

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRONÔMICAS
CAMPUS DE BOTUCATU

**SELEÇÃO GENÉTICA DE PROGÊNIES DE IRMÃOS COMPLETOS OBTIDOS
ENTRE ESPÉCIES DE *Eucalyptus* sp, VISANDO A PRODUÇÃO DE CARVÃO
VEGETAL.**

EDUARDO PINHEIRO HENRIQUES

Tese apresentada à Faculdade de Ciências
Agronômicas da Unesp Campus de Botucatu,
para obtenção do título de Doutor em Ciência
Florestal.

Botucatu – SP
Dezembro de 2016

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRONÔMICAS
CAMPUS DE BOTUCATU

**SELEÇÃO GENÉTICA DE PROGÊNIES DE IRMÃOS COMPLETOS OBTIDOS
ENTRE ESPÉCIES DE *Eucalyptus* sp, VISANDO A PRODUÇÃO DE CARVÃO
VEGETAL.**

ALUNO: EDUARDO PINHEIRO HENRIQUES

ORIENTADOR: PROF. DR. MÁRIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES

Tese apresentada à Faculdade de Ciências Agronômicas da Unesp Campus de Botucatu, para obtenção do título de Doutor em Ciência Florestal.

Botucatu – SP
Dezembro de 2016

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA SEÇÃO TÉCNICA DE AQUISIÇÃO E TRATAMENTO DA INFORMAÇÃO - DIRETORIA TÉCNICA DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - UNESP - FCA - LAGEADO - BOTUCATU (SP)

Henriques, Eduardo Pinheiro, 1949-
H519s Seleção genética de progênies de irmãos completos obtidos entre espécies de *Eucalyptus* sp, visando a produção de carvão vegetal / Eduardo Pinheiro Henriques. - Botucatu : [s.n.], 2016
xii, 79 f. : grafs. color., ils. color., tabs.

Tese (Doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrônômicas, Botucatu, 2016
Orientador: Mário Luiz Teixeira de Moraes
Inclui bibliografia

1. Eucalipto - Melhoramento genético. 2. Genética vegetal. 3. Endogamia. 4. Carvão vegetal. I. Moraes, Mário Luiz Teixeira de. II. Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" (Câmpus de Botucatu). Faculdade de Ciências Agrônômicas. III. Título.

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte"

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA TESE: SELEÇÃO GENÉTICA DE PROGÊNIES DE IRMÃOS COMPLETOS OBTIDOS ENTRE DIFERENTES ESPÉCIES DE *Eucalyptus* sp, VISANDO A PRODUÇÃO DE CARVÃO VEGETAL

AUTOR: EDUARDO PINHEIRO HENRIQUES

ORIENTADOR: MARIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES

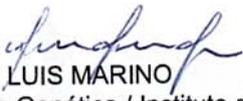
Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Doutor em CIÊNCIA FLORESTAL, pela Comissão Examinadora:



Prof. Dr. MARIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES
Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio Economia / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira - UNESP



Pesquisador PAULO HENRIQUE MULLER DA SILVA
IPEF / Instituto de Pesquisas e Estudo Florestais - Piracicaba/SP



Prof. Dr. CELSO LUIS MARINO
Departamento de Genética / Instituto de Biociências de Botucatu



Prof. Dr. RINALDO CESAR DE PAULA
Departamento de Produção Vegetal / FCAV / UNESP - Jaboticabal



Prof. Dr. ALEXANDRE MAGNO SEBBENN
Secretaria do Meio Ambiente do Estado de São Paulo / Instituto Florestal de São Paulo - IFSP

Botucatu, 14 de dezembro de 2016

À minha família - DEDICO

BIOGRAFIA DO AUTOR

Eduardo Pinheiro Henriques, filho de Waldemar Henriques e de Gilse Pinheiro Henriques, natural de Cataguases MG, nascido em 30 de novembro de 1949.

Cursou o primeiro e segundo graus em Caratinga MG, no Grupo Escolar Dom Carloto e no Colégio Estadual José Augusto Ferreira Filho.

Graduou-se em Engenharia Florestal pela Universidade Federal de Viçosa – UFV, em 15 de dezembro de 1975.

Trabalhou de 16 de fevereiro de 1976 a 01 de abril de 2013 na Aperam Bioenergia Ltda, ex-ArcelorMittal BioEnergia Ltda e ex- Acesita Energética Ltda.

Mestre em Ciência Florestal, pela Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” - Faculdade de Ciências Agronômicas – Campus de Botucatu SP em 24 de agosto de 2012.

Reside atualmente em Timóteo MG.

AGRADECIMENTOS

- À minha família, minha esposa Valdene, minhas filhas Vanessa e Vivian e minha mãe Gilse, que me apoiaram e incentivaram e que também se privaram de tantos momentos para que eu pudesse me dedicar aos estudos e à pesquisa.

- Ao meu Orientador Prof. Dr. Mário Luiz Teixeira de Moraes, que me ensinou tanto com sua orientação, suas aulas e seu jeito de viver e ver os acontecimentos de forma mansa e pacífica.

- À Dra. Marcela Aparecida de Moraes, pela ajuda nas análises e orientação.

- À Aperam Bioenergia Ltda e ao seu então diretor Dr. Paulo Sadi Silochi, pela liberação do Teste de Progênes para o estudo da pesquisa.

- Ao Prof. Dr. Alexandre Magno Sebbenn, pela valorosa ajuda na análise dos dados e pelo exemplo de muito estudo e muito trabalho.

- Ao Prof. Dr. Marcos Deon Vilela de Resende e aos seus orientados Doutorandos Andrei Caique Pires Nunes e Rodrigo Silva Alves pela colaboração na interpretação dos dados analisados pelo Selegen.

- Ao doutorando da Unesp Gilberto Magalhães Filho, pela ajuda nas análises moleculares.

Felizmente tenho muito a agradecer..... muitas pessoas não foram citadas, mas pela grandiosidade de seus corações, nem se importam com isto!

**“Cada ser em si carrega o dom de ser capaz”
Tocando em frente – Renato Teixeira.**

SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS	IX
LISTA DE TABELAS	X
RESUMO	1
ABSTRACT	3
1 INTRODUÇÃO	5
2 OBJETIVOS	7
3 REVISÃO DE LITERATURA	8
4 MATERIAL E MÉTODOS	14
4.1 Material	14
4.1.1 Definição da população genitora feminina no PSC 2000	14
4.1.2 Definição da população genitora masculina	17
4.1.3 Otenção do pólen	18
4.1.4 Emasculação	18
4.1.5 Polinização	19
4.1.6 Coleta dos frutos	20
4.2 Descrição do local de instalação do teste de progênes	20
4.3 Caracterização edafoclimática	21
4.4 Métodos	23
4.4.1 Análise Quantitativa	23
4.4.2 Avaliação do crescimento	23
4.4.3 Análise dos dados	24
4.4.4 Análise molecular	25
4.4.5 Coleta do material biológico	27
5 RESULTADOS	27
5.1 Parâmetros Moleculares	27
5.1.1 Endogamia	27
5.1.2 Coancestria	28
5.1.3 Diversidade e estrutura genética das populações	30
5.2 Parâmetros genéticos	35
5.2.1 Variâncias genéticas, fenotípicas e ambientais	36
5.2.2 Parâmetros genéticos	36

6 CONCLUSÕES	44
7 RECOMENDAÇÃO	44
8 REFERÊNCIAS	48
9 APÊNDICE	54

LISTA DE FIGURAS

	Página
Figura 1 Esquema da constituição genética do PSC 2000.....	15
Figura 2 Localização do teste de progênies	21
Figura 3 Balanço hídrico da região de Itamarandiba MG.....	22
Figura 4 Precipitação pluviométrica média de 1975 a 2009 e de 2010 em Itamarandiba MG.....	22
Figura 5 Temperaturas máximas (azul) e mínimas (vermelhas) – médias mensais de 1995 a 2010 em Itamarandiba MG.....	23
Figura 6 Curva de distribuição de frequência (%) de estimativas do coeficiente de coancestria.....	30
Figura 7 Valores de ΔK obtidos pelo programa Structure, evidenciando um pico em $K = 2$ estruturas genéticas.....	33
Figura 8 Distribuição da estrutura genética por indivíduo – 33 indivíduos da população feminina (1) e 41 indivíduos da população masculina (2).....	34
Figura 9 Distribuição da estrutura genética por população – 33 indivíduos da população feminina (1) e 41 indivíduos da população masculina (2).....	35

LISTA DE TABELAS

	Página
1 Relação das árvores constantes do Pomar de Semente Clonal 2000 que foram polinizadas e funcionaram como população genitora feminina.....	16
2 Relação das árvores doadoras de pólen que funcionaram como população genitora masculina.....	17
3 Demonstrativo dos locos microssatélites e sequência de primers utilizada para conhecimento molecular das populações genitoras do Teste de Progênie de irmãos completos de <i>Eucalyptus</i>	26
4 Parâmetros de diversidade genética intrapopulacional, para 74 indivíduos, empregando 14 locos microssatélites em duas populações de genitores do Teste de Progênie de irmãos completos <i>Eucalyptus</i>	28
5 Cruzamentos – coancestria nas populações parentais.....	29
6 Parâmetros de estrutura genética para 14 locos microssatélites em duas populações de genitores do Teste de Progênie de irmãos completos de <i>Eucalyptus</i>	31
7 Medidas de distância e identidade genéticas de Nei (1972) e Nei (1978), para as duas populações parentais.....	32

8 Estimativa de parâmetros genéticos para crescimento em altura (m), aos 2, 5 e 7 anos de idade, em teste de progênies de polinização controlada (irmãos completos) de <i>Eucalyptus</i> sp	41
9 Estimativas de parâmetros genéticos para crescimento em diâmetro (DAP – diâmetro à altura do peito) (cm), aos 2, 5 e 7 anos de idade, em testes de progênies de polinização controlada (irmãos completos) de <i>Eucalyptus</i> sp.....	42
10 Estimativas de parâmetros genéticos para crescimento em volume individual (m ³), aos 2, 5 e 7 anos de idade, em teste de progênies de polinização controlada (irmãos completos) de <i>Eucalyptus</i> sp.....	43
11 Seleção dos cruzamentos que produziram rendimentos florestais iguais ou maiores que 65 m ³ ha ⁻¹ ano ⁻¹ aos sete anos de idade.....	46
12 Relação das progênies a serem clonadas.....	47
Apêndice 1 Composição do Pomar de Semente Clonal 2000, de <i>Eucalyptus urophylla</i> , onde foram feitas as polinizações controladas, localizado em Itamarandiba MG.....	55
Apêndice 2 Composição dos Pomares de Sementes Clonais de <i>Eucalyptus urophylla</i> , constituintes do Pomar de Semente Clonal 2000, que deu origem ao teste de progênies, todos localizados em Itamarandiba MG.....	55
Apêndice 3 Demonstrativo dos 286 cruzamentos controlados, onde as mães foram 33 matrizes do PSC 2000, polinizadas com pólen de 64 matrizes da população genitora masculina	56
Apêndice 4 Discriminação do material genético da população genitora masculina	62

Apêndice 5 Dados originais do cálculo da coancestria por cruzamento.....	63
Apêndice 6 Indexação dos parentais à sequência numérica das (Figuras 8 e 9).....	73
Apêndice 7 Estimativas de componentes de variância para caracteres de crescimento em altura (m), diâmetro à altura do peito (DAP) (cm) e volume individual das árvores (m ³) aos 2, 5 e 7 anos de idade, em teste de progênes de polinização controlada (irmãos completos) de <i>Eucalyptus</i> sp.....	74
Apêndice 8 Croqui de Instalação do teste de progênes de irmãos completos	76

Seleção genética de progênes de irmãos completos obtidos entre diferentes espécies de *Eucalyptus* sp, visando a produção de carvão vegetal.

RESUMO

Testes de Progênes de polinização aberta ou controlada são técnicas que permitem ao melhorista orientar o seu programa de melhoramento com base no potencial genético do material de que dispõe. Na atualidade são empregados programas computacionais avançados com base em modelos matemáticos de genética quantitativa. A partir dos dados dos parâmetros genéticos quantitativos, parâmetros moleculares calculados com dados de DNA, avaliações aos 2, 5 e 7 anos de idade dos caracteres altura das plantas (ALT) (m), diâmetro à altura do peito (DAP) (cm), volume individual das árvores (VOL) (m), genotipagem de 33 genitores femininos e 41 masculinos, quando foram analisados 14 locos microssatélites SSR, pode-se traçar a linha de trabalho de melhoramento com segurança nos resultados almejados. O objetivo deste estudo foi (i) formar um pomar de recombinação, (ii) formar um pomar de hibridação com as melhores progênes das famílias, (iii) identificar as famílias excepcionais para propagação seminal e clonal, (iv) selecionar as 10 melhores progênes para clonagem e (v) formar um Pomar de Semente Testada com as populações genitoras feminina e masculina. O delineamento experimental do teste foi de blocos casualizados com 286 tratamentos (cruzamentos), em 8 repetições de parcelas lineares de 6 plantas. O teste da razão de verossimilhança (LTR) revelou diferenças de alta significância, ao nível de 1% de probabilidade ($p < 0,001$), entre todos os caracteres avaliados e em todas as idades de avaliação. A herdabilidade individual entre os sexos no sentido restrito (h^2_a) foi de aproximadamente o dobro da herdabilidade dos efeitos de dominância entre machos e fêmeas (h^2_{dom}). A herdabilidade individual entre os sexos no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais (h^2_g) foi de 0,4 aos dois anos, 0,34 aos cinco anos e de 0,21, para o caráter altura aos sete anos de idade. Estes valores indicam sucesso na seleção dentro da população. As acurácias geral de machos (Ac_{gm}), geral de fêmeas (Ac_{gf}) e geral dos cruzamentos (Ac_{gcruz}) são altas, tendo em vista que se

situam acima de 0,75 para todos os caracteres em todas as idades estudadas. Isto indica que a seleção a ser realizada terá garantia de acerto acima de 70%. Os parâmetros moleculares evidenciaram não haver endogamia, coancestria e nem parentesco entre os indivíduos das populações dos genitores. A identidade genética é da ordem de 0,800 e a distância de 0,222. As populações de genitores compartilham apenas duas estruturas genéticas do genoma. Foram selecionadas (i) 32 famílias excepcionais e nelas (ii) 256 indivíduos para formação do pomar de recombinação, com produtividade média de $74,24 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$, (iii) 65 progênies para estabelecimento do pomar de hibridação com a mesma produtividade média. No “ranking” de indivíduos foram selecionados os melhores, para clonagem, com produtividade média de $86,08 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$.

Palavras chaves: *Eucalyptus*; teste de progênies; parâmetros genéticos, seleção, endogamia, coancestria e estrutura genética.

Genetic selection of progenies of full siblings obtained between different species of *Eucalyptus* sp, aiming the production of charcoal.

ABSTRACT

Progeny tests of open or controlled pollination are techniques that allow the breeder to guide its improvement program based on the genetic material of the available material. At the present time advanced computer programs based on mathematical models of quantitative genetics are used. From data of the quantitative genetic parameters, molecular parameters calculated with DNA data, evaluations at 2, 5 and 7 years of age of characters, height of plants (HGT) (m), diameter at breast height (DBH) (cm), individual volume of trees (VOL) (m) and genotyping of 33 female and 41 male parents, when fourteen SSR microsatellite loci were analyzed, it is possible to draw the working line for safely improving the desired results. The objective of this study is (i) forming a recombination orchard, (ii) forming a hybridization orchard with the best progenies of the families, (iii) identifying exceptional families to seed and clonal propagation, (iv) selecting the 10 best progenies for cloning and (v) creating an Orchard of Tested Seeds with female progenitor population. The experimental design of the test was the one of randomized blocks with 286 treatments (crossings) in eight repetitions of linear parcels of 6 plants. The likelihood ratio test (LRT) revealed differences of high significance, at the level of 1% of probability ($p < 0.001$), between all evaluated characters and in all evaluating ages. Individual heritability between sexes in the restricted sense (h^2_a) was approximately the double or the heritability of dominance effects between males and females (h^2_{dom}). Individual heritability between sexes in the broad sense, in other words, of total phenotypic effects (h^2_g) was 0.4 at two years, 0.34 at five years and 0.21 at seven years of age. Those values indicate success of population selection. General accuracy of males ($Gacm$), general accuracy of females ($Gafm$) and general accuracy of plant breeding ($Gacg_{cross}$) are high, considering that they are over 0.75 for all characters in all studied ages. This indicates that the selection to be performed will have a guaranteed accuracy over 70%. Molecular parameters evidenced that there are no endogamy and no relatedness between individuals from the genitors'

populations. Genetic identity is in the order of 0.800 and distance 0.222. Genitors' populations shared only two genetic structures of the genome. Thirty-two exceptional families (i) were selected and from them (ii) 256 individuals for formation of recombination orchard, with mean production of $74.24 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ year}^{-1}$, (iii) 65 progenies for establishment of hybridization orchard with the same average production. In the ranking of individuals, the best ones were selected, for cloning, with mean productivity of $86.08 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ year}^{-1}$.

Key-words: *Eucalyptus*; progeny test; genetic parameters; selection; inbreeding; coancestry and genetic structure.

1 INTRODUÇÃO

Em 2015 a área ocupada por plantio de *Eucalyptus*, *Pinus* e outras espécies (entre elas Seringueira, Acácia, Teca e Paricá) no Brasil foi de 7.801.047 ha, sendo 5.630.607 ha de *Eucalyptus* e 1.581.239 ha de *Pinus* e 589.201 ha de outras, conforme IBA (2016) (Indústria Brasileira de Árvores). A área plantada foi crescente anualmente, desde 2006, segundo esta mesma fonte. Os Estados de Minas Gerais, São Paulo, Mato Grosso do Sul e Bahia, se destacaram no cenário nacional como detentores de 68% da área total dos plantios de *Eucalyptus*. De toda área plantada com florestas, o gênero *Eucalyptus* representa 72%, o gênero *Pinus* 20% e outros gêneros 7,5%.

Do ponto de vista do atendimento social, a silvicultura gerou em torno de 3.800.000 empregos diretos e indiretos. A receita bruta em 2015 foi de R\$ 69,1 bilhões com participação em torno de 6,0% do PIB (Produto Interno Bruto). As exportações foram de US\$ 9,0 bilhões, representando 4,7% do total das exportações brasileiras (IBA, 2016).

O consumo total de madeira no Brasil em 2015 foi de 151,20 milhões de m³, dos quais o setor de celulose consumiu 65,60 milhões de m³ e o setor siderúrgico consumiu 21,25 milhões de m³ (IBA, 2016).

No início da década de 1970, quando a área de florestas plantadas era de em torno de 100.000 ha, ocorreu o “boom” do reflorestamento no Brasil, especialmente pela edição do Decreto-Lei n° 1376 de 12 de dezembro de 1974, que criou o Fiset - Fundo de Investimento Setorial que destinava recursos financeiros de incentivos fiscais oriundos de deduções do Imposto de Renda de Pessoas Jurídicas para turismo, pesca e reflorestamento.

Empresas integradas/verticalizadas (que plantavam florestas para consumo próprio em suas indústrias – celulose e siderurgia entre elas) e outras com o objetivo de formar patrimônio florestal para negociação futura usaram intensivamente desse recurso disponível.

Ocorre que na época não se dispunha de tecnologia operacional para tanto plantio, bem como de material genético adequado. Operações intensivas foram adotadas, como o uso do correntão para a derrubada das árvores nativas, aração, duas gradagens e sulcamento para o preparo do

solo, a exemplo do que era feito na agricultura para plantio de grandes culturas como cana de açúcar e soja.

Para introdução das espécies foi utilizado o trabalho de Lamberto Golfari intitulado “Zoneamento Ecológico do Estado de Minas Gerais para reflorestamento”, de 1975, que indicava para plantio especialmente na região do cerrado de Minas Gerais as espécies: *E. camaldulensis*, *E. tereticornis*, *E. grandis* e *E. saligna* (GOLFARI, 1975). Na ocasião retirava-se a floresta nativa, no caso o cerrado, região onde se encontra este teste, com produtividade de $1,5 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ para se implantar um povoamento muito mais produtivo, de $9,0 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$.

A passagem do correntão, além da retirada das árvores nativas, ensejava a corrida desesperada do tamanduá bandeira com seu filhote agarrado às suas costas. A escapada desnorteada da seriema sem seu companheiro, da perdiz intercalando voos e corridas para se safar do “tsunami”. Veados e lobos guarás em corridas e saltos velozes sem direção. Deslizavam sem rumo a cobra cascavel e os lagartos. Este foi o preço que a natureza pagou para atender à demanda do homem por produtos dependentes de base florestal.

No caso da indústria siderúrgica, o carvão vegetal produzido de floresta plantada, desafogou a produção de carvão de floresta nativa, bem como reduziu a importação do coque mineral com o agravante de ser altamente poluente.

A baixa produtividade levou as Empresas a imobilizarem um patrimônio fundiário muito grande o que agravou os conflitos de terra em diversas regiões do país, notadamente nas extensas áreas mais pobres, e sem recursos como o Vale do Jequitinhonha em Minas Gerais.

A seleção de materiais superiores e posterior clonagem nas áreas de plantio comercial foi o grande salto de produtividade, mas não agregava variabilidade que é conforme Souza et al. (2011) a matéria prima do melhoramento.

Trabalhos de melhoramento genético estabelecidos por Empresas, Universidades e Institutos de Pesquisas elevaram a produtividade que era na década de 1970 de aproximadamente $9 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$, para $50 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$

¹ nos dias atuais. Também a densidade básica da madeira, nesta mesma época, saltou de aproximadamente 420 kg m⁻³ para em torno de 550 kg m⁻³.

Foi a hibridação interespecífica, que promoveu a transformação genética via introgressão de genes exógenos de interesse, por polinização controlada ou aberta, de pólen de espécies com as características desejadas. (BOUDET, 1998).

Os ganhos com o melhoramento florestal desligaram a atividade florestal da dependência de subsídios para se tornar uma atividade economicamente independente e lucrativa.

2 OBJETIVOS

Objetivo Geral

Enriquecer o programa de melhoramento com híbridos interespecíficos, progênies de famílias excepcionais.

Objetivos

- (i) Estimar a relação de parentesco geral, endogamia, distância e similaridade entre parentais a partir de parâmetros moleculares;
- (ii) estimar parâmetros genéticos para caracteres de produção como Altura (ALT), Diâmetro à Altura do Peito (DAP) e Volume individual das árvores (VOL);
- (iii) estabelecer um pomar de recombinação por polinização livre, com a seleção dos 8 melhores indivíduos por cruzamento, sendo um por repetição, cuja produtividade seja maior ou igual a 65 m³ ha⁻¹ ano⁻¹;
- (iv) estabelecer um pomar de hibridação por polinização controlada, com os melhores indivíduos das famílias e das populações genitoras, cuja produtividade seja maior ou igual a 65 m³ ha⁻¹ ano⁻¹, ambos (iii) e (iv) com o fim de melhor usar a variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$);
- (v) selecionar famílias excepcionais, cuja produtividade seja superior ou igual a 65 m³ ha⁻¹ ano⁻¹ para propagação clonal e seminal em massa;
- (vi) selecionar 10 progênies para clonagem, cuja produtividade seja superior ou igual a 65 m³ ha⁻¹ ano⁻¹, para explorar a variância genética total ($\hat{\sigma}_g^2$) e,

(vii) formar Pomar de Semente Testada, do Pomar de Semente Clonal 2000, utilizado como população genitora feminina neste teste.

3 REVISÃO DE LITERATURA

O eucalipto pertence à divisão Angiospermae, classe Dicotyledonea, ordem Myrtales, família Myrtaceae, e ao gênero *Eucalyptus* que foi descrito pelo botânico francês Charles Louis L'Héritier de Brutelle, em 1788 (ELDRIDGE et al., 1978).

Hoje se tem conhecimento de cerca de 900 espécies nativas da Austrália (HENRIQUES et al., 2012), e regiões próximas, como Timor, Indonésia, Papua Nova Guiné, Molucas, Irian Jaya e sul das Filipinas. As espécies *E. urophylla* e *E. deglupta* não ocorrem na Austrália (PRYOR, 1976).

Diversas espécies, confinadas entre o mar e o continente, predominantemente na Austrália, na faixa latitudinal entre 9° N e 45° S, onde se encontram amplamente distribuídas entre as altitudes de 30 m a 2000 m (PRYOR, 1976), e facilidade de hibridação por polinização aberta, possibilitam que o gênero *Eucalyptus* seja amplamente cultivado no mundo inteiro, bem como, adaptado às mais diferentes condições de clima e solo (ELDRIDGE et al., 1994).

É uma planta diploide com um número haploide de 11 cromossomos conforme Eldridge (1993). Não ocorre poliploidia natural no gênero. O tamanho estimado do genoma varia entre 530 e 644 Mpb. Aproxima em tamanho do genoma das espécies do gênero *Populus* (473 Mpb) e é muito menor que *Pinus* (23 Gpb) (ELDRIDGE et al., 1993; GRATTAPAGLIA; BRANDSHAW, 1994; PINTO et al., 2004; POKE et al., 2005).

No início da década de 1970, com a expansão de Escolas de Engenharia Florestal; Universidades ligadas às áreas de agricultura e silvicultura; associações de pesquisa entre Universidades e Empresas (IPEF ligado à ESALQ/USP e SIF ligada à UFV entre outras), bem como a criação de órgãos ligados ao Governo como o Centro de Pesquisa Florestal da Região do Cerrado, Projeto de Desenvolvimento e Pesquisa Florestal, PNUD/FAO/IBDF, diversas pesquisas foram instaladas em todo Brasil, especialmente Testes de Introdução de Espécies, Testes de Progênes e Procedências, Áreas Produtoras

de Sementes e Pomares de Sementes. Diversas expedições foram realizadas à Austrália por técnicos do Governo, de Universidades e principalmente de Empresas. Cientistas renomados do exterior visitaram, no Brasil, as Instituições de Pesquisa, Universidades e Empresas envolvidas com o plantio de florestas, notadamente eucaliptos e pinus. Essas providências propiciaram ganhos crescentes e sustentáveis de produção.

Assim a produtividade que na década de 1970 era de $9,0 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$, dobrou para a década seguinte de 1980 com $18,0 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$. As pesquisas não pararam, os estudos, simpósios, congressos nacionais e internacionais promoviam a disseminação e a troca de conhecimentos e experiências e na década de 1990 a produtividade já era de $28,0 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$. No início dos anos 2000 a produtividade saltou para $35,0 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$. A partir de 2008 a produtividade já foi de $42,0 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$, na atualidade estes rendimentos médios são de $50 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ na região do cerrado do Vale do Jequitinhonha de Minas Gerais.

Neste mesmo período, a partir da década de 1970, houve ganhos significativos, crescentes e sustentáveis em densidade básica da madeira, passando de aproximadamente 420 kg m^{-3} para em torno de 550 kg m^{-3} nos dias atuais.

Esses ganhos significativos de produtividade com o gênero *Eucalyptus* foram conseguidos através do melhoramento genético (HIGASHI; SILVEIRA; GONÇALVES, 2000), em que a base da silvicultura está na utilização de clones de alta produtividade, os quais são identificados nas avaliações de testes de progênies e posteriormente testes clonais. Segue-se o emprego do método da Seleção Recorrente Recíproca (SRR) em Testes de Progênies (TP), que possibilitam a fixação de características desejáveis. São empregados todos os esforços para se garantir a variabilidade genética, através dos processos de seleção (SILVA et al., 2003; HIGASHI; SILVEIRA; GONÇALVES, 2002).

Moraes (2012) sugere a utilização de marcadores moleculares microssatélites para se conhecer a divergência genética entre os genitores, divergência esta, tão importante para a consecução de combinações superiores e garantia de ganhos de seleção.

Programas de melhoramento genético de eucalipto de curto, médio e longo prazos, garantem o desenvolvimento de genótipos superiores capazes de oferecer ganhos sustentáveis continuados através de cruzamentos entre genótipos elites. O aumento da produtividade, segundo Studart-Guimarães (2010) citando Eriksson et al. (2000) e Dunwell (2000), é decorrente da superexpressão de genes na via de biossíntese do hormônio vegetal giberelina, como também superexpressão de genes ligados à fotossíntese ou à via da biossíntese de celulose.

O ganho de 500% na produtividade de madeira até os nossos dias, possibilitou às Empresas ampliar grandemente seus parques industriais e ao homem devolver à natureza áreas relevantes do ponto de vista de riqueza biológica. Segundo IBA (2016), “no contexto internacional, o Brasil destaca-se como o país onde o setor de árvores plantadas mais protege áreas naturais. Hoje, são mais de cinco milhões de hectares em Áreas de Preservação Permanente (APPs), Áreas de Reserva Legal (RLs) e Reservas Particulares de Patrimônio Natural (RPPNs). Para cada hectare plantado com árvores para fins industriais, outro 0,7 hectare é destinado à preservação. Quase 14% dos 50 milhões de hectares de habitat naturais preservados no Brasil fora de unidades de conservação são de responsabilidade da indústria de árvores plantadas”.

Invasões de animais silvestres em áreas urbanas tem sugerido crítica no sentido de que isto acontece por que o homem está ocupando seu habitat. A devolução de áreas à natureza, a sua restauração, preservação e manejo tecnicamente conduzidos, bem como a educação ambiental da população, contribuíram para o aumento da prolificidade e sobrevivência dos animais silvestres e eles têm chegado aos ambientes das cidades.

A partir de agora os ganhos virão com melhorias nas qualidades tecnológicas da madeira, através da formação de populações sintéticas visando a introgressão de genes característicos das qualidades da madeira para a produção do carvão vegetal desejado, quais sejam: (i) alta frequência de vasos por mm² e diminuição do diâmetro do lúmen dos vasos, para acelerar a difusão da água de capilaridade no processo de secagem da madeira ao ambiente e facilitar a saída da água de adesão e óleos no processo de carbonização sem desestruturação do carvão vegetal; (ii) aumento do teor de

lignina, para aumentar o rendimento gravimétrico no processo de carbonização; (iii) aumento da densidade básica da madeira para propiciar carvão vegetal de maior densidade e melhorar o rendimento operacional do processo de carbonização e principalmente o rendimento em carga metálica na função de termorreduzidor nos auto-fornos da siderurgia e (iv) menor relação cerne/alburno, para prevenir o estrondamento do carvão durante a carbonização, tendo em vista que o cerne tem os vasos obstruídos por incrustações de cristais de sais.

A técnica mais empregada atualmente para a multiplicação dos materiais selecionados é a da miniestaquia para a clonagem (ALFENAS et al., 2004). Em situações especiais de material recalcitrante, a cultura de tecidos é adotada para a produção massal de genótipos selecionados (WATT, 2003).

No Brasil a propagação vegetativa para o *Eucalyptus* foi introduzida no final da década de 1970, pelos engenheiros florestais Edgard Campinhos e Yara Ikemori (ALFENAS et al., 2004). Atualmente, é uma técnica adotada por várias empresas florestais (ASSIS; MAFIA, 2007), principalmente como estratégia na melhoria da produtividade e qualidade das florestas (XAVIER; COMÉRIO, 1996).

O conhecimento e uso da heterose em híbridos de *Eucalyptus* e a clonagem, utilizando-se a variância genética total, são os grandes responsáveis pelo surpreendente aumento da produtividade florestal nas três últimas décadas (ASSIS; MAFIA, 2007).

A validação cruzada de associações genótipo/fenótipo é muito complexa no gênero *Eucalyptus*, pelo fato de muitas espécies serem plantadas e também a utilização de diferentes combinações e proporções genômicas na formação dos muitos híbridos (GRATTAPAGLIA, 2004; THAMARUS et al., 2002).

A despeito de todo este avanço, alguns autores consideram que o *Eucalyptus* encontra-se ainda em estágios iniciais de melhoramento, de tal forma que as principais modificações genéticas que se seguem ao período de domesticação ainda não foram realizadas (GRATTAPAGLIA, 2004). Questionamentos têm surgido a respeito das populações introduzidas no Brasil, quanto à sua origem e ao conhecimento em termos de sua divergência genética entre populações, pois estes materiais foram introduzidos a partir de populações

naturais da Austrália e da África do Sul, e aqui pode ter ocorrido um processo de redução desta diversidade genética em razão de cruzamento entre indivíduos aparentados ou do pequeno número efetivo de indivíduos utilizados nos locais de coleta de sementes (CAIXETA et al., 2003). O melhoramento genético depende do acerto na escolha dos melhores indivíduos a serem os genitores das próximas gerações (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

As flores de todas as espécies de *Eucalyptus* são hermafroditas e têm como principais vetores de polinização os insetos, sobretudo Hymenopteros, Dipteros, Lepdopteros, Coleopteros e Hemipteros. Nas áreas de ocorrência natural, pequenos marsupiais e alguns pássaros também figuram como polinizadores importantes. As espécies são preferencialmente alógamas (PRYOR, 1976), mas apresentam sistema reprodutivo misto podendo ocorrer até 30% de autogamia. A alogamia é favorecida pela protandria, ou seja, o estigma alcança sua receptividade após o período de viabilidade máxima dos grãos de pólen. Entretanto esse mecanismo não elimina a possibilidade de ocorrência de autopolinização, pois uma mesma planta apresenta flores com diferentes estágios de maturação (ELDRIDGE, 1978).

Em geral, há grandes diferenças entre e dentro de espécies de *Eucalyptus* quanto a vários atributos de crescimento e qualidade da madeira, o que torna possível encontrar materiais genéticos que maximizem as características desejadas para fins específicos (TOLFO et al., 2005).

A biometria é uma ferramenta que auxilia na caracterização de uma população a partir de um modelo adequado, em termos de médias e variâncias e o modo de ação gênica (KEARSEY, 1993; CRUZ, 2005). Os marcadores genéticos mais utilizados em plantas são os morfológicos, citológicos, bioquímicos e moleculares (GRATTAPAGLIA, 2001; BORÉM, 2001; DOYLE et al., 1990).

As populações de plantas alógamas são constituídas por indivíduos genotipicamente diferentes entre si e que em geral apresentam alto nível de heterozigose. Uma planta diplóide heterozigota para n genes pode produzir $2n$ tipos de gametas, com diferentes combinações de alelos parentais. Assim, nessas populações ocorrem os mais variados tipos de genótipos. Uma população alógama é caracterizada pelo somatório dos seus genes em formas

alélicas alternativas, ou conjunto gênico. Conforme Mettler e Gregg (1976), o conjunto gênico constitui toda a informação genética dos indivíduos que compõem a população. A combinação dos alelos dos diferentes genes é responsável pelo elevadíssimo número de genótipos que podem ocorrer na população. Porém, o comportamento médio da população em que ocorrem intercruzamentos ao acaso é mais ou menos estável ou constante ao longo das gerações, desde que não atuem forças modificadoras, como seleção, migração, mutação etc.

Com base em marcadores moleculares de alto desempenho, como os marcadores microssatélites (SSR – Simple Sequence Repeat), pode-se realizar uma amostragem eficiente do genoma e uma estimativa precisa da divergência genética, variabilidade e caracterização do germoplasma (GRATTAPAGLIA, 2001). Os microssatélites SSR são os marcadores moleculares mais utilizados para análise genética em razão de suas características de herança codominante e multialelismo. Trata-se de sequências abundantes e uniformemente distribuídas nos genomas. Apresentam alta transferibilidade entre as espécies do mesmo gênero e até gêneros distintos e de análise relativamente simples quando comparadas com outros marcadores que detectam variabilidade em nível de DNA (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998).

De modo geral, os *Eucalyptus* são protândricos, porém, isso não elimina a possibilidade de autofecundação, mesmo possuindo barreiras pré e pós-zigóticas (POTTS; WILTSHIRE, 1997; ASSIS et al., 2005). Estudos que estimaram parâmetros relacionados ao sistema de reprodução do *Eucalyptus urophylla*, indicaram taxas de cruzamento (multilocos) maiores que 80%, portanto, essa espécie se reproduz preferencialmente por cruzamentos (HOUSE; BELL, 1994; GAIOTTO et al., 1997).

Diante do que foi exposto, o emprego de marcadores microssatélites permitirá avançar em programas de melhoramento de *Eucalyptus*, elucidando o nível de parentesco e diversidade genética entre progênie de duas gerações, contribuindo para mitigar potenciais tendenciosidades nas estimativas de variância genética aditiva, herdabilidade e outros parâmetros relevantes para predição de ganhos genéticos.

Atualmente, o caminho tem sido a produção de híbridos interespecíficos, “three way cross”, oriundos de populações sintéticas das espécies das seções transversária e exsertária, cuja base é a espécie *Eucalyptus urophylla*, tendo em vista a procura por materiais genéticos que resultem em madeira de elevada qualidade tecnológica e rápido crescimento (GRATTAPAGLIA, 2007; SOUZA JÚNIOR, 2007; MORI; MORAES, 2010).

Nesse sentido, as estratégias de melhoramento para espécies puras, são associadas a programas de obtenção de híbridos e de clonagem, visando a produção, captura e multiplicação de combinações alélicas superiores, a fim de aumentar a eficiência dos programas de melhoramento (DESTRO; MONTALVÁN, 1999; TITON et al., 2003; ASSIS et al., 2007 a). Os materiais genéticos hibridizados apresentam maior plasticidade quanto à adaptação aos diferentes sítios florestais, além disso, são mais produtivos ou apresentam melhores características da madeira (SILVEIRA et al., 2001; ASSIS et al., 2007 b).

4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Material

O material em estudo é um Teste de Progênes de híbridos interespecíficos de irmãos completos, com 286 cruzamentos de polinização controlada em um Pomar de Semente Clonal (PSC) de *Eucalyptus urophylla* S. T. Blake, denominado (PSC 2000), no qual 33 árvores funcionaram como parentais femininos, pertencentes ao acerto de melhoramento genético florestal da Empresa Aperam Bioenergia Ltda.

4.1.1 Definição da população genitora feminina no PSC 2000

Nesse PSC 2000, implantado em dezembro de 2000, no município de Itamarandiba MG, foram eleitas 33 árvores como genitoras femininas, que possuíam maior número de botões florais com coloração amarelada e presença de fenda no anel estaminal, indicando breve desprendimento do opérculo. Não houve seleção, por se tratar de PSC com as

matrizes já selecionadas com base em testes de progênies (Figura 1) e (Tabela 1).

Figura 1 - Esquema da constituição genética do PSC 2000.

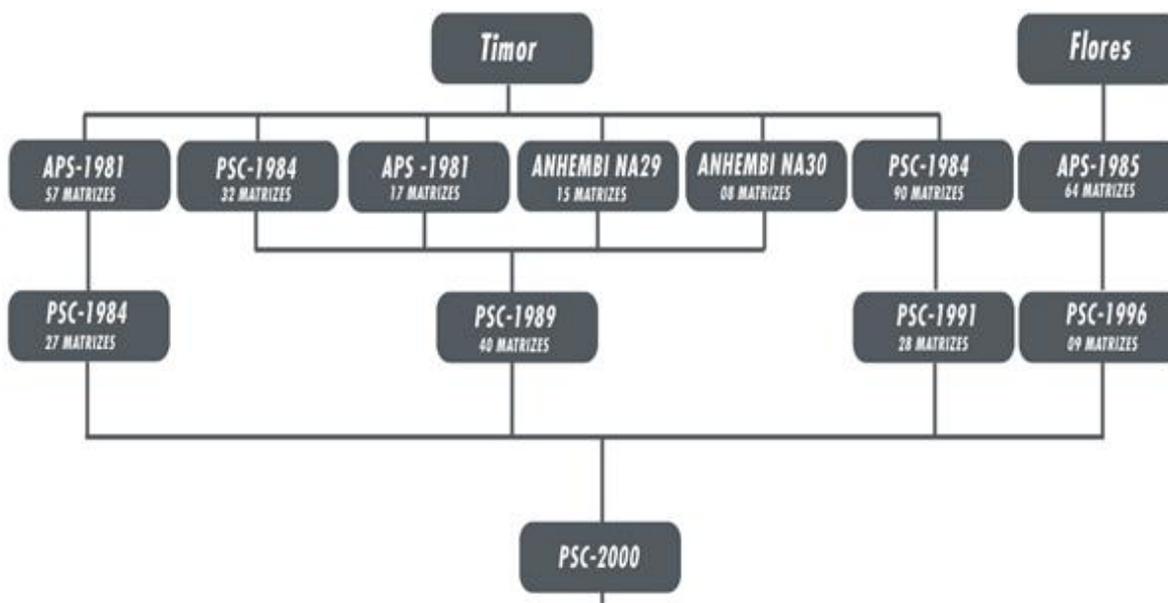


Tabela 1 - Relação das árvores constantes do Pomar de Semente Clonal 2000 que foram polinizadas e funcionaram como população genitora feminina.

POPULAÇÃO GENITORA FEMININA		
Especificação da árvore mãe	Material genético	Origem
1,254	<i>E. urophylla</i>	Timor
1,294	<i>E. urophylla</i>	Timor
1,275	<i>E. urophylla</i>	Timor
1,119	<i>E. urophylla</i>	Timor
1,034	<i>E. urophylla</i>	Timor
1,024	<i>E. urophylla</i>	Timor
2,044	<i>E. urophylla</i>	Timor
2,056	<i>E. urophylla</i>	Timor
2,025	<i>E. urophylla</i>	Timor
2,013	<i>E. urophylla</i>	Timor
2,038	<i>E. urophylla</i>	Timor
2,019	<i>E. urophylla</i>	Timor
3,052	<i>E. urophylla</i>	Timor
3,024	<i>E. urophylla</i>	Timor
3.33.6	<i>E. urophylla</i>	Timor
3,004	<i>E. urophylla</i>	Timor
3,005	<i>E. urophylla</i>	Timor
3.51.2	<i>E. urophylla</i>	Timor
3,038	<i>E. urophylla</i>	Timor
3.17R	<i>E. urophylla</i>	Timor
3,046	<i>E. urophylla</i>	Timor
3.33.3	<i>E. urophylla</i>	Timor
3,002	<i>E. urophylla</i>	Timor
3,025	<i>E. urophylla</i>	Timor
3,026	<i>E. urophylla</i>	Timor
3.51.1	<i>E. urophylla</i>	Timor
3.33.5	<i>E. urophylla</i>	Timor
3,044	<i>E. urophylla</i>	Timor
4,143	<i>E. urophylla</i>	Flores
4,199	<i>E. urophylla</i>	Flores
4,251	<i>E. urophylla</i>	Flores
4,206	<i>E. urophylla</i>	Flores
4,254	<i>E. urophylla</i>	Flores

4.1.2 Definição da população genitora masculina

Os parentais masculinos (doadores de pólen) são 64 árvores, selecionadas em Bancos Clonais, Testes Clonais e Pomares de Sementes, com base nos seus rendimentos volumétricos e variabilidade de espécies e híbridos (Tabela 2).

Tabela 2 - Relação das árvores doadoras de pólen que funcionaram como população genitora masculina.

POPULAÇÃO GENITORA MASCULINA	
Material genético	Quantidade
<i>E. grandis</i>	4
<i>E. saligna</i>	2
<i>E. urophylla</i> (Flores)	2
<i>E. urophylla</i> (Timor)	1
<i>E. robusta</i>	1
<i>E. resinifera</i>	5
Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	12
Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>	4
Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	5
Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E.cam</i> x <i>E. gran</i>)]	3
Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	6
Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>	7
Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. pellita</i>	1
Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E. grandis</i>	2
Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)	1
Hib. <i>E. robusta</i> x <i>E. urophylla</i>	1
Hib <i>E. robusta</i> x <i>E. grandis</i>	2
Hib <i>E. saligna</i> x <i>E. botryoides</i>	4
Hib <i>E. saligna</i> x <i>E. grandis</i>	1
TOTAL	64

4.1.3 Obtenção do pólen

A primeira etapa da polinização controlada foi a coleta de botões florais maduros (de coloração amarelada), na população genitora masculina e em seguida a extração, beneficiamento e armazenamento do pólen em laboratório, para posterior utilização no processo de polinização. No laboratório, todos os botões florais em condições de maturidade, foram emasculados com auxílio de uma pinça de aço inox, coletando as anteras numa placa de Petri. Nesta fase eliminaram-se os opérculos e os filetes por serem indesejáveis, deixando assim, as anteras o mais livres possível. Posteriormente este material foi transferido para um dessecador com sílica gel, deixado aí por um período de 5 a 6 horas em condição de ambiente, o que promoveu a abertura das anteras e o desprendimento do pólen. Decorrido este período, realizou-se a separação do material em peneira de aço de 60 mesh com o auxílio de um pincel. Extraído o pólen este voltou para o dessecador, no qual permaneceu por um período de 24 horas aproximadamente.

Após as etapas de extração, o pólen foi colocado em tubos plásticos da marca “ependorf” e armazenado em freezer à temperatura de -4° C. Todos os tubos foram identificados com o número do progenitor utilizado como fonte de pólen e a data de beneficiamento. Este procedimento foi realizado para as 64 plantas usadas como genitoras masculinas.

4.1.4 Emasculação

À medida que os botões florais da população genitora feminina, (PSC 2000) se tornavam maduros, foi feita a emasculação, eliminando a parte masculina do botão floral (anteras e filetes), com a finalidade de se evitar a autopolinização. A eliminação dos estames foi feita através de uma incisão diretamente no anel estaminal, na qual o operador utilizou uma pinça de aço inox. Após a emasculação os botões florais receberam um jato d’água destilada por meio de uma piseta, para eliminação de possíveis grãos de pólen remanescentes. Nesta ocasião foi realizada a eliminação dos botões florais ainda verdes e

imaturos, bem como, os que já abriram e estavam presentes no mesmo ramo ou inflorescência.

Para evitar o contato com pólen estranho, o ramo com os botões florais emasculados foram protegidos por saco de polinização de formato cilíndrico e confeccionado com tecido não tramado (entretela). O saco foi amarrado em suas extremidades com cordão de algodão. Antes do fechamento do saco, no seu interior foi colocada uma espiral de arame galvanizado, com o propósito de proteger as inflorescências de um possível contato com o saco de polinização.

Realizada a proteção do ramo, este recebeu uma etiqueta de plástico rígido com anotações do genitor feminino e data da emasculação, bem como, foi anotado em planilha específica o genitor emasculado, data da emasculação, número de botões emasculados e a localização no pomar.

4.1.5 Polinização

A polinização ocorreu entre o quarto e o sexto dias após a emasculação. Decorrido este período, o estigma estava receptivo, com aspecto inchado e com exsudação transparente, brilhante e viscosa, além da presença de néctar na coroa calicinal. A polinização foi realizada com a utilização de um estilete de madeira, para a colocação do pólen no estigma da flor. Este estilete só foi reutilizado após ser lavado com água corrente e seco em estufa, para eliminar resíduos de pólen. A relação detalhada dos 286 cruzamentos e seus parentais consta do (Apêndice 3).

O pólen que se encontrava armazenado foi reidratado antes da polinização, da seguinte forma: foi colocado em uma placa de relógio e, posteriormente transferido para o interior de uma placa de Petri contendo chumaço de algodão umedecido com água destilada, em seguida tampada a placa de Petri, o material permaneceu ali por um período de 6 horas em condições ambiente.

Após a polinização, o ramo foi devidamente identificado com os genitores feminino e masculino e respectivas datas de emasculação e polinização. Permaneceu protegido com o saco de polinização por um período de

20 dias, para se prevenir qualquer possibilidade de contaminação e ou polinização indesejada.

4.1.6 Coleta dos Frutos

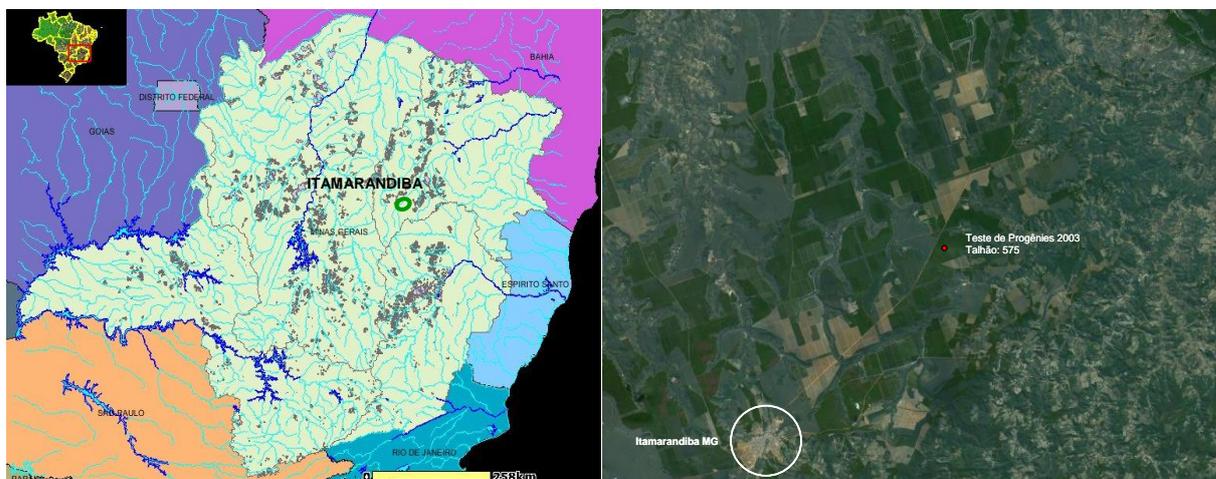
Os frutos foram colhidos em aproximadamente três meses após a retirada do saco de polinização, expostos ao sol por mais ou menos dois dias, quando as sementes se desprenderam e foram levadas para laboratório. Em seguida foram colocadas em envelopes de papel, identificadas por material genético, parentais e data de colheita e levadas para câmara fria com temperatura em torno de 16° C.

As sementes foram semeadas, identificadas por cruzamento e produzidas as mudas. Com aproximadamente 120 dias de idade, foram selecionadas fenotipicamente as seis melhores mudas por cruzamento (tratamento), por repetição, considerando: altura, retilinidade da haste, diâmetro do coleto e estado vegetativo geral. Foram plantadas em seguida, conforme a técnica empregada pela empresa.

4.2 Descrição do local de instalação do teste de progênes

O teste de progênes foi instalado em novembro de 2003, no talhão de número 575, no local denominado Embaúbas, município de Itamarandiba MG, Brasil (Figura 2) cujas características geográficas são: latitude 17° 44' 45" S, longitude 42° 45' 11" W e altitude 1.000 m.

Figura 2 - Localização do teste de progênies.



O plantio das mudas foi feito em conformidade com as técnicas utilizadas pela Empresa, que é o cultivo mínimo, cujo preparo do solo é a subsolagem com aplicação concomitante de 500 kg ha^{-1} de fosfato natural de Araxá, mais adubação de plantio e aplicação de silicato de Ca e Mg. Foram feitas mais duas adubações suplementares nos dois anos seguintes à base de KCl. Na sequência, controle anual de formigas cortadeiras e matocompetição.

4.3 Caracterização edafoclimática

A condição de clima e solo da região, onde se encontra o teste de híbridos, é de precipitação pluviométrica média anual de 1166 mm, temperatura média de 21°C e o clima, conforme classificação de Köppen é tropical de altitude – Cwa – temperado úmido com inverno seco e verão quente (Figuras 3, 4 e 5).

O solo é um latossolo vermelho distrófico típico e vermelho amarelo distrófico típico, com textura argilosa ou muito argilosa, bem estruturada. A topografia é plana (chapada) e a vegetação nativa é de Cerrado.

Figura 3 - Balanço hídrico da região de Itamarandiba MG.

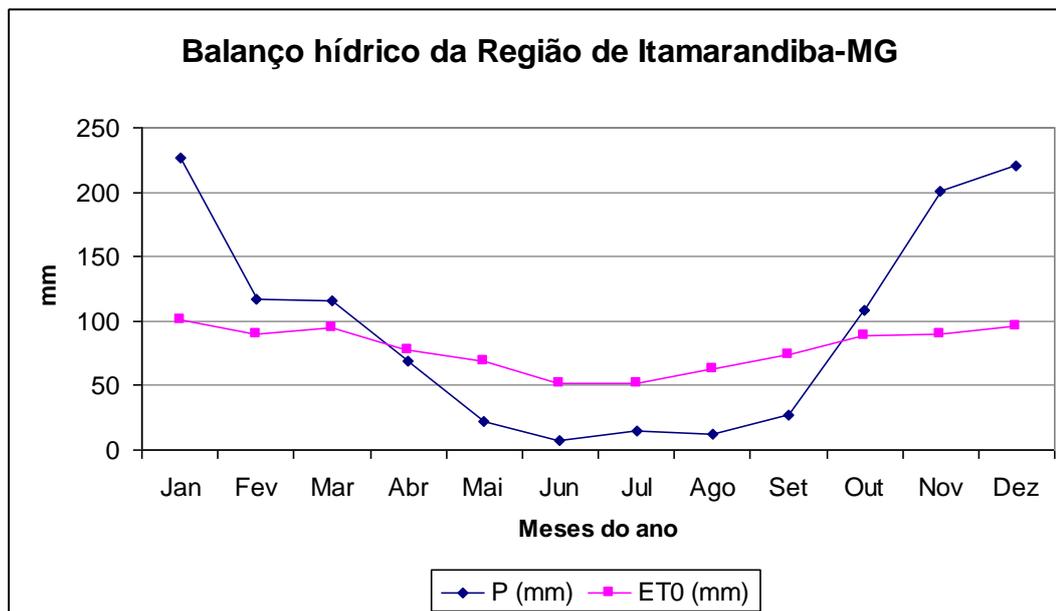


Figura 4 - Precipitação pluviométrica média de 1975 a 2009 e de 2010 em Itamarandiba MG.

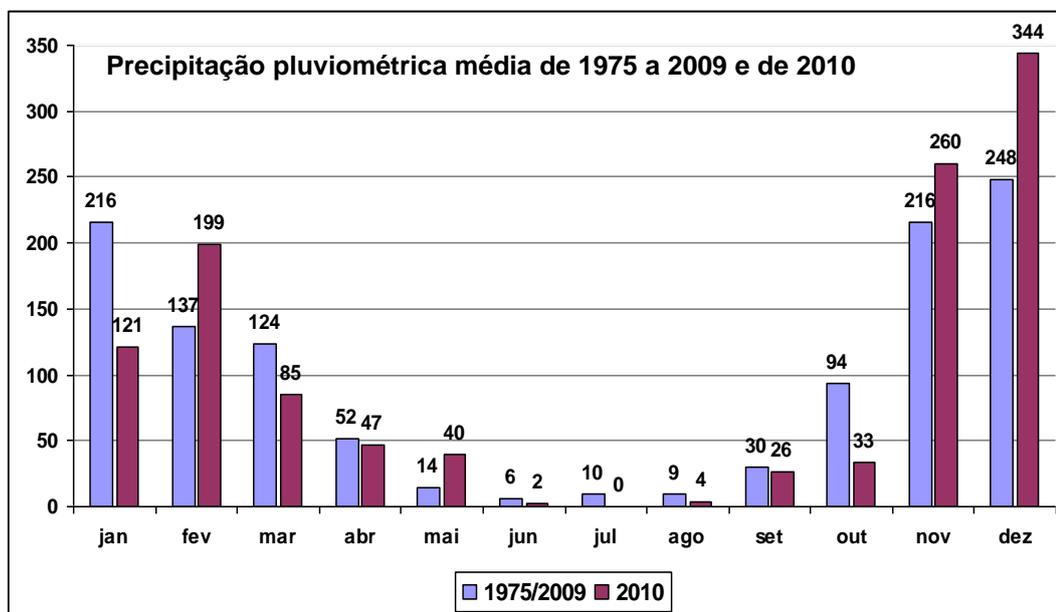
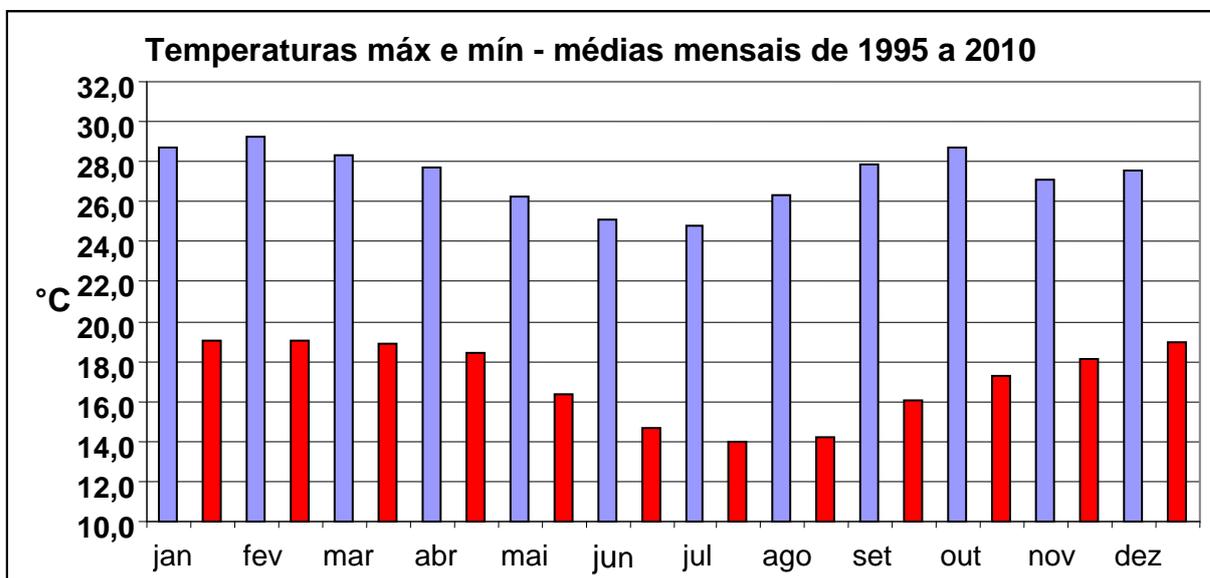


Figura 5 - Temperaturas máximas (azul) e mínimas (vermelho) – médias mensais de 1995 a 2010 em Itamarandiba MG.



4.4 Métodos

4.4.1 Análise Quantitativa

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com oito repetições em parcelas lineares de seis plantas, para os 286 tratamentos (cruzamentos) ou famílias. O espaçamento de plantio foi de 3,0 m entre linhas e de 2,0 m entre plantas na linha de plantio, perfazendo uma área contígua de 10,00 ha.

4.4.2 Avaliação do crescimento

O ensaio de campo foi implantado em novembro de 2003 e foram efetuadas três medições, da seguinte forma: a primeira aos dois anos de idade das plantas, a segunda aos cinco anos e a terceira aos sete anos de idade, época em que se faz a colheita da madeira para fabricação de carvão vegetal. Os caracteres medidos foram: Altura (ALT) (m), utilizando-se clinômetro Suunto PM-5 360 PC; Diâmetro à Altura do Peito (DAP) (cm), utilizando-se fita métrica e sobrevivência (porcentagem).

4.4.3 Análise dos dados

Estimativas de componentes de variâncias, parâmetros genéticos para caracteres de crescimento e a seleção individual ao nível de plantas, foram obtidas pelo método de máxima verossimilhança restrita e melhor predição linear não viciada – REML/BLUP – empregando-se o software genético-estatístico SELEGEN-REM/BLUP, Modelo 88, desenvolvido por Resende (2007).

O experimento seguiu o delineamento de blocos casualizados utilizando o modelo matemático:

$$Y=Xr+Zm+Wf+Tc+Sp+e$$

em que:

y: é o vetor de dados;

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

m: é o vetor dos efeitos de genitores da população de machos (assumidos como aleatórios);

f: é o vetor dos efeitos de genitores da população de fêmeas (assumidos como aleatórios);

c: é o vetor dos efeitos da capacidade específica de combinação dos genitores da população de machos com os genitores da população de fêmeas (aleatórios);

p: é o vetor dos efeitos de parcela (aleatórios);

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

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

As variáveis quantitativas e os parâmetros genéticos foram analisados conforme as equações abaixo admitindo que as progênies de polinização controlada sejam irmãos completos (IC) e que houve sobrevivência completa.

$\hat{\sigma}_a^2 = 2(\hat{\sigma}_{gm}^2 + \hat{\sigma}_{gf}^2)$: estimativa da variância aditiva interpopulacional.

$\hat{\sigma}_{dom}^2 = 4 \hat{\sigma}_{cec}^2 / \hat{\sigma}_f^2$: estimativa da variância de dominância interpopulacional.

$\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_{gm}^2 + \hat{\sigma}_{gf}^2 + \hat{\sigma}_{cec}^2 + \hat{\sigma}_{parc}^2 + \hat{\sigma}_e^2$: estimativa da variância fenotípica interpopulacional.

$\hat{h}_a^2 = \hat{\sigma}_a^2 / \hat{\sigma}_f^2$: estimativa da herdabilidade individual no sentido restrito.

$\hat{h}_g^2 = \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_{dom}^2 / \hat{\sigma}_f^2$: estimativa da herdabilidade individual no sentido amplo.

$\hat{h}_{dom}^2 = \hat{\sigma}_{dom}^2 / \hat{\sigma}_f^2$: estimativa da herdabilidade individual dos efeitos de dominância

$\hat{c}_{cec}^2 = \hat{\sigma}_{cec}^2 / \hat{\sigma}_f^2$: estimativa do coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação interpopulacional.

$\hat{c}_{parc}^2 = \hat{\sigma}_{parc}^2 / \hat{\sigma}_f^2$: estimativa do coeficiente de determinação dos efeitos de parcela.

4.4.4 Análise molecular

Foram genotipados 33 indivíduos genitores femininos e 41 genitores masculinos, do total de 64 pais, pois 23 deles não existiam mais, totalizando 74 indivíduos.

A técnica utilizada foi baseada em amplificação via PCR (Polymerase Chain Reaction) a partir de iniciadores (primers) de sequências definidas (microssatélites) SSR (Simple Sequence Repeats), por ser um marcador codominante.

Para o caso presente foram utilizados 14 locos microssatélites EMBRA sendo, EMBRA 2, EMBRA 28, EMBRA 3, EMBRA 11, EMBRA 10, EMBRA 63, EMBRA 12, EMBRA 157, EMBRA 204, EMBRA 219, EMBRA 333, EMBRA 128, EMBRA 38, EMBRA 681, desenvolvidos e publicados por Brondani et al. (2006) e locos tetra e penta nucleotídeos desenvolvidos e publicados por Faria et al. (2010), citados também por Grattapaglia et al. (2014). Foi utilizada a sequência de primers constante da (Tabela 3).

Tabela 3 - Demonstrativo dos locos microssatélites e sequência de primers utilizada para conhecimento molecular das populações genitoras do Teste de Progênes de irmãos completos de *Eucalyptus*.

SSR LOCOS		SEQUÊNCIA DO INICIADOR (5' - 3')	TAMANHO (pares de bases)
EMBRA002	Direto	CGTGACACCAGGACATTAC	121
	Reverso	ACAAATGCAAATTCAAATGA	
EMBRA028	Direto	CAAGACATGCATTTTCGTAGT	178
	Reverso	ACTCTTGATGTGACGAGACA	
EMBRA003	Direto	GATCGGATTGGAGGAGAC	123
	Reverso	AATTC AATTCATCCAAAGC	
EMBRA011	Direto	GCTTAGAATTTGCCTAAACC	97
	Reverso	GTAAAATCCATGGGCAAG	
EMBRA010	Direto	GTAAAGACATAGTGAAGACATTCC	95
	Reverso	AGACAGTACGTTCTCTAGCTC	
EMBRA063	Direto	CATCTGGAGATCGAGGAA	201
	Reverso	GAGAGAAGGATCATGCCA	
EMBRA012	Direto	AGGATTTGTGGGGCAAGT	98
	Reverso	GTTCCCCATTTTCATGTCC	
EMBRA157	Direto	TGCCAGAATGTATCGTCC	150
	Reverso	TCTGGCTTCTTTCTTGTTG	
EMBRA204	Direto	CTCGTGTGGTTATGTGAACT	147
	Reverso	GCTTGTCTACTATGCACATGA	
EMBRA219	Direto	GATCCACTGCGGCCAGACA	268
	Reverso	CGAACGTAAGACTAGGTCCGAAGA	
EMBRA333	Direto	CTATTAGCCTGCAGTTGACC	218
	Reverso	GGATGTTTCATGTGACCTCCA	
EMBRA128	Direto	CCAAGTTTCGAGTGGTGA	110
	Reverso	CAAATGTCTTCTCCAACCAC	
EMBRA038	Direto	GGTTCTCTAGTGAAAATGTGCG	126
	Reverso	ATACATCCATCAAAGCACAA	
EMBRA681	Direto	GAGTTCATCGCCGAAGAGAG	175-279
	Reverso	TGGTTGACAAAGAAGCAGCCA	

Fontes: GenBank e Brondani et al. (2002)

4.4.5 Coleta do material biológico

Foram coletadas 5 folhas sadias de cada genitor, no terço intermediário da copa da árvore, perfazendo 33 árvores dos genitores femininos e 41 árvores dos genitores masculinos, totalizando 74 indivíduos.

As amostras foram acondicionadas em sacos de papel, identificadas interna e externamente na embalagem.

Em seguida foram colocadas em caixas de isopor e imediatamente encaminhadas via SEDEX, para o Laboratório Hereditas/Genomax, em Brasília DF, para genotipagem. Detalhes dos procedimentos de genotipagem podem ser obtidos em Grattapaglia et al. (2014) e Faria et al. (2010).

5 RESULTADOS

5.1 Parâmetros Moleculares

5.1.1 Endogamia

Os parâmetros da diversidade genética acusam significância para endogamia em apenas três locos, EMBRA 157, EMBRA 128 e EMBRA 681 dos 14 analisados. Onze locos são não significativos e o Índice de Fixação F médio é de 0,087, portanto não há endogamia nas populações parentais. Três locos (EMBRA 028, EMBRA 012 e EMBRA 219) apresentaram F negativo. Moraes (2012) indica que a ocorrência de F negativo sugere excesso de heterozigotos em relação ao que seria esperado em populações em Equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW). O parâmetro K – riqueza alélica – número efetivo de alelos por loco indica locos polimórficos com média de 19 alelos por loco conforme (Tabela 4) elaborada a partir dos resultados obtidos com programa F stat (Goudet, 1995).

Na análise dos efeitos quantitativos, assume-se endogamia zero. No caso deste teste, afirma-se endogamia zero em decorrência do conhecimento do perfil molecular das populações genitoras.

Tabela 4 - Parâmetros de diversidade genética intrapopulacional, para 74 indivíduos, empregando 14 locos microssatélites em duas populações de genitores do Teste de Progênes de irmãos completos de *Eucalyptus*.

Locos	N	K	Ho	He	F
EMBRA002	74	13	0,798	0,824	0,032
EMBRA028	74	22	0,932	0,910	-0,024
EMBRA003	74	29	0,892	0,918	0,028
EMBRA011	74	19	0,824	0,888	0,072
EMBRA010	74	17	0,878	0,881	0,003
EMBRA063	74	11	0,716	0,792	0,096
EMBRA012	74	20	0,933	0,928	-0,005
EMBRA157	74	17	0,730	0,928	0,213*
EMBRA204	74	18	0,824	0,895	0,079
EMBRA219	74	18	0,960	0,907	-0,058
EMBRA333	74	16	0,676	0,755	0,105
EMBRA128	74	24	0,567	0,906	0,374*
EMBRA038	74	25	0,878	0,910	0,035
EMBRA681	72	23	0,653	0,888	0,265*
MÉDIA		19,428	0,804	0,881	0,087
SD		4,831	0,119	0,053	0,120*

N: número de indivíduos; K: riqueza alélica, número efetivo de alelos; Ho: heterozigosidade observada; He: heterozigosidade esperada; F: índice de fixação; SD: desvio padrão.

5.1.2 Coancestria

Na (Tabela 5), construída com dados obtidos pelo Programa Spaged (Hardy; Vekemans, 2002), dos 286 cruzamentos realizados, em 222 (78%) não há coancestria. Somente em 21 cruzamentos (7%), os genitores são primos, conforme os coeficientes de consanguinidade encontrados na análise. Mesmos resultados foram observados aplicando-se o Mark-Genetic Marker Analysis Program versão 3.1 de Ritland. Em 43 cruzamentos, 15% do total de 286 cruzamentos, não foi possível obter resultados deles, pois 23 genitores masculinos não existiam mais. O (Apêndice 5) apresenta os dados originais da análise de coancestria.

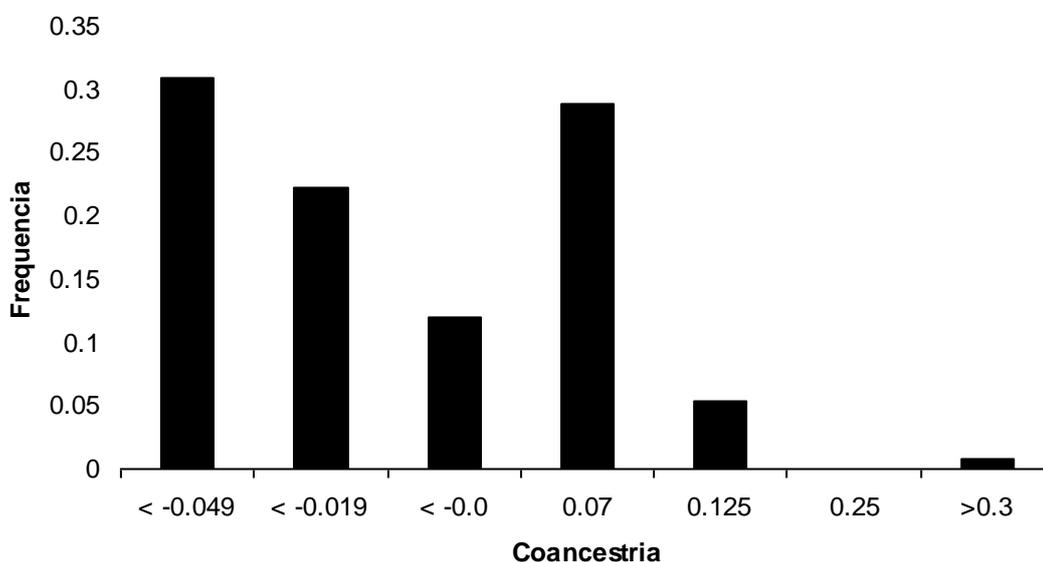
Tabela 5 - Cruzamentos – coancestria nas populações parentais.

CRUZ	SIG										
3	ns	98	ns	173	ns	245	ns	333	*	434	ns
7	ns	99	ns	174	ns	247	NI	335	ns	436	ns
9	ns	101	NI	176	ns	248	ns	338	ns	437	ns
13	NI	102	ns	177	ns	249	ns	339	*	438	NI
15	ns	104	ns	179	ns	250	ns	341	*	446	NI
16	ns	105	ns	180	ns	251	ns	342	ns	447	ns
17	ns	108	NI	181	ns	254	NI	347	ns	455	ns
18	*	110	ns	182	ns	255	ns	351	*	456	ns
19	ns	111	ns	184	ns	256	*	354	ns	459	ns
20	ns	112	ns	187	ns	257	ns	355	*	460	NI
21	ns	114	ns	189	ns	263	ns	356	ns	461	ns
22	*	116	ns	191	ns	265	ns	358	ns	465	ns
24	ns	117	NI	193	ns	267	NI	359	ns	467	ns
25	ns	118	ns	194	NI	268	ns	360	*	469	ns
27	ns	119	ns	195	ns	273	ns	361	ns	471	ns
28	ns	121	ns	196	NI	274	NI	362	NI	473	ns
30	ns	124	ns	197	ns	277	ns	364	ns	474	ns
33	ns	125	ns	198	NI	278	NI	365	ns	475	ns
35	ns	126	NI	199	ns	279	ns	366	ns	477	ns
37	ns	128	ns	201	NI	280	ns	367	*	478	ns
38	ns	129	ns	202	ns	281	NI	369	*	479	ns
39	ns	131	NI	203	ns	282	ns	373	*	481	NI
40	ns	132	NI	204	NI	283	ns	380	ns	482	NI
41	ns	134	ns	206	ns	284	*	382	ns	483	NI
42	ns	135	ns	207	ns	287	ns	384	ns	485	*
43	ns	137	ns	211	NI	288	ns	392	ns	488	ns
44	ns	38	ns	212	ns	290	ns	393	ns	489	NI
45	ns	140	NI	213	NI	291	ns	394	ns	490	ns
46	ns	143	ns	215	ns	292	NI	395	ns	491	NI
47	ns	146	ns	219	*	293	NI	396	ns	492	ns
58	ns	147	ns	221	ns	301	ns	398	ns	493	NI
62	ns	148	ns	222	ns	302	ns	399	ns	494	NI
63	NI	149	ns	223	ns	303	ns	402	ns	497	ns
66	ns	151	ns	224	ns	305	ns	405	*	498	*
67	ns	152	ns	228	*	308	ns	407	ns	499	ns
62	ns	153	NI	229	ns	309	NI	409	NI	500	ns
69	ns	154	ns	230	ns	313	ns	410	NI	501	ns
70	ns	158	ns	232	ns	317	NI	415	ns	503	ns
71	ns	159	ns	233	ns	320	ns	416	ns	504	ns
72	ns	160	ns	234	ns	322	ns	419	ns	505	*
74	ns	162	ns	236	ns	323	ns	420	ns	506	ns
75	ns	163	ns	237	ns	325	ns	423	ns	507	ns
78	ns	164	ns	238	ns	327	ns	425	NI	509	ns
79	NI	165	ns	239	ns	328	ns	426	ns	510	ns
86	ns	166	ns	240	ns	329	ns	427	ns	512	ns
87	ns	170	NI	241	ns	330	ns	428	ns	513	*
91	ns	171	ns	242	ns	331	ns	431	ns		
96	*	172	ns	244	ns	332	ns	433	ns		

* - significativo para coancestria; **NI** - não identificado o genitor masculino para genotipagem; **ns** - não significativo para coancestria; **CRUZ** - cruzamento; **SIG** - significância

Igualmente foi construído o gráfico da (Figura 6), onde se mostra a frequência em porcentagem dos indivíduos por classe de coeficientes de coancestria. Verifica-se que 65% das estimativas são negativas, logo definitivamente 65% dos parentescos é zero, não são parentes. Da mesma forma, valores < 0.7 são também provavelmente indivíduos não parentes. Assim sendo, 93% dos pares de indivíduos não são parentes. Também aqui, na confecção deste gráfico com os dados originais da análise, apenas 7% são provavelmente parentes, no caso primos.

Figura 6 - Curva de distribuição de frequência (%) de estimativas do coeficiente de coancestria.



5.1.3 Diversidade e estrutura genética das populações

Na análise da estrutura genética das duas populações de genitores, verifica-se conforme (Tabela 6), que não há parentesco dentro e nem entre as populações.

Tabela 6 - Parâmetros de estrutura genética para 14 locos microssatélites em duas populações de genitores do Teste de Progênie de irmãos completos de *Eucalyptus*.

Locos	Amostra	Fis	Fit	Fst
EMBRA002	148	0.0163	0.0271	0.0109
EMBRA028	148	-0.0398	-0.0320	0.0075
EMBRA003	148	-0.0038	0.0143	0.0181
EMBRA011	148	0.0609	0.0667	0.0062
EMBRA010	148	-0.0282	-0.0037	0.0238
EMBRA063	148	0.0980	0.1123	0.0159
EMBRA012	148	-0.0394	-0.0163	0.0222
EMBRA157	148	0.1867	0.1991	0.0152
EMBRA204	148	0.0558	0.0721	0.0173
EMBRA219	148	-0.0768	-0.0654	0.0106
EMBRA333	148	0.0820	0.0866	0.0050
EMBRA128	148	0.3461	0.3641	0.0275
EMBRA038	148	0.0279	0.0411	0.0137
EMBRA681	144	0.2448	0.2684	0.0313
Média	148	0.0656	0.0808	0.0162

Fis: endogamia dentro das populações genitoras; Fit: endogamia entre as populações genitoras (total); Fst: Diferença entre as populações.

Utilizando-se o software Genalex, foi construída uma matriz de parentesco entre todos os genitores da população feminina e todos os genitores da população masculina, conforme Lynch e Ritland (1999). Em seguida, confrontados todos os parentais entre si, totalizando 2775 números de pares, foram identificados: (i) zero irmãos completos (IC); (ii) zero meios irmãos (MI); (iii) zero parentais; (iv) os valores para primos foram da ordem de 0,025 e (v) cruzamentos não correlacionados foram da ordem de 0,980. Daí os genitores femininos e masculinos não são aparentados e não há cruzamentos

correlacionados, o que era de se esperar uma vez que se trata de polinização controlada.

Em seguida, empregando-se, a Estatística F de Nei (1972) tida como precisa e Nei (1978), mais acurada, encontram-se os seguintes valores para distância genética: 0,2223 e 0,1798 e para identidade genética 0,8007 e 0,8355, respectivamente. Importante ressaltar que as populações são muito próximas geneticamente, no entanto, não são parentes. Isto ocorre em razão de os genitores pertencerem a populações de material genético que passaram por processos de seleção por longo tempo, sem, contudo, se contaminarem com endogamia e coancestria (Tabela 7).

Tabela 7 - Medida de distância e identidade genéticas de Nei (1972) e Nei (1978), para as duas populações parentais.

Modelo	Populações	Distância	Identidade
		Mães	Pais
Nei 1972	Mães	-	0,8007
	Pais	0,2223	-
Nei 1978	Mães	-	0,8355
	Pais	0,1798	-

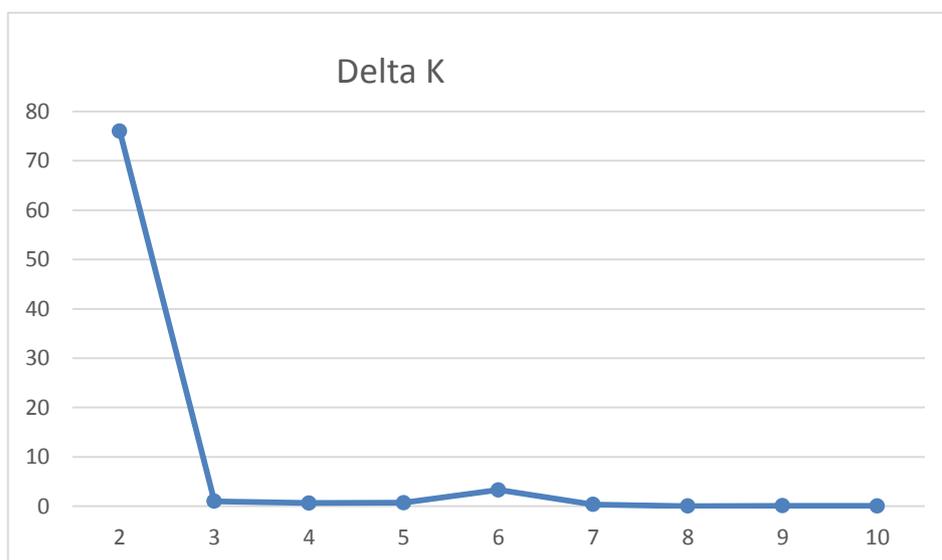
Empregou-se o Software Structure 2.3x descrito por Pritchard et al. (2000), cujo método de cluster baseia em modelo para uso de dados de genótipos multilocus para inferir sobre a estrutura genética das populações e indivíduos das populações. Este modelo assume a existência de K estruturas genéticas, cada uma das quais caracterizada por um conjunto de frequências alélicas em cada loco. Propusemos K = 10 estruturas para o programa processar e ele identificou K = 2 estruturas genéticas caracterizadas na (Figura 7).

Assim foram gerados dois gráficos, (Figura 8 e Figura 9), nas cores vermelha e verde para ilustrar as duas estruturas genéticas de que cada população de genitores e indivíduos parentais compartilham na mesma porção do genoma. Trata-se da representação gráfica de como os indivíduos das

populações, (Figura 8) e as populações, (Figura 9) compartilham da estrutura genética.

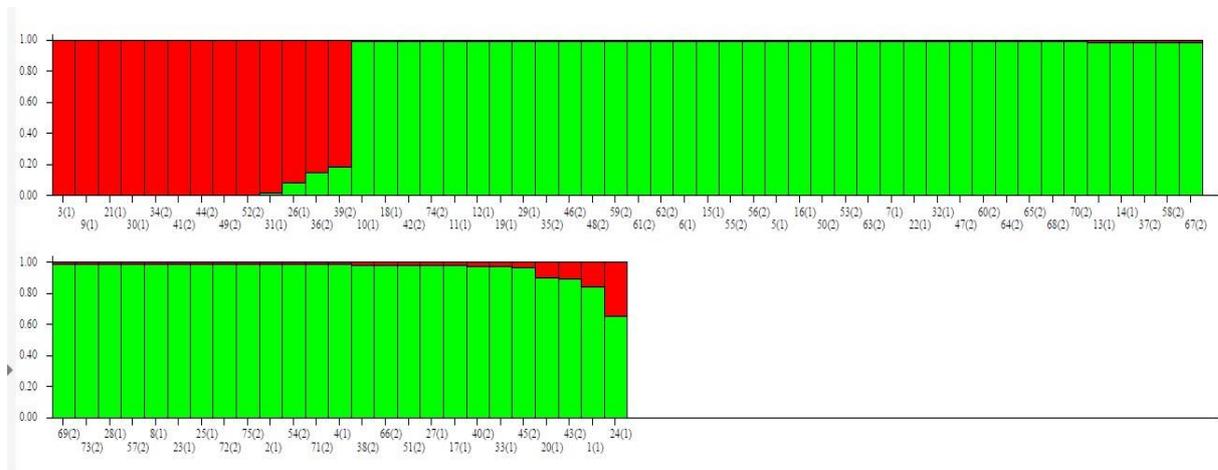
Os gráficos em questão são construídos com o parâmetro F_{st} (Diferença entre populações $F_{it} - F_{is}$). Assim sendo as populações de genitores compartilham apenas duas estruturas genéticas. No (Apêndice 6) encontra-se a indexação dos parentais à sequência numérica constante das (Figuras 8 e 9)

Figura 7 - Valores de ΔK obtidos pelo programa Structure, evidenciando um pico em $K = 2$ estruturas genéticas.



ΔK na vertical e K estruturas genéticas na horizontal

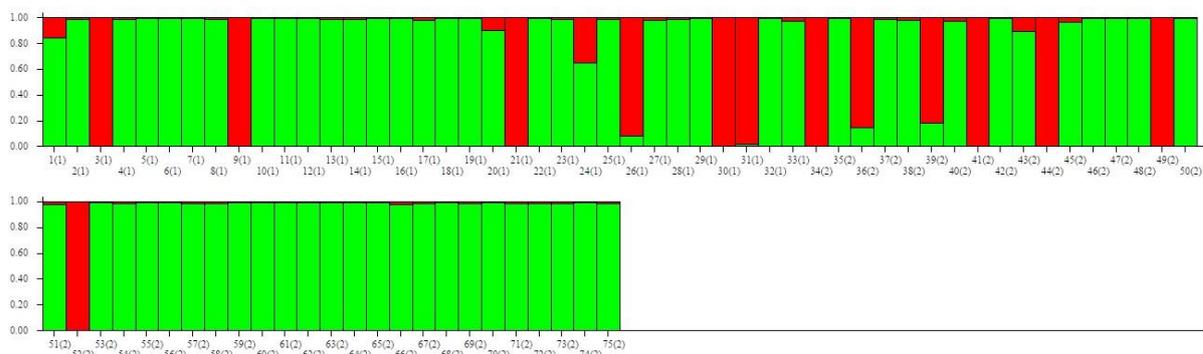
Figura 8 - Distribuição da estrutura genética por indivíduo – 33 indivíduos da população feminina (1) e 41 indivíduos da população masculina (2).



3(1) o número fora dos parênteses refere-se ao indivíduo e o dentro dos parênteses refere-se à população genitora a que pertence. Um é a população feminina e dois é a população masculina.

As cores vermelha e verde referem-se às duas estruturas genéticas a que as populações genitoras compartilham na mesma porção do genoma.

Figura 9 - Distribuição da estrutura genética por população – 33 indivíduos da população feminina (1) e 41 indivíduos da população masculina (2).



1(1) o número fora dos parênteses refere-se à sequência dos indivíduos (de 1 a 74) e o dentro dos parênteses refere-se à população genitora a que pertence. Um é a população feminina e dois é a população masculina.

Nesta figura, a sequência de 1 a 33 indica os componentes da população feminina e a sequência de 34 a 74 os indivíduos da população masculina.

As cores vermelha e verde referem-se às duas estruturas genéticas a que as populações genitoras compartilham na mesma porção do genoma.

5.2 Parâmetros genéticos

Parâmetros genéticos referem-se às variâncias genéticas (V_g) aditivas e não aditivas; aos coeficientes de herdabilidade (h^2) nos sentidos amplo e restrito; às interações dos efeitos genéticos e ambientais e às correlações genéticas entre as características. Estes parâmetros indicam ao melhorista o tipo de ação dos genes em caracteres quantitativos, orientam sobre o método de seleção a ser adotado e a estimativa do progresso a ser esperado na seleção (VENCONVSKY, 1969; KAGEYAMA, 1980).

Bespalkok et al. (2007a) e Hartl et al. (2010) relatam que se trata de caracteres, de ação poligênica, de interações complexas, que não segregam conforme as “Leis de Mendel”. São altamente influenciados pelo ambiente, dificultando a identificação dos genótipos com base no fenótipo. Daí a importância de se conhecer o valor da ação gênica que predomina na formação dos novos genótipos, se aditiva, de dominância e epistática. Somente os efeitos

aditivos conferem segurança aos ganhos preditos no programa de melhoramento (BESPALHOK et al., 2007b).

5.2.1 Variâncias genéticas, fenotípicas e ambientais

As estimativas de variâncias genéticas, fenotípicas e ambientais, para todos os caracteres em todas as idades encontram-se no (Apêndice 7). Essas variâncias foram utilizadas para cálculo das herdabilidades e coeficientes de variação.

As variâncias genéticas entre machos (σ_{gm}^2), entre fêmeas (σ_{gf}^2) e a genética aditiva média (σ_a^2), bem como a variância da capacidade específica de combinação entre os dois genitores (σ_{cec}^2), como as variâncias entre parcelas (σ_{parc}^2), residual (σ_e^2) e fenotípica individual (σ_f^2), foram crescentes com a idade, para todos os caracteres estudados (Altura - ALT, – Diâmetro à Altura do Peito, DAP e Volume - VOL), indicando a existência de variabilidade e interação de fatores genéticos e ambientais.

5.2.2 Parâmetros genéticos

As progênes apresentaram aos sete anos de idade, média geral de altura (ALT) de 24,82 m (Tabela 8), média geral de diâmetro à altura do peito (DAP) de 15,25 cm (Tabela 9) e média geral de volume individual das árvores (VOL) de 0,26 m³ (Tabela 10). Isto corresponde a uma produtividade média para todo teste, em todos os cruzamentos, de 51,64 m³ ha⁻¹ ano⁻¹ aplicado um fator de forma de 0,5 para o cálculo de VOL.

Em todos os períodos de avaliação, para todos os caracteres estudados os Testes da Razão de Verossimilhança (LRT) para efeitos genotípicos apresentaram valores altamente significativos ao nível de ($p < 0,01$) (Tabelas 8, 9 e 10). Este Teste se faz pela diferença entre as “deviances” obtendo a Razão de Verossimilhança (RT) e sua significância é obtida pelo teste do qui-quadrado (χ^2) com 1 grau de liberdade (RESENDE, 2006). Neste caso verifica-se que há variabilidade para ganhos de seleção. Sebbenn et al. (2008), sugerem que nesta situação há variação genética entre as progênes e possibilidade de ganhos na seleção para melhoramento. O teste LRT para efeitos de parcela também demonstrou valores altamente significativos ao nível de ($p < 0,01$), para

todas as idades e caracteres estudados, indicando que o ambiente não é homogêneo.

Os Coeficientes de Determinação dos Efeitos de Parcela (c^2_{parc}) foram baixos, de 0,01 a 0,07 denotando bom controle ambiental no estabelecimento do teste. Contudo indicam também que de toda variação fenotípica, de 1 a 7%, é devida ao efeito de parcelas.

O coeficiente de variação genotípica entre progênies (CVgp (%)) foi baixo para os caracteres ALT e DAP (variando entre 3,75 a 8,49) e medianos para VOL (13,54 a 20,63), indicando que este caráter é o mais apropriado para seleção. Neste caso, o genótipo desempenha maior importância na expressão do fenótipo que o ambiente.

A herdabilidade individual no sentido restrito nos machos, ou seja, dos efeitos aditivos (h^2_{am}) para o caráter VOL, variou de 0,29 aos dois anos a 0,53 aos cinco anos e em seguida caiu para 0,33 aos sete anos de idade. Isto indica interação dos efeitos aditivos e ambientais, ao longo da vida dos filhos em relação à população genitora masculina. Para a população feminina, os valores da herdabilidade individual no sentido restrito nas fêmeas, ou seja, dos efeitos aditivos (h^2_{af}), os valores são bem menores que os masculinos, variando de 0,15 aos dois anos para 0,06 aos cinco anos e caindo ainda mais para 0,05 aos sete anos de idade. Indica, pois, poucas possibilidades de ganhos genéticos advindos das mães. A (Figura 1) mostra o nível de melhoramento já processado nessa população e que já é altamente produtiva. É importante ressaltar que apesar das diversas seleções por que passou esta população, não há parentes entre os indivíduos genitores (Tabelas 4, 5 e 6).

O coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação (c^2_{cec}) diz muito dos efeitos de dominância e cruzamentos correlacionados que neste caso foram baixos, em torno de 0,02 para todas as idades e caracteres estudados. Quanto a cruzamentos correlacionados realmente não aconteceriam, uma vez que este teste foi construído por polinização controlada, condição esta impeditiva para se encontrar cruzamentos correlacionados conforme preconiza Ritland (1989). Assim, orienta o melhoramento via cruzamentos.

A herdabilidade individual dos efeitos de dominância entre machos e fêmeas (h^2_{dom}) apresentou valores baixos conforme Resende (1995), em geral de 0,15 para todas as idades e caracteres, resultado que corrobora com os valores do c^2_{cec} . Ressalta-se ainda que desvios de dominância são importantes na adaptação a variações ambientais como estresse, mudanças climáticas etc.

A herdabilidade individual entre os sexos, no sentido restrito, média para os dois sexos (h^2_a) foi de 0,22 aos dois anos de idade para todos os caracteres. Na idade de cinco anos, foi de 0,25 para ALT e DAP e de 0,30 para VOL. Em seguida caiu aos sete anos, sendo 0,11 para ALT, 0,16 para DAP e 0,19 para VOL. Importante notar que a partir dos dois anos, com a queda da h^2_{dom} , no estabelecimento da planta, a heterozigose foi fundamental, no caso os efeitos aditivos (h^2_a), especialmente aos cinco anos de idade.

Interessante notar que na fase crítica de estabelecimento das plantas, que são os dois primeiros anos de vida, quando ela sai da situação confortável do viveiro, com controle de irrigação, fertilização e manejo de insolação, para a condição extremamente inóspita do campo, nesta fase os fatores genéticos aditivos e de dominância são mais pronunciados. A partir daí, com a planta já estabelecida, os fatores ambientais são mais determinantes, indicando ao silvicultor que o sucesso do empreendimento agora depende somente dele no manejo do ambiente (tratos culturais: matocompetição, adubação, controle de pragas e doenças).

O grau médio de dominância (gmd) foi menor aos cinco anos de idade, para todos os caracteres, justamente onde os efeitos aditivos foram maiores. Nas demais idades o gmd foi entre 0,35 para VOL aos 7 anos e 0,47 para ALT também aos sete anos. Estes valores indicam que há muitos locos em heterozigose o que proporciona maior capacidade de resposta às variações ambientais. Por orientação do Professor Marcos Deon, o cálculo do grau médio de dominância foi executado utilizando-se da equação: $gmd = \sigma^2_d / \sigma^2_a + \sigma^2_d$ e não pela fórmula clássica de $gmd = \sqrt{2} \sigma^2_d / \sigma^2_a$, pelo fato de estarmos trabalhando com material com grau de melhoramento elevado. A fórmula clássica, neste caso, superestima a dominância, segundo o Professor Marcos Deon.

A herdabilidade individual entre os sexos, no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais para sobrevivência (h^2_{asob}), foi de 0,22 para todos os caracteres aos dois anos de idade, 0,19 aos cinco anos e 0,04 aos sete anos, indicando que não há ação gênica sobre a sobrevivência, muito embora os valores sejam maiores aos dois anos quando do estabelecimento das plantas. Indica, pois, que a sobrevivência de 83% aos sete anos de idade é resultado dos procedimentos de instalação do teste, bem como do ambiente. Para o cálculo desta herdabilidade foi usado o Modelo 183 do Selegen, também por orientação do Professor Marcos Deon, pelo fato de este modelo trabalhar com dados binários, o que é o caso da sobrevivência que é caracterizada por 1 (sobrevivência) e por zero (falha).

A herdabilidade individual entre os sexos no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais (h^2_g) foi de 0,4 aos dois anos, 0,34 aos cinco anos e de 0,21 para ALT aos sete anos de idade e próximos disto para os outros caracteres (DAP e VOL). Estes valores indicam sucesso na seleção dentro da população. Mostra também que com o aumento da idade o efeito do ambiente é mais determinante no desenvolvimento das plantas. Os efeitos genotípicos estão mais presentes nos primeiros anos de vida e de estabelecimento das plantas.

Pontos importantes desta análise são as qualidades das acurácias geral de machos ($Acgm$), geral de fêmeas ($Acgf$) e geral dos cruzamentos ($Acgcruz$) consideradas altas, conforme Resende (1995), tendo em vista que se situam acima de 0,75 para todos os caracteres e todas as idades estudadas. Isto indica que a seleção a ser realizada terá garantia de acerto acima de 70%.

Importante acentuar que a acurácia geral dos cruzamentos, que é realmente a acurácia de família, é acima de 0,84. Isto confirma que os dados de c^2_{parc} baixos e LRT_{parc} altamente significativos ($p < 0,01$) indicam que o experimento foi bem planejado, implantado e executado. O cruzamento, que é o ponto central do teste, tem garantia acima de 80%.

O coeficiente de variação relativa (CVr) foi acima de 0,85, exceção apenas para ALT aos sete anos (0,65) e DAP também aos sete anos

(0,80). Estes valores próximos de 1 indicam boa relação dos efeitos genotípicos e ambientais.

Tabela 8 - Estimativa de parâmetros genéticos para crescimento em altura (m), aos 2, 5 e 7 anos de idade, em teste de progênies de polinização controlada (irmãos completos) de *Eucalyptus* sp.

Caractere	Estimativas	2 anos	5 anos	7 anos
ALT	h^2_{am}	0,26±0,037	0,41±0,030	0,17±0,022
	h^2_{af}	0,207	0,083	0,052
	c^2_{cec}	0,042	0,022	0,025
	h^2_{dom}	0,170	0,090	0,100
	h^2_a	0,235	0,249	0,111
	h^2_g	0,406	0,340	0,212
	$*h^2_{asob}$	0,225	0,191	0,044
	c^2_{parc}	0,071	0,073	0,039
	Acgm	0,763	0,885	0,788
	Acgf	0,829	0,795	0,732
	Acgcruz	0,853	0,874	0,841
	CVgp (%)	4,473	3,744	5,693
	CVe%	4,992	4,396	8,634
	CVr	0,896	0,851	0,659
	m	10,103	22,075	24,828
	LRT(χ^2) Gen	49,68**	70,42**	39,95**
	LRT(χ^2) Parc	65,99**	44,49**	29,64**
	gmd	0,418	0,266	0,4763
	SOB (%)	88,59	85,67	83,46

h^2_{am} : herdabilidade individual no sentido restrito nos machos, ou seja, dos efeitos aditivos; h^2_{af} : herdabilidade individual no sentido restrito nas fêmeas, ou seja, dos efeitos aditivos; c^2_{cec} : coeficiente de determinação dos efeitos da Capacidade Específica de Combinação; h^2_{dom} : herdabilidade individual dos efeitos de dominância entre machos e fêmeas; h^2_a : herdabilidade individual, entre sexos, no sentido restrito, média para os dois sexos; h^2_g : herdabilidade individual entre os sexos, no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; $*h^2_{asob}$: herdabilidade individual entre os sexos, no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais para sobrevivência; c^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas; Acgm: acurácia geral de machos; Acgf: acurácia geral de fêmeas; Acgcruz: acurácia geral de cruzamento; CVgp (%): coeficiente de variação genotípica entre progênies; CVe (%): coeficiente de variação residual; CVr: coeficiente de variação relativa; m: média do caráter; LRT: teste da razão de verossimilhança, qui-quadrado tabelado; gmd: grau médio de dominância; SOB (%): sobrevivência.

* Analisado pelo Modelo 183 (dados do Mod 147 mais pedigree) por se tratar de variável binomial.

Tabela 9 - Estimativa de parâmetros genéticos para crescimento em diâmetro (DAP - diâmetro à altura do peito) (cm), aos 2, 5 e 7 anos de idade, em teste de progênes de polinização controlada (irmãos completos) de *Eucalyptus* sp.

Caractere	Estimativas	2 anos	5 anos	7 anos
DAP	h^2_{am}	0,23±0,035	0,43±0,034	0,2708±0,027
	h^2_{af}	0,126	0,061	0,051
	c^2_{cec}	0,027	0,021	0,021
	h^2_{dom}	0,111	0,086	0,087
	h^2_a	0,180	0,246	0,161
	h^2_g	0,292	0,333	0,248
	* h^2_{asob}	0,225	0,191	0,044
	c^2_{parc}	0,018	0,017	0,010
	Acgm	0,786	0,900	0,858
	Acgf	0,803	0,771	0,746
	Acgcruz	0,820	0,892	0,867
	CVgp (%)	5,277	6,186	8,484
	CVe%	6,187	6,446	10,566
	CVr	0,852	0,959	0,803
	m	8,041	14,410	15,2573
	LRT(χ^2) Gen	41,45**	87,14**	60,78**
	LRT(χ^2) Parc	40,60**	34,26**	27,63**
	gmd	0,379	0,258	0,351
SOB (%)	88,59	85,67	83,46	

h^2_{am} : herdabilidade individual no sentido restrito nos machos, ou seja, dos efeitos aditivos; h^2_{af} : herdabilidade individual no sentido restrito nas fêmeas, ou seja, dos efeitos aditivos; c^2_{cec} : coeficiente de determinação dos efeitos da Capacidade Específica de Combinação; h^2_{dom} : herdabilidade individual dos efeitos de dominância entre machos e fêmeas; h^2_a : herdabilidade individual, entre sexos, no sentido restrito, média para os dois sexos; h^2_g : herdabilidade individual entre os sexos, no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; * h^2_{asob} : herdabilidade individual entre os sexos, no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais para sobrevivência; c^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas; Acgm: acurácia geral de machos; Acgf: acurácia geral de fêmeas; Acgcruz: acurácia geral de cruzamento; CVgp (%): coeficiente de variação genotípica entre progênes; CVe (%): coeficiente de variação residual; CVr: coeficiente de variação relativa; m: média do caráter; LRT: teste da razão de verossimilhança, qui-quadrado tabelado; gmd: grau médio de dominância; SOB (%): sobrevivência.

* Analisado pelo Modelo 183 (dados do Mod 147 mais pedigree) por se tratar de variável binomial.

Tabela 10 - Estimativa de parâmetros genéticos para crescimento em volume individual (m³), aos 2, 5 e 7 anos de idade, em teste de progênies de polinização controlada (irmãos completos) de *Eucalyptus* sp.

Caractere	Estimativas	2 anos	5 anos	7 anos
VOL	h ² am	0,29±0,039	0,53±0,038	0,3397±0,030
	h ² af	0,150	0,066	0,056
	c ² cec	0,031	0,023	0,021
	h ² dom	0,125	0,092	0,086
	h ² a	0,224	0,301	0,197
	h ² g	0,350	0,393	0,284
	*h ² asob	0,225	0,191	0,044
	c ² parc	0,031	0,018	0,014
	Acgm	0,807	0,9141	0,879
	Acgf	0,815	0,7798	0,758
	Acgcruz	0,840	0,905	0,878
	CVgp (%)	13,509	16,507	20,625
	CVe%	14,658	15,484	23,644
	CVr	0,921	1,066	0,872
	m	0,026	0,188	0,260
	LRT(χ ²) Gen	47,22**	97,17**	68,25**
	LRT(χ ²) Parc	46,89**	37,12**	31,92**
	gmd	0,375	0,234	0,306
	SOB (%)	88,59	85,67	83,46

h²am: herdabilidade individual no sentido restrito nos machos, ou seja, dos efeitos aditivos; h²af: herdabilidade individual no sentido restrito nas fêmeas, ou seja, dos efeitos aditivos; c²cec: coeficiente de determinação dos efeitos da Capacidade Específica de Combinação; h²dom: herdabilidade individual dos efeitos de dominância entre machos e fêmeas; h²a: herdabilidade individual, entre sexos, no sentido restrito, média para os dois sexos; h²g: herdabilidade individual entre os sexos, no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; *h²asob: herdabilidade individual entre os sexos, no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais para sobrevivência; c²parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas; Acgm: acurácia geral de machos; Acgf: acurácia geral de fêmeas; Acgcruz: acurácia geral de cruzamento; CVgp (%): coeficiente de variação genotípica entre progênies; CVe (%): coeficiente de variação residual; CVr: coeficiente de variação relativa; m: média do caráter; LRT: teste da razão de verossimilhança, qui-quadrado tabelado; gmd: grau médio de dominância; SOB (%): sobrevivência.

* Analisado pelo Modelo 183 (dados do Mod 147 mais pedigree) por se tratar de variável binomial.

6 CONCLUSÕES

Os resultados da pesquisa permitem concluir que:

- não há endogamia e nem parentesco entre e dentro das populações parentais;
- a análise indica locos polimórficos, com média de 19 alelos por loco;
- conforme Nei (1972) e Nei (1978), as populações são geneticamente próximas (0,80), porém não são parentes;
- as populações parentais e os indivíduos participam de apenas duas estruturas genéticas conforme Software Structure 2.3x descrito por Pritchard et al. (2000);
- as variâncias foram crescentes com a idade, indicando variabilidade e interação de fatores genotípicos e ambientais.
- há variabilidade altamente significativa ao nível de ($p < 0,01$) pelo teste LRT para todos os caracteres e idades de avaliação;
- não há efeitos de dominância nem cruzamentos correlacionados;
- os fatores genéticos são mais pronunciados aos dois anos de idade e os ambientais mais determinantes a partir dessa idade;
- as acurácias foram altas, acima de 0,75 para todos os caracteres e idades;
- a acurácia geral de cruzamentos, que é a acurácia de família e o ponto central deste teste, foi de 0,84;
- as seleções pretendidas podem ser realizadas, pois a esperança de sucesso é acima de 70%;
- o estabelecimento do Pomar de Semente Testada pode ser concretizado em razão da ausência de endogamia e parentesco entre as matrizes.

7 RECOMENDAÇÃO

O Modelo 88 do software Selegen empregado para análise quantitativa dos dados deste teste, elabora o “ranking” dos cruzamentos com base nos rendimentos dos filhos, o que permite identificar os melhores cruzamentos, as melhores mães e os melhores pais uma vez que o software trabalha a variância genética de cruzamento (V_{gc}) que engloba a capacidade específica de combinação (CEC) + o efeito aditivo (a) do pai + o efeito aditivo (a) da mãe + média geral.

A partir desse “ranking” de cruzamentos, com base na herança aditiva e no ponto de corte de $65 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$, foi construída a (Tabela 11), com a seleção dos 32 melhores cruzamentos, famílias excepcionais, de onde recomenda-se:

- estabelecer um Pomar de Recombinação por polinização aberta, composto de 256 indivíduos, sendo 8 por cruzamento (o melhor de cada repetição) cujo rendimento médio é de $74,24 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$;
- estabelecer um Pomar de Hibridação por polinização controlada, composto de 65 indivíduos, sendo um por cruzamento (o melhor) totalizando 32 filhos, mais os 16 melhores genitores femininos e mais os 17 genitores masculinos, com produtividade média também de $74,24 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$.

Com base na variância genética total, a partir do “ranking” das progênes, foram selecionados os 10 melhores indivíduos para clonagem (Tabela 12). Esta população tem rendimento médio de $86,08 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$.

Tabela 11 - Seleção dos cruzamentos que produziram rendimentos florestais iguais ou superiores a 65 m³ ha⁻¹ ano⁻¹ aos sete anos de idade.

RANKING	CRUZAMENTO	CRESCIMENTO (m ³)		GENITOR FEMININO		GENITOR MASCULINO	
		Individual	Por ha/a	Nome	Material Genético	Nome	Material Genético
1	278	0,4219	83,29	3.026	<i>E. urophylla</i> (Timor)	gran 006	<i>E. grandis</i>
2	117	0,4061	80,17	2.044	<i>E. urophylla</i> (Timor)	sal 784	<i>E. saligna</i>
3	428	0,4008	79,13	3.052	<i>E. urophylla</i> (Timor)	gran 045	<i>E. grandis</i>
4	420	0,3976	78,49	3.052	<i>E. urophylla</i> (Timor)	gran 004	<i>E. grandis</i>
5	251	0,3956	78,10	3.026	<i>E. urophylla</i> (Timor)	gran 005	<i>E. grandis</i>
6	132	0,3937	77,72	2.044	<i>E. urophylla</i> (Timor)	sal x bot 098	<i>E. saligna</i> x <i>E. botryoides</i>
7	62	0,3913	77,25	1.294	<i>E. urophylla</i> (Timor)	gran 004	<i>E. grandis</i>
8	292	0,3880	76,60	3.026	<i>E. urophylla</i> (Timor)	salxbot 098	<i>E. saligna</i> x <i>E. botryoides</i>
9	320	0,3852	76,05	3.336	<i>E. urophylla</i> (Timor)	gran 004	<i>E. grandis</i>
10	274	0,3810	75,22	3.026	<i>E. urophylla</i> (Timor)	salxbot 112	<i>E. saligna</i> x <i>E. botryoides</i>
11	280	0,3775	74,53	3.026	<i>E. urophylla</i> (Timor)	gran 045	<i>E. grandis</i>
12	131	0,3744	73,91	2.044	<i>E. urophylla</i> (Timor)	salxbot 112	<i>E. saligna</i> x <i>E. botryoides</i>
13	325	0,3712	73,28	3.336	<i>E. urophylla</i> (Timor)	gran 045	<i>E. grandis</i>
14	393	0,3675	72,55	3.351	<i>E. urophylla</i> (Timor)	AEC 0099	<i>Hib. Esp. E. urophylla</i>
15	293	0,3639	71,84	3.025	<i>E. urophylla</i> (Timor)	salxbot 784	<i>E. saligna</i> x <i>E. botryoides</i>
16	202	0,3608	71,23	3.024	<i>E. urophylla</i> (Timor)	gran 004	<i>E. grandis</i>
17	410	0,3579	70,66	3.052	<i>E. urophylla</i> (Timor)	4.206	<i>E. urophylla</i> (Flores)
18	431	0,3552	70,12	3.052	<i>E. urophylla</i> (Timor)	AEC 0760	<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
19	358	0,3524	69,57	3.046	<i>E. urophylla</i> (Timor)	AEC 0099	<i>Hib. Esp. E. urophylla</i>
20	396	0,3499	69,08	3.512	<i>E. urophylla</i> (Timor)	AEC 0099	<i>Hib. Esp. E. urophylla</i>
21	491	0,3476	68,62	4.206	<i>E. urophylla</i> (Flores)	gran 106	<i>E. grandis</i>
22	504	0,3455	68,21	4.254	<i>E. urophylla</i> (Flores)	gran 045	<i>E. grandis</i>
23	30	0,3435	67,81	1.254	<i>E. urophylla</i> (Timor)	AEC 0099	<i>Hib. Esp. E. urophylla</i>
24	237	0,3417	67,46	3.025	<i>E. urophylla</i> (Timor)	AEC 1559	<i>E. uro</i> x [<i>E. uro</i> (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]
25	317	0,3400	67,12	3.336	<i>E. urophylla</i> (Timor)	4.206	<i>E. urophylla</i> (Flores)
26	447	0,3384	66,81	4.199	<i>E. urophylla</i> (Flores)	AEC 1513	<i>E. uro</i> x [<i>E. uro</i> (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]
27	47	0,3369	66,51	1.294	<i>E. urophylla</i> (Timor)	AEC 1633	<i>E. pellita</i> x <i>E. grandis</i>
28	36	0,3355	66,23	1.254	<i>E. urophylla</i> (Timor)	AEC 0060	<i>Hib. Esp. E. urophylla</i>
29	28	0,3341	65,96	1.254	<i>E. urophylla</i> (Timor)	AEC 0258	<i>Hib. Esp. E. urophylla</i>
30	9	0,3327	65,68	1.034	<i>E. urophylla</i> (Timor)	AEC 1633	<i>E. pellita</i> x <i>E. grandis</i>
31	490	0,3314	65,42	4.026	<i>E. urophylla</i> (Flores)	AEC 0060	<i>Hib. Esp. E. urophylla</i>
32	416	0,3302	65,19	3.052	<i>E. urophylla</i> (Timor)	AEC 1513	<i>E. uro</i> x [<i>E. uro</i> (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]

Nota: São 32 cruzamentos onde participaram 16 genitores femininos e 17 genitores masculinos.

Tabela 12 - Relação das progênies a serem clonadas.

RANKING	CRUZAMENTO	BLOCO	ÁRVORE	CRESCIMENTO (m ³)	
				Individual-(m ³)	Por ha/ano
1	420	5	4	0,4436	87,63
2	278	5	1	0,4429	87,49
3	251	5	6	0,4395	86,82
4	420	3	1	0,4378	86,48
5	278	3	5	0,4360	86,13
6	132	8	1	0,4343	85,79
7	117	2	1	0,4328	85,49
8	292	6	1	0,4314	85,22
9	278	8	4	0,4303	85,00
10	420	7	1	0,4294	84,82
MÉDIA				0,4358	86,08

8 REFERÊNCIAS

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

ASSIS, T. F.; WARBURTON, P.; HARWOOD, C. Artificially induced protogyny: an advance in the controlled pollinization of *Eucalyptus*. **Australian Forestry**, Canberra, v.68, n.1, p.27-33, 2005.

ASSIS, T. F.; MAFIA, R. G. Hibridação e clonagem. In: BORÉM, A. **Biotecnologia florestal**. Viçosa, MG: Suprema, 2007. p. 93 -121.

ASSIS, T. F.; HENRIQUES, E. P.; FERNANDES, J. C. **Relatório técnico descritivo para obtenção do registro nacional dos cultivares**: relatório n. 1: espécies puras. Itamarandiba: Arcelor Mittal BioEneria, 2007a. 11 p.

ASSIS, T. F.; HENRIQUES, E. P.; FERNANDES, J. C. **Relatório técnico descritivo para obtenção do registro nacional dos cultivares**: relatório n. 2: híbridos clonais. Itamarandiba: Arcelor Mittal BioEnergia, 2007b. 10 p.

BESPALHOK F. J. C.; GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. Noções de Genética Quantitativa. In: BESPALHOK F. J. C.; GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. **Melhoramento de Plantas**. Curitiba: 2007a. Disponível em: <www.bespa.agrarias.ufpr.br/conteudo>. Acesso em 29 de set. 2016.

BESPALHOK F. J. C.; GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. Introdução ao Melhoramento de Plantas. In: BESPALHOK F. J. C.; GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. **Melhoramento de Plantas**. Curitiba: 2007b. Disponível em: <www.bespa.agrarias.ufpr.br/conteudo>. Acesso em: 29 set. 2016.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2001. 500p.

BOUDET, A. M. A. New view of lignification. **Trends in Plant Science**, v. 3, p. 67 - 71, 1998.

BRONDANI, R. P. V.; WILLIAMS, E.; BRONDANI, C.; GRATTAPAGLIA, D. A microsatellitebased consensus linkage map for species of *Eucalyptus* and a novel set of 230 microsatellite markers for the genus. **BMC Plant Biology**, London, v. 6, p.1-16, 2006.

BRONDANI, R. P. V.; BRONDANI, C.; GRATTAPAGLIA, D. Towards a genus-wide reference linkage map for *Eucalyptus* based exclusively on highly informative microsatellite markers. **Molecular Genetics and Genomics**. vol. 267, p.338-347, 2002.

CAIXETA, R. P.; CARVALHO, D.; ROSADO, S. C.; TRUGÍLIO, P. F. Variações genéticas em populações de *Eucalyptus* spp. detectadas por meio de marcadores moleculares. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 27, n. 3, p. 357-363, 2003.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. 585 p. Vol. 2.

CRUZ, C. D. **Princípios de Genética Quantitativa**. Viçosa: UFV, 2005. 394 p

DESTRO, D.; MONTALVAN, R. Considerações gerais sobre hibridação em autógamias. In: DESTRO, D; MONTALVAN, R. (Org.) **Melhoramento genético de plantas**. Londrina: Editora UEL, 1999. p. 201-205.

DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, Rockville, v.12, n.1, p.13–15. 1990.

ELDRIDGE, K. G. Genetic Improvement of Eucaliptos. **Silvae Genética**, Frankfurt, v. 27, n. 5, p. 173-216, 1978.

ELDRIDGE, K.; DAVIDSON, C.; HARWOOD, G.; VAN WYK, G. **Eucalypt Domestication and Breeding**. Oxford: Oxford University Press, 1993

ELDRIDGE, K. G.; DAVIDSON, J.; HARWOOD, C.; VAN WYK, G. **Eucalypt Domestication and Breeding**. Clarendon Press, Oxford, 1994.288 pp

FARIA, D. A.; MAMANI. E. M. C.; PAPPAS, M. R.; PAPPAS-JÚNIOR, G. J.; GRATTAPAGLIA. D. A selected set of Est-Derived microsatellites, polymorphic and transferable across 6 species of Eucalyptus. **Journal of heredity**, Oxford, v. 101, n. 4, p. 512-520, 2010.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. 3. ed. Brasília, DF:: EMBRAPA-CENARGEN, 1998. 220 p.

GAIOTTO, F. A.; BRAMUCCI, M.; GRATTAPAGLIA, D. Estimation of outcrossing rate in breeding population of *Eucalyptus urophylla* with dominant RAPD and AFLP markers. **Theoretical and Applied Genetics**, Stuttgart, v. 95, p. 842-849, 1997.

GOLFARI, L. Zoneamento ecológico do Estado de Minas Gerais para reflorestamento. PNUD/FAO/IBDF-BRA/71/545, 1975. 65p. (Série Técnica).

GOUDET, J. FSTAT. (Version 2.9.3.2.): a computer program to calculate F-statistics. **Journal of Heredity**, Oxford, v. 86, n. 6, p. 485–486, 1995.

GRATTAPAGLIA, D.; BRADSHAW, H. D. Nuclear DNA content of commercially important *Eucalyptus* species and hybrids, **Canadian Journal of Forest Research**, Edmonton, v. 24, p. 1074-1078, 1994.

GRATTAPAGLIA, D. Marcadores moleculares em espécies florestais: *Eucalyptus* como modelo. In: NASS, L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M.C. (Ed.) **Recursos genéticos e melhoramento: plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. P. 967-994.

GRATTAPAGLIA, D. Integrating genomics into *Eucalyptus* breeding. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 3, n. 3, p. 369-379, 2004.

GRATTAPAGLIA, D. Aplicações operacionais de marcadores moleculares. In: BORÉM, A. (Ed.). **Biotecnologia florestal**. Viçosa, MG: Suprema, 2007. p. 175-200.

GRATTAPAGLIA, D.; MAMANI, E. M. C.; SILVA JÚNIOR, O. B. A. Novel genome-wide microsatellite resource for special of *Eucalyptus* with linkage-to-physical correspondence on the reference genome sequence. **Molecular Ecology Resources**, Oxford, v. 15, n. 2, p. 437-448, 2014.

HARDY, O. J.; VEKEMANS, X. SPAGeDI: a versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels. **Molecular Ecology Notes**, Oxford, v.2, p. 618-620, 2002.

HARTL, D. L.; CLARK, A. G. **Princípios de genética de populações**. 4 ed. Porto Alegre: Artmed, 2010. 660p.

HENRIQUES, E. P. **Variabilidade genética em progênies de *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake para a produção de carvão**. 2012. 75 p. Dissertação (Mestrado Ciência Florestal)-Faculdade de Ciências Agrônômicas, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 2012.

HIGASHI, E. N.; SILVEIRA, R. L. V.; GONÇALVES, A. N. **Propagação vegetativa de *Eucalyptus*: princípios básicos e a sua evolução no Brasil**. Piracicaba: Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais, 2000. 11 p. (Circular Técnica IPEF, 192).

HIGASHI, E. N.; SILVEIRA, R. L. V. de A.; GONÇALVES, A. N. **Nutrição e adubação em minijardim clonal hidropônico de *Eucalyptus***. Piracicaba: Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais, 2002. 21 p. (Circular Técnica IPEF, 194).

HOUSE, A. P. N.; BELL, J. C. Isozyme variation and mating system in *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 43, n. 2/3, p.167-176, 1994.

INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES – IBA. **Relatório anual**: ano base 2015. Brasília, DF, 2016. 96 p.

KAGEYAMA, P. Y. **Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden**. 1980. 125 f. Tese (Doutorado em Recursos Florestais) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1980.

KEARSEY, M. J. Biometrical genetics in breeding. In: HAYWARD, M. D.; BOSEMARK, N. O.; ROMAGOSA, I. **Plant Breeding: principles and prospects**. London: Chapman Hall, 1993. p.163-183.

LYNCH, M.; RITLAND, K. Estimation of pairwise relatedness with molecular markers. **Genetics**, Austin, v. 152, p. 1753–1766, 1999.

METTLER, L. E; GREGG, T. G. **Genética de populações e evolução**. Piracicaba: Editora Poligono, 1976. 276p.

MORAES, M. A. **Uso de marcadores microssatélites para estimar parentescos dentro de progênes de polinização aberta de espécies arbóreas dioicas: um estudo de caso de *Myracrodon urundeuva* (F. F. & M. F. Allemão)**. 2012. 79 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia)-Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira Unesp. Campus de Ilha Solteira, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2012.

MORI, E. S.; MORAES, C. B. Visão do melhoramento florestal na interação com o manejo. In: WORKSHOP DE MELHORAMENTO GENÉTICO FLORESTAL, 6.; REUNIÃO TÉCNICO-CIENTÍFICA DO PTSM/IPEF, 41., 2010, Botucatu. **Apresentações...** Disponível em: <http://www.ipef.br/eventos/2010/melhoramento_e_manejo/mori_unesp.pdf>. Acesso em: 26 jun. 2012.

PINTO, G.; LOUREIRO, J.; LOPES, T.; SANTOS, C. Analysis of the genetic stability of *Eucalyptus globulus* Labill, somatic embryos by flow cytometry. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 109, p. 580-587, 2004.

POKE, F. S.; VAILLANCOURT, R. E.; POTTS, B. M.; REID, J. B. Genomic research in *Eucalyptus*. **Genetica**, v.125, p. 79-101, 2005.

POTTS, B. M.; WILTSHIRE, R. J. E. **Eucalypt genetics and genecology**. In: WILLIAMS, J.; WOINARSKI, J. **Eucalypt Ecology: Individuals to Ecosystems**. Cambridge: Cambridge University Press. 1997. 442p.

PRITCHARD, J. K.; STEPHENS, M.; DONNELLY, P. Inference of population structure using multilocus genotype data. **Genetic**, Austin, v. 155, n. 2, p. 945-959, June 2000.

PRYOR, L.D. **Biology of eucaliptos**. Canberra, Edward Arnold, 1976. 78 p. (Studies in Biology, 61).

RESENDE, M. D. V.; ARAÚJO, A. J.; SAMPAIO, P. T. B.; WIECHETECK, M. S. S. Accuracy, confidence ranges and variance of response associated to 22 selection methods in *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Revista Floresta**, Curitiba, v. 24, p. 34-45, 1995.

RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Selection via simulated BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 41, p. 421-429, 2006.

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

RITLAND, K. Correlated matings in the partial selter *Mimulus guttatus*. **Evolution**, Lancaster, v. 43, n. 4, p. 848-859, 1989.

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

SILVA, R. L.; XAVIER, A.; LEITE, H. G.; PIRES, I. E. Determinação do tamanho ótimo da parcela experimental pelos métodos de máxima curvatura modificado, do coeficiente de correlação intraclasse e da análise visual em testes clonais de eucalipto. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 27, n. 5, p. 669-676, 2003.

SILVEIRA, R. L. V. A.; HIGASHI, E. N. Seja o doutor do seu eucalipto. **Arquivo do Agrônomo**, Piracicaba, n. 12, p. 1-32, 2001. (Informações Agronômicas, 93).

SOUZA JÚNIOR, L. **Tipo de minijardim clonal e efeito do ácido indolburtírico na miniestaquia de *Grevillea robusta* A. Cunn. (Proteaceae)**. 2007. 66 f. Dissertação (Mestrado em Botânica)-Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2007.

SOUZA, C. S.; FREITAS, M. L. M.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Estimativas de parâmetros genéticos para caracteres quantitativos em progênies de polinização aberta de *Eucalyptus urophylla*. **FLORESTA**, Curitiba, v. 41, n. 4, p. 847 – 856, 2011.

STUDART-GUIMARÃES, C.; LACORTE, C.; BRASILEIRO, C. M.; Transformação genética em espécies florestais. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v.13, n.1, p. 167-178, 2010.

THAMARUS, K. A.; GROOM, K.; MURRELL, J.; BYRNE, M.; MORAN, G. F. A genetic linkage map for *Eucalyptus globulus* with candidate loci for wood, fibre and floral traits. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 104, p. 379-387, 2002.

TITON, M.; XAVIER, A.; OTONI, W. C.; REIS, G. G. Efeito do AIB no enraizamento de miniestacas e microestacas de clones de *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 27, n. 1. p. 1-7, 2003.

TOLFO, A. L. T.; PAULA, R. C.; BONINE, C. A. V.; BASSA, A.; VALLE, C. F. Parâmetros genéticos para caracteres de crescimento, de produção e tecnológicos da madeira de clones de *Eucalyptus spp.* **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 67, p. 101-110, abr. 2005.

VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In. KERR, W. E. (org.) - **Melhoramento e Genética**, São Paulo, Melhoramentos, 1969. P.17-8

XAVIER, A.; COMÉRIO, J. Microestaquia: uma maximização da micropropagação de *Eucalyptus*. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 20, n. 1, p. 9-16, 1996.

WATT, M. P. In vitro field collection techniques for *Eucalyptus* micropropagation. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture**, v. 75, n. 3, p. 233-240, 2003.

9 APÊNDICE

Apêndice 1 - Composição do Pomar de Semente Clonal 2000, de *Eucalyptus urophylla*, onde foram feitas as polinizações controladas, localizado em Itamarandiba – MG.

COMPOSIÇÃO DO POMAR DE SEMENTE CLONAL 2000

Pomar de sementes clonal 1984 - 27 matrizes – Origem Timor

Pomar de sementes clonal 1989 - 40 matrizes – Origem Timor

Pomar de sementes clonal 1991 - 28 matrizes – Origem Timor

Pomar de sementes clonal 1996 - 09 matrizes – Origem Flores

Apêndice 2 - Composição dos Pomares de Sementes Clonais de *Eucalyptus urophylla*, constituintes do Pomar de Semente Clonal 2000, que deu origem ao teste de progênies, todos localizados em Itamarandiba – MG.

POMARES CONSTITUINTES	COMPOSIÇÃO DO POMAR		PROCEDÊNCIA	ORIGEM
Pomar de sementes clonal 1984	A P S - 1981 -	57 matrizes	Timor	Timor
	P S C - 1984 -	32 matrizes	Turmalina – MG	Timor
Pomar de sementes clonal 1989	A P S - 1981 -	17 matrizes	Timor	Timor
	Anhembi - NA-29 -	15 matrizes	Anhembi - SP	Timor
	Anhembi - NA-30 -	08 matrizes	Anhembi - SP	Timor
Pomar de sementes clonal 1991	P S C - 1984 -	90 matrizes	Itamarandiba - MG	Timor
Pomar de sementes clonal 1996	A P S - 1985 -	64 matrizes	Timóteo - MG	Flores

APS – Área produtora de sementes – PSC – Pomar de sementes clonal

Apêndice 3 - Demonstrativo dos 286 cruzamentos controlados, onde as mães foram 33 matrizes do PSC 2000, polinizadas com pólen de 64 matrizes da população genitora masculina.

Ordem	Tratamento	Mãe (<i>E.urophylla</i>)	Pai - Número	Pai - Descrição
1	3	1.024	AEC-0760	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
2	7	1.034	AEC-0760	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
3	9	1.034	AEC-1633	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E. grandis</i>
4	13	1.119	AEC-0973	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
5	15	1.119	AEC-0601	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
6	16	1.119	AEC-0953	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
7	17	1.119	AEC-0760	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
8	18	1.119	AEC-0344	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>
9	19	1.119	AEC-1633	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E. grandis</i>
10	20	1.119	AEC-1159	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)
11	21	1.119	AEC-1151	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)
12	22	1.119	AEC-0220	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
13	24	1.119	AEC-0041	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)
14	25	1.119	AEC-1542	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]
15	27	1.119	AEC-1513	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]
16	28	1.254	AEC-0258	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
17	30	1.254	AEC-0099	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
18	33	1.254	AEC-0953	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
19	36	1.254	AEC-0060	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
20	37	1.254	AEC-0056	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
21	38	1.254	resin x gran-033	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>
22	39	1.275	AEC-1648	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E. grandis</i>
23	40	1.275	AEC-1166	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)
24	41	1.275	AEC-1513	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]
25	42	1.275	resin x gran-039	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>
26	43	1.275	AEC-0601	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
27	44	1.275	resin x gran-047	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>
28	45	1.275	resin x gran-051	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>
29	46	1.275	AEC-0760	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
30	47	1.294	AEC-1633	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E. grandis</i>
31	58	1.294	AEC-1542	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]
32	62	1.294	gran-004	<i>E. grandis</i>
33	63	1.294	AEC-0257	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
34	66	2.013	AEC-1159	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)
35	67	2.013	AEC-1513	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]
36	68	2.013	AEC-0760	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
37	69	2.013	AEC-1166	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)
38	70	2.013	AEC-0220	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
39	71	2.013	AEC-1214	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>
40	72	2.013	AEC-0041	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)
41	74	2.013	AEC-1542	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]
42	75	2.013	AEC-0601	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
43	78	2.013	AEC-0953	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
44	79	2.013	AEC-0973	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
45	86	2.019	AEC-0760	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
46	87	2.019	AEC-1633	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E. grandis</i>
47	91	2.019	AEC-0041	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)

48	96	2.019	AEC-1542	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E.cam</i> x <i>E. gran</i>)]
49	98	2.025	AEC-0220	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
50	99	2.025	AEC-0601	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
51	101	2.025	AEC-0773	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
52	102	2.025	AEC-0262	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
53	104	2.025	AEC-0344	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>
54	105	2.025	AEC-1542	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E.cam</i> x <i>E. gran</i>)]
55	108	2.025	AEC-1166	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)
56	110	2.025	AEC-0760	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
57	111	2.025	AEC-0041	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E.grandis</i>)
58	112	2.038	AEC-0041	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E.grandis</i>)
59	114	2.038	AEC-1633	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E.grandis</i>
60	116	2.044	AEC-0760	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
61	117	2.044	sal-7.84	<i>E. saligna</i>
62	118	2.044	AEC-1151	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)
63	119	2.044	AEC-1159	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)
64	121	2.044	AEC-0041	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E.grandis</i>)
65	124	2.044	AEC-1214	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>
66	125	2.044	AEC-1166	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)
67	126	2.044	sal-7.80	<i>E. saligna</i>
68	128	2.044	resin-5.34	<i>E. resinifera</i>
69	129	2.044	AEC-1633	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E.grandis</i>
70	131	2.044	sal x bot-112	Hib. <i>E. saligna</i> x <i>E. botryoides</i>
71	132	2.044	sal x bot-098	Hib. <i>E. saligna</i> x <i>E. botryoides</i>
72	134	2.056	AEC-1159	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)
73	135	2.056	AEC-1151	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)
74	137	2.056	AEC-0220	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
75	138	2.056	AEC-1633	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E.grandis</i>
76	140	2.056	AEC-0973	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
77	143	3.002	AEC-0144	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
78	146	3.004	AEC-1151	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)
79	147	3.004	AEC-1633	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E.grandis</i>
80	148	3.004	AEC-1159	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)
81	149	3.004	AEC-0041	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E.grandis</i>)
82	151	3.004	AEC-1513	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E.cam</i> x <i>E. gran</i>)]
83	152	3.004	AEC-0953	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
84	153	3.004	AEC-0973	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
85	154	3.004	AEC-1174	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>
86	158	3.004	AEC-0344	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>
87	159	3.004	AEC-0760	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
88	160	3.005	AEC-0601	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
89	162	3.005	AEC-0056	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
90	163	3.005	AEC-0099	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
91	164	3.005	resin x gran-051	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>
92	165	3.005	AEC-0953	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
93	168	3.005	resin x gran-033	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>
94	170	3.005	AEC-0773	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
95	171	3.005	AEC-0760	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
96	172	3.005	AEC-0262	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
97	173	3.005	resin x gran-039	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>
98	174	3.005	AEC-0220	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
99	176	3.005	AEC-1158	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E.grandis</i>)
100	177	3.005	AEC-0041	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E.grandis</i>)

101	179	3.005	AEC-1166	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)
102	180	3.005	AEC-0099	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
103	181	3.005	AEC-0601	Hib. Espontâneo <i>E. Camaldulensis</i>
104	182	3.17R	AEC-0760	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
105	184	3.17R	AEC-0060	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
106	187	3.17R	AEC-1513	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E.cam</i> x <i>E. gran</i>)]
107	189	3.024	AEC-1166	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)
108	191	3.024	<i>resin-5.41</i>	<i>E. resinifera</i>
109	193	3.024	AEC-0344	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>
110	194	3.024	<i>gran-106</i>	<i>E. grandis</i>
111	195	3.024	<i>resin x gran-039</i>	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>
112	196	3.024	<i>resin x gran-4.15</i>	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>
113	197	3.024	AEC-0041	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E.grandis</i>)
114	198	3.024	4.199	<i>E. urophylla</i> (Flores)
115	199	3.024	AEC-0258	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
116	201	3.024	<i>resin-5.43</i>	<i>E. resinifera</i>
117	202	3.024	<i>gran-004</i>	<i>E. grandis</i>
118	203	3.024	<i>resin x gran-033</i>	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>
119	204	3.024	<i>sal x gran-7.84</i>	Hib. <i>E.saligna</i> x <i>E. grandis</i>
120	206	3.024	AEC-1513	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E.cam</i> x <i>E. gran</i>)]
121	207	3.024	<i>resin x gran-051</i>	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>
122	211	3.024	<i>resin x gran-46</i>	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>
123	212	3.024	AEC-0953	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
124	213	3.024	<i>rob x gran-4.20</i>	Hib. <i>E. robusta</i> x <i>E. grandis</i>
125	215	3.024	AEC-0144	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
126	219	3.024	AEC-0060	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
127	221	3.024	AEC-0760	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
128	222	3.024	AEC-1633	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E.grandis</i>
129	223	3.024	AEC-0056	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
130	224	3.024	AEC-0601	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
131	228	3.024	AEC-0161	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
132	229	3.024	AEC-1648	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E.grandis</i>
133	230	3.024	AEC-0099	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
134	232	3.024	<i>resin-5.34</i>	<i>E. resinifera</i>
135	233	3.024	AEC-1542	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E.cam</i> x <i>E. gran</i>)]
136	234	3.025	AEC-0953	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
137	236	3.025	AEC-0344	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>
138	237	3.025	AEC-1559	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. uro</i> x (<i>E.cam</i> x <i>E. gran</i>))
139	238	3.025	AEC-0601	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
140	239	3.025	AEC-1513	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E.cam</i> x <i>E. gran</i>)]
141	240	3.025	AEC-1633	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E.grandis</i>
142	241	3.025	AEC-1166	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)
143	242	3.025	AEC-0041	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E.grandis</i>)
144	244	3.025	AEC-1214	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>)
145	245	3.025	AEC-1151	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)
146	247	3.025	AEC-0973	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
147	248	3.025	AEC-0760	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
148	249	3.026	<i>resin-5.46</i>	<i>E. resinifera</i>
149	250	3.026	AEC-1513	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E.cam</i> x <i>E. gran</i>)]
150	251	3.026	<i>gran-004</i>	<i>E. grandis</i>
151	254	3.026	<i>rob-009</i>	<i>E. robusta</i>
152	255	3.026	AEC-1648	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E.grandis</i>
153	256	3.026	AEC-1633	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E.grandis</i>

154	257	3.026	AEC-0059	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
155	263	3.026	AEC-0220	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
156	265	3.026	AEC-0760	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
157	267	3.026	3.052	<i>E. urophylla</i>
158	268	3.026	AEC-0953	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
159	273	3.026	<i>resin</i> -5.34	<i>E. resinifera</i>
160	274	3.026	<i>sal</i> x <i>bot</i> -112	Hib. <i>E. saligna</i> x <i>E. botryoides</i>
161	277	3.026	<i>resin</i> -5.50	<i>E. resinifera</i>
162	278	3.026	<i>gran</i> -006	<i>E. grandis</i>
163	279	3.026	AEC-0161	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
164	280	3.026	<i>gran</i> -045	<i>E. grandis</i>
165	281	3.026	4.199	<i>E. urophylla</i> (Flores)
166	282	3.026	AEC-0259	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
167	283	3.026	AEC-1571	Hib.. <i>E. urophylla</i> x <i>E. pellita</i>
168	284	3.026	AEC-1159	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)
169	287	3.026	AEC-0144	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
170	288	3.026	AEC-0601	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
171	290	3.026	AEC-0056	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
172	291	3.026	AEC-0041	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)
173	292	3.026	<i>sal</i> x <i>bot</i> -098	Hib. <i>E. saligna</i> x <i>E. botryoides</i>
174	293	3.026	<i>sal</i> x <i>bot</i> -7.84	Hib. <i>E. saligna</i> x <i>E. botryoides</i>
175	301	3.33.3	AEC-1166	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)
176	302	3.33.3	AEC-0601	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
177	303	3.33.3	AEC-0220	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
178	305	3.33.3	AEC-0262	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
179	308	3.33.3	AEC-1542	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]
180	309	3.33.5	<i>rob</i> x <i>gran</i> -131.4	Hib. <i>E. robusta</i> x <i>E. grandis</i>
181	313	3.33.5	AEC-0953	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
182	317	3.33.6	4.206	<i>E. urophylla</i> (Flores)
183	320	3.33.6	<i>gran</i> -004	<i>E. grandis</i>
184	322	3.33.6	AEC-0601	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
185	323	3.33.6	AEC-0041	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)
186	325	3.33.6	<i>gran</i> -045	<i>E. grandis</i>
187	327	3.038	<i>resin</i> x <i>gran</i> -039	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>
188	328	3.038	AEC-0056	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
189	329	3.038	AEC-1159	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)
190	330	3.038	AEC-1513	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]
191	331	3.038	AEC-0060	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
192	332	3.038	AEC-0760	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
193	333	3.038	AEC-0099	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
194	335	3.038	AEC-0258	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
195	338	3.038	AEC-0953	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
196	339	3.038	AEC-1166	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)
197	341	3.044	AEC-1542	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]
198	342	3.044	AEC-0760	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
199	347	3.044	AEC-1633	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E. grandis</i>
200	351	3.044	AEC-0041	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)
201	354	3.044	AEC-0144	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
202	355	3.046	AEC-0953	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
203	356	3.046	AEC-0060	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
204	358	3.046	AEC-0099	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
205	359	3.046	AEC-1197	Hib.. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>
206	360	3.046	AEC-0262	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>

207	361	3.046	AEC-0344	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>
208	362	3.046	<i>rob</i> x <i>gran</i> -131.4	Hib. <i>E. robusta</i> x <i>E. urophylla</i>
209	364	3.046	<i>sal</i> x <i>bot</i> -072	Hib. <i>E. saligna</i> x <i>E. botryoides</i>
210	365	3.046	AEC-0041	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)
211	366	3.046	AEC-0144	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
212	367	3.046	AEC-0380	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
213	369	3.046	AEC-1648	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E. grandis</i>
214	373	3.51.1	AEC-1166	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)
215	380	3.51.1	AEC-0220	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
216	382	3.51.1	AEC-0760	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
217	384	3.51.1	AEC-0059	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
218	392	3.51.1	AEC-1214	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>
219	393	3.51.1	AEC-0099	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
220	394	3.51.1	AEC-1146	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)
221	395	3.51.2	AEC-0601	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
222	396	3.51.2	AEC-0099	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
223	398	3.51.2	AEC-0760	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
224	399	3.51.2	AEC-0220	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
225	402	3.51.2	AEC-0953	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
226	405	3.052	AEC-1542	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]
227	407	3.052	AEC-0262	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
228	409	3.052	<i>resin</i> x <i>gran</i> -046	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>
229	410	3.052	4.206	<i>E. urophylla</i> (Flores)
230	415	3.052	AEC-0601	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
231	416	3.052	AEC-1513	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]
232	419	3.052	AEC-0220	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
233	420	3.052	<i>gran</i> -004	<i>E. grandis</i>
234	423	3.052	AEC-0041	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)
235	425	3.052	AEC-0773	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
236	426	3.052	AEC-1166	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)
237	427	3.052	AEC-0953	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
238	428	3.052	<i>gran</i> -045	<i>E. grandis</i>
239	431	3.052	AEC-0760	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
240	433	4.143	AEC-1159	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)
241	434	4.143	AEC-1214	H. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>)
242	436	4.143	AEC-0760	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
243	437	4.143	AEC-0601	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
244	438	4.143	AEC-0773	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
245	446	4.199	AEC-0005	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
246	447	4.199	AEC-1513	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]
247	455	4.199	<i>resin</i> x <i>gran</i> -039	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>
248	456	4.199	AEC-1214	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>)
249	459	4.199	AEC-0060	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
250	460	4.199	<i>resin</i> x <i>gran</i> -046	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>
251	461	4.199	<i>resin</i> x <i>gran</i> -033	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>
252	465	4.199	AEC-0220	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
253	467	4.199	AEC-1159	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)
254	469	4.199	AEC-0099	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
255	471	4.206	AEC-1513	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]
256	473	4.206	AEC-0099	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
257	474	4.206	AEC-1166	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)
258	475	4.206	AEC-0056	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
259	477	4.206	AEC-0258	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>

260	478	4.206	AEC-0601	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
261	479	4.206	<i>resin</i> x <i>gran</i> -51	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>
262	481	4.206	<i>resin</i> x <i>gran</i> -5.34	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>
263	482	4.206	<i>rob</i> x <i>gran</i> -4.20	Hib. <i>E. robusta</i> x <i>E. grandis</i>
264	483	4.206	<i>rob</i> x <i>gran</i> -4.15	Hib. <i>E. robusta</i> x <i>E. grandis</i>
265	485	4.206	AEC-0760	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
266	488	4.206	AEC-0953	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
267	489	4.206	<i>sal</i> x <i>bot</i> -7.84	Hib. <i>E. saligna</i> x <i>E. botryoides</i>
268	490	4.206	AEC-0060	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
269	491	4.206	<i>gran</i> -106	<i>E. grandis</i>
270	492	4.206	AEC-1648	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E. grandis</i>
271	493	4.206	4.199	<i>E. urophylla</i> (Flores)
272	494	4.206	<i>resin</i> -5.43	<i>E. resinifera</i>
273	497	4.251	AEC-0760	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
274	498	4.251	AEC-0041	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)
275	499	4.254	AEC-0144	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>
276	500	4.254	AEC-1151	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)
277	501	4.254	AEC-1151	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)
278	503	4.254	AEC-1513	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]
279	504	4.254	<i>gran</i> -045	<i>E. grandis</i>
280	505	4.254	AEC-1166	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)
281	506	4.254	AEC-1542	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]
282	507	4.254	AEC-1633	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E. grandis</i>
283	509	4.254	AEC-1159	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)
284	510	4.254	AEC-0760	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
285	512	4.254	AEC-0953	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
286	513	4.254	AEC-0041	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)

Apêndice 4 - Discriminação do material genético da população genitora masculina

POPULAÇÃO GENITORA MASCULINA

Nome	Material genético	Nome	Material Genético
gran-004	<i>E. grandis</i>	AEC-1151	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. grandis</i>)
gran-006	<i>E. grandis</i>	AEC-1158	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. grandis</i>)
gran-045	<i>E. grandis</i>	AEC-1159	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. grandis</i>)
gran-106	<i>E. grandis</i>	AEC-0041	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. grandis</i>)
sal-7.80	<i>E. saligna</i>	AEC-1513	Hib. <i>E. uro</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]
sal-7.84	<i>E. saligna</i>	AEC-1542	Hib. <i>E. uro</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]
uro f-199	<i>E. urophylla</i> (Flores)	AEC-1559	Hib. <i>E. uro</i> x (<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>))
uro f-206	<i>E. urophylla</i> (Flores)	AEC-0005	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
uro-3.52	<i>E. urophylla</i> (Timor)	AEC-0380	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
rob-009	<i>E. robusta</i>	AEC-0601	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
resin-5.34	<i>E. resinifera</i>	AEC-0760	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
resin-5.41	<i>E. resinifera</i>	AEC-0953	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
resin-5.43	<i>E. resinifera</i>	AEC-0973	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>
resin-5.46	<i>E. resinifera</i>	resin x gran-033	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>
resin-5.50	<i>E. resinifera</i>	resin x gran-039	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>
AEC-0773	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	resin x gran-046	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>
AEC-0056	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	resin x gran-047	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>
AEC-0059	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	resin x gran-051	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>
AEC-0060	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	resin x gran-4.15	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>
AEC-0099	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	resin x gran-5.34	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>
AEC-0144	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	AEC-1571	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. pellita</i>
AEC-0161	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	AEC-1633	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E. grandis</i>
AEC-0220	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	AEC-1648	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E. grandis</i>
AEC-0257	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	AEC-1166	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. gran</i> x <i>E. teret</i>)
AEC-0258	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	rob x gran-131.4	Hib. <i>E. robusta</i> x <i>E. urophylla</i>
AEC-0259	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	rob x gran-4.15	Hib. <i>E. robusta</i> x <i>E. grandis</i>
AEC-0262	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	rob x gran-4.20	Hib. <i>E. robusta</i> x <i>E. grandis</i>
AEC-0344	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>	sal x bot-072	Hib. <i>E. saligna</i> x <i>E. botryoides</i>
AEC-1174	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>	sal x bot-098	Hib. <i>E. saligna</i> x <i>E. botryoides</i>
AEC-1197	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>	sal x bot-112	Hib. <i>E. saligna</i> x <i>E. botryoides</i>
AEC-1214	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>	sal x bot-7.84	Hib. <i>E. saligna</i> x <i>E. botryoides</i>
AEC-1146	Hib. <i>E. urox</i> (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)	sal x gran-7.84	Hib. <i>E. saligna</i> x <i>E. grandis</i>

Apêndice 5 - Dados originais do cálculo da coancestria por cruzamento.

Ordem	Trat.	Mãe (<i>E. urophylla</i>)	Estimado	Real	Pai	Estimado	Real	Descrição pai	Estimado	Real	F esperado
			F mae	F mae >0.0625		F pai	F pai >0.0625		Coancestria	Coancestria >0.0625	
1	3	1.024	0,03244	0	AEC-0760	0,09125	0,09125	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	0,000563	0	0
2	7	1.034	0,10924	0,10924	AEC-0760	0,09125	0,09125	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0,06317	0	0
3	9	1.034	0,10924	0,10924	AEC-1633	0,12129	0,12129	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E. grandis</i>	-0,04815	0	0
4	13	1.119	0,12663	0,12663	AEC-0973			Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	Não encontrado para genotipagem		
5	15	1.119	0,12663	0,12663	AEC-0601	0.088981	0.088981	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.01476	0	
6	16	1.119	0,12663	0,12663	AEC-0953	0.368535	0.368535	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.07925	0	
7	17	1.119	0,12663	0,12663	AEC-0760	0,09125	0,09125	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.0749	0	
8	18	1.119	0,12663	0,12663	AEC-0344	-0.04976	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>	0.079289	0.079289	
9	19	1.119	0,12663	0,12663	AEC-1633	0,12129	0,12129	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E. grandis</i>	-0.01903	0	
10	20	1.119	0,12663	0,12663	AEC-1159	-0.02776	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	-0.09355	0	
11	21	1.119	0,12663	0,12663	AEC-1151	0.078798	0.078798	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	-0.08113	0	
12	22	1.119	0,12663	0,12663	AEC-0220	-0.02575	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	0.070869	0.070869	
13	24	1.119	0,12663	0,12663	AEC-0041	0.024218	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	-0.06757	0	
14	25	1.119	0,12663	0,12663	AEC-1542	0.251953	0.251953	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]	0.025874	0	
15	27	1.119	0,12663	0,12663	AEC-1513	0.164908	0.164908	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]	-0.0585	0	
16	28	1.254	0.13324	0.13324	AEC-0258	-0.02575	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.01642	0	
17	30	1.254	0.13324	0.13324	AEC-0099	0.043158	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	0.047344	0	
18	33	1.254	0.13324	0.13324	AEC-0953	0.368535	0.368535	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.03509	0	
19	36	1.254	0.13324	0.13324	AEC-0060	0.108932	0.108932	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	0.059805	0	
20	37	1.254	0.13324	0.13324	AEC-0056	-0.06671	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.00759	0	
21	38	1.254	0.13324	0.13324	<i>resin</i> x <i>gran</i> -033	0.019617	0	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>	0.035574	0	
22	39	1.275	0.093535	0.093535	AEC-1648	0.154265	0.154265	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E. grandis</i>	-0.08037	0	
23	40	1.275	0.093535	0.093535	AEC-1166	0.031226	0	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)	0.021527	0	

24	41	1.275	0.093535	0.093535	AEC-1513	0.164908	0.164908	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E.cam</i> x <i>E. gran</i>)]	-0.01377	0	
25	42	1.275	0.093535	0.093535	<i>resin</i> x <i>gran</i> -039	0.123072	0.123072	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>	0.026595	0	
26	43	1.275	0.093535	0.093535	AEC-0601	0.088981	0.088981	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.07216	0	
27	44	1.275	0.093535	0.093535	<i>resin</i> x <i>gran</i> -047	0.165276	0.165276	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>	-0.05444	0	
28	45	1.275	0.093535	0.093535	<i>resin</i> x <i>gran</i> -051	0.010416	0	Hi.b <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>	0.011121	0	
29	46	1.275	0.093535	0.093535	AEC-0760	0,09125	0,09125	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.07102	0	
30	47	1.294	-0.00326	0	AEC-1633	0,12129	0,12129	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E.grandis</i>	-0.08398	0	
31	58	1.294	-0.00326	0	AEC-1542	0.251953	0.251953	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E.cam</i> x <i>E. gran</i>)]	0.042636	0	
32	62	1.294	-0.00326	0	<i>E. grandis</i> -004	0.25545	0.25545	<i>E. grandis</i>	-0.05775	0	
33	63	1.294	-0.00326	0	AEC-0257			Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	Não encontrado para genotipagem		
34	66	2.013	0.031134	0	AEC-1159	-0.02776	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	0.00169	0	
35	67	2.013	0.031134	0	AEC-1513	0.164908	0.164908	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E.cam</i> x <i>E. gran</i>)]	0.016312	0	
36	68	2.013	0.031134	0	AEC-0760	0,09125	0,09125	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.02052	0	
37	69	2.013	0.031134	0	AEC-1166	0.031226	0	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)	-0.00967	0	
38	70	2.013	0.031134	0	AEC-0220	-0.02575	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	0.002694	0	
39	71	2.013	0.031134	0	AEC-1214	0.038235	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>	0.014257	0	
40	72	2.013	0.031134	0	AEC-0041	0.024218	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E.grandis</i>)	-0.09489	0	
41	74	2.013	0.031134	0	AEC-1542	0.251953	0.251953	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E.cam</i> x <i>E. gran</i>)]	0.018981	0	
42	75	2.013	0.031134	0	AEC-0601	0.088981	0.088981	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.06251	0	
43	78	2.013	0.031134	0	AEC-0953	0.368535	0.368535	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.04529	0	
44	79	2.013	0.031134	0	AEC-0973			Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	Não encontrado para genotipagem		
45	86	2.019	-0.0344	0	AEC-0760	0,09125	0,09125	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.03285	0	
46	87	2.019	-0.0344	0	AEC-1633	0,12129	0,12129	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E.grandis</i>	0.002595	0	
47	91	2.019	-0.0344	0	AEC-0041	0.024218	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E.grandis</i>)	-0.04594	0	
48	96	2.019	-0.0344	0	AEC-1542	0.251953	0.251953	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E.cam</i> x <i>E. gran</i>)]	0.067925	0.067925	
49	98	2.025	0.359089	0.359089	AEC-0220	-0.02575	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.11931	0	
50	99	2.025	0.359089	0.359089	AEC-0601	0.088981	0.088981	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	0.04019	0	
51	101	2.025	0.359089	0.359089	AEC-0773			Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	Não encontrado para genotipagem		
52	102	2.025	0.359089	0.359089	AEC-0262	0.160737	0.160737	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.10778	0	

53	104	2.025	0.359089	0.359089	AEC-0344	-0.04976	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>	0.052528	0	
54	105	2.025	0.359089	0.359089	AEC-1542	0.251953	0.251953	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E.cam</i> x <i>E. gran</i>)]	-0.04174	0	
55	108	2.025	0.359089	0.359089	AEC-1166	0.031226	0	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)	Não encontrado para genotipagem		
56	110	2.025	0.359089	0.359089	AEC-0760	0,09125	0,09125	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.01996	0	
57	111	2.025	0.359089	0.359089	AEC-0041	0.024218	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E.grandis</i>)	-0.03305	0	
58	112	2.038	0.213706	0.213706	AEC-0041	0.024218	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E.grandis</i>)	-0.02403	0	
59	114	2.038	0.213706	0.213706	AEC-1633	0,12129	0,12129	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E.grandis</i>	-0.07763	0	
60	116	2.044	-0.14544	0	AEC-0760	0,09125	0,09125	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.06795	0	
61	117	2.044	-0.14544	0	<i>E. saligna</i> -7.84			<i>E. saligna</i>	Não encontrado para genotipagem		
62	118	2.044	-0.14544	0	AEC-1151	0.078798	0.078798	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	-0.03332	0	
63	119	2.044	-0.14544	0	AEC-1159	-0.02776	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	-0.06617	0	
64	121	2.044	-0.14544	0	AEC-0041	0.024218	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E.grandis</i>)	0.021097	0	
65	124	2.044	-0.14544	0	AEC-1214	0.038235	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>	-0.01275	0	
66	125	2.044	-0.14544	0	AEC-1166	0.031226	0	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)	0.045029	0	
67	126	2.044	-0.14544	0	<i>E. saligna</i> -7.80			<i>E. saligna</i>	Não encontrado para genotipagem		
68	128	2.044	-0.14544	0	resin-5.34	0.102338	0.102338	<i>E. resinifera</i>	-0.00112	0	
69	129	2.044	-0.14544	0	AEC-1633	0,12129	0,12129	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E.grandis</i>	-0.0325	0	
70	131	2.044	-0.14544	0	<i>sal</i> x <i>bot</i> -112			Hib. <i>E. saligna</i> x <i>E. botryoides</i>	Não encontrado para genotipagem		
71	132	2.044	-0.14544	0	<i>sal</i> x <i>bot</i> -098			Hib. <i>E. saligna</i> x <i>E. botryoides</i>	Não encontrado para genotipagem		
72	134	2.056	0.10789	0.10789	AEC-1159	-0.02776	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	-0.0825	0	
73	135	2.056	0.10789	0.10789	AEC-1151	0.078798	0.078798	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	-0.04965	0	
74	137	2.056	0.10789	0.10789	AEC-0220	-0.02575	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	0.061499	0	
75	138	2.056	0.10789	0.10789	AEC-1633	0,12129	0,12129	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E.grandis</i>	-0.04883	0	
76	140	2.056	0.10789	0.10789	AEC-0973			Hib <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	Não encontrado para genotipagem		
77	143	3.002	0.128225	0.128225	AEC-0144	-0.1449	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.00834	0	
78	146	3.004	-0.10828	0	AEC-1151	0.078798	0.078798	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	-0.03517	0	
79	147	3.004	-0.10828	0	AEC-1633	0,12129	0,12129	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E.grandis</i>	-0.03435	0	
80	148	3.004	-0.10828	0	AEC-1159	-0.02776	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E.</i>	-0.04759	0	

								<i>grandis</i>)			
81	149	3.004	-0.10828	0	AEC-0041	0.024218	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	-0.02161	0	
82	151	3.004	-0.10828	0	AEC-1513	0.164908	0.164908	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]	-0.07382	0	
83	152	3.004	-0.10828	0	AEC-0953	0.368535	0.368535	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.07415	0	
84	153	3.004	-0.10828	0	AEC-0973			Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	Não encontrado para genotipagem		
85	154	3.004	-0.10828	0	AEC-1174	0.085101	0.085101	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>	-0.01159	0	
86	158	3.004	-0.10828	0	AEC-0344	-0.04976	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>	-0.03817	0	
87	159	3.004	-0.10828	0	AEC-0760	0,09125	0,09125	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.11065	0	
88	160	3.005	0.357432	0.357432	AEC-0601	0.088981	0.088981	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	0.039362	0	
89	162	3.005	0.357432	0.357432	AEC-0056	-0.06671	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	0.022799	0	
90	163	3.005	0.357432	0.357432	AEC-0099	0.043158	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.10611	0	
91	164	3.005	0.357432	0.357432	<i>resin</i> x <i>gran</i> -051	0.010416	0	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>	0.00008	0	
92	165	3.005	0.357432	0.357432	AEC-0953	0.368535	0.368535	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.10684	0	
93	168	3.005	0.357432	0.357432	<i>resin</i> x <i>gran</i> -033	0.019617	0	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>	-0.01575	0	
94	170	3.005	0.357432	0.357432	AEC-0773			Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	Não encontrado para genotipagem		
95	171	3.005	0.357432	0.357432	AEC-0760	0,09125	0,09125	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.02079	0	
96	172	3.005	0.357432	0.357432	AEC-0262	0.160737	0.160737	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.10861	0	
97	173	3.005	0.357432	0.357432	<i>resin</i> x <i>gran</i> -039	0.123072	0.123072	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>	-0.04573	0	
98	174	3.005	0.357432	0.357432	AEC-0220	-0.02575	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.12014	0	
99	176	3.005	0.357432	0.357432	AEC-1158	0.008131	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	0.019364	0	
100	177	3.005	0.357432	0.357432	AEC-0041	0.024218	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	-0.03387	0	
101	179	3.005	0.357432	0.357432	AEC-1166	0.031226	0	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)	-0.00994	0	
102	180	3.005	0.357432	0.357432	AEC-0099	0.043158	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.10611	0	
103	181	3.005	0.357432	0.357432	AEC-0601	0.088981	0.088981	Hib. <i>E. Camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	0.039362	0	
104	182	3.17R	0.171901	0.171901	AEC-0760	0,09125	0,09125	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	0.009013	0	
105	184	3.17R	0.171901	0.171901	AEC-0060	0.108932	0.108932	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.06386	0	
106	187	3.17R	0.171901	0.171901	AEC-1513	0.164908	0.164908	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]	-0.03587	0	
107	189	3.024	0.250496	0.250496	AEC-1166	0.031226	0	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)	-0.06341	0	
108	191	3.024	0.250496	0.250496	<i>resin</i> -5.41	0.131583	0.131583	<i>E. resinifera</i>	-0.05409	0	
109	193	3.024	0.250496	0.250496	AEC-0344	-0.04976	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>	-0.00177	0	

110	194	3.024	0.250496	0.250496	<i>E. grandis</i> -106			<i>E. grandis</i>	Não encontrado para genotipagem		
111	195	3.024	0.250496	0.250496	<i>resin x gran</i> -039	0.123072	0.123072	Hib. <i>E. resinifera x E. grandis</i>	0.00294	0	
112	196	3.024	0.250496	0.250496	<i>resin x gran</i> -4.15			Hib. <i>E. resinifera x E. grandis</i>	Não encontrado para genotipagem		
113	197	3.024	0.250496	0.250496	AEC-0041	0.024218	0	Hib. <i>E. urophylla x (E. camaldulensis x E. grandis)</i>	-0.02606	0	
114	198	3.024	0.250496	0.250496	4.199	-0.12943	0	<i>E. urophylla</i> (Flores)	Não encontrado para genotipagem		
115	199	3.024	0.250496	0.250496	AEC-0258	-0.02575	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	0.001352	0	
116	201	3.024	0.250496	0.250496	<i>resin</i> -5.43			<i>E. resinifera</i>	Não encontrado para genotipagem		
117	202	3.024	0.250496	0.250496	<i>E. grandis</i> -004	0.25545	0.25545	<i>E. grandis</i>	-0.03301	0	
118	203	3.024	0.250496	0.250496	<i>resin x gran</i> -033	0.019617	0	Hib. <i>E. resinifera x E. grandis</i>	-0.04879	0	
119	204	3.024	0.250496	0.250496	<i>sal x gran</i> -7.84			Hib. <i>E. saligna x E. grandis</i>	Não encontrado para genotipagem		
120	206	3.024	0.250496	0.250496	AEC-1513	0.164908	0.164908	Hib. <i>E. urophylla x [E. uro x (E.cam x E. gran)]</i>	0.00343	0	
121	207	3.024	0.250496	0.250496	<i>resin x gran</i> -051	0.010416	0	Hib. <i>E. resinifera x E. grandis</i>	-0.05339	0	
122	211	3.024	0.250496	0.250496	<i>resin x gran</i> -46			Hib. <i>E. resinifera x E. grandis</i>	Não encontrado para genotipagem		
123	212	3.024	0.250496	0.250496	AEC-0953	0.368535	0.368535	Hib. <i>E. camaldulensis x E. grandis</i>	-0.05817	0	
124	213	3.024	0.250496	0.250496	<i>rob x gran</i> -4.20			Hib. <i>E. robusta x E. grandis</i>	Não encontrado para genotipagem		
125	215	3.024	0.250496	0.250496	AEC-0144	-0.1449	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	0.052796	0	
126	219	3.024	0.250496	0.250496	AEC-0060	0.108932	0.108932	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	0.445268	0.445268	
127	221	3.024	0.250496	0.250496	AEC-0760	0,09125	0,09125	Hib. <i>E. camaldulensis x E. grandis</i>	-0.05383	0	
128	222	3.024	0.250496	0.250496	AEC-1633	0,12129	0,12129	Hib. <i>E. pellita x E. grandis</i>	-0.05923	0	
129	223	3.024	0.250496	0.250496	AEC-0056	-0.06671	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.01024	0	
130	224	3.024	0.250496	0.250496	AEC-0601	0.088981	0.088981	Hib. <i>E. camaldulensis x E. grandis</i>	-0.05496	0	
131	228	3.024	0.250496	0.250496	AEC-0161	0.04943	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	0.068255	0.068255	
132	229	3.024	0.250496	0.250496	AEC-1648	0.154265	0.154265	Hib. <i>E. pellita x E. grandis</i>	0.038963	0	
133	230	3.024	0.250496	0.250496	AEC-0099	0.043158	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.10611	0	
134	232	3.024	0.250496	0.250496	<i>resin</i> -5.34	0.102338	0.102338	<i>E. resinifera</i>	-0.02785	0	
135	233	3.024	0.250496	0.250496	AEC-1542	0.251953	0.251953	Hib. <i>E. urophylla x [E. uro x (E.cam x E. gran)]</i>	-0.07561	0	
136	234	3.025	-0.09631	0	AEC-0953	0.368535	0.368535	Hib. <i>E. camaldulensis x E. grandis</i>	-0.06816	0	
137	236	3.025	-0.09631	0	AEC-0344	-0.04976	0	Hib. <i>E. urophylla x E. grandis</i>	-0.03218	0	
138	237	3.025	-0.09631	0	AEC-1559	0.059966	0	Hib. <i>E. urophylla x (E. uro x (E.cam x E. gran))</i>	0.043112	0	
139	238	3.025	-0.09631	0	AEC-0601	0.088981	0.088981	Hib. <i>E. camaldulensis x E. grandis</i>	-0.00366	0	
140	239	3.025	-0.09631	0	AEC-1513	0.164908	0.164908	Hib. <i>E. urophylla x [E. uro x (E.cam x E.</i>	-0.06784	0	

								gran)]				
141	240	3.025	-0.09631	0	AEC-1633	0,12129	0,12129	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E. grandis</i>	-0.04879	0		
142	241	3.025	-0.09631	0	AEC-1166	0.031226	0	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)	0.028742	0		
143	242	3.025	-0.09631	0	AEC-0041	0.024218	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	0.004811	0		
144	244	3.025	-0.09631	0	AEC-1214	0.038235	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>)	-0.00861	0		
145	245	3.025	-0.09631	0	AEC-1151	0.078798	0.078798	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	-0.07004	0		
146	247	3.025	-0.09631	0	AEC-0973			Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	Não encontrado para genotipagem			
147	248	3.025	-0.09631	0	AEC-0760	0,09125	0,09125	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.06381	0		
148	249	3.026	0.236158	0.236158	resin-5.46	0.145984	0.145984	<i>E. resinifera</i>	-0.03363	0		
149	250	3.026	0.236158	0.236158	AEC-1513	0.164908	0.164908	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]	-0.04459	0		
150	251	3.026	0.236158	0.236158	<i>E. grandis</i> -004	0.25545	0.25545	<i>E. grandis</i>	-0.14231	0		
151	254	3.026	0.236158	0.236158	<i>E. robusta</i> -009			<i>E. robusta</i>	Não encontrado para genotipagem			
152	255	3.026	0.236158	0.236158	AEC-1648	0.154265	0.154265	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E. grandis</i>	-0.02949	0		
153	256	3.026	0.236158	0.236158	AEC-1633	0,12129	0,12129	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E. grandis</i>	0.076589	0.076589		
154	257	3.026	0.236158	0.236158	AEC-0059	0.232661	0.232661	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.01072	0		
155	263	3.026	0.236158	0.236158	AEC-0220	-0.02575	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.03778	0		
156	265	3.026	0.236158	0.236158	AEC-0760	0,09125	0,09125	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.10185	0		
157	267	3.026	0.236158	0.236158	3.052	0.165843	0.165843	<i>E. urophylla</i>	Não encontrado para genotipagem			
158	268	3.026	0.236158	0.236158	AEC-0953	0.368535	0.368535	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.06534	0		
159	273	3.026	0.236158	0.236158	resin-5.34	0.102338	0.102338	<i>E. resinifera</i>	-0.07588	0		
160	274	3.026	0.236158	0.236158	sal x bot-112			Hib. <i>E. saligna</i> x <i>E. botryoides</i>	Não encontrado para genotipagem			
161	277	3.026	0.236158	0.236158	resin-5.50	0.097921	0.097921	<i>E. resinifera</i>	-0.01681	0		
162	278	3.026	0.236158	0.236158	<i>E. grandis</i> -006			<i>E. grandis</i>	Não encontrado para genotipagem			
163	279	3.026	0.236158	0.236158	AEC-0161	0.04943	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.08191	0		
164	280	3.026	0.236158	0.236158	<i>E. grandis</i> -045	0.174385	0.174385	<i>E. grandis</i>	-0.08071	0		
165	281	3.026	0.236158	0.236158	4.199	-0.12943	0	<i>E. urophylla</i> (Flores)	Não encontrado para genotipagem			
166	282	3.026	0.236158	0.236158	AEC-0259	0.072526	0.072526	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	0.011351	0		
167	283	3.026	0.236158	0.236158	AEC-1571	-0.10902	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. pellita</i>	-0.05899	0		
168	284	3.026	0.236158	0.236158	AEC-1159	-0.02776	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	0.165483	0.165483		
169	287	3.026	0.236158	0.236158	AEC-0144	-0.1449	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.03608	0		
170	288	3.026	0.236158	0.236158	AEC-0601	0.088981	0.088981	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.0417	0		

171	290	3.026	0.236158	0.236158	AEC-0056	-0.06671	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.03784	0	
172	291	3.026	0.236158	0.236158	AEC-0041	0.024218	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	-0.05366	0	
173	292	3.026	0.236158	0.236158	<i>sal</i> x <i>bot</i> -098			Hib. <i>E. saligna</i> x <i>E. botryoides</i>	Não encontrado para genotipagem		
174	293	3.026	0.236158	0.236158	<i>sal</i> x <i>bot</i> -7.84			Hib. <i>E. saligna</i> x <i>E. botryoides</i>	Não encontrado para genotipagem		
175	301	3.33.3	-0.00093	0	AEC-1166	0.031226	0	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)	-0.01699	0	
176	302	3.33.3	-0.00093	0	AEC-0601	0.088981	0.088981	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	0.029408	0	
177	303	3.33.3	-0.00093	0	AEC-0220	-0.02575	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.00153	0	
178	305	3.33.3	-0.00093	0	AEC-0262	0.160737	0.160737	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	0.002341	0	
179	308	3.33.3	-0.00093	0	AEC-1542	0.251953	0.251953	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]	-0.08303	0	
180	309	3.33.5	0.112097	0.112097	<i>rob</i> x <i>gran</i> -131.4			Hib. <i>E. robusta</i> x <i>E. grandis</i>	Não encontrado para genotipagem		
181	313	3.33.5	0.112097	0.112097	AEC-0953	0.368535	0.368535	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.04257	0	
182	317	3.33.6	-0.07534	0	4.206	0.043372	0	<i>E. urophylla</i> (Flores)	Não encontrado para genotipagem		
183	320	3.33.6	-0.07534	0	<i>E. grandis</i> -004	0.25545	0.25545	<i>E. grandis</i>	-0.01208	0	
184	322	3.33.6	-0.07534	0	AEC-0601	0.088981	0.088981	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	0.00682	0	
185	323	3.33.6	-0.07534	0	AEC-0041	0.024218	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	0.03572	0	
186	325	3.33.6	-0.07534	0	<i>E. grandis</i> -045	0.174385	0.174385	<i>E. grandis</i>	-0.05261	0	
187	327	3.038	0.019004	0	<i>resin</i> x <i>gran</i> -039	0.123072	0.123072	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>	-0.09238	0	
188	328	3.038	0.019004	0	AEC-0056	-0.06671	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	0.057857	0	
189	329	3.038	0.019004	0	AEC-1159	-0.02776	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	-0.06566	0	
190	330	3.038	0.019004	0	AEC-1513	0.164908	0.164908	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]	-0.07146	0	
191	331	3.038	0.019004	0	AEC-0060	0.108932	0.108932	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	0.002687	0	
192	332	3.038	0.019004	0	AEC-0760	0,09125	0,09125	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.04701	0	
193	333	3.038	0.019004	0	AEC-0099	0.043158	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	0.071935	0.071935	
194	335	3.038	0.019004	0	AEC-0258	-0.02575	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.07354	0	
195	338	3.038	0.019004	0	AEC-0953	0.368535	0.368535	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.0105	0	
196	339	3.038	0.019004	0	AEC-1166	0.031226	0	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)	0.168105	0.168105	
197	341	3.044	0.448158	0.448158	AEC-1542	0.251953	0.251953	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]	0.064076	0.064076	
198	342	3.044	0.448158	0.448158	AEC-0760	0,09125	0,09125	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.09799	0	
199	347	3.044	0.448158	0.448158	AEC-1633	0,12129	0,12129	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E. grandis</i>	-0.06254	0	

200	351	3.044	0.448158	0.448158	AEC-0041	0.024218	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	0.277043	0.277043	
201	354	3.044	0.448158	0.448158	AEC-0144	-0.1449	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.03222	0	
202	355	3.046	0.008867	0	AEC-0953	0.368535	0.368535	Hib <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	0.086565	0.086565	
203	356	3.046	0.008867	0	AEC-0060	0.108932	0.108932	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	0.0589	0	
204	358	3.046	0.008867	0	AEC-0099	0.043158	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.09655	0	
205	359	3.046	0.008867	0	AEC-1197	-0.04321	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>	-0.0376	0	
206	360	3.046	0.008867	0	AEC-0262	0.160737	0.160737	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	0.064375	0.064375	
207	361	3.046	0.008867	0	AEC-0344	-0.04976	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>	-0.0613	0	
208	362	3.046	0.008867	0	<i>rob</i> x <i>gran</i> -131.4			Hib. <i>E. robusta</i> x <i>E. urophylla</i>	Não encontrado para genotipagem		
209	364	3.046	0.008867	0	<i>sal</i> x <i>bot</i> -072	0.344704	0.344704	Hib <i>E. saligna</i> x <i>E. botryoides</i>	0.033795	0	
210	365	3.046	0.008867	0	AEC-0041	0.024218	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	0.03697	0	
211	366	3.046	0.008867	0	AEC-0144	-0.1449	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	0.054544	0	
212	367	3.046	0.008867	0	AEC-0380	0.25111	0.25111	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	0.068707	0.068707	
213	369	3.046	0.008867	0	AEC-1648	0.154265	0.154265	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E. grandis</i>	0.081566	0.081566	
214	373	3.51.1	0.016964	0	AEC-1166	0.031226	0	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)	0.085377	0.085377	
215	380	3.51.1	0.016964	0	AEC-0220	-0.02575	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.12695	0	
216	382	3.51.1	0.016964	0	AEC-0760	0,09125	0,09125	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.0276	0	
217	384	3.51.1	0.016964	0	AEC-0059	0.232661	0.232661	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.05903	0	
218	392	3.51.1	0.016964	0	AEC-1214	0.038235	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>	0.0276	0	
219	393	3.51.1	0.016964	0	AEC-0099	0.043158	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.0925	0	
220	394	3.51.1	0.016964	0	AEC-1146	0.073829	0.073829	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	-0.03631	0	
221	395	3.51.2	0.016964	0	AEC-0601	0.088981	0.088981	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	0.012118	0	
222	396	3.51.2	0.016964	0	AEC-0099	0.043158	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.0925	0	
223	398	3.51.2	0.016964	0	AEC-0760	0,09125	0,09125	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.0276	0	
224	399	3.51.2	0.016964	0	AEC-0220	-0.02575	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.12695	0	
225	402	3.51.2	0.016964	0	AEC-0953	0.368535	0.368535	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.0728	0	
226	405	3.052	0.165843	0.165843	AEC-1542	0.251953	0.251953	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]	0.106762	0.106762	
227	407	3.052	0.165843	0.165843	AEC-0262	0.160737	0.160737	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.08184	0	
228	409	3.052	0.165843	0.165843	<i>resin</i> x <i>gran</i> -046			Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>	Não encontrado para genotipagem		
229	410	3.052	0.165843	0.165843	4.206	0.043372	0	<i>E. urophylla</i> (Flores)	Não encontrado para genotipagem		
230	415	3.052	0.165843	0.165843	AEC-0601	0.088981	0.088981	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	0.025276	0	

231	416	3.052	0.165843	0.165843	AEC-1513	0.164908	0.164908	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E.cam</i> x <i>E. gran</i>)]	0.042813	0	
232	419	3.052	0.165843	0.165843	AEC-0220	-0.02575	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.09337	0	
233	420	3.052	0.165843	0.165843	<i>E. grandis</i> -004	0.25545	0.25545	<i>E. grandis</i>	-0.07533	0	
234	423	3.052	0.165843	0.165843	AEC-0041	0.024218	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	-0.00711	0	
235	425	3.052	0.165843	0.165843	AEC-0773			Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	Não encontrado para genotipagem		
236	426	3.052	0.165843	0.165843	AEC-1166	0.031226	0	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)	0.016826	0	
237	427	3.052	0.165843	0.165843	AEC-0953	0.368535	0.368535	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.03922	0	
238	428	3.052	0.165843	0.165843	<i>E. grandis</i> -045	0.174385	0.174385	<i>E. grandis</i>	-0.07501	0	
239	431	3.052	0.165843	0.165843	AEC-0760	0,09125	0,09125	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	0.026411	0	
240	433	4.143	-0.00753	0	AEC-1159	-0.02776	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	0.002786	0	
241	434	4.143	-0.00753	0	AEC-1214	0.038235	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>	-0.06636	0	
242	436	4.143	-0.00753	0	AEC-0760	0,09125	0,09125	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.03985	0	
243	437	4.143	-0.00753	0	AEC-0601	0.088981	0.088981	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	0.0203	0	
244	438	4.143	-0.00753	0	AEC-0773			Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	Não encontrado para genotipagem		
245	446	4.199	-0.12943	0	AEC-0005			Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	Não encontrado para genotipagem		
246	447	4.199	-0.12943	0	AEC-1513	0.164908	0.164908	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E.cam</i> x <i>E. gran</i>)]	-0.00269	0	
247	455	4.199	-0.12943	0	<i>resin</i> x <i>gran</i> -039	0.123072	0.123072	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>	0.037675	0	
248	456	4.199	-0.12943	0	AEC-1214	0.038235	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x <i>E. grandis</i>	-0.02517	0	
249	459	4.199	-0.12943	0	AEC-0060	0.108932	0.108932	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	0.010178	0	
250	460	4.199	-0.12943	0	<i>resin</i> x <i>gran</i> -046			Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>	Não encontrado para genotipagem		
251	461	4.199	-0.12943	0	<i>resin</i> x <i>gran</i> -033	0.019617	0	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>	0.026802	0	
252	465	4.199	-0.12943	0	AEC-0220	-0.02575	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.03673	0	
253	467	4.199	-0.12943	0	AEC-1159	-0.02776	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	-0.03774	0	
254	469	4.199	-0.12943	0	AEC-0099	0.043158	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.00228	0	
255	471	4.206	0.043372	0	AEC-1513	0.164908	0.164908	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E.cam</i> x <i>E. gran</i>)]	-0.03885	0	
256	473	4.206	0.043372	0	AEC-0099	0.043158	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.03844	0	
257	474	4.206	0.043372	0	AEC-1166	0.031226	0	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)	-0.00356	0	
258	475	4.206	0.043372	0	AEC-0056	-0.06671	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	0.00876	0	
259	477	4.206	0.043372	0	AEC-0258	-0.02575	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	0.040781	0	

260	478	4.206	0.043372	0	AEC-0601	0.088981	0.088981	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	0.025322	0	
261	479	4.206	0.043372	0	<i>resin</i> x <i>gran</i> -51	0.010416	0	Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>	0.006467	0	
262	481	4.206	0.043372	0	<i>resin</i> x <i>gran</i> -5.34			Hib. <i>E. resinifera</i> x <i>E. grandis</i>	Não encontrado para genotipagem		
263	482	4.206	0.043372	0	<i>rob</i> x <i>gran</i> -4.20			Hib. <i>E. robusta</i> x <i>E. grandis</i>	Não encontrado para genotipagem		
264	483	4.206	0.043372	0	<i>rob</i> x <i>gran</i> -4.15			Hib. <i>E. robusta</i> x <i>E. grandis</i>	Não encontrado para genotipagem		
265	485	4.206	0.043372	0	AEC-0760	0,09125	0,09125	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	0.108166	0.108166	
266	488	4.206	0.043372	0	AEC-0953	0.368535	0.368535	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	0.022109	0	
267	489	4.206	0.043372	0	<i>sal</i> x <i>bot</i> -7.84			Hib. <i>E. saligna</i> x <i>E. botryoides</i>	Não encontrado para genotipagem		
268	490	4.206	0.043372	0	AEC-0060	0.108932	0.108932	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.06684	0	
269	491	4.206	0.043372	0	<i>E. grandis</i> -106			<i>E. grandis</i>			
270	492	4.206	0.043372	0	AEC-1648	0.154265	0.154265	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E. grandis</i>	-0.04417	0	
271	493	4.206	0.043372	0	4.199	-0.12943	0	<i>E. urophylla</i> (Flores)	Não encontrado para genotipagem		
272	494	4.206	0.043372	0	<i>resin</i> -5.43			<i>E. resinifera</i>	Não encontrado para genotipagem		
273	497	4.251	-0.02134	0	AEC-0760	0,09125	0,09125	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	0.034953	0	
274	498	4.251	-0.02134	0	AEC-0041	0.024218	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	0.062718	0.062718	
275	499	4.254	0.288146	0.288146	AEC-0144	-0.1449	0	Hib. Espontâneo <i>E. urophylla</i>	-0.03052	0	
276	500	4.254	0.288146	0.288146	AEC-1151	0.078798	0.078798	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	-0.00037	0	
277	501	4.254	0.288146	0.288146	AEC-1151	0.078798	0.078798	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	-0.00037	0	
278	503	4.254	0.288146	0.288146	AEC-1513	0.164908	0.164908	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]	0.001828	0	
279	504	4.254	0.288146	0.288146	<i>E. grandis</i> -045	0.174385	0.174385	<i>E. grandis</i>	-0.03429	0	
280	505	4.254	0.288146	0.288146	AEC-1166	0.031226	0	Hib. <i>E. pellita</i> x (<i>E. grandis</i> x <i>E. tereticornis</i>)	0.077977	0.077977	
281	506	4.254	0.288146	0.288146	AEC-1542	0.251953	0.251953	Hib. <i>E. urophylla</i> x [<i>E. uro</i> x (<i>E. cam</i> x <i>E. gran</i>)]	-0.03636	0	
282	507	4.254	0.288146	0.288146	AEC-1633	0,12129	0,12129	Hib. <i>E. pellita</i> x <i>E. grandis</i>	-0.04041	0	
283	509	4.254	0.288146	0.288146	AEC-1159	-0.02776	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	-0.05365	0	
284	510	4.254	0.288146	0.288146	AEC-0760	0,09125	0,09125	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	0.026281	0	
285	512	4.254	0.288146	0.288146	AEC-0953	0.368535	0.368535	Hib. <i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>	-0.10063	0	
286	513	4.254	0.288146	0.288146	AEC-0041	0.024218	0	Hib. <i>E. urophylla</i> x (<i>E. camaldulensis</i> x <i>E. grandis</i>)	0.0949	0.0949	

Apêndice 6 - Indexação dos parentais à sequência numérica das (Figuras 8 e 9)

MÃES (<i>E. urophylla</i>)		PAIS	
AMOSTRA	CORRESPONDENTE	AMOSTRA	CORRESPONDENTE
3.052	1	AEC-1146	34
3.024	2	AEC-1559	35
3.33.6	3	AEC-1158	36
2.044	4	AEC-1166	37
3.004	5	AEC-1513	38
2.056	6	AEC-1648	39
2.025	7	AEC-1633	40
3.005	8	AEC-1151	41
4.143	9	AEC-1571	42
1.254	10	AEC-1214	43
3.51.2	11	AEC-1159	44
4.199	12	AEC-1174	45
3.038	13	AEC-1197	46
1.294	14	AEC-1542	47
1.275	15	AEC-0059	48
2.013	16	AEC-0041	49
3.17R	17	AEC-0161	50
1.119	18	AEC-0380	51
1.034	19	AEC-0760	52
3.046	20	<i>E. resinifera</i> -5.34	53
3.33.3	21	<i>E. resinifera</i> -5.41	54
3.002	22	AEC-0056	55
3.025	23	AEC-0259	56
4.251	24	<i>E. resinifera</i> -5.46	57
4.206	25	<i>E. resinifera</i> -N-5.50	58
3.026	26	AEC-0144	59
1.024	27	<i>E. grandis</i> -004	60
2.038	28	<i>E. grandis</i> -045	61
3.51.1	29	<i>resin X gran</i> -033	62
3.33.5	30	<i>resin X gran</i> -039	63
3.044	31	<i>resin X gran</i> -047	64
2.019	32	<i>resin X gran</i> -051	65
4.254	33	<i>sal X bot</i> -072	66
		AEC-0953	67
		AEC-0220	68
		AEC-0060	69
		AEC-0262	70
		AEC-0601	71
		AEC-0099	72
		AEC-0258	73
		AEC-0344	74
		CTRL_G44	75

Apêndice 7 - Estimativa de componentes de variância para caracteres de crescimento em altura (m), diâmetro à altura do peito (DAP) (cm) e volume individual das árvores (m³), aos 2, 5 e 7 anos de idade, em teste de progênie de polinização controlada (irmãos completos) de *Eucalyptus* sp.

Caracteres	Estimativas	2 anos	5 anos	7 anos
ALT	σ_{gm}^2	0.084	0.481	1.049
	σ_{gf}^2	0.066	0.097	0.325
	σ_a^2	0.300	1.157	2.748
	σ_{cec}^2	0.054	0.105	0.625
	σ_{parc}^2	0.091	0.341	0.967
	σ_e^2	0.977	3.604	21.776
	σ_f^2	1.273	4.629	24.741
DAP	σ_{gm}^2	0.089	0.593	1.109
	σ_{gf}^2	0.048	0.084	0.209
	σ_a^2	0.275	1.353	2.638
	σ_{cec}^2	0.042	0.118	0.357
	σ_{parc}^2	0.029	0.098	0.177
	σ_e^2	1.313	4.589	14.530
	σ_f^2	1.522	5.482	16.383
VOL	σ_{gm}^2	7.0×10^{-6}	7.5×10^{-4}	2.0×10^{-3}
	σ_{gf}^2	3.0×10^{-6}	9.3×10^{-5}	3.40×10^{-4}
	σ_a^2	2.0×10^{-5}	1.7×10^{-3}	4.7×10^{-3}
	σ_{cec}^2	3.0×10^{-6}	1.3×10^{-4}	5.2×10^{-4}
	σ_{parc}^2	3.0×10^{-6}	1.0×10^{-4}	3.5×10^{-4}
	σ_e^2	7.5×10^{-5}	4.5×10^{-3}	2.1×10^{-2}
	σ_f^2	9.1×10^{-5}	5.6×10^{-3}	2.4×10^{-2}

σ^2_{gm} : Variância genética entre machos, a qual estima $\frac{1}{4}$ da variância genética aditiva; σ^2_{gf} : Variância genética entre fêmeas, a qual estima $\frac{1}{4}$ da variância genética aditiva; σ^2_a : Variância genética aditiva média; σ^2_{cec} : Variância da Capacidade Específica de Combinação entre dois genitores, a qual estima $\frac{1}{4}$ da variância genética de dominância; σ^2_{parc} : Variância entre parcelas; σ^2_e : Variância residual; σ^2_f : Variância fenotípica individual.

Apêndice 8 - Croqui de instalação do teste de progênes de irmãos completos

CROQUI DO TESTE DE PROGÊNIES DE IRMÃOS COMPLETOS

BLOCO 1																			
28	196	287	309	347	37	308	180	147	329	380	489	281	146	367	149	415	172	265	46
366	509	177	494	254	488	273	154	7	114	438	236	407	278	356	27	419	77	290	36
288	168	151	338	248	144	41	20	152	108	198	325	446	227	263	105	373	68	460	224
420	228	96	98	321	229	491	163	395	132	394	3	447	508	293	485	354	44	181	116
9	140	330	86	18	212	160	13	364	33	456	305	78	332	304	398	249	126	473	271
79	510	223	201	499	255	279	497	274	71	175	504	501	283	26	189	313	292	238	CLO P.
204	382	384	433	437	191	341	179	184	203	467	498	66	362	197	170	355	492	459	Uro 84
99	241	63	239	483	219	328	479	342	291	399	481	425	134	211	335	30	344	327	Uro91
230	474	15	428	268	240	301	477	118	320	173	267	199	52	244	102	104	503	361	Uro 89
351	482	72	507	194	317	88	69	410	237	40	121	38	478	187	369	137	405	247	Uro 00
222	111	215	331	348	417	206	188	124	493	465	339	234	47	505	461	232	119	24	Gra 95
165	39	252	436	176	25	74	318	365	174	16	427	392	43	91	164	193	360	67	Gra 84
110	424	409	125	359	128	131	29	245	512	62	469	171	250	251	277	22	138	423	HC 1528
513	284	475	256	45	112	153	323	282	61	17	506	416	42	143	107	129	162	159	HC 344
471	396	19	158	333	257	233	87	358	434	213	58	431	280	303	135	402	426	117	Clo 85
202	393	101	70	148	207	221	115	21	82	322	195	455	302	500	75	242	490	182	Citr P.

BLOCO 2																			
288	238	168	175	309	248	199	241	302	407	332	46	43	77	82	28	110	197	274	137
24	223	174	229	482	118	402	78	87	68	66	341	393	308	423	279	132	459	481	44
182	138	367	232	191	171	140	154	398	510	160	392	504	224	125	196	339	19	144	360
206	282	107	506	465	490	180	473	419	428	112	331	313	500	335	355	63	257	41	193
70	410	164	239	420	373	152	237	39	61	18	72	20	322	67	37	27	247	75	26
405	268	292	479	329	159	503	364	211	135	233	399	467	512	508	460	365	505	278	CLO P.
36	79	131	244	394	477	330	474	212	358	498	163	395	111	129	98	328	437	427	Uro 84
187	483	456	177	369	149	181	38	15	126	230	291	489	351	33	271	215	361	284	Uro91
170	333	69	124	194	173	507	25	362	176	255	245	396	263	117	317	86	42	179	Uro 89
58	221	281	251	325	105	172	293	40	494	499	438	240	189	242	21	513	455	102	Uro 00
198	146	492	433	469	424	416	162	252	121	203	202	16	228	493	304	30	115	461	Gra 95
267	45	283	321	17	195	222	501	359	425	382	153	74	184	151	342	22	165	101	Gra 84
108	318	236	344	409	188	104	7	497	143	338	249	446	254	158	88	204	29	354	HC 1528
290	447	356	227	384	256	207	114	303	250	348	71	509	96	3	277	219	323	327	HC 344
415	234	417	478	52	99	134	62	119	91	488	475	13	273	280	213	380	320	287	Clo 85
265	301	431	305	434	491	9	426	347	128	47	436	116	471	366	201	147	485	148	Citr P.

BLOCO 3																			
415	77	504	227	29	21	27	20	477	154	436	302	488	170	238	240	438	331	475	321
361	407	332	348	447	179	284	135	420	510	184	461	86	211	199	433	471	446	177	202
102	42	469	280	273	19	68	28	394	61	96	456	58	428	110	301	174	129	230	74
485	128	176	265	87	365	396	119	279	254	17	40	380	140	198	147	489	509	318	268
501	459	373	223	287	164	162	354	251	66	114	213	131	498	271	366	344	333	168	434
339	25	249	303	132	18	483	22	482	191	30	189	101	491	465	500	33	105	335	Clo P.
15	99	322	419	104	234	138	173	47	424	78	410	26	72	325	328	327	409	62	Uro 84
237	479	242	163	107	187	16	38	267	201	224	194	278	215	239	274	355	221	188	Uro 91
7	247	478	256	317	506	181	431	172	108	121	98	182	206	330	437	305	75	257	Uro 89
281	137	351	507	250	117	71	263	160	41	222	508	426	360	497	37	45	148	152	Uro 00
44	207	88	292	180	111	124	219	416	474	195	91	248	146	241	236	402	63	70	Gra 95
165	67	329	277	175	204	46	417	467	283	245	228	492	115	338	159	196	320	291	Gra 84
503	293	512	347	153	382	118	494	149	384	39	423	282	460	323	358	309	405	171	HC 1528
393	356	212	505	290	9	36	69	252	367	364	52	313	232	455	144	513	490	481	HC 344
3	82	126	427	341	395	116	493	134	499	151	143	304	229	255	125	158	79	193	Clo 85
398	288	13	392	43	233	399	362	359	24	197	425	203	473	369	244	308	112	342	Ctr P.

BLOCO 4																			
255	240	41	427	254	478	317	196	62	7	362	30	58	396	278	251	152	125	398	187
121	328	43	146	148	338	473	288	195	184	174	74	512	140	188	256	302	227	271	40
252	189	283	213	455	284	42	351	114	399	267	144	293	361	237	175	446	138	202	233
164	313	249	436	236	71	39	26	494	327	182	459	402	96	354	21	241	105	369	425
460	67	22	493	248	154	29	223	18	461	344	91	137	360	104	373	475	28	380	292
33	228	392	118	415	465	433	124	355	339	281	393	212	424	172	469	505	492	437	Clo P.
280	37	108	467	3	135	222	367	170	116	112	348	417	498	224	308	143	265	107	Uro 84
416	203	206	193	75	423	131	17	129	201	194	70	27	159	290	66	36	347	168	Uro 91
115	72	447	247	19	277	153	309	211	407	428	87	232	88	365	149	204	301	99	Uro 89
171	38	342	219	245	509	173	303	501	364	86	132	229	61	329	151	513	356	20	Uro 00
165	15	221	98	110	325	438	410	419	244	191	333	479	489	9	358	282	491	474	Gra 95
490	508	287	177	179	274	162	16	46	82	181	335	176	500	111	197	119	395	163	Gra 84
330	52	25	359	273	242	384	134	504	44	257	482	426	409	507	405	483	488	198	HC 1528
497	215	180	420	250	506	322	126	503	117	234	128	238	431	304	69	147	63	68	HC 344
366	318	24	331	471	323	45	79	207	321	160	199	77	434	101	230	394	47	510	Clo 85
291	481	279	305	320	158	13	485	102	382	477	499	456	263	268	78	239	341	332	Ctr P.

BLOCO 5																			
471	189	460	333	491	339	232	426	284	96	274	447	438	329	254	331	352	281	469	361
380	302	46	369	236	19	222	104	168	504	119	251	25	9	420	44	341	43	207	273
309	493	359	446	358	69	26	465	197	473	137	193	505	124	118	170	318	18	239	503
513	399	257	366	479	510	213	301	364	163	431	224	433	415	409	234	278	293	33	256
152	410	201	509	68	320	41	38	238	143	501	323	204	110	485	229	61	348	328	347
179	280	212	252	459	187	164	416	330	63	126	175	394	287	250	490	282	313	233	Clo P.
27	148	101	321	79	508	71	162	481	245	91	3	165	332	219	392	129	108	20	Uro 84
506	176	215	417	271	21	360	344	227	140	45	455	279	74	283	395	247	263	407	Uro 91
194	117	138	203	149	42	393	86	199	121	40	75	268	382	188	211	153	498	467	Uro 89
195	244	424	335	305	196	82	249	15	181	398	177	402	30	158	58	423	191	365	Uro 00
135	70	66	288	111	290	497	22	151	228	241	499	308	304	180	62	474	146	436	Gra 95
248	500	434	47	223	77	351	78	88	17	494	303	475	488	482	128	461	202	427	Gra 84
115	356	107	102	114	39	67	105	7	384	419	184	132	425	367	396	292	24	362	HC 1528
147	171	478	144	154	492	507	98	277	52	456	159	354	29	437	72	338	512	206	HC 344
221	405	317	37	116	172	240	131	477	16	28	87	355	342	322	373	182	112	489	Clo 85
291	327	237	483	267	173	125	134	160	198	36	428	230	99	242	174	13	255	265	Ctr P.

BLOCO 6																			
465	420	107	188	410	500	114	318	309	405	102	320	240	199	431	159	9	170	13	489
196	250	288	160	257	341	201	110	152	327	144	187	426	15	126	87	382	234	293	265
393	229	227	494	236	271	119	474	27	460	37	508	104	151	45	438	304	490	348	361
478	171	277	268	301	360	124	117	506	359	483	42	416	7	398	25	425	392	313	503
74	237	175	247	16	71	223	335	195	212	358	290	162	477	241	433	99	395	498	347
488	173	287	380	274	121	415	507	135	101	479	77	86	96	456	394	254	58	146	Clo P.
131	105	322	248	263	91	321	125	115	215	459	39	22	504	28	165	409	62	24	Uro 84
177	40	174	332	512	129	344	18	147	138	79	492	78	473	447	279	485	396	255	Uro 91
30	362	273	118	33	69	66	194	221	424	149	232	98	163	193	402	283	72	469	Uro 89
29	333	252	219	467	206	179	116	493	434	305	222	134	143	323	308	158	325	207	Uro 00
172	52	21	331	365	168	67	278	399	317	111	26	284	63	3	475	180	61	239	Gra 95
36	419	213	128	256	43	501	137	148	369	154	41	197	245	455	132	482	282	328	Gra 84
373	342	38	108	198	428	417	251	176	446	267	164	364	140	75	354	367	153	233	HC 1528
202	338	17	291	211	423	491	509	244	366	339	82	238	181	499	355	437	461	20	HC 344
280	112	224	189	191	513	88	281	70	203	19	497	330	228	303	230	242	292	407	Clo 85
249	46	204	302	68	436	505	471	356	47	510	351	481	384	184	329	44	182	427	Ctr P.

BLOCO 7																			
158	105	322	242	493	191	489	494	151	202	96	143	68	277	318	250	144	121	75	107
138	280	38	164	110	347	91	474	292	7	293	233	274	28	134	415	513	481	512	206
47	45	431	104	15	320	152	148	149	194	291	509	402	361	283	199	407	153	394	174
355	364	392	447	491	203	39	137	78	309	108	508	434	221	305	9	249	175	488	398
118	267	302	187	331	215	425	338	71	140	471	467	197	26	240	160	498	3	244	332
70	497	172	263	507	163	358	16	499	428	252	369	67	159	193	234	154	410	475	Clo P.
17	77	36	506	380	473	112	132	171	147	271	13	181	74	256	40	42	465	146	Uro 84
416	339	268	63	170	325	365	308	126	128	420	212	86	417	168	485	222	204	281	Uro 91
227	301	287	455	348	482	245	356	459	330	335	61	114	180	396	111	504	313	284	Uro 89
82	219	490	254	18	405	446	165	99	333	223	367	483	423	359	229	437	195	224	Uro 00
24	162	135	184	177	492	273	88	196	238	236	228	304	117	279	393	72	20	62	Gra 95
409	124	69	247	251	29	384	461	27	382	213	30	44	21	303	505	427	179	290	Gra 84
317	354	479	478	366	323	41	43	424	189	241	25	237	257	248	503	395	500	288	HC 1528
342	329	362	19	119	79	373	198	239	328	230	87	129	327	477	321	115	46	344	HC 344
211	341	101	232	438	125	207	37	66	399	501	469	201	360	433	116	456	255	52	Clo 85
22	98	176	102	460	188	426	173	58	436	182	419	282	278	510	131	265	33	351	Ctr P.

BLOCO 8																			
465	250	506	263	410	471	455	305	245	322	101	47	339	373	28	204	78	244	29	342
489	69	273	460	284	24	140	351	207	165	168	267	501	490	505	459	358	491	176	329
211	268	219	308	126	240	384	162	30	144	419	170	493	428	274	280	461	303	338	215
43	148	20	46	248	234	497	492	25	202	187	102	313	171	364	255	184	134	271	341
233	223	203	177	146	503	228	291	149	335	241	283	304	143	320	39	409	72	456	281
382	33	237	446	191	321	37	112	229	66	68	125	327	482	330	354	135	194	40	Clo P.
195	392	153	355	227	105	494	360	279	309	116	172	111	402	365	232	369	158	288	Uro 84
181	249	317	436	179	198	485	117	438	75	287	104	415	119	323	467	137	115	292	Uro 91
347	252	254	91	236	508	163	17	504	121	367	129	114	197	238	96	36	344	277	Uro 89
18	98	58	182	160	474	395	118	86	147	132	447	407	242	282	152	21	348	328	Uro 00
151	9	247	110	293	128	259	507	174	302	325	427	477	278	513	189	108	82	193	Gra 95
159	426	498	433	239	333	499	417	175	196	380	509	67	405	437	61	416	510	318	Gra 84
26	19	500	22	420	475	290	199	124	164	88	265	45	256	3	107	398	213	15	HC 1528
433	222	138	131	16	301	63	154	79	362	478	332	399	361	423	331	44	180	394	HC 344
70	41	201	87	38	424	74	257	173	393	425	431	356	221	251	473	206	396	479	Clo 85
13	366	77	27	42	434	99	188	7	488	481	224	469	71	62	212	52	512	230	Ctr P.