

**Parâmetros genéticos, propagação sexual e assexuada em população de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh**

Genetic parameters, sexual and asexual propagation in *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh population

Reginaldo Brito da Costa<sup>1</sup>  
Jeane Cabral da Silva<sup>2</sup>  
Antonio de Arruda Tsukamoto Filho<sup>3</sup>

---

<sup>1</sup> Prof. Dr. Departamento de Engenharia Florestal, Faculdade de Engenharia Florestal, Universidade Federal de Mato Grosso (UFMT).  
E-mail: reg.brito.costa@gmail.com

<sup>2</sup> Programa de Pós-Graduação em Ciências Florestais e Ambientais, Faculdade de Engenharia Florestal (FENf-UFMT).  
E-mail: jeanecabral@yahoo.com.com

<sup>3</sup> Prof. Dr. Departamento de Engenharia Florestal, Faculdade de Engenharia Florestal, Universidade Federal de Mato Grosso (UFMT).  
E-mail: tsukamoto@ufmt.br

## RESUMO **ABSTRACT**

O estudo objetivou estimar parâmetros genéticos e identificar genótipos superiores com propagação sexuada e assexuada em população de *Eucalyptus camaldulensis*. Os dados foram obtidos de um teste de progênie estabelecido sob delineamento de blocos ao acaso com 132 progênies, cinco repetições e três plantas por parcela, no campo experimental do Instituto Federal de Educação de Mato Grosso (IFMT). Caracteres avaliados: diâmetro altura do peito (DAP), altura total (ALTT), altura comercial (ALTC), forma de fuste (FF) e sobrevivência (SOB). Os valores de herdabilidades individuais obtidos foram de baixa magnitude para os caracteres ALTT, ALTC, FF, SOB, e mediana para o DAP (16,6%). As herdabilidades médias de progênies apresentaram magnitudes mais expressivas para o DAP, SOB e FF e baixa para ALTT e ALTC, evidenciando certo controle genético e condições favoráveis para seleção, especialmente para DAP (28,2%). As propagações sexuada e assexuada mostraram que se pode capitalizar, via propagação assexuada, ganhos mais expressivos com seleção para o caráter DAP.

*Goal of the study was to estimate genetic parameters and to identify superior genotypes with sexual and asexual propagation in Eucalyptus camaldulensis population. Data were obtained from a progeny test using random blocks and 132 progenies, five repetitions and three plants per parcel at the experimental station of the Federal Institute of Education in Mato Grosso State. Characteristics evaluated were: diameter at breast height (DAP), total height (ALTT), commercial height (ALTC), stem form (FF) and survival (SOB). Results for individual heritability presented low magnitude for the characteristics ALTT, ALTC, FF, SOB and median magnitude for DAP (16,6%). Progenies average heritability presented more expressive magnitudes for DAP, SOB and FF while low for ALTT and ALTC, showing a certain control and favorable conditions for selection, especially for DAP (28,2%). Sexual and asexual propagation showed that one can incorporate, via asexual propagation, more expressive selection gains for DAP.*

## **PALAVRAS-CHAVE** **KEY WORDS**

eucalipto  
predição genética  
modelos mistos

*Eucalyptus*  
*genetic prediction*  
*mixed models*

## INTRODUÇÃO

No Brasil, a expansão do gênero *Eucalyptus* ocorre principalmente em função de seu rápido crescimento, produção madeira e os seus multiprodutos, ocupando uma área correspondente a aproximadamente 5,1 milhões de hectares de plantios florestais (ABRAF, 2013).

O avanço de novas tecnologias associadas com os progressos das técnicas, como a produção de bio-óleo, celulignina catalítica, gases de síntese e álcool a partir da celulose, vêm destacando-se e complementando aos atuais usos da madeira para fins energéticos (PALUDZYSZYN FILHO, 2011).

Essas alternativas têm-se tornado promissoras e com perspectivas de disfunção de médio prazo, o que sugere a necessidade de germoplasmas específicos (PALUDZYSZYN FILHO, 2011).

Dentre as muitas espécies, o *Eucalyptus camaldulensis* destaca-se entre as variedades do gênero em função da sua extensa distribuição natural, ampla plasticidade, condições ambientais adversas e a existência de grande variabilidade genética na espécie (NIETO; RODRIGUEZ, 2003).

A espécie é cultivada para lenha, celulose, construção civil e recuperação de áreas degradadas, bem como pode ser utilizado em programas de melhoramento de híbridos para combater a tolerância à seca e salinidade (BUTCHER et al., 2009).

Os testes de progênes, instrumentos importantes para o trabalho do melhorista, têm sido usados na estimação de parâmetros genéticos e seleção de indivíduos, quando se procura avaliar a magnitude e a natureza da variância genética disponível com vistas a quantificar e maximizar os ganhos genéticos, utilizando-se procedimento adequado. A metodologia de modelos mistos (Reml/Blup) desenvolvida para o melhoramento de plantas perenes tem maximizado os ganhos com seleção (RESENDE, 2002; COSTA et. al., 2005; MISSIO et al., 2005, entre outros), por se tratar de um procedimento estimativo, especialmente para dados desbalanceados, predizendo valores genéticos dos indivíduos em testes de progênes (RESENDE; FERNANDES, 1999).

A estimação de parâmetros genéticos, com ênfase nas herdabilidades individuais e de famílias, associadas à identificação de melhores genótipos, via predições de propagação sexuada e assexuada das características mais importantes e aquelas de maiores magnitudes de

herdabilidades, aponta importantes alternativas que visem maximizar os ganhos genéticos de populações avaliadas a campo.

Nesse contexto, o presente estudo objetivou estimar parâmetros genéticos e identificar genótipos superiores com propagação sexuada e assexuada em população de *Eucalyptus camaldulensis*, subsidiando a fase atual e a sequência do programa de melhoramento da espécie em Mato Grosso.

## 1 MATERIAL E MÉTODOS

As sementes do material estudado foram coletadas de árvores matrizes de polinização aberta, procedência Katherine River, Estado de Queensland, Austrália, obtidas em parceria com a Embrapa Florestas e UNESP.

As mudas foram produzidas no Campus da Faculdade de Engenharia - UNESP/Ilha Solteira, e plantadas no campo experimental do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Mato Grosso (IFMT), Campus São Vicente, município de Santo Antônio do Leverger. A área está localizada nas coordenadas 15°49'21" S latitude e 55°25'06" W longitude, com altitude média de 750m.

O clima é caracterizado como tropical (Aw), segundo a classificação de Köppen, e apresenta duas estações bem definidas: uma quente e úmida e outra mais fria e seca com déficit hídrico. A temperatura anual média está em torno de 20°C, e a precipitação média anual é de 2.000mm.

O teste de progênies foi instalado sob delineamento de blocos ao acaso com 132 tratamentos (progênies), cinco repetições e três plantas por parcela em linhas simples, no espaçamento 3m x 2m.

Aos 48 meses de idade, as progênies foram avaliadas quanto aos caracteres: a) diâmetro à altura do peito (DAP), com fita graduada a 1,30 m acima do nível do solo; b) altura total (ALTT), em metros, com aparelho hipsômetro Blume-Leiss; c) altura comercial (ALTC), em metros, com aparelho hipsômetro Blume-Leiss até a bifurcação; d) Sobrevivência (SOB), foram classificados "1" para plantas vivas e "0" para plantas mortas; e) forma de fuste (FF), com base na classificação de Kageyama et al. (1979), em que, a partir de observações visuais, foram classificadas com as notas de 1 a 5 de acordo com a Tabela 1.

**Tabela 1** – Descrição da forma de fuste das árvores, utilizada na classificação dos dados obtidos para o caráter forma do fuste (FF).

Notas	Classe da forma de fuste
1	Tronco com defeito muito grave
2	Tronco com defeito grave
3	Tronco com defeito bastante visível
4	Tronco com defeito pouco visível
5	Tronco sem defeito

Fonte: Adaptado de Kageyama et al. (1979).

Os dados obtidos foram analisados por meio da metodologia de modelos mistos univariados, procedimento REML (Máxima verossimilhança Restrita) / BLUP (Melhor Predição Linear não Viesada) (RESENDE; DUARTE, 2007), aplicados aos testes de progênies de meios-irmãos, delineamento de blocos ao acaso, várias plantas por parcela, um só local e uma única população, conforme o Modelo 1, seguindo o procedimento proposto por Resende (2002).

$$y = Xb + Za + Wc + e \quad (1)$$

onde:  $y$ ,  $b$ ,  $a$ ,  $c$  e  $e$ : são vetores de dados, dos efeitos das médias de blocos (fixo), de efeitos genéticos aditivos (aleatório), de efeitos de parcela (aleatório) e de erros aleatórios; respectivamente;

$X$ ,  $Z$  e  $W$ : matrizes de incidência para  $b$ ,  $a$  e  $c$ , respectivamente.

Os parâmetros genéticos foram estimados empregando-se o software genético - estatístico SELEGEN (Reml/Blup), conforme Resende (2002).

$$\hat{h}_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2}$$

$$\hat{h}_{mp}^2 = \frac{0,25\hat{\sigma}_a^2}{0,25\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2 / b + \hat{\sigma}_e^2 / (nb)}$$

$\hat{c}^2 = \hat{\sigma}_c^2 / (\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2)$  = correlação devida ao ambiente comum da parcela;

$\hat{\sigma}_a^2$  = variância genética aditiva;

$\hat{\sigma}_c^2$  = variância entre parcelas;

$h_a^2$  = herdabilidade individual no sentido restrito do bloco;

$h_{mp}^2$  = herdabilidade média de progênies no sentido restrito no bloco;

$\hat{\sigma}_a^2$  = variância genética aditiva;

$\hat{\sigma}_c^2$  = variância ambiental entre parcelas;

$\hat{\sigma}_e^2$  = variância residual dentro da parcela (ambiental + não aditiva);

$$CV_{gi} (\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_a^2}}{\bar{X}} \cdot 100$$

$$CV_e (\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{\bar{X}} \cdot 100$$

$CV_{gi} (\%)$  = coeficiente de variação genética individual;

$CV_e$  = coeficiente de variação experimental;

$\bar{X}$  = média da média geral da característica.

## 2 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas dos parâmetros genéticos para os caracteres avaliados, relacionadas aos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ( $h_a^2$ ), de média de progênies ( $h_p^2$ ); coeficiente de variação genética aditiva individual ( $CV_{gi} \%$ ); coeficiente de variação residual ( $CV_r \%$ ); coeficiente de variação experimental ( $CV_e \%$ ); coeficiente de variação relativa ( $CV_r \%$ ) e a acurácia seletiva de progênies ( $A_{cprog}$ ) estão apresentadas na Tabela 2.

**Tabela 2** – Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres em crescimento de progênies de *Eucalyptus camaldulensis*, no município de Santo Antônio do Leverger, MT.

Estimativas <sup>1</sup>	DAP (cm)	ALTT (m)	ALTC (m)	FF	SOB
$h_a^2$	0,1660	0,0822	0,0521	0,0684	0,1234
$h_p^2$	0,2825	0,1356	0,0938	0,1634	0,3037
CV <sub>gi</sub> %	16,5691	7,2243	7,7475	3,3262	10,3418
CV <sub>gp</sub> %	8,2178	4,1121	3,8737	1,6631	5,1709
CV <sub>e</sub> %	29,5185	23,2063	26,9118	8,4142	17,5044
CV <sub>r</sub> %	0,2806	0,1772	0,1439	0,1976	0,2954
A <sub>cprog</sub>	0,5315	0,3683	0,3063	0,4042	0,5511
<b>Média Geral</b>	8,3967	8,5453	5,9954	4,5623	0,9196

Em que:<sup>1</sup> = herdabilidade individual no sentido restrito ( $h_a^2$ ); herdabilidade da média de progênies ( $h_p^2$ ); coeficiente de variação genética aditiva individual (CV<sub>gi</sub> %); coeficiente de variação genotípica entre progênies (CV<sub>gp</sub> %); coeficiente de variação residual (CV<sub>r</sub> %); CV<sub>e</sub> % (coeficiente de variação experimental); CV<sub>r</sub> = CV<sub>gp</sub>/CV<sub>e</sub> = coeficiente de variação relativa; acurácia seletiva de progênies (A<sub>cprog</sub>).

As herdabilidades individuais ( $h_a^2$ ), no sentido restrito, foram de média magnitude para o caractere DAP (0,16) e de magnitude baixa para os caracteres ALTT (0,08), ALTC (0,08), FF (0,06) e SOB (0,12). Tais estimativas são coerentes com aquelas encontrados por Santos et al. (2008), para população de *Eucalyptus camaldulensis*, Guerra et al. (2009) para a *Myracrodruon urundeuva* e Madhibha et al. (2013) para híbridos de *Eucalyptus*, o que denota possibilidades a serem exploradas ao longo do tempo no programa de melhoramento genético.

As herdabilidades médias das progênies ( $h_p^2$ ) para a DAP (0,28), SOB (0,30) e FF (0,16) foram de magnitudes medianas, para a ALTT (0,13) e ALTC (0,09) foram de baixa magnitude, estão de acordo com a classificação de Resende e Bertolucci (1995). Assim, o DAP e a FF,

apresentam controle genético, possibilitando ganhos mediante a seleção, o que condiz com os resultados obtidos por Rosado et al. (2009) para *E. urophylla*.

Assim, as estimativas de herdabilidades proporcionam uma resposta esperada na seleção de populações de segregantes e são úteis nas análises de programas de melhoramento (MAJIDI et al., 2009). O crescimento em DAP e a alta taxa de SOB (91,96%) demonstram que houve adaptabilidade das progênies às condições edafoclimáticas e experimentais da região de abrangência deste estudo.

O coeficiente de variação genotípica individual ( $CV_{gi}$  %) expressa em porcentagem a média geral a quantidade de variação genética existente, é um parâmetro muito utilizado para detectar a variabilidade genética expressa para cada caráter (RESENDE, 2002). Neste estudo, os ( $CV_{gi}$  %) para o DAP (16,56), ALTT (7,22), ALTC (7,74), FF (3,32) e SOB (10,34) encontrados foram maiores que os coeficientes de variações genéticas de progênies ( $CV_{gp}$  %) para DAP (8,21), ALTT (4,11), ALTC (3,87), FF(1,66) e SOB (5,17), ou seja, para todos caracteres em todas as situações estudadas e estão de acordo com os resultados obtidos para algumas espécies do gênero *Eucalyptus* (ROCHA et al., 2007).

O caráter DAP apresentou maior coeficiente de variação genética, o que demonstra uma maior variação tanto entre os indivíduos, quanto entre as progênies, comparada aos demais caracteres analisados.

Na Tabela 3, encontram-se os valores do efeito aditivos ( $\hat{a}$ ), valores genéticos aditivos preditivos ( $u+\hat{a}$ ), efeitos genotípicos ( $\hat{g}$ ), valores genotípicos preditivos ( $u + \hat{g}$ ) para o caráter DAP.



**Tabela 3** – Efeitos aditivos ( $\hat{a}$ ), valores genéticos aditivos preditivos ( $u+\hat{a}$ ), efeitos genotípicos ( $\hat{g}$ ), valores genotípicos preditivos ( $u + \hat{g}$ ) para o caráter DAP, no município de Santo Antônio do Leverger, MT.

Propagação Sexuada						Propagação Assexuada					
Ordem	Bloco	Prog	Arv	$\hat{a}$	$u + \hat{a}$	Ordem	Bloco	Prog	Arv	$\hat{g}$	$u + \hat{g}$
1	1	99	3	1,0542	9,4692	1	1	99	3	1,6115	10,0265
2	3	75	1	1,0399	9,4405	2	3	75	1	1,4757	9,8907
3	2	92	3	1,0203	9,3962	6	2	12	2	1,4286	9,8436
4	1	15	2	1,0087	9,3890	5	1	81	3	1,4065	9,8215
5	1	81	3	0,9917	9,3387	3	2	92	3	1,3818	9,7968
6	2	12	2	0,9800	9,3365	4	1	15	2	1,3282	9,7432
7	2	126	1	0,9660	9,2973	14	1	85	2	1,2767	9,6917
8	2	92	2	0,9497	9,2503	11	2	32	2	1,2294	9,6444
9	2	15	3	0,9353	9,2347	7	2	126	1	1,2042	9,6192
10	4	15	2	0,9236	9,2341	15	2	40	1	1,1424	9,5574
11	2	32	2	0,9126	9,2171	8	2	92	2	1,1386	9,5536
12	2	90	1	0,9023	9,2045	18	3	43	3	1,1300	9,5450
13	1	47	3	0,8932	9,1985	13	1	47	3	1,1224	9,5374
14	1	85	2	0,8844	9,1845	12	2	90	1	1,0964	9,5114
15	2	40	1	0,8765	9,1810	17	1	89	1	1,0888	9,5038
16	5	78	3	0,8691	9,1741	19	5	47	1	1,0757	9,4907
17	1	89	1	0,8626	9,1738	9	2	15	3	1,0710	9,4860
18	3	43	3	0,8568	9,1720	10	4	15	2	1,0700	9,4850
19	5	47	1	0,8514	9,1705	16	5	78	3	1,0626	9,4776
20	1	126	1	0,8463	9,1645	20	1	126	1	0,9829	9,3979
MPS				9,2614						9,6312	

Em que: Prog = progênies; Arv = árvores; MPS = média pomar de sementes.

A variável DAP foi escolhida, devido a ser um caráter superior em relação aos ganhos genéticos pelo método de seleção BLUP e a seleção entre e dentro.

A partir desses resultados, o melhorista pode tomar uma decisão na linha de melhoramento a que deve seguir, tais como: APS = Área de produção de sementes ou PSC = Pomar de sementes clonais, então podemos observar que, para a propagação sexuada, as melhores árvores com os melhores ganhos em " $\hat{a}$ ", em relação ao caráter DAP, encontram-se nas famílias: 99, 75, 92, 15, 81, 12, 126 e para a propagação assexuada com os melhores ganhos em " $\hat{g}$ " foram as famílias: 99, 75, 12, 81, 92, 15, 85, 32, 126 e 40.

Verifica-se que os valores genotípicos foram maiores que os valores genéticos aditivos, pois, na reprodução assexuada. Isso indica maiores possibilidades de ganhos com a implantação de plantios clonais na sequência do programa de melhoramento. Falconer (1981) lembra que toda a variação genética é passada para os clones, enquanto que na reprodução sexuada, apenas a variação genética aditiva é repassada para a próxima geração.

A propagação, tanto via sementes como via propágulos vegetativos, possui em comuns as famílias: 99, 75, 92, 15, 81, 12, 126. Isso significa que estes são os melhores genótipos encontrados para a variável DAP na população.

## CONCLUSÕES

As estimativas de parâmetros genéticos demonstraram que existe variabilidade genética para caracteres analisados, especialmente para o DAP nas progênies de *Eucalyptus camaldulensis*.

A herdabilidade em nível de média de progênies foi de boa magnitude para a maioria dos caracteres, sugerindo possibilidade de obterem-se ganhos com a seleção dentro de famílias. Ressalta-se que o caráter mais indicado para a seleção foi o DAP, demonstrado pelos maiores coeficientes de variação relativa e herdabilidades.

A propagação via sementes ou propágulos vegetativos apresentaram em comum as famílias 99, 75, 92, 15, 81, 12, 126, indicando a possibilidade de propagação desses materiais genéticos em ambas as situações, podendo capitalizar, especialmente para o caráter DAP (propagação assexuada), ganhos mais expressivos com seleção na sequência do programa de melhoramento genético.

## REFERÊNCIAS

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE PRODUTORES DE FLORESTAS PLANTADAS - ABRAF. *Anuário Estatístico da ABRAF 2013*. Brasília, DF. 150p.

BUTCHER, P. A.; McDONALD, M. W.; BELL, J. C. Congruence between environmental parameters morphology and genetic structure in Australia's most widely distributed eucalypt, *Eucalyptus camaldulensis*. *Tree Genetics e Genomes* v. 5, p. 189-210, 2009.

COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; CONTINI, A. Z.; REGO, F. L. H.; ROA, R. A. R.; MARTINS, W. J. Avaliação genética dentro de progênies de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.), na região de Caarapó, MS, pelo procedimento REML/BLUP. *Ciência Florestal*, Santa Maria, v. 15, n. 4, p. 371-376, 2005.

FALCONER, D. S. *Introdução à genética quantitativa*. Viçosa, MG: UFV, 1981. 279p.

GUERRA, C. R. S. B.; MORAES, M. L. T.; SILVA, C. L. S. P.; CANUTO, D. S. O.; ANDRADE, J. A. C.; FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M. Estratégias de seleção dentro de progênies em duas populações de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. *Revista Scientia Forestalis*, Piracicaba, v. 37, n. 81, p. 079-087, mar. 2009.

KAGEYAMA, P. Y.; KRUGNER, T. L.; MORA, A. L.; BERTOLOTTI, G.; GAIAD, S. *Avaliação de progênies de árvores superiores de Eucalyptus grandis*. Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais, n. 80, 1979. 14p. (Circular Técnica).

MADHIBHA, T.; MUREPA, R.; MUSOKONYI, C.; GAPARE, W. Genetic parameter estimates for interspecific *Eucalyptus* hybrids and implications for hybrid breeding strategy. *New Forests*, v. 44, p. 63-84, 2013.

MAJIDI, M. M.; MIRLOHI, A.; AMINI, F. Genetic variation heritability and correlation of agro-morphological traits in tall fescue (*Festuca arundinaceae* Schreb.). *Euphytica*, 167:323-331, 2009.

MISSIO, R. F.; SILVA, A. M.; DIAS, L. A. S.; MORAES, M. L. T.; RESENDE, M. D. V. Estimates of parameters and prediction of additive values in *Pinus kesyra* progenies. *Crop Breeding and applied Biotechnology*, Viçosa, v. 5, n. 4, p. 394-401, 2005.

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, 2003. p. 466-467.

PALUDZYSZYN FILHO, E. *Programa de melhoramento genético de eucalipto da Embrapa Florestas*. Colombo: Embrapa Floresta, 2011.

RESENDE, M. D. V.; BERTOLUCCI, F. L. G. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: IUFRO CONFERENCE "Eucalyptus plantations: improving fibre yield and quality". Hobart. Proceedings. Hobart: CRC for Temperate Hardwood Forestry, 1995. p. 167-170.

RESENDE, M. D. V.; FERNANDES, J. S. C. Procedimento BLUP (Melhor Predição Linear não Viciada) individual para delineamentos experimentais aplicados ao melhoramento florestal. *Revista Matemática e Estatística*, São Paulo, n. 17, p. 89-107, 1999.

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

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Revista Pesquisa Agropecuária Tropical*, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, set. 2007.

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 produção de híbridos interespecíficos utilizando Reml/ Blup e informação de divergência genética. *Revista Árvore*, Viçosa, v. 31, n. 6, p. 977-987, 2007.

ROSADO, A. M.; ROSADO, T. B.; RESENDE JUNIOR, M. F. R.; BHERING, L. L.; CRUZ, C. D. Ganhos genéticos preditos por diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus urophylla*. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 4, n. 12, p. 1653-1659, 2009.

SANTOS, F. W.; FLORSHEIM, S. M. B.; LIMA, I. L.; TUNG, W. S. C.; SILVA, J. M.; FREITAS, M. L. M.; TUNG, E. S. C.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Variação genética para a densidade básica da madeira e caracteres silviculturais em uma população base de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. *Revista do Instituto Florestal*, São Paulo, v. 20, n. 2, p. 185-194, 2008.