estimativas genéticas viesadas pelo sistema reprodutivo das espécies (VENCOVSKY et al., 2001; SEBBENN, 2006; FERREIRA et al., 2001; TAMBARUSSI et al., 2014).

Em espécies que possuem o sistema reprodutivo misto, o grau de parentesco encontrado entre os indivíduos dentro da família é maior do que quando se considera meios-irmãos,

portanto, saber de que forma ocorre a reprodução das espécies torna-se essencial para que ocorram ganhos em programas de melhoramento (FERREIRA et al., 2001).

A estrutura genética espacial intrapopulacional, derivada de um fluxo gênico restrito pode explicar a existência e manutenção do sistema misto de reprodução na natureza (RONFORT e COUVET, 1995). Segundo esses autores, que também citam Jarne et al., a endogamia biparental aumenta o parentesco entre pais e filhos. Como consequência ocorre uma diminuição da fecundação cruzada e os genes para autofecundação são transmitidos sem que haja a perda do valor adaptativo. O equilíbrio de Wright pode explicar a manutenção da variabilidade genética nestas populações. Dessa forma, percebe-se que, em algumas populações, mesmo com sistema misto de reprodução, indivíduos tão vigorosos estão presentes, mesmo sendo endogâmicos, quanto os encontrados em populações panmíticas (em Equilíbrio de Ward-Weinberg) (VENCOVSKY et al., 2001).

3.5. Parâmetros genéticos

3.5.1. Diferenciação genética entre e dentro de procedências (populações)

A distribuição da variação genética dentro e entre as suas populações está sujeita á fatores evolutivos e ecológicos das espécies arbóreas. Em uma população, um dos fatores que pode gerar maior diferenciação genética entre as populações ou entre as progênes dentro das populações é a seleção natural, a qual favorece uma adaptação de gradientes ambientais. Ao passo que fatores como o pequeno tamanho de uma população e a endogamia existente, diminuem a variabilidade genética dentro de uma população por meio da deriva genética, e podem colaborar efetivamente para que ocorra o surgimento de heterogeneidade genética entre as populações, pois o fluxo gênico causa uma homogeneização espacial da variação genética (MOURA, 2005).

Hamrick e Nason (2000), afirmam que mesmo que a estrutura genética de uma população resulte em complexas interações entre seleção, fluxo gênico e deriva, as espécies que apresentam altas taxas de fluxo gênico geralmente irão apresentar uma maior variação genética distribuída dentro das suas populações e uma menor variação genética entre estas.

A quantificação da diversidade genética é muito utilizada, no entanto, com o avanço das técnicas moleculares os pesquisadores estão, muitas vezes mais interessados na observação da variação molecular da diversidade genética. Uma abordagem para avaliar os níveis de

divergência de caracteres adaptativos é comparar a diferenciação populacional com marcadores moleculares, mensurados pelas estatísticas F de Wright (WRIGHT, 1951), com diferenciação de caracteres quantitativos, mensurados pelo Q_{ST} (YE, et al., 2014).

Spitze (1993) usou o trabalho de Wright (1951) e Lande (1992) para desenvolver uma medida da diferenciação genética entre populações para caracteres quantitativos. Desta forma, o Q_{ST} é usado para mensurar a variabilidade genética e diferenciação genética entre populações e progênies dentro de populações para caracteres quantitativos (WHITLOCK, 2008).

O conjunto de diversos fatores evolutivos e as suas interações contribuem efetivamente para a conservação e a formação da estrutura genética em uma população (BROWN, 1978; HAMRICK, 1983; LOVELESS e HAMRICK, 1984).

Em espécies que possuem o sistema misto de reprodução, com grandes populações e também com mecanismos eficazes de dispersão de sementes e pólen, apresentam de maneira geral uma elevada variação genética dentro de populações e baixa entre estas (HAMRICK e LOVELESS, 1989). Ao passo que em espécies com populações pequenas e que possuem o sistema de reprodução como sendo de autofecundação e/ou propagação vegetativa, em contrapartida devem oferecer uma baixa variabilidade dentro de suas populações e uma alta variabilidade entre estas (LOVELESS e HAMRICK, 1984).

Com base nas informações já mencionadas sobre os fatores que influenciam a estrutura genética de uma população, faz-se necessário o conhecimento das variáveis ecológicas que de alguma forma também influenciam nessa estruturação, e assim poderemos compreender como ocorre o comportamento da estrutura genética das populações naturais das plantas (MOURA, 2005).

3.5.2. Coeficientes de variação

O coeficiente de variação é uma medida de dispersão utilizada para que seja possível estimar a precisão de experimentos, sendo que este representa o desvio-padrão como porcentagem da média. Como medida de dispersão, a principal vantagem da estimativa do coeficiente de variação ambiental é a capacidade de ser possível a visualização do quanto da variação existente é devido à fatores ambientais, quanto é genético, e quanto será repassado para a geração seguinte (GARCIA, 1989).

O delineamento experimental utilizado, o número de repetições, o tamanho das parcelas, a heterogeneidade do ambiente além da diversidade genética influem diretamente no erro

experimental. Assim, o coeficiente de variação serve de base para os pesquisadores e melhoristas tomarem decisões sobre seus ensaios (GARCIA, 1989).

Quando a espécie apresenta alto coeficiente de variação genético ($CV_g \%$) há indícios de potencial para melhoramento, pois, em programas de melhoramento florestal, altos valores de $CV_g \%$ resultam em maiores ganhos genéticos na seleção recorrente (ZANATA et al., 2010). Esta variabilidade genética pode ser explorada pela seleção das progênies que tiveram um melhor desempenho e melhores indivíduos dentro das progênies, para todos os caracteres, pois este parâmetro é considerado muito importante para que se possa compreender como se comporta a estrutura genética de uma população. O $CV_g \%$ estima a quantidade de variação entre as progênies em comparação com a média do caráter em questão (BALERONI et al., 2003).

As estimativas do coeficiente de variação genética aditiva ($CV_a \%$) estimam quanto da variação genética é transmitida de geração em geração (SEBBENN et al., 2008). As relações estimadas para $CV_a \%$ / $CV_g \%$, quando apresentam resultados iguais a 1,0, indicam que a variância genética dentro das progênies é nula (PIRES, 1996). No entanto, quando superior a 1, indicam que há a variação genética dentro das progênies a ser explorada pelo melhoramento e que a seleção de genótipos de melhor desempenho é favorável. Altos coeficientes de variação dentro das famílias ($CV_d \%$) indicam que a seleção dos melhores indivíduos também pode ser feita dentro das progênies, visando maior ganho genético.

Os valores do coeficiente de variação relativo (\hat{b}) indicam uma situação favorável à seleção recorrente quando apresentam valores acima de 1,0. Quando este parâmetro está acima desse valor consideramos satisfatórios e propícios para a seleção recorrente, e maior será o controle genético do fenótipo, contribuindo assim diretamente nas estimativas dos ganhos obtidos com a seleção (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992).

3.5.3. Coeficientes de herdabilidade

Um dos parâmetros genéticos bastante importantes para o sucesso no melhoramento florestal é o coeficiente de herdabilidade (h^2), pois é por meio deste que se obtêm as proporções de variação genotípica que serão repassadas para a próxima geração. É um importante

parâmetro de conhecimento de quanto a variação fenotípica pode ser atribuída à variação genotípica (FALCONER e MACKAY, 1996).

É de fundamental importância a estimativa da herdabilidade para a correta estimativa de ganhos genéticos, além de dar suporte para a melhor alternativa dos métodos de seleção a serem aplicados, pois é por meio deste parâmetro que é possível distinguir as diferenças genéticas e não-genéticas entre os indivíduos (REIS, 2000).

Os coeficientes de herdabilidade, sendo eles no sentido amplo, quando se considera todas as variâncias, ou no sentido restrito, podem variar de zero a 1,0. Se ocorrer de $h^2 = 1,0$, indica que as diferenças fenotípicas encontradas entre os indivíduos são determinadas exclusivamente por diferenças genéticas entre os mesmos. Quando o valor de h^2 for igual a zero indica que a variabilidade existente do caráter em questão não tem origem genética e sim fenotípica. Portanto, é possível a visualização de que não existe correlação entre os valores fenotípicos e genéticos da unidade de seleção (ALLARD, 1960).

Quando o valor encontrado pela estimativa da herdabilidade é elevado, considera-se que uma seleção nas primeiras gerações é satisfatório. Ao passo que, quando esse valor é considerado baixo, deve-se realizar a seleção apenas nas gerações avançadas de melhoramento (ROBINSON, 1963; FEHR, 1987; FALCONER e MACKAY, 1996).

Dada a sua importância nos programas de melhoramento, a herdabilidade necessariamente precisa ser conhecida para uma correta e eficaz condução dos programas de melhoramento. Assim, obter sucesso nos programas de melhoramento, sendo que muitas deliberações práticas são adotadas de acordo com a sua amplitude. A estimativa de ganhos com a seleção anterior é uma das utilidades da estimativa da herdabilidade no sentido restrito (FEHR, 1987; RAMALHO et al., 1993).

3.5.4. Ganhos de seleção e perdas

Para estimar o sucesso nos programas de melhoramento, antes mesmo que seja efetuada a seleção o melhorista pode utilizar ferramentas fornecidas pela genética quantitativa, que contribuem para a estimativa de ganhos e perdas que serão sofridas no programa que será implantado. Essas informações norteiam de forma essencial o programa de melhoramento predizendo os ganhos genéticos (RAMALHO et al. 1993, CRUZ e REGAZZI, 1997).

Para a estimativa de perdas são necessários os valores obtidos pelos ganhos, tanto original como o esperado com a seleção dos melhores indivíduos. Quando se pretende abordar diferentes sistemas de reprodução e a perda que ocorre quando estes são negligenciados, a estimativa de ganhos deve ser obtida para ambos os sistemas de reprodução, obtendo-se assim o ganho original e o esperado de cada um dos sistemas, e em posse dessas informações é possível a realização da estimativa da perda. Muitos autores apresentam em seus trabalhos a estimativa das superestimativas relacionadas ao negligenciamento do sistema de reprodução das espécies, porém não apresentam o cálculo das perdas (SEBBENN et al., 2002; ZANATA et al., 2010; MIRANDA et al., 2013; BERTONCINI et al., 2017).

3.5.5. Correlações genéticas e fenotípicas

A correlação é considerada uma medida da magnitude da associação entre dois caracteres, ou uma forma de medição do grau de alteração em conjunto dos dois caracteres, podendo essa medida ser tanto negativa, quando ocorre o decréscimo de um caracter, como também positiva, quando ocorre o acréscimo de um caracter (STEEL e TORRIE, 1980). Para que o melhorista tenha conhecimento sobre as mudanças ocorridas em um carácter quando se realiza a seleção de um outro carácter que esteja a este diretamente relacionado, deve ser efetuada a estimativa do coeficiente de correlação (RAMALHO et al., 1993) propiciando maior influência na seleção indireta

A correlação fenotípica pode ser obtida pela mensuração de dois caracteres de interesse em indivíduos de uma população e calcular a correlação entre eles. Essa correlação tem razões genéticas e ambientais, mas, somente a de cunho genético abrange uma natureza herdável, podendo esta ser então, empregada em programas de melhoramento (FALCONER e MACKAY, 1996).

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Local e delineamento experimental

Foram avaliados dois testes de procedências e progênies das espécies *E. camaldulensis* e *E. pellita* provenientes do Programa de Melhoramento da Empresa Aperam Bioenergia, localizada no município de Itamarandiba, Estado de Minas Gerais, Brasil, que foram mensurados aos 25 meses de idade. O clima predominante, conforme a classificação de Köppen e Geiger, é o Cwa (INMET, 2017), que corresponde à um clima temperado úmido com inverno seco e verão quente. Essas espécies foram estrategicamente selecionadas por possuírem diferentes sistemas reprodutivos, sendo *E. camaldulensis* predominantemente alógama e *E. pellita* mista, e por apresentarem características de interesse pelas empresas do setor florestal.

As matrizes de *E. camaldulensis* foram selecionadas em cinco procedências (*Laura River*, *Normanby River*, *Palmer River*, *Morehead River*, *Kennedy River*) e as matrizes de *E. pellita* dentro de sete procedências (*Helenvale*, *PNG*, *Mt Ray*, *Tully*, *Black Mountain Road*, *Creb Track*, *Cardwell*), na Austrália e Papua-Nova Guiné (Figura 1). De posse das sementes coletadas dessas matrizes, foram produzidas as mudas que deram origem aos testes de procedências e progênies. Para *E. camaldulensis* e *E. pellita* os testes foram estabelecidos em delineamento de blocos completos casualizados com dez repetições. A descrição dos experimentos e da área experimental está apresentada na Tabela 1.

Figura 1 - Localização das procedências de *E. pellita* e de *E. camaldulensis*, nos países Austrália e Papua-Nova Guiné.

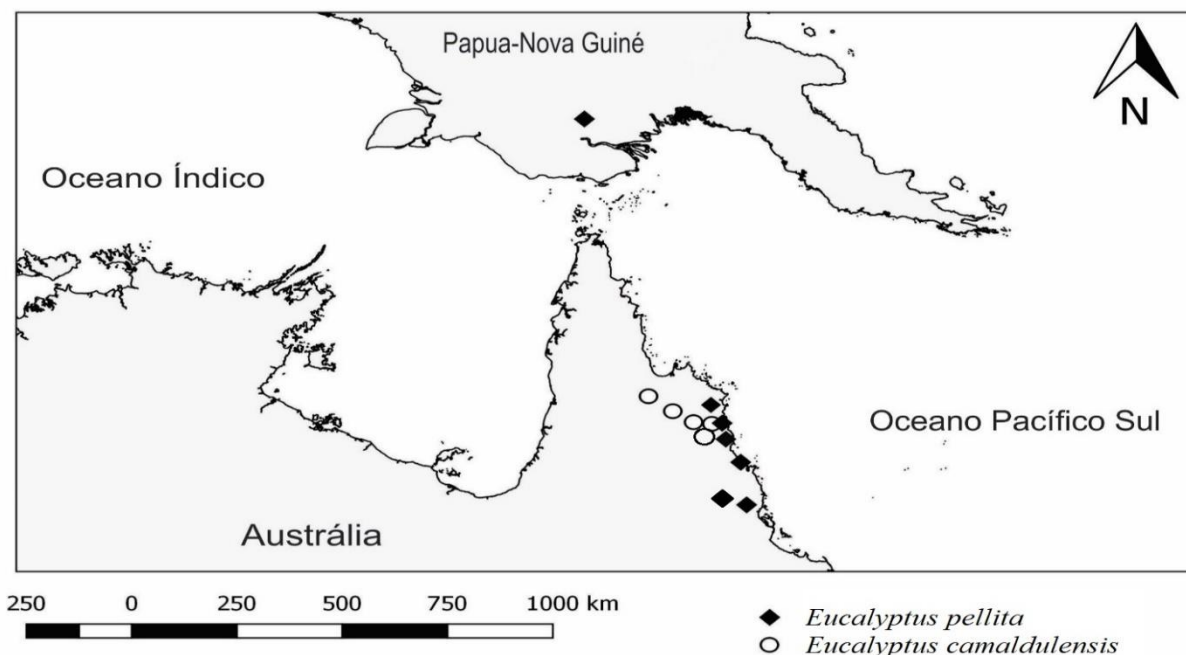


Tabela 1 - Localização e características dos testes de progênies de *E. camaldulensis* e *E. pellita*, realizados em polinização aberta, estabelecidos em Itamarandiba, estado de Minas Gerais, mensurados aos 25 meses de idade.

Descrição	Anos	Espécies	
		<i>E. pellita</i>	<i>E. camaldulensis</i>
Latitude		17°46'04''S	17°47'26''S
Longitude		42°54'09''O	42°50'29''O
Altitude (m)		931	977
Precipitação média anual (mm)	2015	547,0	459,4
	2016	985,8	1.107,9
Número de procedências		7	5
Número de progênies		140	105
Número de repetições		10	10
Número de árvores por parcela		6	7
Espaçamento		3,0 x 2,0	3,0 x 2,0
Nº de indivíduos		8.286	7.106
Mês de plantio		Dez/2014	Dez/2014
Tipo de solo		Latossolo vermelho distrófico	

4.2. Análise e componentes de variância

As análises de variância (ANOVA) para os caracteres quantitativos de plantas individuais, considerando os efeitos de repetição (bloco) e procedências como fixos e os efeitos das progêneses como aleatório, foram realizadas com base no seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijkl} = m + b_i + p_j + g_{j:l} + (gb)_{j:li} + e_{ijkl}$$

em que Y_{ijkl} é o valor fenotípico do k -ésimo indivíduo, pertencente à l -ésima progênie, proveniente da j -ésima procedência e presente na i -ésima repetição (bloco); m é a média geral; b_i é o efeito da i -ésima repetição (bloco); p_j é o efeito da j -ésima procedência; $g_{j:l}$ é o efeito aninhado da l -ésima progênie dentro da j -ésima procedência; $(gb)_{j:li}$ é o efeito da interação entre o efeito aninhado da l -ésima progênie dentro da j -ésima procedência e a i -ésima repetição (erro entre); e_{ijkl} é o efeito do erro dentro das progêneses; $i = 1, 2, 3, \dots, b$ (b é o número de repetições ou blocos); $j = 1, 2, 3, \dots, p$ (p é o número de procedências); $k = 1, 2, 3, \dots, g$ (g é o número de progêneses por procedência). Todas as análises estatísticas foram realizadas no *software* R, versão “3.4.0”, com o aplicativo auxiliar RStudio, versão “3.4.0”, e o pacote estatístico “MASS”, versão “7.3-47” (R Development Core Team, 2017).

Os componentes de variância estimados a partir da ANOVA foram: $\hat{\sigma}_p^2$ = variância genética entre procedências; $\hat{\sigma}_g^2$ = variância genética entre progêneses; $\hat{\sigma}_e^2$ = variância do erro entre parcelas; $\hat{\sigma}_d^2$ = variância do erro dentro de parcelas (Tabela 2).

Tabela 2 - Análise de variância e seus respectivos componentes quadráticos aplicados para cada caractere.

Fontes de Variação	GL	QM	E(QM)	F
Repetição	I-1	QM _b	$\sigma_d^2 + n \sigma_e^2 + nJ \sigma_r^2$	QM _b /QM _e
Procedências	J-1	QM _p	$\sigma_d^2 + n \sigma_e^2 + nJ \sigma_p^2$	QM _p /QM _e
Procedências/Progêneses	K-1	QM _g	$\sigma_d^2 + n \sigma_e^2 + nJ \sigma_g^2$	QM _g /QM _e
Entre	(I-1)(K-1)	QM _e	$\sigma_d^2 + n \sigma_e^2$	QM _e /QM _d
Dentro	JI(n-1)	QM _d	σ_d^2	

n = número de indivíduos por parcela; I = Número de repetições; J = número de procedências e K = número de progêneses.

4.3. Estimativa dos parâmetros genéticos

A partir da obtenção dos componentes de variâncias, foram estimadas as divergências genéticas entre as procedências (Equação 1) e entre as progênies dentro de procedências (Equação 2), de acordo com Sebbenn et al. (2007).

$$\hat{Q}_{ST} = \frac{\hat{\sigma}_p^2}{\hat{\sigma}_d^2 + \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_p^2} \quad (1)$$

$$\hat{Q}_{p/p} = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_d^2 + \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_p^2} \quad (2)$$

As herdabilidades para *E. camaldulensis* foram estimadas aos níveis de indivíduos (Equação 3), média entre progênies (Equação 4) e dentro de progênies (Equação 5), e a acurácia da seleção de progênies foi estimada por $Ac = \sqrt{\hat{h}_m^2}$.

$$\hat{h}_i^2 = \frac{4\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2} \quad (3)$$

$$\hat{h}_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{b} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{nb}} \quad (4)$$

$$\hat{h}_d^2 = \frac{3\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_d^2} \quad (5)$$

Os coeficientes de variação foram estimados para os seguintes casos: *i*) dentro de progênies (Equação 6) ; *ii*) entre as progênies (Equação 7); *iii*) aditivo entre progênies (Equação 8) ; e *iv*) ambiental (Equação 9). Além destes, foi estimado o coeficiente de variação relativo (\hat{b}) seguindo Vencovsky e Barriga (1992) (Equação 10).

$$CV_{\hat{V}_d}(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_d^2}}{\bar{m}} \cdot 100 \quad (6)$$

$$CV_{\hat{V}_g}(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{\bar{m}} \cdot 100 \quad (7)$$

$$CV_{\hat{V}_a}(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_a^2}}{\bar{m}} \cdot 100 \quad (8)$$

$$CV_e(\%) = \frac{\sqrt{QM_e}}{\bar{m}} \cdot 100 \quad (9)$$

$$\hat{b} = \frac{CV_g}{CV_e} \quad (10)$$

Por meio dos sistemas reprodutivos das espécies, obtidos da literatura, as herdabilidades no sentido restrito (\hat{h}_i^2) e dentro de progênies (\hat{h}_d^2) foram corrigidas para o sistema misto de reprodução. Isso porque, quando estima-se a variância genética para progênies de polinização aberta ou meias-irmãs, o que tem sido assumido para espécies de *Eucalyptus* é o modelo genético para espécies perfeitamente alógamas, no qual o coeficiente de endogamia é tido como zero ($F = 0$). Dessa forma, segundo Cockerham e Weir (1984), tem-se que (Equação 11):

$$\hat{\sigma}_g^2 = 2\theta_{XY}\sigma_A^2 + 2(\Delta_{\bar{X}\bar{Y}} - \delta_{\bar{X}\bar{Y}})\sigma_D^2 + 2(\gamma_{\bar{X}\bar{Y}} + \gamma_{\bar{X}\bar{Y}})D_1 + \delta_{\bar{X}\bar{Y}}D_2^* + (\Delta_{\bar{X}\bar{Y}} - F_X F_Y)H^* + (\tilde{\Delta}_{XY} - F_X F_Y)(H^2 - H^*) \quad (11)$$

em que σ_g^2 é a variância genética entre progênies, θ é o coeficiente de coancestria, σ_A^2 é a variância genética aditiva, σ_D^2 é a variância genética de dominância, D_1 é a covariância entre o efeitos aditivos e os desvios de dominância dos homozigotos, D_2 é a covariância dos desvios de dominância, e H^2 é o quadrado da depressão endogâmica. Todas as letras gregas são níveis de parentesco.

Substituindo os termos da equação 11, onde consideramos meias-irmas, temos (Equação 12):

$$\hat{\sigma}_g^2 = 2\frac{1}{8}(1+F)\sigma_A^2 + 0 + 0\sigma_D^2 + 0D_1 + 0D_2 + 0H^* \quad (12)$$

Além disso, tem sido assumido também que o coeficiente de coancestria ($\bar{\theta}$) é igual a 1/8 ou 0,125 (meias-irmãs perfeitas), de forma a ter a seguinte relação (Equação 13):

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{2 \cdot \frac{1}{8}} = 4\hat{\sigma}_g^2, \text{ ou seja, } \hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_g^2 \quad (13)$$

Para a correção das herdabilidades, foi considerado o sistema misto de reprodução, que pressupõe que plantas da mesma progênie apresentam diferentes níveis de parentesco. Assim, a variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) foi obtida pela equação 14, onde $\bar{\theta}$ é o coeficiente médio de

coancestria dentro de progênies, o qual foi obtido pela equação 15, em que \hat{F}_p é o coeficiente de endogamia dos pais, \hat{s} é a taxa de autofecundação, \hat{t}_m é a taxa média de cruzamento, \hat{r}_s é a correlação de autofecundação e \hat{r}_p é a correlação de paternidade (RITLAND, 1989). O coeficiente médio de coancestria ($\bar{\theta} = 0,576$) utilizado foi obtido do trabalho de Zanata et al, (2010).

Portanto, para *E. pellita*, que possui sistema de reprodução misto, as herdabilidades individual ou no sentido restrito (Equação 16) e dentro de progênies (Equação 17) foram corrigidas da seguinte forma, respectivamente :

$$\hat{\sigma}_A^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\bar{\theta}} \quad (14)$$

$$\bar{\theta} = 0,125(1 + \hat{F}_p)[4\hat{s} + (\hat{t}_m + \hat{s}\hat{t}_m\hat{r}_s)(1 + \hat{r}_p)] \quad (15)$$

$$\hat{h}_i^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2 / \bar{\theta}}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2} \quad (16)$$

$$\hat{h}_d^2 = \frac{(1 - \bar{\theta})\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_d^2} \quad (17)$$

As correlações genéticas (\hat{r}_g) entre os pares de caracteres foram estimadas em nível de plantas individuais, utilizando-se a seguinte expressão (Equação 18):

$$\hat{r}_g = \frac{\hat{\sigma}_{g_x g_y}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{g_x}^2 \hat{\sigma}_{g_y}^2}}, \quad (18)$$

em que $\hat{\sigma}_{g_x g_y}$ é a covariância dos caracteres x e y ; $\hat{\sigma}_{g_x}^2$ e $\hat{\sigma}_{g_y}^2$ são as variâncias genéticas entre progênies para os caracteres x e y , respectivamente. As correlações fenotípicas (\hat{r}_f) foram estimadas de maneira similar. Para as correlações \hat{r}_g e \hat{r}_f foi aplicado o teste t pareado (STELL, et al. 1997) para a verificação da significância.

4.4. Ganhos de seleção

O ganho genético esperado com a seleção foi estimado de acordo com a seguinte expressão (Equação 19) :

$$Gs = ds * \hat{h}_i^2 \quad (19)$$

em que ds é o diferencial de seleção ($ds = \bar{y}_s - \bar{y}_p$) envolvendo \bar{y}_s (média fenotípica das progênes selecionadas) e \bar{y}_p (média fenotípica de todas as progênes). A população selecionada foi constituída da melhor planta de cada bloco para cada tratamento (progênie). Os ganhos genéticos de seleção, em porcentagem ($Gs\%$), foram estimados pela equação 20. Ainda com base nos ganhos obtidos, foram realizadas as estimativas de perdas quando se leva em consideração as diferentes taxas de cruzamentos (t). Para a estimativa destas perdas, utilizamos a seguinte expressão (Equação 21):

$$Gs\% = \frac{Gs}{\bar{y}_p} * 100 \quad (20)$$

$$PD\% = \frac{Gs_{t_1} - Gs_{t_m}}{Gs_{t_1}} * 100 \quad (21)$$

em que Gs_{t_1} é o ganho genético estimado da maneira tradicional, quando a espécie apresenta alogamia completa ($t \geq 0,95$) e Gs_{t_m} é o ganho genético considerando a taxa de cruzamento. No nosso caso, consideramos a média das taxas de cruzamento propostas por House e Bell (1996), que foi de 0,62.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. Análise e componentes de variância

Com base no teste F realizado por meio da análise tradicional de variância (ANOVA), foram detectadas diferenças estatisticamente significativas, a 1% de probabilidade de erro, para todos os caracteres avaliados para ambas as espécies (Tabela 3).

Tabela 3 - Análise de variância do teste de progênies e procedências de *E. camaldulensis* e *E. pellita*, referente aos caracteres diâmetro à altura do peito (DAP), altura (H) e volume (VOL), mensurados aos 25 meses de idade em Itamarandiba-MG, e seus respectivos componentes quadráticos aplicados para cada caractere.

Fontes de Variação	GL	DAP	H	VOL
<i>E. pellita</i>				
Repetição	9	25,2** F = 9,92	20,8** F = 11,68	0,000478** F = 11,69
Procedências	6	259,8** F = 102,35	201,8** F = 113,25	0,005001** F = 122,36
Procedências/Progênies	133	16,1** F = 6,35	9,9** F = 5,54	0,000227** F = 5,56
Entre	1.224	2,5** F = 1,16	1,8** F = 1,85	0,000040** F = 1,38
Dentro	6.045	2,2	1	0,00003
<i>E. camaldulensis</i>				
Repetição	9	112,7** F = 31,43	190,1** F = 34,11	0,000433** F = 25,48
Procedências	4	50,0** F = 13,95	52,7** F = 9,46	0,000216** F = 12,71
Procedências/Progênies	100	6,1** F = 1,69	9,0** F = 1,62	0,000023** F = 1,34
Entre	901	3,6** F = 4,72	5,6** F = 3,69	0,000017** F = 4,72
Dentro	5.637	1	1,5	0,000004

**significativo a 1% de probabilidade pelo teste F .

5.2. Diferenciação genética entre e dentro de procedências

As estimativas da diferenciação genética entre procedências (\hat{Q}_{ST}) e entre progênes dentro das procedências ($\hat{Q}_{p/p}$) foram baixas e variaram entre as espécies e os caracteres avaliados. As estimativas encontradas variaram de 0,002 (VOL) entre progênes de *E. camaldulensis* a 0,301 (DAP) entre progênes de *E. pellita*. Para esta espécie, a maior diferenciação genética foi encontrada entre progênes para DAP e H, enquanto que, para *E. camaldulensis*, a maior diferenciação genética foi entre as procedências para todos os casos (Tabela 4).

Tabela 4 - Estimativas genéticas para progênes de *E. pellita* e *E. camaldulensis* em relação à divergência genética entre e dentro de progênes e procedências, para os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP), altura (H) e volume (VOL), aos 25 meses de idade em Itamarandiba-MG.

Espécies/Parâmetros	DAP (cm)	H (m)	VOL (m ³)
<i>E. pellita</i>			
\hat{Q}_{ST}	0,112	0,182	0,153
$\hat{Q}_{p/p}$	0,301	0,235	0,007
<i>E. camaldulensis</i>			
\hat{Q}_{ST}	0,139	0,104	0,070
$\hat{Q}_{p/p}$	0,066	0,067	0,002

Os padrões observados na distribuição da variabilidade genética encontrados para *E. pellita* estão de acordo com os padrões de variação estimados para outras espécies de eucaliptos (BUSH et al., 2015; BERTONCINI et al., 2017; SOARES et al., 2017). No entanto, para *E. camaldulensis*, padrões incomuns foram observados na distribuição da variabilidade genética.

Para *E. pellita*, a maior variabilidade genética encontrada foi dentro de progênes, enquanto que, para *E. camaldulensis*, foi encontrada a maior variabilidade entre as procedências (populações). Este fato pode estar correlacionado à distribuição espacial entre as populações ou procedências. As populações de *E. camaldulensis* estão localizadas mais para o interior do continente e apresentam maior distância geográfica entre elas devido ao relevo. Dessa forma, um menor fluxo gênico pode ter ocorrido ao longo das gerações, contribuindo para uma maior

diversificação genética dessas subpopulações, além de o sistema reprodutivo também contribuir para esse comportamento. Por outro lado, as populações de *E. pellita* estão localizadas na costa da Austrália cujas distâncias geográficas parecem ser menores e existe maior facilidade de fluxo gênico (Figura 1). Padrões similares de distribuição da variabilidade genética foram encontrados para *Eugenia dysenterica* DC., onde as subpopulações retinham a maior parte da variabilidade genética, deixando-as mais divergentes geneticamente (TELLES et al., 2003).

5.3. Coeficientes de variação

Os coeficientes de variação ambiental (\hat{CV}_e %), estimados para ambas as espécies, foram considerados baixos para os caracteres DAP e H, enquanto que para o caracter VOL apresentou valores superiores. Para *E. pellita*, o \hat{CV}_e foi de 3,28 para DAP, 5,10 para H e 11,18 para VOL, enquanto que, para *E.camaldulensis*, essa variação foi de 20,21 para DAP, 18,01 para H e 61,08 para VOL (Tabela 5). Contudo, resultados condizentes com o presente trabalho foram encontrados por Sebbenn et al. (2007) e Freitas et al. (2006).

Tabela 5 - Estimativas genéticas para progênies de *E. pellita* e *E.camaldulensis* em relação ao diâmetro à altura do peito (DAP), altura (H) e volume (VOL), com 25 meses de idade em Itamarandiba-MG.

<i>E. pellita</i>						
Parâmetros	\hat{CV}_g (%)	\hat{CV}_a (%)	\hat{CV}_d (%)	\hat{CV}_e (%)	\hat{b}	\hat{CV}_a (%) / \hat{CV}_g (%)
DAP (cm)	6,89	9,08	23,9	3,28	2,10	1,32
H (m)	5,35	7,05	16,0	5,10	1,05	1,32
VOL (m ³)	15,14	19,94	52,1	11,18	1,35	1,32
<i>E. camaldulensis</i>						
DAP (cm)	6,30	12,61	27,93	20,21	0,31	2,00
H (m)	5,54	11,07	29,28	18,01	0,31	2,00
VOL (m ³)	13,50	27,00	84,68	61,08	0,22	2,00

Coeficiente de variação genética entre progênies (\hat{CV}_g); Coeficiente de variação genética aditiva (\hat{CV}_a); Coeficiente de variação dentro de progênies (\hat{CV}_d); Coeficiente de variação ambiental (\hat{CV}_e); Coeficiente de variação relativa (\hat{b}).

Para o coeficiente de variação genética (\hat{CV}_g %), as estimativas para *E. pellita* e *E. camaldulensis* foram de 5,35 para H, 6,89 para DAP e 15,14 para VOL, e de 5,54 para H, 6,30 para DAP e 13,50 para VOL, respectivamente (Tabela 5). Zanata et al. (2010) obtiveram valores semelhantes aos desta pesquisa com a espécie *E. pellita* (5,7% para H e 18,8% para VOL), sendo que estimativas de \hat{CV}_g acima de 7% são consideradas altas (SEBBENN et al., 1997). Para *E. camaldulensis*, os valores de \hat{CV}_g foram inferiores para todos os caracteres em comparação aos valores obtidos para *E. pellita*. Quando a espécie apresenta alta estimativa de \hat{CV}_g %, há indícios de potencial para melhoramento, pois, em programas de melhoramento florestal, altos valores de \hat{CV}_g % resultam em maiores ganhos genéticos na seleção recorrente (ZANATA et al., 2010). Esta variabilidade genética pode ser explorada pela seleção das melhores progênies e melhores plantas dentro de progênies, para todos os caracteres, principalmente para VOL e DAP.

As estimativas do coeficiente de variação genética aditiva (\hat{CV}_a %) expressa a proporção genética que é transmitida de geração em geração (FALCONER e MACKAY, 1996). Os resultados obtidos para \hat{CV}_a % indicam potencial para ganhos com a seleção recorrente para ambas as espécies. Os valores estimados foram de 7,05 (H), 9,08 (DAP), e 19,94 (VOL) para *E. pellita* e de 11,07 (H), 12,61 (DAP) e 27,00 (VOL) para *E. camaldulensis*. O coeficiente de variação relativa (\hat{b}) variou entre 2,10 (DAP), 1,05 (H) e 1,35 (VOL) para *E. pellita*, e 0,31 (DAP e H) e 0,22 (VOL) para *E. camaldulensis*. A relação \hat{CV}_a % / \hat{CV}_g % foi de 1,32 para todos os caracteres em *E. pellita* e de 2,00 para *E. camaldulensis* (Tabela 5).

Os valores de \hat{CV}_a % encontrados para ambas as espécies e todos os caracteres foram altos (Tabela 5). Esse comportamento também foi observado por Mori et al. (1988) e Rosado et al. (2010), ao investigarem populações de *E. urophylla*, e Pinto (2009), ao estudar populações de *E. grandis*. Os altos valores obtidos indicam que a seleção dos melhores indivíduos também pode ser feita dentro das progênies, visando maior ganho genético. Tais resultados são esperados para um modelo de alógamas perfeitas, visto que 3/4 (75%) da variância genética aditiva permanece dentro das progênies investigadas.

Os valores do coeficiente de variação relativa (\hat{b}) indicam uma situação favorável à seleção recorrente para *E. pellita*, considerando que, quando acima de 1,0, são considerados

satisfatórios (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992). Para os caracteres DAP (2,10) e VOL (1,35), o valor de \hat{b} foi superior a 1,0, o que demonstra grande possibilidade de sucesso com a seleção entre progênies. Este parâmetro indica que a variação genética entre progênies é bem maior que a variação ambiental para DAP e VOL. O contrário ocorreu para *E. camaldulensis* com todos os caracteres DAP e H (0,31) e VOL (0,22).

A maior estimativa para a relação $\hat{CV}_a\% / \hat{CV}_g\%$ foi de 2,00 (DAP, H e VOL) para *E. camaldulensis*. Quando esta estimativa é igual a 1,0, a variância genética dentro das progênies é sempre nula (PIRES, 1996). No entanto, quando esta relação é superior a 1, a variação genética dentro das progênies não é nula e pode ser explorada pelo melhoramento, de modo que a seleção de genótipos de melhor desempenho é favorável. Rocha et al. (2007), ao estudarem *E. grandis*, encontraram valores de 3,94 para diâmetro do colo e 1,98 para altura de plantas. Sebbenn et al. (2008) obtiveram 1,75 para DAP e H em seu estudo com *Pinus elliotti*, e Zanata et al. (2010), ao investigarem *E. pellita*, encontraram resultados superiores ao nosso considerando a mesma espécie, em que obtiveram uma estimativa de 2,00 para DAP, H, VOL e forma de fuste.

5.4. Coeficientes de herdabilidades e ganhos genéticos

As populações (procedências) de *E. pellita* apresentaram maiores médias (6,19 para DAP, 6,15 para H e 0,010 para VOL) para todos os caracteres quando comparadas com as populações de *E. camaldulensis* (3,12 para DAP, 4,20 para H e 0,002 para VOL) (Tabela 6), sugerindo uma maior adaptação da espécie mesmo apresentando, em teoria, maior nível de endogamia.

O coeficiente de herdabilidade média entre progênies (\hat{h}_m^2) para *E. pellita* variou entre 0,96 e 0,90 para DAP e H, respectivamente (Tabela 6). Já para *E. camaldulensis*, os valores de \hat{h}_m^2 obtidos foram de 0,32 (VOL), 0,49 (DAP), e 0,48 (H). Os coeficientes de herdabilidade média entre progênies (\hat{h}_m^2) para *E. pellita* foram bastante elevados e estiveram condizentes com as estimativas obtidas por Zanata et al. (2010). Isso significa que a magnitude da correlação entre genótipo e fenótipo foi elevada para DAP e H no caso de *E. pellita*, de modo que os efeitos ambientais não-preditivos foram reduzidos e pouco influenciaram na manifestação desses caracteres. Dessa forma, é possível recomendar a intensificação de seleção para tais caracteres

em fases iniciais dos programas de melhoramento genético, com a identificação das melhores progênies.

Nossos valores de \hat{h}_m^2 foram maiores comparados a outras espécies, como o *E. grandis* estudado por Martins et al., (2001), *Corymbia maculata* pesquisado por Sato et al., (2007), e *E. cloeziana* por Berti (2011). Uma explicação para esses altos valores de herdabilidade encontrados poderia ser a alta variabilidade natural das sementes coletadas, que foram obtidas a partir de populações naturais Australianas, sem nenhum grau de melhoramento, e também pelo delineamento utilizado no experimento avaliado (informações pessoais, repassadas pela empresa).

Tabela 6 - Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP), altura (H) e volume (VOL), assumindo progênes de *E. pellita* como meios-irmãos (MI) e de sistema misto de cruzamento (SM) e progênes de *E. camaldulensis* como meios-irmãos (MI), mensurados aos 25 meses de idade em Itamarandiba-MG.

Parâmetros	DAP (cm)	H (m)	VOL (m ³)
<i>E. pellita</i>			
Herdabilidade entre progênes - \hat{h}_m^2	0,963	0,900	0,931
Herdabilidade individual (MI) - \hat{h}_i^2	0,301	0,367	0,299
Herdabilidade individual (SM) - \hat{h}_i^2	0,130	0,161	0,130
Proporção de superestimava (%)	56,81	56,13	56,52
Herdabilidade dentro de progênes (MI) - \hat{h}_d^2	0,249	0,337	0,254
Herdabilidade dentro de progênes (SM) - \hat{h}_d^2	0,061	0,083	0,062
Proporção de superestimava (%)	75,50	75,37	75,59
Ganho na seleção (MI)	2,765	2,797	0,007
Ganho na seleção (SM)	1,200	1,214	0,003
Ganho na seleção (MI) (%)	44,68	45,46	71,21
Ganho na seleção (SM) (%)	19,39	19,73	30,91
Acurácia seletiva - Ac	0,981	0,949	0,965
Média da população original	6,19	6,15	0,010
Média da população selecionada	9,19	7,56	0,025
Perdas ($PD\%$)		40,14	
<i>E. camaldulensis</i>			
Herdabilidade entre progênes - \hat{h}_m^2	0,487	0,478	0,321
Herdabilidade individual (MI) - \hat{h}_i^2	0,129	0,101	0,066
Herdabilidade dentro de progênes (MI) - \hat{h}_d^2	0,153	0,107	0,076
Acurácia seletiva - Ac	0,698	0,691	0,567
Média	3,12	4,20	0,002

As herdabilidades individuais foram substancialmente reduzidas quando considerado o sistema misto de reprodução (0,130 para DAP e VOL, e 0,161 para H) (Tabela 6). Desta forma,

fica evidente que quando se negligencia o possível parentesco entre progênies e dentro de parcelas, há uma superestimativa ao nível de plantas afetando diretamente os ganhos genéticos obtidos com a seleção (VENCOVSKY et al., 2001; TAMBARUSSI et al., 2010; MIRANDA et al., 2013).

As herdabilidades dentro de progênies corrigidas para o sistema misto apresentaram comportamento similar às herdabilidades individuais, ou seja, valores considerados baixos e superestimados quando não se considera o correto sistema reprodutivo das espécies (MIRANDA et al., 2013). De modo geral, as herdabilidades dentro de progênies mostraram-se menores que as herdabilidades individuais (Tabela 6), corroborando-se com os resultados obtidos em outras pesquisas (SEBBENN et al., 2002; BERTI et al., 2011; MACEDO et al., 2013).

Dentro de populações florestais, um coeficiente de parentesco ($\bar{\theta}$) de 0,125 pode ser assumido, implicando que a relação entre os indivíduos dentro das progênies é igual à covariância entre meios-irmãos, ou 1/4 da variação genética aditiva. No entanto, esta suposição é baseada no fato de que os indivíduos não sejam aparentados e que sejam polinizados por um grande número de genitores paternos (ASKEW e EL-KASSABY, 1994; SQUILLACE, 1974). Porém, com o processo de fragmentação ocorrido de forma a gerar alta estrutura genética espacial intrapopulacional (FORTI et al., 2014), e pelo sistema misto de reprodução (TAMBARUSSI et al., 2017), isto é quase impossível de se encontrar nas populações naturais atuais.

Dessa forma, quando se admite sistema reprodutivo misto de reprodução (SM), os valores são substancialmente reduzidos (Tabela 6). Dados que corroboram com os da presente pesquisa têm sido encontrados por outros autores (FREITAS et al., 2005; SATO et al., 2007; SEBBENN et al., 2005; ZANATA et al., 2010; BERTONCINI et al., 2017). Valores baixos de \hat{h}_i^2 são comumente encontrados para as populações iniciais e intermediárias em programas de melhoramento (RESENDE, 2002), como é o caso das populações do presente estudo.

Se a correção para o sistema misto de reprodução não tivesse sido realizada para *E. pellita*, o coeficiente de herdabilidade teria sofrido uma superestimativa relativa de 56,81%, em nível de plantas individuais, e 75,59%, dentro de progênies. No trabalho de Zanata et al. (2010), as superestimativas encontradas foram condizentes com as superestimativas encontradas no presente trabalho. No entanto, os nossos valores foram maiores do que aqueles publicados por Sebbenn et al., (2008), que detectaram, para *P. caribaea* var. *bahamensis*, superestimativas de 23% (em nível de plantas individuais) e 31% (dentro de progênies). Portanto, se considerarmos

progênies de espécies mistas como alógamas nas análises populacionais, erros nas estimativas de variâncias genéticas aditivas e herdabilidades poderão ser obtidos e, conseqüentemente, nas estimativas de ganhos genéticos (FREITAS et al., 2006). Isso, portanto, indica que, quando for o caso, a seleção deve se basear nas herdabilidades estimadas assumindo o sistema misto de reprodução (VENCOVSKY et al., 2001).

A acurácia seletiva (Ac) variou entre 0,95 e 0,98 para *E. pellita*, e entre 0,57 e 0,70 para *E. camaldulensis* (Tabela 6). As médias para DAP, H e VOL foram 6,19; 6,15; 0,010 e 3,12; 4,20, e 0,002 para *E. pellita* e *E. camaldulensis*, respectivamente.

O ganho de seleção também foi estimado de maneira tradicional, o qual não leva em consideração o tipo de sistema de reprodução, e posteriormente foi estimado corrigindo para o sistema misto, o que mostra uma superestimativa se desconsiderado o sistema misto de reprodução para *E. pellita*, gerando assim uma perda média de 40,14% na próxima geração (Tabela 6).

5.5. Correlações fenotípicas e genéticas

Em geral, os programas de melhoramento não visam selecionar caracteres individuais, mas sim, vários caracteres simultaneamente. Portanto, o estudo de correlação envolvendo múltiplos caracteres é de grande importância, uma vez que quantifica a magnitude e a direção da influência de um caráter particular em outro de interesse (FALCONER e MACKAY, 1996). Tanto as correlações genóticas (\hat{r}_g) quanto as fenotípicas (\hat{r}_f) foram altas e estatisticamente significativas, a 1% de probabilidade de erro, para todos os caracteres e para ambas as espécies (Tabela 7), possibilitando realizar a seleção de indivíduos superiores a partir de caracteres correlacionados. As maiores correlações genotípica e fenotípica foram obtidas entre DAP e VOL (Tabela 7).

Tabela 7 - Estimativas de correlações genéticas (\hat{r}_g) e fenotípicas (\hat{r}_f) entre os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP), altura (H) e volume (VOL), para progênies de *E. pellita* e *E. camaldulensis*, com 25 meses de idade em Itamarandiba- MG.

Parâmetros	<i>E. pellita</i>		<i>E. camaldulensis</i>	
	\hat{r}_g	\hat{r}_f	\hat{r}_g	\hat{r}_f
DAP vs H	0,906**	0,900**	0,893**	0,864**
DAP vs VOL	0,978**	0,975**	0,951**	0,945**
H vs VOL	0,940**	0,933**	0,925**	0,860**

**Significativo a $P \leq 0,01$ para o teste t pareado.

As altas estimativas de correlação genética, obtidas entre todos os pares de caracteres, sugerem a possibilidade de se estabelecer seleção indireta no melhoramento. Tal seleção pode ser particularmente importante para casos em que a avaliação de caracteres de interesse é dificultada, seja por forte influência ambiental seja por inviabilidade prática ou operacional. Por exemplo, tomando como base os resultados aqui obtidos, a seleção de plantas com maior VOL, tanto para *E. pellita* quanto para *E. camaldulensis*, pode ser indiretamente realizada por meio das plantas com maior DAP, que é de fácil mensuração (BERTI, 2011; SEBBEN et al., 2004 e 2007). Da mesma forma, plantas com maior VOL podem ser indiretamente selecionadas a partir da seleção daquelas com maior ALT.

6. CONCLUSÃO

Os componentes de variâncias genéticas bem como as herdabilidades apresentam viés quando as progênies de *E. pellita* são assumidas como meias-irmãs (alogamia).

Houve perda sobre os ganhos genéticos quando estimado da forma tradicional na espécie que apresenta sistema misto de reprodução.

As correlações genéticas e fenotípicas são estatisticamente significativamente altas e positivas para os caracteres avaliados (DAP, H e VOL).

7. REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. W. **Principles of Plant Breeding**. John Wiley and Sons Inc., New York, USA. 1960.
- ASKEW, G.R.; EL-KASSABY, Y.A. Estimation of relationship coefficients among progeny derived from wind-pollinated orchard seeds. **Theoretical and Applied Genetics** 88:267–272, 1994.
- AZEVEDO, V. C. R.; KANASHIRO, M.; CIAMPI, A. Y.; D. GRATTAPAGLIA, D. Genetic structure and mating system of *Manilkara huberi* (Ducke) A. Chev., a heavily logged Amazonian timber species. **The Journal of Heredity**. 98: 646–654, 2007.
- BALERONI, C.R.S.; ALVES, P.F.; SANTOS, E.B.R.; CAMBUIM, J.; ANDRADE, J.A.C.; MORAES, M.L.T. Variação genética em populações naturais de aroeira em dois sistemas de plantio. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v.15, n.2, p.125-136, 2003.
- BERTI, C. L. F.; FREITAS, M. L. M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAIS, E.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Variação genética, herdabilidade e ganhos na seleção para caracteres de crescimento e forma em teste de progênies de polinização aberta de *Eucalyptus cloeziana*. **Revista do Instituto Florestal**, v.23, n.1, p.13-26, 2011.
- BERTONCINI, G. H.; TAMBARUSSI, E. V.; SEBBENN, A. M.; MORAES, C. B. de; GAMA, L.; FURTADO, E. L.; ZIMBACK, L. ; MORI, E. S. Rust resistance and mating system in *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden progenies. **Scientia Forestalis**, v. 45, p. 1, 2017.
- BORÉM, A. Melhoramento de Plantas. 2.ed. Viçosa: **Editora UFV**, 453p. 1998
- BROWN, A. D. H.; ALLARD, R. W. Estimation of mating system in open-pollinated maize populations using isozymes polymorphism. **Genetics**, v. 66, n. 1, p. 113-145, 1970.
- BROWN, A. H. D. Isozymes, plant populations genetics structure and genetic conservation. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 52, n. 4, p. 145- 157, 1978.
- BUSH, D. J.; KAIN, D.; KANOWSKI, P. Genetic parameter estimates informed by a marker-based pedigree: A case study with *Eucalyptus cladocalyx* in southern. **Tree Genetics & Genomes**. February, 2015.
- BUTCHER, P. A.; WILLIAMS, E. R. Variation in outcrossing rates and growth in *Eucalyptus camaldulensis* from the Petford Region, Queensland; evidence of outbreeding depression. **Silvae Genetica**, v. 51, n. 1, p. 6-12, 2002.
- CLARKE, B.; MCLEOD, I.; VERCOE, T. Trees for farm forestry: 22 promising species. A report for the RIRDC/Land&Water Australia/ **FWPRDC Joint Venture Agroforestry Program**. 239 pages, 2009.
- COSTA, R. B.; AZEVEDO, L.P.A.; MARTINEZ, D.T.; FILHO. T.; FERNADES, D. A.; OLIVEIRA, O. E.; RESENDE, M. D. V. . Avaliação genética de *Eucalyptus camaldulensis* no Estado de Mato Grosso. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 32, p. 49-57, 2012.

CARNEIRO, F.; SEBBENN, A. M.; KANASHIRO, M.; DEGEN, B. 2007. Low inter-annual variation of mating system and gene flow of *Symphonia globulifera* in the Brazilian Amazon. **Biotropica**, v. 39, p.628–636, 2007.

COCKERHAM, C. C.; WEIR, B. S. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. **Evolution**, v. 38, p. 1358-1370, 1984.

COCKERHAM, C.C. Variance of gene frequencies. **Evolution**, Lancaster, v. 23, p. 72-84, 1969.

COSTA, R. B. da; AZEVEDO, L. P de A.; MARTINEZ, D. T.; FILHO, A. de A. T.; FERNANDES, D. A.; OLIVEIRA, O. E. de; RESENDE, M. D. V. de. Avaliação genética de *Eucalyptus camaldulensis* no Estado de Mato Grosso. **Pesquisa florestal brasileira**, Colombo, v. 32, n. 70, p. 165-173, 2012.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: **Editora UFV**, 390p. 1994.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2ed. **Editora UFV**, Viçosa, 390p. 1997.

DAVIDE, A. C. **Avaliação da adaptabilidade e da estabilidade fenotípica de progênies de *Eucalyptus pellita* F. Muell, introduzidas da Austrália**. Tese de doutorado. Universidade Federal do Paraná – Pós-graduação em engenharia florestal do setor de ciências agrárias. Curitiba-PR, 1992.

ELDRIDGE, K.; DAVIDSON, J.; HARWOOD, C.; VAN WYK, G. Eucalyptus domestication and breeding. **Oxford University Press Inc.**, New York. 1993.

FALCONER, D. S.; MacKay, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. Longman Group Ltd. p.464, 1996.

FEHR, W.R. Principles of cultivar development. New York: **Macmillan Publishing Company**, 536p. 1987.

FERREIRA, M.A.J. da F.; VENCOVSKY, R.; QUEIRÓZ, M. A. de; VIEIRA, M. L. C.; BORGES, R. M. E. Sistema reprodutivo e suas implicações no melhoramento de uma população de melancia. In: Primeiro Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 2001, Goiânia-GO. **Anais do 1º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas**. Goiânia-GO: Embrapa Arroz e Feijão, 2001.

FORTI, G.; Tambarussi, E. V.; KAGEYAMA, P. Y.; Moreno, M. A.; Ferraz, E. M.; IBANES, B.; MORI, G. M.; Vencovsky, R; SEBBENN, A. M. Low genetic diversity and intrapopulation spatial genetic structure of the Atlantic Forest tree, *Esenbeckia leiocarpa* Engl. (Rutaceae). **Annals of Forest Research**, v. 57, p. 165-174, 2014.

FILHO, E. P.; SANTOS, P. E. T. dos. Programa de melhoramento genético de eucalipto da Embrapa Florestas: resultados e perspectivas. Colombo-PR: **Embrapa Florestas**, (Documentos /Embrapa Florestas, ISSN 1980-3958; 214). 2011.

- FILHO, E. P.; SANTOS, P. E. T. Escolha de cultivares de eucaliptos em função do ambiente e do uso. Colombo-PR: **Embrapa Florestas**, (Documentos /Embrapa Florestas, ISSN 1980-3982). 2013.
- FOELKEL, C. As plantações de florestas no Brasil. In: BORÉM, A. (Ed.). **Biotecnologia florestal**. Viçosa: Suprema Gráfica e Editora, p. 13-24. 2007.
- FREITAS, M. M.; SEBBENN, A. M.; MARAIS, E.; ZANATTO, A. C. S.; SOUSA, C. M. R.; LEMOS, S. V. Parâmetros genéticos em progênies de polinização aberta de *Pinus caribaea* var. bahamensis, aos 22 anos de idade. **Revista do Instituto Florestal**, v. 17, n. 1, p. 103-111, 2005.
- FREITAS, M. L. M. *et al.* Parâmetros genéticos em progênies de polinização aberta de *Cordia trichotoma* (Vell.) ex Steud. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 18, n. único, 95-102, 2006.
- GUSSON, E.; SEBBENN, A. M.; KAGEYAMA, P. Y. SISTEMA DE REPRODUÇÃO EM POPULAÇÕES DE *Eschweilera ovata* (Cambess.) Miers. **Revista Árvore**, Viçosa-MG, v.30, n.4, p.491-502, 2006.
- GARCIA, A. A. F.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Comparação de índices não paramétricos para seleção de cultivares. **Bragantia**, Campinas, v.58, n.2, p. 253-267, 1989.
- GONZAGA, J. M. S. ; MANOEL, R. O. ; SOUSA, A.C.B. ; SOUZA, A. P. ; MORAES, M. L. T. ; FREITAS, M. L. M. ; SEBBENN, A. M. . Pollen contamination and nonrandom mating in a *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh seedling seed orchard. **Silvae Genetica**, v. 0, p. 1-11, 2016.
- HAMRICK, J. L. Plant population genetics and evolution. **American Journal of Botany**, Columbus, v. 69, n. 10, p. 1685-1693, 1982.
- HAMRICK, J.L. The distribution of genetic variation within and among natural plant population. In: SCHONE-WALD-COX, C.M. et al. **Genetics and conservation**. Menlo Park: Benjamin Cummings. p. 335-348, 1983.
- HAMRICK, J.L.; LOVELESS, M.D. The influence of seed dispersal mechanisms on the genetic structure of plant populations. In: ESTRADA, A.; FLEMING, T.H. (Ed.). **Forgivers and seed dispersal**. Athens: **Junk Publishers**, p. 124-145, 1986.
- HAMRICK, J. L.; LOVELESS, M. D. The genetic structure of tropical tree populations: associations with reproductive biology. In: BOCK, J. H.; LINHART, Y. B. (Ed.). **The evolutionary ecology of plants**. Boulder: Westview Press, p. 129-146, 1989.
- HANSON, W. D. Heritability. In: HANSON, W. D.; ROBINSON, H. F. **Statistical genetics and plant breeding**. Washington: **NAS-NCR**, p.125-139. 1963.
- HARWOOD, C. E. *Eucalyptus pellita*: an annotated bibliography. **CSIRO**, Canberra. 1998.
- HOUSE, A. P. N.; BELL, J. C. Genetic diversity, mating system and systematic relationships in two red mahoganies, *Eucalyptus pellita* and *E. scias*. **Australian Journal of Botany**, v. 44, n. 2, p. 157-174, 1996.
- IBÁ – Indústria Brasileira de Árvores. Relatório Anual. 2017.

INSTITUTO NACIONAL DE METEOROLOGIA – INMET. Link: <http://www.inmet.gov.br>. Acesso em: 12/09/2017, 15:30.

KAGEYAMA, P.Y.; SPELTS, R.M.; SILVA, A.P. Variação genética entre e dentro de progênies de *Pinus patula* Schiede e Deppe na região de Telêmaco Borba-PR. **Reista Instituto Florestal**, Piracicaba, n.15, p.21-39, 1977.

KIMURA, M.; CROW, J.F. The measurement of effective population number. **Evolution**, Lancaster, v.17, 279-288, 1963.

LACERDA, A.E.B., KANASHIRO, M., SEBBENN, A.M. Long-pollen movement and deviation of random mating in a low-density continuous population of a tropical tree *Hymenaea courbaril* in the Brazilian Amazon. **Biotropica**, v.40, p.462-470, 2008.

LANDE, R. Genetic and demography in biological conservation. **Science**, Washington, v. 241, n. 4872, p. 1455-1460, 1988.

LANDE, R. Neutral theory of quantitative genetic variance in an island model with local extinction and colonization. **Evolution**, v.46, p.381–389, 1992.

LEMES, M. R.; GRATTAPAGLIA, D.; GROGAN, J.; PROCTOR, J., GRIBEL, R.. Flexible mating system in a logged population of *Swietenia macrophylla* King (Meliaceae): Implications for the management of a threatened Neotropical tree species. **Plant Ecology**, v.192, p.169–179, 2007.

LOISELLE, B. A.; SORK, V. L.; NASON, J.; GRAHAM, C. Spatial genetic structure of a tropical understory shrub, *Psychotia officinalis* (Rubiaceae). *American Journal of Botany*, v.82(11), p.1420:1425, 1995

LOVELESS, M. D.; HAMRICK, J. L. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Palo Alto, v. 15, p. 65-95, 1984.

MACEDO, H. R.; FREITAS, M. L. M.; MORAES, M. L. T.; ZANATA, M.; SEBBENN, A. M. Variação, herdabilidade e ganhos genéticos em progênies de *Eucalyptus tereticornis* aos 25 anos de idade em Batatais-SP. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 41, n. 100, p. 533-540, 2013.

MARTINS, I.S.; MARTINS, R.C.C.; CORREIA, H.S. Comparação entre seleção combinada e seleção direta em *Eucalyptus grandis*, sob diferentes intensidades de seleção. **Floresta e Ambiente**, v.8, n.1, p.36, 2001. Disponível em: <<http://repositorio.unb.br/handle/10482/10534>>.

MIRANDA, A. C.; MORAES, M. L. T.; TAMBARUSSI, E. V.; FURTADO, E. L.; MORI, E. S.; SILVA, P. H. M.; SEBBENN, A. M. Heritability for resistance to *Puccinia psidii* Winter rust in *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden in Southwestern Brazil. *Tree Genetics & Genomes*, v.9, p.321:329. 2013.

MORAES, M.L.T.; HIGA, A.R.; CAVENAGE, A.; KANO, N.K. Avaliação da densidade básica da madeira e de sua relação com os caracteres de crescimento, em uma população base de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. In: CONFERÊNCIA IUFRO SOBRE SILVICULTURA

E MELHORAMENTO DE EUCALIPTOS, 1997, Salvador. **Proceedings**. Colombo: EMBRAPA/CNPF, v.3, p.43-47. 1997.

MORAES, M. L. T., P. Y. KAGEYAMA, AND A. M. SEBBENN. Correlated mating in dioecious tropical tree species, *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. **Forest Genetic**, v.11, p.53-59, 2004.

MORAES, M.A.; ZANATTA, A.C.S.; MORAES, E.; FREITAS, M.L.M. Variação genética para caracteres silviculturais em progênies de polinização aberta de *Eucalyptus camaldulensis* em Luiz Antonio-SP. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v.19, n.2, p.113-118, 2007.

MORAIS, A.P. Tamanho efetivo populacional. In: TALLER INTERNACIONAL SOBRE SELEÇÃO RECORRENTE EM ARROZ, 1., 1995, Goiânia. **Anais...** Goiânia, p. 31-58, 1995.

MORAIS, O.P. Tamaño efectivo de la población. In: GUIMARÃES, E. P. **Selection recurrente en arroz**. Cali: Colômbia-Centro Internacional de Agricultura Tropical, p.25-44, 1997.

MORAIS, E.; ZANATTO, A. C. S.; FREITAS, M. L. M.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Variação genética, interação genótipo solo e ganhos na seleção em teste de progênies de *Corymbia citriodora* Hook em Luiz Antonio, São Paulo. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 38, n. 85, p. 11-18, 2010.

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

NANKOONG, G. Inbreeding effects on estimation of genetic additive variance. **Forest Science**, v. 12, n. 1, p. 8-13, 1966.

NIETO, V.M.; RODRIGUEZ, J. *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. In: VOZZO, J.A. (Ed.). **Tropical tree seed manual**. Washington, D.C.: United States Department of Agriculture/Forest Service, p.466-467, 2003.

PINTO, D. S. Efeito da competição dentro de parcelas, da interação genótipos x ambientes e influência de estratégias de seleção no melhoramento genético do Eucalipto. Dissertação de mestrado em genética e melhoramento - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, 2009.

PIRES, I. E. **Eficiência da seleção combinada no melhoramento genético de *Eucalyptus* spp.** Tese de doutorado em genética e melhoramento - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1996.

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

REIS, E. F. **Ganhos preditos e realizados, por diferentes estratégias de seleção, em populações de soja (*Glycine max* (L.) Merrill)**. Viçosa, 2000. 120 p. Tese de Doutorado - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2000.

RESENDE, M. D. V. de; VENCOSKY, R.; FERNANDES, J. S. C. Selection and genetic gains in populations of *Eucalyptus* with a mixed mating system. In: **IUFRO CONFERENCE**. p. 191-193. 1995.

RESENDE, M.D.V. Melhoramento de essências florestais. In: BORÉM, A. (Ed.) **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, p.589-647, 1999.

RITLAND, K. Correlated matings in the partial selfer *Mimulus guttatus*. **Evolution**, Lancaster, v. 43, p. 848-859, 1989.

ROBINSON, P. Heritability: a second look. In: HANSON, W.D.; ROBINSON, H.F. Statistical genetics and plant breeding. Washington: **NAS-NCR**, p.609-614. 1963.

ROCHA, M. G. B.; PIRES, I. E.; ROCHA, R. B.; XAVIER, A.; CRUZ, C. D. Seleção de genitores de *Eucalyptus grandis* e de *Eucalyptus urophylla* para a produção de híbridos interespecíficos utilizando REML/BLUP e informação de divergência genética. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 31, n. 6, p. 977-987, 2007.

RONFORT, J., & COUVET, D. A stochastic model of selection on selfing rates in structured populations. **Genetical Research**, 65(3), 209-222, 1995.

ROSADO, A. M., ROSADO, T. B., JÚNIOR, M. F. R. R., BHERING, L. L., & CRUZ, C. D. Ganhos genéticos preditos por diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus urophylla*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 12, p. 1653-1659, 2010.

SATO, A.S.; MORAES, E.; ZANATTO, A.C.S.; FREITAS, M.L.M. Seleção dentro de progênies de *Eucalyptus resinifera* aos 21 anos de idade em Luiz Antônio-SP. **Revista do Instituto Florestal**, v. 19, n. 1, p. 93-100, 2007.

SEBBENN, A. M. **Estrutura genética de subpopulações de *Genipa americana* L. (Rubiaceae) em mata ciliar a partir de isoenzimas**. 107p. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP. 1997.

SEBBENN, A. M.; KAGEYAMA, P. Y.; ZANATTO, A. C. S. Estimativas de ganhos na seleção em populações de *Cariniana legalis* (Mart.) O. Ktze. incorporando informações do sistema de reprodução. **Revista do Instituto Florestal**, v. 14, n.1, p. 65-77, 2002.

SEBBENN, A. M.; PONTINHA, A. D. A. S.; GIANNOTTI, E.; KAGEYAMA, P. Y. Genetic variation in provenance-progeny test of *Araucaria angustifolia* in São Paulo state, Brazil. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 52, p. 181-184, 2003.

SEBBENN, A. M.; PONTINHA, A. D. A. S.; FREITAS, S. A.; FREITAS, J. A. Variação genética em cinco procedências de *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Ktze. no sul do Estado de São Paulo. **Revista do Instituto Florestal**, v. 16, n. 2, p. 91-99, 2004.

SEBBENN, A. M., FREITAS, M. L. M., MORAES, E., & ZANATTO, A. C. S. Variação genética em procedências e progênies de *Pinus patula* ssp. *tecunumanii* no noroeste do Estado de São Paulo. **Revista do Instituto Florestal**, v. 17, n. 1, p. 1-15, 2005.

SEBBENN, A. M., FREITAS, M. L. M., ZANATTO, A. C. S., MORAES, E., MORAES, M. A. Conservação ex situ e pomar de sementes em banco de germoplasma de *Balfourodendron riedelianum*. **Revista do Instituto Florestal**, v. 19, n. 2, p. 101-112, 2007.

SEBBENN, A. M.; BÔAS, O. V.; MAX, J.C.M. Altas herdabilidades e ganhos na seleção para caracteres de crescimento em teste de progênes de polinização aberta de *Pinus elliottii* Engelm var. *elliottii*, aos 25 anos de idade em Assis-SP. **Revista do Instituto Florestal**, v. 20, n. 2, p. 95-102, 2008.

SHUKLA, S.; SINGH, K.; PUSHPENDRA. Correlation and path coefficient analysis of yield and its components in soybean (*Glycine max* L. Merrill.). **Soybean Genetics Newsletter**, Ames, v. 25 p.67-70, 1998.

SILVA, M. S. **Diversidade e estrutura genética em populações naturais de *Geonoma schottiana* Mart. no Parque Forestal Quedas do Rio Bonito**. Trabalho de Conclusão de Curso. Graduação em Engenharia Florestal - Universidade Federal de Lavras. 2006.

SILVA, Janete Motta da. **Avaliação da variabilidade genética em uma população base de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. para fins de conservação e melhoramento genético**. Tese de doutorado. Programa de pós-graduação em agronomia. Universidade Estadual Paulista “Julio de Mesquita Filho”. Campus de Ilha Solteira. Ilha Solteira-SP, Maio, 2010.

SILVA, W. M.; MORAES, M. L. T.; PUPIN, S.; da Silva, J. M.; SEBBENN, A.M. ; PAVAN, B. . Influência do tamanho de parcelas experimentais na seleção de progênes de *E. camaldulensis* Dehnh.. **Scientia Forestalis**, v. 44, p. 979-986, 2016.

SILVEIRA, G. D. da. **Estimativas de parâmetros genéticos visando seleção de genótipos segregantes de soja**. Tese de doutorado. Faculdade de ciências agrárias e veterinárias - UNESP – Jaboticabal-SP, 2007.

SOARES, I. D.; AUER, C. G.; SANTOS, A. F.; TAMBARUSSI, E. V.; REZENDE, E. H.; COELHO, T. A. V.; DUIN, I. M. Fungos associados à mancha foliar em *Eucalyptus benthamii* Maiden et Cambage na região sul do Brasil. **Biofix Scientific Journal**, v. 2, p. 32-37, 2017.

SPITZE, K. Population structure in *Daphnia obtusa*: quantitative genetic and allozymic variation. **Genetics**, v.135, p.367–374. 1993.

SQUILLACE, A. E. Average genetic correlations among offspring from open-pollinated forest trees. **Silvae Genetica**, v.23, p.149–156, 1974.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H. Principles and procedures of statistics: a biometrical approach. 2.ed. New York : **McGraw-Hill**, 631p. 1980.

STURION, J. A.; PEREIRA, J. C. D.; ALBINO, J. C.; MORITA, M. Variação da densidade básica da madeira de doze espécies de *Eucalyptus* plantadas em Uberaba, MG. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Curitiba, n. 14, p. 28-38. 1987.

TAMBARUSSI, E. V.; SEBBENN, A. M.; MORAES, M. L. T.; ZIMBACK, L. PALOMINO, E. C.; MORI, E. S. Estimative of genetic parameters in progeny test of *Pinus caribaea* Morelet

var. *hondurensis* Barret & Golfari by quantitative traits and microsatellite markers. **Bragantia**, v. 69, n. 1, p. 39-47, 2010.

TAMBARUSSI, E. V. **Contemporary gene flow, mating system and spatial genetic structure in a Jequitibá-rosa (*Cariniana legalis* Mart. Kuntze) fragmented population by microsatellite markers**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade de São Paulo – Escola Superior de Agricultura, Piracicaba, 2013.

TAMBARUSSI, E.V.; MIRANDA, A. C.; VENCOVSKY, R. Estimativas de parâmetros genéticos no melhoramento de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden, espécie com alogamia parcial: uma proposta de estudo. **In: VII Workshop em Melhoramento Florestal**, Piracicaba, 2014.

TAMBARUSSI, E. V.; BOSHIER, D. H.; VENCOVSKY, R.; FREITAS, M. L. M.; DI-DIO, O. J.; SEBBENN, A. M. Several small: how inbreeding affects conservation of *Cariniana legalis* Mart. Kuntze (Lecythidaceae) the Brazilian Atlantic Forest's largest tree. **International Forestry Review**, v.18(4), 2016.

TAMBARUSSI, E. V.; SEBBENN, A. M.; PEREIRA, A. A.; VENCOVSKY, R.; CAMBUI, J.; SILVA, A. da; MORAES, M.; MORAES, M. L. T. de. *Dipterix alata* Vogel (Fabaceae) a neotropical tree with high level of selfing: implication for conservation and breeding programs. **Annals of Forest Research**. 2017.

TELLES, M. P. de C.; COELHO, A. S. G.; CHAVES, L. J.; DINIZ-FILHO, J. A. F.; VALVA, F. D'A. Genetic diversity and population structure of *Eugenia dysenterica* DC. ("cagaiteira" – Myrtaceae) in Central Brazil: Spatial analysis and implications for conservation and management. **Conservation Genetics**, Volume 4, Issue 6, pp 685–695, 2003.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto: **Sociedade Brasileira de Genética**, 496p, 1992.

VENCOVSKY, R.; CROSSA, J. Measures of representativeness. In: BORÉM, A.; GIÚDICE, M.P.; SAKIYAMA, N.S. **Plant breeding in turn of the millenium**. Viçosa: UFV, p.335-334, 1999.

VENCOVSKY, R.; PEREIRA, M. B.; CRISÓSTOMO, J. R.; FERREIRA, M. A. J. Genética e melhoramento de populações mistas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. Recursos genéticos e melhoramento. Rondonópolis: **Fundação MT**, p. 231-281, 2001.

VENCOVSKY, R.; CROSSA, J. Measurements of representativeness used in genetic resources conservation and plant breeding, **Crop Science**, Madison, v.43, n.3, p.1912-1921, 2003.

VENCOVSKY, R.; CHAVES, L. J.; CROSSA, J. Variance Effective Population Size for Dioecious Species. **Crop Science**, v. 52, p. 79, 2012.

WHITLOCK, M. C. Evolutionary inference from Q_{ST} . **Molecular ecology**, v.17, p.1885-1896, 2008.

WRIGHT, S. Systems of mating. *Genetics*, Baltimore, v. 6, p. 111-178, 1921.

WRIGHT, S. The genetical structure of populations. **Annals of Eugenics**, v.15, p.323–354, 1951.

WRIGHT, S. **Evolution and genetics of populations: the theory of genes frequencies**. Chicago: University of Chicago Press, v. 2, 511p. 1969.

YE, J.; RENAULT, V. M.; JAMET, K.; GILSON, E. Transcriptional outcome of telomere signalling. **Nature reviews genetics**, v.15, p.491-503, 2014.

YEH, F. C.; CHONG, D. K. X.; YANG, R. C. RAPD variation within and among natural populations of trembling aspen (*Populus tremuloides* Michx.) from Alberta. **Journal of Heredity**, Cary, v. 86, n. 6, p. 454-460, 1995.

ZANATA, M., FREITAS, M. L. M., SILVA, M. T., MORAIS, E., ZANATTO, A. C. S., & SEBBENN, A. M. Parâmetros genéticos e ganhos na seleção em teste de progênies de polinização aberta de *Eucalyptus pellita*, Batatais–SP. **Revista do Instituto Florestal**, v. 22 n. 2 p. 233-242. 2010.