

Parâmetros genéticos em teste de progênies de
polinização aberta de *Eucalyptus grandis* Hill ex MaidenGenetic parameters in open pollination
progenies test of *Eucalyptus grandis* Hill ex MaidenThiago Wendling Gonçalves de Oliveira¹, Antonio Rioyei Higa² e Luciana Duque Silva³**Resumo**

Este trabalho teve como objetivo estimar parâmetros genéticos em teste de progênies de *Eucalyptus grandis*, visando avaliar o potencial de seleção direta e indireta para crescimento, resistência à ferrugem e para características que reflitam em melhor qualidade da madeira serrada. O teste de progênies foi plantado em dois locais distintos no estado de São Paulo, Brasil. O teste foi estabelecido no delineamento experimental de blocos casualizados, com 30 repetições, 176 progênies e com uma planta por parcela, com espaçamento de 3 x 2 metros. Foram avaliados os caracteres diâmetro à 1,3 metros (DAP), altura (H), grau de infecção à ferrugem (GRI), bifurcação (BIF), tortuosidade (TOR), número de galhos (NG) e diâmetro de galhos (DG). As herdabilidades médias de progênies indicaram médio controle genético (>0,50) para DAP e H nos dois locais e a correlação genética entre essas variáveis foi de forte magnitude (> 0,75). O GRI e o NG tiveram altos valores de herdabilidades médias de progênies (> 0,50), e para a BIF e TOR esses valores variaram de altos a moderados (> 0,15) entre os locais. As correlações genéticas entre as principais variáveis variaram de fracas a moderadas (< 0,70). As variáveis DAP, GRI e BIF apresentaram valores de correlação genotípica entre os locais maiores que 0,67, sugerindo a formação de uma zona de melhoramento, definindo uma estratégia baseada em métodos de seleção simultânea que priorizem as variáveis com maiores valores de herdabilidade.

Palavras-chave: Melhoramento florestal; Herdabilidade; Correlação genética.

Abstract

The aim of this work was estimate genetic parameters in progeny tests of *Eucalyptus grandis*, in order to evaluate the potential of direct and indirect selection for growth, resistance to rust and for characteristics that reflect better sawn wood quality. The progeny test was planted in two different sites in São Paulo state, Brazil, using a randomized block design, with 30 replicates, 176 progenies and one plant per plot, with a spacing of 3 x 2 meters. Diameter at breast height (DBH), height (H), degree of infection by rust (DIR), bifurcation (BIF), tortuosity (TOR), number of branches (NB) and branch diameter (BD) were evaluated. The progeny mean heritability indicated median genetic control (> 0.50) for DHB and H in both sites and the genetic correlation between these variables was of great magnitude (> 0.75). The DIR and NB had high progeny mean heritability values (> 0.50), and for BIF and TOR these values ranged from high to moderate (> 0.15) between sites. Genetic correlations between the main variables ranged from weak to moderate (< 0.70). The variables DHB, DIR and BIF revealed a genotype correlation between sites greater than 0.67, suggesting the formation of an improvement zone, seeking strategies based on simultaneous selection methods that prioritize variables with higher heritability.

Keywords: Forest tree breeding; Heritability; Genetic correlation.

INTRODUÇÃO

Eucalyptus grandis é a espécie florestal mais plantada no Brasil (GARCIA et al., 2014). Apesar de sua excelente adaptação, rápido crescimento e ampla base genética, que possibilitou aos programas de melhoramento selecionar os melhores genótipos, a espécie é altamente susceptível a infecção do fungo *Puccinia psidii* Winter, causador da ferrugem do eucalipto, uma das mais importantes doenças florestais, que restringe o crescimento das árvores nos primeiros anos de plantio (GONÇALVES et al., 2013; PEGG et al., 2014a).

¹Doutorando em Engenharia Florestal. UFPR - Universidade Federal do Paraná. Av. Prefeito Lothario Meissner, 632- Jardim Botânico - 80210170 - Curitiba, PR, Brasil. E-mail: thiagowendling@yahoo.com.br.

²Professor Titular. UFPR - Universidade Federal do Paraná. Av. Prefeito Lothario Meissner, 632- Jardim Botânico - 80210170 - Curitiba, PR, Brasil. E-mail: antonio.higa@gmail.com.

³Professora Doutora do Departamento de Ciências Florestais. USP - Universidade de São Paulo / ESALQ - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. Av. Pádua Dias, 11 - Caixa Postal: 9 - 13418-900 - Piracicaba, SP, Brasil. E-mail: lucianaduques@usp.br.

Alguns trabalhos apontam grande variabilidade genética em *E. grandis* para suscetibilidade ao fungo *P. psidii*, podendo obter ganhos genéticos com seleção dos genótipos mais resistentes, sendo essa a principal forma de controle da doença (MIRANDA et al., 2013). A infecção pelo fungo *P. psidii* ocasiona perda de produtividade e sérios danos aos plantios de eucaliptos, como bifurcação e tortuosidade (JUNGHANS et al., 2003; RODAS et al., 2015), que por sua vez, afetarão a qualidade da madeira serrada, principalmente de espécies altamente susceptíveis como o *E. grandis*.

O uso de espécies do gênero *Eucalyptus* para a produção de madeira serrada ainda é muito incipiente no Brasil, considerando que a madeira dessas espécies apresentam características que dificultam seu uso e causam baixo rendimento, mesmo com a utilização de clones e híbridos. Dentre essas características podemos citar aquelas relacionadas, a ocorrência de rachaduras e principalmente nós, devido a presença de galhos (LIMA; STAPE, 2017).

A presença de nós é um dos principais defeitos para a produção de madeira serrada. O nó é uma parte do galho da árvore que se incorporou no tronco, influenciando nas propriedades mecânicas e na qualidade da madeira, pela descontinuidade e mudança nas direções das fibras. A influência do nó depende do seu tamanho, quantidade e localização no tronco. Para a produção de madeira serrada a seleção de árvores com menor número de nós deve ser priorizada (KRETSCHMANN, 2010) e essas características devem ser correlacionadas com o crescimento, forma do fuste e ocorrência de doenças.

A seleção recorrente é uma forma de melhorar gradativamente as variáveis silviculturais relacionadas à adaptação, crescimento e qualidade da madeira. Para isso é fundamental estimativas precisas de parâmetros genéticos ao longo do tempo (REZENDE et al., 2014), permitindo comparar ganhos genéticos através de diferentes estratégias de seleção, combinando essas variáveis em uma ou mais zonas de melhoramento.

Dentre os parâmetros genéticos para subsidiar a tomada de decisão sobre a estratégia de melhoramento a ser adotada, podemos citar a herdabilidade, pela influência do aspecto genético nas próximas gerações, a correlação genética, pela influência genética de uma variável em relação à outra, importante para a seleção indireta de características (FALCONER, 1976) e o componente de interação genótipo x ambiente, devido avanço das plantações para diferentes regiões do Brasil, o que demanda materiais genéticos distintos (GONÇALVES et al., 2013).

A possibilidade de existir variabilidade genética para as variáveis em questão e que as mesmas sejam herdáveis geneticamente, permitirá o desenvolvimento de estratégias de seleção que levem a obtenção de ganhos genéticos e melhoria na qualidade das características. Diante do exposto, o objetivo desse trabalho foi estimar parâmetros genéticos relacionados a qualidade inicial da madeira serrada em teste de progênes de polinização aberta de *E. grandis*, visando avaliar o potencial de ganho com a seleção direta e indireta em dois locais do estado de São Paulo, Brasil.

MATERIAL E MÉTODOS

O teste de progênes foi plantado nos municípios de Itatinga e Anhembi ambos no estado de São Paulo, Brasil, em maio e agosto de 2014, respectivamente. Na Tabela 1 são apresentadas as descrições geográficas e edafoclimáticas dos locais de instalação dos testes de progênes.

Tabela 1. Descrições geográficas e edafoclimáticas dos locais de instalação do teste de progênes de *Eucalyptus grandis*.
Table 1. Geographical and edaphic climatic descriptions of the progeny test sites of *Eucalyptus grandis*.

Características	Local 1	Local 2
Município	Itatinga	Anhembi
Estado	São Paulo	São Paulo
Latitude	23° 06' 06"	22° 47' 20"
Longitude	48° 36' 57"	48° 07' 37"
Altitude (m)	845	472
Tipo de Solo	Latossolo Vermelho-Amarelo Distrófico ^(a)	Neossolo Quartzarêncio ^(b)
Temperatura mínima (°C)	13,8	15,4
Temperatura média (°C)	19,5	22,4
Temperatura máxima (°C)	27,2	29,3
Precipitação (mm)	1433,4	1336,8
Umidade do ar média (%)	77,6	83,4

Legenda:^(a)Gonçalves et al. (2012); ^(b)Miranda et al. (2015); m= metros; °C= Celsius; mm= milímetros.

O clima da região de Itatinga (local 1) é classificado como Cfa, caracterizado como clima temperado úmido, sem estação seca e com verão quente, apresentando temperaturas superiores à 22°C, e da região de Anhembi (local 2) é classificado como Aw, caracterizado como clima tropical com estação seca no inverno (ALVARES et al., 2013).

O teste foi estabelecido com 176 progênies de polinização aberta de *E. grandis*, coletadas em um Pomar Clonal de Sementes localizado no município de Itapeva, no estado de São Paulo, Brasil. As matrizes deste pomar são procedentes da região de Atherton, em Queensland, Austrália, oriundas de um antigo programa de melhoramento genético de *E. grandis*.

O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso, com 30 repetições, 176 tratamentos (progênies), parcelas de uma planta, espaçamento de 3 x 2 m e uma linha de bordadura externa. Foram realizadas três avaliações, aos 11, 16 e 22 meses após implantação em Itatinga (local 1) e aos 9, 14 e 20 meses após implantação em Anhembi (local 2).

As variáveis relacionadas ao crescimento inicial foram o diâmetro à 1,3 m de altura (DAP), mensurado com uma suta graduada em centímetros (cm) e a altura total (H), estimada com hipsômetro Vertéx® III em metros (m), onde foram mensurados em todas as avaliações para os dois locais.

Na primeira e terceira avaliação foi observado o grau de infecção à doença ferrugem do eucalipto (GRI) causado pelo fungo *P. psidii*, utilizando a escala de notas proposta por Zamprogno et al. (2008), sendo: 1 - plantas com pústulas e esporulações intensas, comprometendo a estrutura foliar da planta; 2 - com pústulas e esporulações abundantes; 3 - com poucas pústulas e esporulações espaçadas; e 4 - com ausência de pústulas e esporulações.

Na segunda avaliação foram avaliados número de galhos (NG) e diâmetro dos galhos (DG) apenas para Anhembi (local 2). Para o NG foi estabelecida uma subamostra, de 1 m de comprimento no fuste das árvores, entre 1 a 2 m de altura, onde todos os galhos presentes foram contados. O DG foi avaliado nos galhos presentes em uma subamostra de 20 cm de comprimento no fuste das árvores, entre 1,2 a 1,4 m de altura, com auxílio de um paquímetro digital graduado em milímetros (mm).

Na terceira avaliação foi avaliada a ocorrência de bifurcação (BIF) e tortuosidade (TOR) nas árvores para os dois locais. Essas avaliações foram realizadas através de uma escala de notas estabelecendo uma primeira tora de 0 a 3,5 m de altura do fuste. As notas variaram de 1 a 3, sendo: 1 - planta bifurcada ou torta entre 0 m à 3,5 m; 2 - planta bifurcada ou torta acima de 3,5 m; e 3 - planta sem bifurcação ou tortuosidade aparente. Essa classificação foi adaptada do trabalho de Kageyama e Vencovsky (1983).

A estimativa dos parâmetros genéticos no teste de progênies de *E. grandis* foi feita utilizando o modelo linear misto do software de Seleção Genética Computadorizada – SELEGEN® (RESENDE, 2002a): $y = Xb + Za + e$, sendo, y = vetor de dados; b = vetor dos efeitos de repetição ou blocos (assumidos como fixos) somados à média geral; a = vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios); e = vetor de erros ou resíduos (aleatórios) e X, Z = matrizes de incidências para os efeitos referidos.

A classificação das herdabilidades foi feita conforme o trabalho de Resende (1995), que classifica os valores até 0,15 como baixos, entre 0,15 a 0,50 como moderados e acima de 0,50 como altos. A acurácia de seleção de progênies (r_{aa}) foi estimada de acordo com expressão: $r_{aa} = \sqrt{h_{mp}^2}$, sendo h_{mp}^2 = herdabilidade média de progênies. Valores de acurácia maiores que 0,70 são classificados como altos e indicam proximidade dos valores genéticos preditos aos valores genéticos verdadeiros (RESENDE, 2007).

A correlação genética entre as diferentes variáveis e para uma mesma variável avaliada em diferentes idades no experimento foi feita utilizando o software SELEGEN®: $r_{a(x,y)} = \frac{COV_{a(x,y)}}{\sigma_{ax} + \sigma_{ay}}$

sendo $r_{a(x,y)}$ = correlação genética aditiva entre os caracteres x e y , $COV_{a(x,y)}$ = covariância genética aditiva entre os caracteres x e y , σ_{ax} = desvio padrão genético aditivo para o caráter x e σ_{ay} = desvio padrão genético aditivo para o caráter y . As correlações genéticas foram classificadas de acordo com Calvo (2004) adaptado pelos autores, em fracas, quando menores que 0,50, moderadas entre 0,50 a 0,70 e fortes quando maiores que 0,70.

Para análise da correlação genotípica entre o desempenho dos materiais genéticos nos diferentes ambientes (ρ_{aij}) utilizou o software SELEGEN®, com o modelo linear misto $y = Xb + Za + e$, que trata um mesmo caráter em diferentes locais como sendo diferentes caracteres, sendo que seus componentes já foram descritos anteriormente (RESENDE, 2002a).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os valores médios para H e DAP encontrados indicam que as variações para crescimento entre os dois locais durante as diferentes idades de avaliação foram maiores no local 1, mas considerando que os caracteres foram medidos 2 meses mais velhos do que no local 1, pode-se considerar que estes foram similares (Tabela 2).

Para H e DAP, as herdabilidades médias de progênies (h^2_{mp}) foram altas ($> 0,50$) em todos os períodos de avaliação, variando para H entre 0,59 a 0,83 no local 1 e entre 0,50 a 0,62 no local 2, e para o DAP variaram de 0,68 a 0,82 e de 0,49 a 0,54 nos locais 1 e 2, respectivamente, indicando a possibilidade de bons ganhos genéticos com a seleção direta das melhores famílias nos os dois locais.

Os valores de acurácia (r_{aa}) foram altos ($> 0,70$) para H e DAP, indicando proximidade dos valores genéticos preditos aos valores genéticos verdadeiros das progênies, sendo essencial para o sucesso da seleção genética. Estes resultados corroboram com outros estudos com progênies de *E. grandis* (MIRANDA et al., 2015) e de *Eucalyptus urophylla* (PUPIN et al., 2015), que também encontraram $h^2_{mp} > 0,5$ e concluíram que a seleção entre progênies trará bons ganhos genéticos para H e DAP.

Tabela 2. Valores de herdabilidade aditiva individual (h^2_a), herdabilidade média de progênies (h^2_{mp}), herdabilidade dentro de progênies (h^2_{ad}), acurácia de seleção de progênies (r_{aa}) e média para H e DAP avaliado em diferentes idades no teste de progênies de *E. grandis* nos locais 1 e 2.

Table 2. Individual additive heritability (h^2_a); progeny mean heritability (h^2_{mp}); heritability within progenies (h^2_{ad}); progeny selection accuracy (r_{aa}) and mean value for H and DBH evaluated at different ages in *E. grandis* progeny tests at sites 1 and 2.

Local 1	H (m)			DAP (cm)		
	11 meses	16 meses	22 meses	11 meses	16 meses	22 meses
h^2_a	0,592 ± 0,06	0,478 ± 0,05	0,187 ± 0,03	0,53 ± 0,06	0,506 ± 0,05	0,264 ± 0,04
h^2_{mp}	0,83	0,80	0,59	0,82	0,81	0,68
h^2_{ad}	0,52	0,40	0,14	0,45	0,43	0,21
r_{aa}	0,91	0,89	0,77	0,90	0,90	0,82
Média	4,94	7,89	11,48	4,44	6,74	8,47
Local 2	9 meses	14 meses	20 meses	9 meses	14 meses	20 meses
h^2_a	0,144 ± 0,03	0,219 ± 0,03	0,134 ± 0,03	0,131 ± 0,02	0,162 ± 0,03	0,149 ± 0,03
h^2_{mp}	0,51	0,62	0,50	0,49	0,54	0,52
h^2_{ad}	0,11	0,17	0,10	0,10	0,12	0,11
r_{aa}	0,72	0,79	0,70	0,70	0,74	0,72
Média	4,58	7,06	11,35	3,68	5,70	8,06

As herdabilidades individuais (h^2_a) e dentro de progênies (h^2_{ad}) para H e DAP apresentaram resultados distintos. Para o local 1 na primeira avaliação, os valores foram de alta magnitude ($> 0,50$), mas foram de baixa magnitude no local 2 ($< 0,15$). O mesmo padrão foi observado para h^2_a e h^2_{ad} estimadas na segunda avaliação para os dois locais. As diferenças entre os locais para os valores de h^2_a podem ser atribuídas a presença do fungo *P. psidii* causador da doença ferrugem do eucalipto, que afetou o crescimento individual das plantas durante o período de infecção, apesar da média do crescimento entre os locais ser similar, e conseqüentemente mascarando os valores de herdabilidade para H e DAP nas primeiras avaliações no local 1, indicando que a seleção dos melhores indivíduos nessas avaliações trará maior ganho genético no local 1 do que no local 2 se forem estabelecidas intensidades de seleção iguais para H e DAP.

Na terceira avaliação os valores de h^2_a e h^2_{ad} para H e DAP foram próximos entre os dois locais variando de baixos ($< 0,15$) a moderados (0,15 a 0,49). Valores similares foram estimados nos trabalhos de Barros Rocha et al. (2007) e Gapare et al. (2003) com progênies de *E. grandis*, indicando baixo ganho genético para essas variáveis quando a seleção era massal, praticada entre indivíduos no experimento, sem considerar a estrutura de progênies.

Uma possível explicação para a diminuição dos valores de herdabilidade é o aumento da intensidade da competição entre as plantas nas idades mais velhas, uma vez que os recursos do meio se tornam mais escassos a medida que a planta cresce, diminuindo os coeficientes de herdabilidade (ARAÚJO et al., 2015). Leonardecz-Neto et al. (2003) comentam que a competição entre plantas é importante na avaliação de progênies e na seleção, onde os efeitos da competição tendem a diminuir a expressão genética entre as progênies.

As correlações genéticas ($r_{a(x,y)}$) para H e DAP entre as diferentes idades de avaliação foram fortes e positivas (Tabela 3). As correlações entre H e DAP nas diferentes idades de avaliações foram classificadas como fortes para o local 1, indicando que a seleção em qualquer idade trará bons ganhos genéticos com a seleção indireta para as demais idades. No local 2, as correlações entre H avaliada aos 9 e 14 meses e aos 14 e 20 meses foram fortes, assim como para o DAP medidos nessas mesmas idades. Contudo, diferentemente do local 1, H e DAP avaliados aos 20 meses, tiveram correlação moderada com a mesma variável aos 9 meses de idade, indicando que a maioria das árvores com maiores H e DAP aos 9 meses não foram necessariamente as maiores árvores aos 20 meses.

Moraes et al. (2015) também encontraram, em progênies de *Eucalyptus dunnii*, forte correlação entre a H medida aos 12 e 18 meses idade (0,84) e o DAP medido aos 12 e 18 meses de idade (0,83), indicando a potencialidade da seleção dessas variáveis em qualquer uma dessas idades. Fortes correlações genéticas entre diferentes idades para H e DAP também foram encontradas no trabalho de Lima et al. (2011) com progênies de *E. grandis*. No trabalho de Luo et al. (2010) os autores concluíram que nos programas de melhoramento do *E. grandis* deve ser usada a seleção precoce aos 2 anos, visto o alto valor de correlação genética encontrado para os caracteres de crescimento entre as diferentes idades avaliadas, a combinação da seleção nas idades precoces e boa estimativa nos valores de herdabilidade podem trazer boas oportunidades de ganhos genéticos mais rápidos.

Tabela 3. Correlação genética (r_g) entre idades em nível de plantas individuais para H e DAP para o teste de progênies de *E. grandis* nos dois locais.

Table 3. Genetic correlation (r_g) at individual plant level between ages for H and DBH in *E. grandis* progeny test on the two sites.

Idade (meses)	H (m)		DAP (cm)	
Local 1	16	22	16	22
11	0,95	0,81	0,97	0,85
16	-	0,84	-	0,86
Local 2	14	20	14	20
9	0,82	0,63	0,81	0,65
14	-	0,82	-	0,82

Na Tabela 4 foi possível observar que as $r_{a(x,y)}$ entre H e DAP na terceira avaliação foram de forte magnitude ($> 0,75$) para ambos os locais, indicando que a seleção feita sobre o DAP trará bons ganhos genéticos para a variável H. Valores positivos e altos de correlações genéticas mostram a possibilidade de seleção indireta da variável H pela seleção direta sobre o DAP, pela sua maior facilidade e precisão na medição em campo.

Tabela 4. Correlações genéticas (r_g) entre H e DAP para o teste de progênies de *E. grandis* nos dois locais, considerando a terceira avaliação.

Table 4. Genetic correlation (r_g) between H and DBH for *E. grandis* progeny test on two sites, in the third evaluation.

Variáveis	Local 1		Local 2	
	H (m)	DAP (cm)	H (m)	DAP (cm)
H (m)	1,0	0,90	1,0	0,88
DAP (cm)	-	1,0	-	1,0

Para a variável GRI, a porcentagem de árvores infectadas na primeira avaliação, classificadas nas notas 1, 2 e 3, foi de 90,3% para o local 1 e de 87,6% para o local 2, mostrando a alta susceptibilidade da espécie a infecção do fungo *P. psidii*, causador da doença ferrugem do eucalipto (Tabela 5).

Do ponto de vista silvicultural podemos considerar que dentre todos os indivíduos do experimento, 46,8% no local 1 e 39,7% no local 2 foram classificados nas notas 1 e 2, e não devem ser priorizados para a seleção genética, visto que são indivíduos que apresentam alto grau de infecção do fungo *P. psidii*. Esse fato não foi possível observar para a avaliação aos 22 meses no local 1 e aos 20 meses no local 2. Para a primeira avaliação em nível de média de progênies observamos que 53,9% das famílias do local 1 obtiveram notas médias entre 1 a 2,4 e no local 2 as famílias com médias das notas entre esses valores foram 36,9%, ou seja, o GRI, tanto em nível de indivíduos como em nível de progênies, foi maior no local 1 o que refletirá no ganho genético com a seleção entre e dentro de famílias.

Tabela 5. Porcentagens de árvores classificadas em cada nota, médias, desvios padrões das notas, herdabilidade aditiva individual (h^2_a), herdabilidade média de progênes (h^2_{mp}), herdabilidade dentro de progênes (h^2_{ad}) e acurácia de seleção de progênes (r_{aa}) na avaliação para GRI nas diferentes idades no teste de progênes de *E. grandis* nos dois locais.

Table 5. Percentages of trees classified within each grade; means; standard deviations of grades; individual additive heritability (h^2_a); progeny mean heritability (h^2_{mp}); heritability within progenies (h^2_{ad}) and progeny selection accuracy (r_{aa}) in the evaluation for DIR at different ages in the *E. grandis* progeny tests on two sites.

Notas	Local 1		Local 2	
	11 meses	22 meses	9 meses	20 meses
1: Plantas com pústulas e esporulações intensas, que comprometiam a estrutura foliar	15,8	0,0	9,9	0,0
2: Plantas com pústulas e esporulações abundantes	31,0	0,0	29,8	0,0
3: Plantas com pústulas e esporulações espaçadas	43,4	4,7	48,1	3,7
4: Plantas com ausência de pústulas e esporulações	9,8	95,3	12,1	96,3
Médias das notas (1, 2, 3 e 4)	2,47	3,95	2,62	3,96
Desvios padrões das notas (1, 2, 3 e 4)	± 0,87	± 0,21	± 0,82	± 0,18
h^2_a	0,914 ± 0,07	0,081 ± 0,02	0,483 ± 0,05	0,02 ± 0,01
h^2_{mp}	0,89	0,38	0,79	0,12
h^2_{ad}	0,88	0,06	0,41	0,01
r_{aa}	0,94	0,61	0,89	0,35

Ocorreram diferenças entre os valores de herdabilidades ao longo do tempo. Aos 11 meses de idade no local 1, todas as herdabilidades estimadas foram de alta magnitude ($>0,50$), indicando bons ganhos genéticos com a seleção direta das melhores famílias e indivíduos (Tabela 6). Aos 9 meses de idades a h^2_{mp} para o local 2 também foi de alta magnitude. Isso se deve ao fato que a idade do povoamento é um fator limitante para a infecção do fungo *P. psidii*, onde os tecidos maduros das plantas apresentam substâncias que auxiliam na resistência à doença e pela maior altura das árvores, onde as brotações ficam mais expostas a luminosidade e ventos, que diminuem a umidade do microambiente necessária para a infecção (ALFENAS et al., 2004).

Altos valores de h^2_{mp} para *E. grandis*, visando resistência ao fungo *P. psidii*, também foi relatado por Silva et al. (2013) indicando que a variável em questão apresentou forte controle genético e grande possibilidade para o melhoramento visando a seleção. No local 2 as h^2_a e h^2_{ad} na primeira avaliação, tiveram magnitude moderada (0,15 a 0,49), o que indica que moderados ganhos poderão ser obtidos pela seleção direta.

Valores de herdabilidades individuais para GRI entre 0,24 a 0,46 foram encontrados em progênes de várias espécies do gênero *Corymbia* spp., onde Pegg et al. (2014b) sugerem que é promissor o esforço para melhorar a resistência a ferrugem dessas espécies através do melhoramento com a seleção de indivíduos superiores.

A diferença entre a magnitude dos valores de herdabilidade entre os dois locais nas primeiras avaliações pode ser explicada pela diferença entre o comportamento do fungo *P. psidii* em diferentes ambientes. Miranda et al. (2013) relatam a existência de forte correlação entre a altitude do ambiente e o controle genético da doença, onde quanto maior a altitude do local, maiores serão as condições para a ocorrência da doença, aumentando a variabilidade entre as progênes, consequentemente, aumentando os valores de herdabilidades, como o que ocorreu no presente trabalho, onde para o local 1, que apresentou maiores valores de herdabilidade, a altitude é maior (845 m), do que o local 2 (472 m). Altos valores de acuraria ($> 0,70$) também foram encontrados para os dois locais nas primeiras avaliações, indicando possibilidade de encontrar indivíduos e progênes superiores para GRI. Na terceira avaliação ocorreu uma queda nos valores de herdabilidades para os dois locais, onde a maioria foi classificada de baixa magnitude ($< 0,15$), o que indica ganhos genéticos não promissores com a seleção direta para GRI nessa avaliação.

As $r_{a(x,y)}$ ao nível de plantas individuais para as diferentes idades de avaliação do GRI foram de magnitude moderada (0,54) para o local 1 e de magnitude fraca (0,44) para o local 2. Esse fato indica que a avaliação feita no terceiro inventário não foi um bom preditor para selecionar indivíduos ou progênes com menor incidência ou ausência de infecção pelo fungo *P. psidii*, pois a porcentagem de indivíduos infectados era muito baixa na terceira avaliação para os dois locais de estudo.

Na Tabela 6 são apresentados os parâmetros genéticos e as médias relacionadas ao número de galhos (NG) e diâmetros de galhos (DG) avaliados aos 14 meses no teste de progênies instalado no local 2. O NG apresentou h^2_{mp} de alta magnitude ($> 0,50$) e magnitude moderada (0,15 a 0,49) para as h^2_a e h^2_{ad} , indicando que a seleção direta das melhores progênies trará maiores ganhos genéticos para essa variável. O DG apresentou valor moderado para a h^2_{mp} e de baixa magnitude ($< 0,15$) para as h^2_a e h^2_{ad} e baixos ganhos genéticos serão obtidos com a seleção direta.

Tabela 6. Valores de herdabilidade aditiva individual (h^2_a), herdabilidade média de progênies (h^2_{mp}), herdabilidade dentro de progênies (h^2_{ad}), acurácia de seleção de progênies (r_{aa}) e média para NG e DG avaliado aos 14 meses de idade no teste de progênies de *E. grandis* no local 2.

Table 6. Individual additive heritability (h^2_a); progeny mean heritability (h^2_{mp}); heritability within progenies (h^2_{ad}); progeny selection accuracy (r_{aa}) and mean value for NB and DB evaluated at 14 months of age in *E. grandis* progeny test at site 2.

Parâmetros	Local 2	
	NG	DG (mm)
h^2_a	0,197 ± 0,03	0,073 ± 0,02
h^2_{mp}	0,59	0,34
h^2_{ad}	0,15	0,05
r_{aa}	0,77	0,59
Média	13,4	8,38

Diferentemente do que foi encontrado nesse estudo, Ginwal et al. (2004) que trabalharam com progênies de *Eucalyptus camaldulensis* encontraram 0,08 de herdabilidade individual para número de galhos e concluíram que o controle genético para variável foi baixo. Com base nos resultados é possível selecionar famílias que apresentam menores NG, pois os galhos causam defeitos na madeira que será utilizada para a serraria pela formação de nós, sendo possível selecionar progênies que apresentem menor quantidade de nós no fuste, para a produção de madeira limpa nas etapas posteriores (POLLI et al., 2006).

As acurácias foram de alta magnitude para NG (0,77) e moderada magnitude para DG (0,59), indicando que a seleção sobre DG deve ser vista com cautela. A seleção, com a escolha das melhores progênies, deve ser feita preferencialmente para a variável NG, que apresentou um melhor controle genético e maior acurácia na seleção.

Na Tabela 7 é apresentada a porcentagem das árvores classificadas em cada nota para BIF e TOR, média, desvio padrão e parâmetros genéticos para o teste de progênie avaliado nos dois locais. Há alta incidência de árvores sem bifurcação nos dois locais e maior ocorrência de tortuosidade no fuste das árvores na primeira tora (0,0 a 3,5 m) e acima de 3,5 m. Do ponto de vista silvicultural devem ser priorizadas as plantas classificadas nas notas 2 e 3, pois buscamos a primeira tora de melhor qualidade.

Tabela 7. Média, desvios, percentagens de plantas classificadas em cada nota, herdabilidade aditiva individual (h^2_a), média de progênies (h^2_{mp}) e dentro de progênies (h^2_{ad}) e acurácia de seleção de progênies (r_{aa}) para BIF e TOR avaliados no teste de progênies de *E. grandis* nos dois locais.

Table 7. Mean; deviations and percentages of plants classified for each grade; individual additive heritability (h^2_a); progeny mean (h^2_{mp}) and within progenies heritability (h^2_{ad}) and progeny selection accuracy (r_{aa}) for BIF and TOR evaluated in *E. grandis* progeny test on two sites.

Notas	Local 1		Local 2	
	BIF	TOR	BIF	TOR
1: Bifurcada ou torta entre 0,0 a 3,5 m	11,5%	37,7%	9,4%	30,0%
2: Bifurcada ou torta acima de 3,5 m	14,1%	38,7%	23,3%	51,2%
3: Sem bifurcação ou tortuosidade	73,5%	23,6%	67,34%	18,8%
Média ± desvio das notas de classificação	2,61 ± 0,68	1,84 ± 0,76	2,58 ± 0,65	1,88 ± 0,68
h^2_a	0,159 ± 0,03	0,161 ± 0,03	0,093 ± 0,02	0,063 ± 0,02
h^2_{mp}	0,55	0,55	0,40	0,32
h^2_{ad}	0,12	0,12	0,07	0,04
r_{aa}	0,74	0,74	0,63	0,56

Para o local 1, os indivíduos que devem ser priorizados na seleção, representam 85% para BIF e 62,3% para TOR, no local 2 representam 90,6% e 70% para BIF e TOR, respectivamente. Em nível de progênie, para o local 1 a porcentagem de famílias com média das notas entre 1 a 1,9 foi de 1,76% para BIF e 71,0% para TOR. No local 2 as porcentagens das famílias classificadas entre essas notas foram de 0% para BIF e de 69,9% para TOR. Assim como para a variável GRI, a ocorrência de bifurcação e tortuosidade na primeira tora foi maior no local 1, podendo ser reflexo da maior incidência da doença ferrugem do eucalipto nesse local.

Para a BIF no local 1 a h^2_{mp} foi considerada de alta magnitude ($>0,50$), a h^2_a de magnitude moderada (0,15 a 0,49) e a h^2_{ad} de baixa magnitude ($<0,15$), indicando que os ganhos genéticos serão diferentes de acordo com o método de seleção adotado. O mesmo foi verificado para a variável TOR. No local 2 a BIF e a TOR tiveram um menor controle genético, apresentando h^2_a e h^2_{ad} de baixa magnitude ($< 0,15$) e h^2_{mp} de moderada magnitude (0,15 a 0,49), indicando que a seleção direta das melhores progênies para essas variáveis não trará bons ganhos quanto a seleção das melhores progênies no local 1.

No trabalho de Callister et al. (2011) com *Eucalyptus globulus*, os valores de herdabilidade individual de 0,00 a 0,13 para BIF entre oito locais. Resultados semelhantes também são encontrados por López et al. (2002), em que os controles genéticos para essas variáveis variaram de baixos a moderados entre os locais, como no presente trabalho. Resende e Fantini Júnior (2001) comentam que a bifurcação, apesar dos efeitos genéticos que apresenta, pode ser ocasionada na maioria das vezes por efeitos ambientais. Valores de herdabilidade individual de baixa a moderada magnitude para TOR, como no presente trabalho para o local 2, também são relatados por Li et al. (2012) com progênies de *E. dunni* (0,17) e Hamilton et al. (2015) com progênies de *E. globulus* (0,20).

Os valores da acurácia indicaram maior confiabilidade para a seleção da BIF e TOR no local 1, por serem maiores que 0,70. Assim, pelos baixos valores de herdabilidades e acurácias, a BIF e TOR não devem ser indicadas para a seleção genética de variáveis relacionadas indiretamente à qualidade da madeira no teste de progênies de *E. grandis* instalado no local 2, visto que geneticamente não foram encontrados altos valores de herdabilidade entre os indivíduos e famílias avaliadas.

Para a correlação genética, como variável de crescimento foi utilizado o DAP mensurado na terceira avaliação para os dois locais, para o GRI avaliado na primeira avaliação para os dois locais, e indiretamente para qualidade da madeira foi utilizada a variável BIF avaliada aos 22 meses de idade no local 1 e NG avaliado aos 14 meses de idade no local 2 (Tabela 8). As $r_{a(x,y)}$ entre GRI, DAP e BIF foram positivas e moderadas (0,50 a 0,74) no local 1, indicando que a seleção em alguma das variáveis trará moderada melhora nas outras variáveis utilizando a seleção indireta (VARGAS-REEVE et al., 2013). As correlações genéticas entre as variáveis foram de fracas ($< 0,50$) para o local 2, indicando que a seleção indireta não será uma boa alternativa e de maneira geral as variáveis avaliadas são independentes.

Tabela 8. Correlação genética a nível de plantas individuais para GRI, DAP, BIF e NG avaliados no teste de progênies de *E. grandis* instalado nos locais 1 e 2.

Table 8. Genetic correlation at the individual plants level for DIR, DBH, BIF and NB evaluated in the *E. grandis* progeny test at sites 1 and 2.

Local 1	11 meses		22 meses	
	GRI	DAP (cm)	BIF	
GRI	1,0	-	-	
DAP (cm)	0,63	1,0	-	
BIF	0,57	0,70	1,0	
Local 2	9 meses		20 meses	
	GRI	NG	DAP (cm)	
GRI	1,0	-	-	
NG	-0,08	1,0	-	
DAP (cm)	0,49	-0,33	1,0	

Balmelli et al. (2014) encontraram correlações genéticas fracas e negativas para a grau de infecção de doenças foliares e o DAP, que variaram de -0,40 a -0,20, indicando que a severidade da doença não está correlacionada com o crescimento, o que dificultaria a seleção indireta dessas características. Correlações negativas e nulas entre o DAP e características ligadas indiretamente à qualidade

da madeira também foram encontrados em teste de progênies de *E. globulus* indicando que, nesse caso, a seleção indireta não será uma boa alternativa (STACKPOLE et al., 2010; HUNG et al., 2015).

Diante das fracas a moderadas correlações genéticas entre as variáveis, para selecionar árvores com menor GRI, maior crescimento em DAP e com madeira de melhor qualidade não será possível a utilização da seleção indireta e visto que as variáveis também possuem diferentes valores de herdabilidades, devemos buscar métodos que combinem as variáveis candidatas à seleção genética.

Visto que o experimento foi instalado em apenas dois locais, o conhecimento do comportamento dos genótipos em diferentes ambientes é necessário para estabelecimento de diferentes zonas de melhoramento durante a seleção e apesar de termos apenas dois locais de avaliação, o cálculo da correlação genotípica entre o desempenho das progênies nos diferentes ambientes (ρ_{aj}) indicou que o comportamento genético das famílias e indivíduos foi similar entre os locais.

Os valores da ρ_{aj} foi de 0,91 para GRI, 0,71 para o DAP e 0,80 para BIF, onde para as três variáveis foram maiores que 0,67, o que indica que a maioria das melhores famílias em um local também foram as melhores no outro local, podendo assim sugerir que os dois locais de experimentação possam ser agrupados em uma única zona de melhoramento (RESENDE, 2002b).

Resultados similares para DAP foram encontrados por Pupin et al. (2015) avaliando progênies de *E. urophylla* em cinco locais, e estimaram a correlação genética do desempenho de progênies em diferentes ambientes de 0,78, indicando o programa de melhoramento poderia ser conduzido em apenas um local. Miranda et al. (2013) e Silva et al. (2013) encontraram baixo nível da interação genótipo x ambiente para o GRI em progênies de *E. grandis* em nove locais, onde a correlação do desempenho das progênies nos diferentes locais variaram de 0,9 a 1, como encontrado no presente estudo, sendo estabelecido que para a seleção pode ser formada uma única zona de melhoramento com os locais de instalação do teste de progênies de *E. grandis*.

CONCLUSÕES

As herdabilidades estimadas indicam a possibilidade de bons ganhos genéticos, principalmente com a seleção direta das melhores famílias, para as variáveis como DAP, GRI, NG e BIF, no estabelecimento de estratégias de seleção para os dois locais de estudo em conjunto, pois representam uma zona de melhoramento.

No estabelecimento das estratégias de seleção deve-se buscar métodos de seleção simultânea que melhor combinem as variáveis, visto que a correlação genética entre elas é de moderada a fraca magnitude o que dificulta a seleção indireta e que as mesmas apresentam valores de herdabilidade de diferentes magnitudes.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALFENAS, A. C.; ZAUZA, E. A. V.; MAFIA, R. G.; ASSIS, T. F. *Clonagem e doenças do eucalipto*. Viçosa: UFV, 2004, 442 p.

ALVARES, C. A.; STAPE, J. L.; SENTELHAS, P. C.; GONÇALVES, J. L. M.; SPAROVEK, G. Koppen's climate classification map for Brazil. *Meteorologische Zeitschrift*, Stuttgart, v. 22, p. 711-728, 2013.

ARAÚJO, M.C.; DIAS, D. C.; SCARPINATI, E. A.; PAULA, R. C. Número de repetições, de plantas por parcela e de avaliações para testes clonais de eucalipto. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 50, p. 923-931, 2015.

BALMELLI, G.; SIMETO, S.; MARRONI, V.; ALTIER, N.; DIEZ, J. J. Genetic variation for resistance to *Mycosphaerella* leaf disease and *Eucalyptus* rust on *Eucalyptus globulus* in Uruguay. *Australasian Plant Pathology*, v. 43, p. 97-107, 2014.

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

- CALLISTER, A. N.; ENGLAND, N.; COLLINS, S. Genetic analysis of *Eucalyptus globulus* diameter, straightness, branch size, and forking in Western Australia. **Canadian Journal of Forest Research**, Ottawa, v. 41, p.1333-1343, 2011.
- CALVO, M. C. M. **Estatística descritiva**. Florianópolis: UFSC - Centro de Ciências da Saúde, 2004, 55 p.
- FALCONER, D. S. **Introduction to Quantitative Genetics**. New York: Ed Roland Press, 1976, 365 p.
- GAPARE, W. J.; GWAZE, D. P.; MUSOKONYI, C. Genetic parameter estimates for growth traits and stem straightness in a breeding seedling orchard of *Eucalyptus grandis*. **Journal of Tropical Forest Science**, v. 15, p. 613-625, 2003.
- GARCIA, L. G.; FERRAZ, S. F. B.; ALVARES, C. A.; FERRAZ, K. M. P. M. B.; HIGA, R. C. V. Modelagem da aptidão climática do *Eucalyptus grandis* frente aos cenários de mudanças climáticas no Brasil. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 42, p. 503-511, 2014.
- GINWAL, H. S.; KUMAR, P.; SHARMA, V. K.; MANDAL, A. K. Seed source variation in growth performance of *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. of Australian origin in India. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 53, p.182-186, 2004.
- GONCALVES, J. L. M.; ALVARES, C. A.; HIGA, A. R. DUQUE SILVA, L.; ALFENAS, A. C.; STAHL, J.; FERRAZ, S. F. B.; LIMA, W. P.; BRANCALION, P. H. S.; HUBNER, A.; BOUILLET, J. P. D.; LACLAU, J. P.; NOUVELLON, Y.; EPRON, D. Integrating genetic and silvicultural strategies to minimize abiotic and biotic constraints in Brazilian eucalypt plantations. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 301, p. 6-27, 2013.
- GONÇALVES, J. L. M.; ALVARES, C. A.; GONÇALVES, T. D.; MOREIRA, R. M.; TEIXEIRA MENDES, J. C.; GAVA, J. L. Mapeamento de solos e da produtividade de plantações de *Eucalyptus grandis*, com uso de sistema de informação geográfica. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 40, p. 187-201, 2012.
- HAMILTON, M. G.; ACUNA, M.; WIEDEMANN, J. C.; MITCHELL, R.; PILBEAM, D.J.; BROWN, M.W.; POTTS, B.M. Genetic control of *Eucalyptus globulus* harvest traits. **Canadian Journal of Forest Research**, Ottawa, v. 45, p. 615-624, 2015.
- HUNG, T. D.; BRAWNER, J. T.; MEDER, R.; LEE, D. J.; SOUTHERTON, S.; THINH, H. H.; DIETERS, M. J. Estimates of genetic parameters for growth and wood properties in *Eucalyptus pellita* F. Muell. to support tree breeding in Vietnam. **Annals of Forest Science**, Nancy, v. 72, p. 205-217, 2015.
- JUNGHANS, D. T.; ALFENAS, A. C.; MAFFIA, L. A. Escala de notas para quantificação da ferrugem em *Eucalyptus*. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 28, p. 184-188, 2003.
- KAGEYAMA, P. Y.; VENCOVSKY, R. Variação genética em progênes de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden, IPEF, Piracicaba, v. 24, p. 9-26, 1983.
- KRETSCHMANN, D. E. Mechanical Properties of Wood. In: ROSS, R.J. (ed) **Wood Handbook: Wood as an engineering material**. Madison: USDA / Forest Products Laboratory, nsin, 2010. Chap. 5, p.1- 45.
- LEONARDECZ-NETO, E.; VENCOVSKY, R.; SEBBENN, A. M. Ajuste para competição entre plantas em teste progênes e procedências de essências florestais. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 63, p. 136-149, 2003.
- LI, B.; ARNOLD, R.; LUO, J.; LI, Z. Genetic variation in growth, cold tolerance and coppicing in *Eucalyptus dunnii* in trials in Hunan, China. **Australian Forestry**, v. 75, n. 4, p. 215-224, 2012.
- LIMA, I. L.; STAPE, J. L. Caracterização da madeira serrada em clones de *Eucalyptus*. **Brazilian Journal of Forestry Research**, Brasília, v. 37, p. 55-62, 2017.

- LIMA, J. L.; SOUZA, J. C.; RAMALHO, M. A. P.; ANDRADE, H. B.; SOUSA, L. C. Early selection of parents and trees in *Eucalyptus* full-sib progeny tests. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 11, n. 1, p. 10-16, 2011.
- LÓPEZ, G. A.; POTTS, B. M.; DUTKOWSKI, G. W.; APIOLAZA, L. A.; GELID, P. E. Genetic variation and inter-trait correlations in *Eucalyptus globulus* base population trials in Argentina. **Forest Genetics**, Svolen, v. 9, p. 217-231, 2002.
- LUO, J.; ZHOU, G.; WU, B.; CHEN, D.; CAO, J.; LU, W.; PEGG, R.E.; ARNOLD, R.J. Genetic variation and age-age correlations of *Eucalyptus grandis* at Dongmen Forest Farm in southern China. **Australian Forestry**, Melbourne, v. 73, p. 67-80, 2010.
- 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.
- MIRANDA, A. C.; MORAES, M. L. T.; SILVA, P. H. M.; SEBBENN, A. M. Ganhos genéticos na seleção pelo método de índice multi-efeitos em progênie polinização livre de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v.43, n. 105, p. 203-209, 2015.
- MORAES, C. B.; CARVALHO, E. V.; ZIMBACK, L.; LUZ, O. S. L.; PIERONI, G. B.; MORI, E. S.; LEAL, T. C. A. B. Variabilidade genética em progênie de meios-irmãos de eucaliptos para tolerância ao frio. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 39, p. 1047-1054, 2015.
- PEGG, G. S.; GIBLIN, F. R.; MCTAGGART, A. R.; GUYMER, G. P.; TAYLOR, H.; IRELAND, K. B.; SHIVAS, R. G.; PERRY, S. *Puccinia psidii* in Queensland, Australia: disease symptoms, distribution and impact. **Plant Pathology**, v. 63, p. 1005-1021, 2014a.
- PEGG, G. S.; BRAUNER, J. T.; LEE, D. J. Screening *Corymbia* populations for resistance to *Puccinia psidii*. **Plant Pathology**, v. 63, p. 425-436, 2014b.
- POLLI, H. Q.; REIS, G. G.; REIS, M. G. F.; VITAL, B. R.; PEZZOPANE, J. E. M.; FONTAN, I. C. I. Qualidade da madeira em clone de *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden submetido a desrama artificial. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 30, n. 4, p. 557-566, 2006.
- PUPIN, S.; SANTOS, A. V. A.; ZARUMA, D. U. G.; MIRANDA, A. C.; SILVA, P. H. M.; MARINO, C. L.; SEBBENN, A. M.; MORAES, M. L. T. Produtividade, estabilidade e adaptabilidade em progênie de polinização aberta de *Eucalyptus urophylla* ST Blake. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 43, p. 127-134, 2015.
- RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.
- RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEN-REML/BLUP**. Embrapa Florestas. Documentos, Colombo, n. 77, 65 p. 2002a.
- RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002b.
- RESENDE, M. D. V. Delineamento de experimentos de seleção para maximização da acurácia seletiva e do progresso genético. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 19, n. 4, 479-500, 1995.
- RESENDE, M. D. V.; FANTINI JÚNIOR, M. Bifurcação e Quebra de Copa em Eucalipto: Efeitos Genéticos, Ambientais e Silviculturais. **Embrapa Florestas Documentos**, Colombo, n. 63, 20 p., 2001.

REZENDE, G. D. S. P.; RESENDE, M. D. V.; ASSIS, T. F. *Eucalyptus* breeding for clonal forestry. In: FENNING, T. (Ed.). **Challenges and Opportunities for the World's Forests in the 21 st Century**. Amsterdam: Springer, p.393-424, 2014

RODAS, C. A.; ROUX, J.; MAIER, W.; GRANADOS, G. M.; BOLAÑOS, M. D.; MCTAGGART, A. R.; WINGFIELD, M. J. First report of *Puccinia psidii* on *Corymbia citriodora* and *Eucalyptus* in Colombia. **Forest Pathology**, v. 45, p. 534-536, 2015.

SILVA, P. H. M.; MIRANDA, A. C.; MORAES, M. L. T.; FURTADO, E. L.; STAPE, J. L.; ALVARES, C. A.; SENTELHAS, P. C.; MORI, E. S.; SEBBENN, A. M. Selecting for rust (*Puccinia psidii*) resistance in *Eucalyptus grandis* in Sao Paulo State, Brazil. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 303, p. 91-97, 2013.

STACKPOLE, D. J.; VAILLANCOURT, R. E.; AGUIGAR, M.; POTTS, B. M. Age trends in genetic parameters for growth and wood density in *Eucalyptus globulus*. **Tree Genetics & Genomes**, v. 6, n. 2, p. 179-193, 2010.

VARGAS-REEVE, F.; MORA, F.; PERRET, S.; SCAPIM, C.A. Heritability of stem straightness and genetic correlations in *Eucalyptus cladocalyx* in the semi-arid region of Chile. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 13, p. 107-112, 2013.

ZAMPROGNO, K. C.; FURTADO, E. L.; MARINO, C. L.; BONINE, C. A.; DIAS, D. C. Utilização de análise de segregantes agrupados na identificação de marcadores ligados a genes que controlam a resistência à ferrugem (*Puccinia psidii* Winter) em *Eucalyptus* sp. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v. 34, p. 253-255, 2008.

Recebido em 31/07/2017

Aceito em 04/12/2017