



Conceitos e Conhecimentos de Métodos e Técnicas de Pesquisa Científica em Engenharia Florestal

**Cristina Aledi Felsemburgh
(Organizadora)**

Atena
Editora
Ano 2021



Conceitos e Conhecimentos de Métodos e Técnicas de Pesquisa Científica em Engenharia Florestal

**Cristina Aledi Felseburgh
(Organizadora)**

Atena
Editora
Ano 2021

Editora Chefe

Profª Drª Antonella Carvalho de Oliveira

Assistentes Editoriais

Natalia Oliveira

Bruno Oliveira

Flávia Roberta Barão

Bibliotecária

Janaina Ramos

Projeto Gráfico e Diagramação

Natália Sandrini de Azevedo

Camila Alves de Cremona

Luiza Alves Batista

Maria Alice Pinheiro

Imagens da Capa

Shutterstock

Edição de Arte

Luiza Alves Batista

Revisão

Os Autores

2021 by Atena Editora

Copyright © Atena Editora

Copyright do Texto © 2021 Os autores

Copyright da Edição © 2021 Atena Editora

Direitos para esta edição cedidos à Atena Editora pelos autores.



Todo o conteúdo deste livro está licenciado sob uma Licença de Atribuição *Creative Commons*. Atribuição-Não-Comercial-NãoDerivativos 4.0 Internacional (CC BY-NC-ND 4.0).

O conteúdo dos artigos e seus dados em sua forma, correção e confiabilidade são de responsabilidade exclusiva dos autores, inclusive não representam necessariamente a posição oficial da Atena Editora. Permitido o *download* da obra e o compartilhamento desde que sejam atribuídos créditos aos autores, mas sem a possibilidade de alterá-la de nenhuma forma ou utilizá-la para fins comerciais.

Todos os manuscritos foram previamente submetidos à avaliação cega pelos pares, membros do Conselho Editorial desta Editora, tendo sido aprovados para a publicação com base em critérios de neutralidade e imparcialidade acadêmica.

A Atena Editora é comprometida em garantir a integridade editorial em todas as etapas do processo de publicação, evitando plágio, dados ou resultados fraudulentos e impedindo que interesses financeiros comprometam os padrões éticos da publicação. Situações suspeitas de má conduta científica serão investigadas sob o mais alto padrão de rigor acadêmico e ético.

Conselho Editorial

Ciências Humanas e Sociais Aplicadas

Prof. Dr. Alexandre Jose Schumacher – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Paraná

Prof. Dr. Américo Junior Nunes da Silva – Universidade do Estado da Bahia

Prof. Dr. Antonio Carlos Frasson – Universidade Tecnológica Federal do Paraná

Prof. Dr. Antonio Gasparetto Júnior – Instituto Federal do Sudeste de Minas Gerais
Prof. Dr. Antonio Isidro-Filho – Universidade de Brasília
Prof. Dr. Carlos Antonio de Souza Moraes – Universidade Federal Fluminense
Prof. Dr. Crisóstomo Lima do Nascimento – Universidade Federal Fluminense
Profª Drª Cristina Gaio – Universidade de Lisboa
Prof. Dr. Daniel Richard Sant’Ana – Universidade de Brasília
Prof. Dr. Deyvison de Lima Oliveira – Universidade Federal de Rondônia
Profª Drª Dilma Antunes Silva – Universidade Federal de São Paulo
Prof. Dr. Edvaldo Antunes de Farias – Universidade Estácio de Sá
Prof. Dr. Elson Ferreira Costa – Universidade do Estado do Pará
Prof. Dr. Eloi Martins Senhora – Universidade Federal de Roraima
Prof. Dr. Gustavo Henrique Cepolini Ferreira – Universidade Estadual de Montes Claros
Profª Drª Ivone Goulart Lopes – Istituto Internazionale delle Figlie de Maria Ausiliatrice
Prof. Dr. Jadson Correia de Oliveira – Universidade Católica do Salvador
Prof. Dr. Julio Candido de Meirelles Junior – Universidade Federal Fluminense
Profª Drª Lina Maria Gonçalves – Universidade Federal do Tocantins
Prof. Dr. Luis Ricardo Fernandes da Costa – Universidade Estadual de Montes Claros
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Prof. Dr. Marcelo Pereira da Silva – Pontifícia Universidade Católica de Campinas
Profª Drª Maria Luzia da Silva Santana – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul
Profª Drª Paola Andressa Scortegagna – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Rita de Cássia da Silva Oliveira – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Prof. Dr. Rui Maia Diamantino – Universidade Salvador
Prof. Dr. Urandi João Rodrigues Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará
Profª Drª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande
Prof. Dr. William Cleber Domingues Silva – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro
Prof. Dr. Willian Douglas Guilherme – Universidade Federal do Tocantins

Ciências Agrárias e Multidisciplinar

Prof. Dr. Alexandre Igor Azevedo Pereira – Instituto Federal Goiano
Profª Drª Carla Cristina Bauermann Brasil – Universidade Federal de Santa Maria
Prof. Dr. Antonio Pasqualetto – Pontifícia Universidade Católica de Goiás
Prof. Dr. Cleberton Correia Santos – Universidade Federal da Grande Dourados
Profª Drª Daiane Garabeli Trojan – Universidade Norte do Paraná
Profª Drª Diocléa Almeida Seabra Silva – Universidade Federal Rural da Amazônia
Prof. Dr. Écio Souza Diniz – Universidade Federal de Viçosa
Prof. Dr. Fábio Steiner – Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul
Prof. Dr. Fágner Cavalcante Patrocínio dos Santos – Universidade Federal do Ceará
Profª Drª Girlene Santos de Souza – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia
Prof. Dr. Jael Soares Batista – Universidade Federal Rural do Semi-Árido
Prof. Dr. Júlio César Ribeiro – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro
Profª Drª Lina Raquel Santos Araújo – Universidade Estadual do Ceará
Prof. Dr. Pedro Manuel Villa – Universidade Federal de Viçosa
Profª Drª Raissa Rachel Salustriano da Silva Matos – Universidade Federal do Maranhão
Prof. Dr. Ronilson Freitas de Souza – Universidade do Estado do Pará
Profª Drª Talita de Santos Matos – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro
Prof. Dr. Tiago da Silva Teófilo – Universidade Federal Rural do Semi-Árido

Prof. Dr. Valdemar Antonio Paffaro Junior – Universidade Federal de Alfenas

Ciências Biológicas e da Saúde

Prof. Dr. André Ribeiro da Silva – Universidade de Brasília

Prof^ª Dr^ª Anelise Levay Murari – Universidade Federal de Pelotas

Prof. Dr. Benedito Rodrigues da Silva Neto – Universidade Federal de Goiás

Prof^ª Dr^ª Débora Luana Ribeiro Pessoa – Universidade Federal do Maranhão

Prof. Dr. Douglas Siqueira de Almeida Chaves – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro

Prof. Dr. Edson da Silva – Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri

Prof^ª Dr^ª Elizabeth Cordeiro Fernandes – Faculdade Integrada Medicina

Prof^ª Dr^ª Eleuza Rodrigues Machado – Faculdade Anhanguera de Brasília

Prof^ª Dr^ª Elane Schwinden Prudêncio – Universidade Federal de Santa Catarina

Prof^ª Dr^ª Eysler Gonçalves Maia Brasil – Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira

Prof. Dr. Ferlando Lima Santos – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia

Prof. Dr. Fernando Mendes – Instituto Politécnico de Coimbra – Escola Superior de Saúde de Coimbra

Prof^ª Dr^ª Gabriela Vieira do Amaral – Universidade de Vassouras

Prof. Dr. Gianfábio Pimentel Franco – Universidade Federal de Santa Maria

Prof. Dr. Helio Franklin Rodrigues de Almeida – Universidade Federal de Rondônia

Prof^ª Dr^ª Iara Lúcia Tescarollo – Universidade São Francisco

Prof. Dr. Igor Luiz Vieira de Lima Santos – Universidade Federal de Campina Grande

Prof. Dr. Jefferson Thiago Souza – Universidade Estadual do Ceará

Prof. Dr. Jesus Rodrigues Lemos – Universidade Federal do Piauí

Prof. Dr. Jônatas de França Barros – Universidade Federal do Rio Grande do Norte

Prof. Dr. José Max Barbosa de Oliveira Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará

Prof. Dr. Luís Paulo Souza e Souza – Universidade Federal do Amazonas

Prof^ª Dr^ª Magnólia de Araújo Campos – Universidade Federal de Campina Grande

Prof. Dr. Marcus Fernando da Silva Praxedes – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia

Prof^ª Dr^ª Maria Tatiane Gonçalves Sá – Universidade do Estado do Pará

Prof^ª Dr^ª Mylena Andréa Oliveira Torres – Universidade Ceuma

Prof^ª Dr^ª Natiéli Piovesan – Instituto Federaci do Rio Grande do Norte

Prof. Dr. Paulo Inada – Universidade Estadual de Maringá

Prof. Dr. Rafael Henrique Silva – Hospital Universitário da Universidade Federal da Grande Dourados

Prof^ª Dr^ª Regiane Luz Carvalho – Centro Universitário das Faculdades Associadas de Ensino

Prof^ª Dr^ª Renata Mendes de Freitas – Universidade Federal de Juiz de Fora

Prof^ª Dr^ª Vanessa Lima Gonçalves – Universidade Estadual de Ponta Grossa

Prof^ª Dr^ª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande

Ciências Exatas e da Terra e Engenharias

Prof. Dr. Adélio Alcino Sampaio Castro Machado – Universidade do Porto

Prof. Dr. Carlos Eduardo Sanches de Andrade – Universidade Federal de Goiás

Prof^ª Dr^ª Carmen Lúcia Voigt – Universidade Norte do Paraná

Prof. Dr. Cleiseano Emanuel da Silva Paniagua – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Goiás

Prof. Dr. Douglas Gonçalves da Silva – Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia

Prof. Dr. Eloi Rufato Junior – Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Profª Drª Érica de Melo Azevedo – Instituto Federal do Rio de Janeiro
Prof. Dr. Fabrício Menezes Ramos – Instituto Federal do Pará
Profª Dra. Jéssica Verger Nardeli – Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho
Prof. Dr. Juliano Carlo Rufino de Freitas – Universidade Federal de Campina Grande
Profª Drª Luciana do Nascimento Mendes – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Norte
Prof. Dr. Marcelo Marques – Universidade Estadual de Maringá
Prof. Dr. Marco Aurélio Kistemann Junior – Universidade Federal de Juiz de Fora
Profª Drª Neiva Maria de Almeida – Universidade Federal da Paraíba
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Profª Drª Priscila Tessmer Scaglioni – Universidade Federal de Pelotas
Prof. Dr. Takeshy Tachizawa – Faculdade de Campo Limpo Paulista

Linguística, Letras e Artes

Profª Drª Adriana Demite Stephani – Universidade Federal do Tocantins
Profª Drª Angeli Rose do Nascimento – Universidade Federal do Estado do Rio de Janeiro
Profª Drª Carolina Fernandes da Silva Mandaji – Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Profª Drª Denise Rocha – Universidade Federal do Ceará
Prof. Dr. Fabiano Tadeu Grazioli – Universidade Regional Integrada do Alto Uruguai e das Missões
Prof. Dr. Gilmei Fleck – Universidade Estadual do Oeste do Paraná
Profª Drª Keyla Christina Almeida Portela – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Paraná
Profª Drª Miranilde Oliveira Neves – Instituto de Educação, Ciência e Tecnologia do Pará
Profª Drª Sandra Regina Gardacho Pietrobon – Universidade Estadual do Centro-Oeste
Profª Drª Sheila Marta Carregosa Rocha – Universidade do Estado da Bahia

Conselho Técnico Científico

Prof. Me. Abrãao Carvalho Nogueira – Universidade Federal do Espírito Santo
Prof. Me. Adalberto Zorzo – Centro Estadual de Educação Tecnológica Paula Souza
Prof. Dr. Adailson Wagner Sousa de Vasconcelos – Ordem dos Advogados do Brasil/Secconal Paraíba
Prof. Dr. Adilson Tadeu Basquerote Silva – Universidade para o Desenvolvimento do Alto Vale do Itajaí
Prof. Dr. Alex Luis dos Santos – Universidade Federal de Minas Gerais
Prof. Me. Alexsandro Teixeira Ribeiro – Centro Universitário Internacional
Profª Ma. Aline Ferreira Antunes – Universidade Federal de Goiás
Prof. Me. André Flávio Gonçalves Silva – Universidade Federal do Maranhão
Profª Ma. Andréa Cristina Marques de Araújo – Universidade Fernando Pessoa
Profª Drª Andreza Lopes – Instituto de Pesquisa e Desenvolvimento Acadêmico
Profª Drª Andreza Miguel da Silva – Faculdade da Amazônia
Profª Ma. Anelisa Mota Gregoleti – Universidade Estadual de Maringá
Profª Ma. Anne Karynne da Silva Barbosa – Universidade Federal do Maranhão
Prof. Dr. Antonio Hot Pereira de Faria – Polícia Militar de Minas Gerais
Prof. Me. Armando Dias Duarte – Universidade Federal de Pernambuco
Profª Ma. Bianca Camargo Martins – UniCesumar

Profª Ma. Carolina Shimomura Nanya – Universidade Federal de São Carlos
Prof. Me. Carlos Antônio dos Santos – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro
Prof. Me. Christopher Smith Bignardi Neves – Universidade Federal do Paraná
Prof. Ma. Cláudia de Araújo Marques – Faculdade de Música do Espírito Santo
Profª Drª Cláudia Taís Siqueira Cagliari – Centro Universitário Dinâmica das Cataratas
Prof. Me. Clécio Danilo Dias da Silva – Universidade Federal do Rio Grande do Norte
Prof. Me. Daniel da Silva Miranda – Universidade Federal do Pará
Profª Ma. Daniela da Silva Rodrigues – Universidade de Brasília
Profª Ma. Daniela Remião de Macedo – Universidade de Lisboa
Profª Ma. Dayane de Melo Barros – Universidade Federal de Pernambuco
Prof. Me. Douglas Santos Mezacas – Universidade Estadual de Goiás
Prof. Me. Edevaldo de Castro Monteiro – Embrapa Agrobiologia
Prof. Me. Eduardo Gomes de Oliveira – Faculdades Unificadas Doctum de Cataguases
Prof. Me. Eduardo Henrique Ferreira – Faculdade Pitágoras de Londrina
Prof. Dr. Edwaldo Costa – Marinha do Brasil
Prof. Me. Eliel Constantino da Silva – Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita
Prof. Me. Ernane Rosa Martins – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Goiás
Prof. Me. Euvaldo de Sousa Costa Junior – Prefeitura Municipal de São João do Piauí
Prof. Dr. Everaldo dos Santos Mendes – Instituto Edith Theresa Hedwing Stein
Prof. Me. Ezequiel Martins Ferreira – Universidade Federal de Goiás
Profª Ma. Fabiana Coelho Couto Rocha Corrêa – Centro Universitário Estácio Juiz de Fora
Prof. Me. Fabiano Eloy Atilio Batista – Universidade Federal de Viçosa
Prof. Me. Felipe da Costa Negrão – Universidade Federal do Amazonas
Prof. Me. Francisco Odécio Sales – Instituto Federal do Ceará
Profª Drª Germana Ponce de Leon Ramírez – Centro Universitário Adventista de São Paulo
Prof. Me. Gevair Campos – Instituto Mineiro de Agropecuária
Prof. Me. Givanildo de Oliveira Santos – Secretaria da Educação de Goiás
Prof. Dr. Guilherme Renato Gomes – Universidade Norte do Paraná
Prof. Me. Gustavo Krahl – Universidade do Oeste de Santa Catarina
Prof. Me. Helton Rangel Coutinho Junior – Tribunal de Justiça do Estado do Rio de Janeiro
Profª Ma. Isabelle Cerqueira Sousa – Universidade de Fortaleza
Profª Ma. Jaqueline Oliveira Rezende – Universidade Federal de Uberlândia
Prof. Me. Javier Antonio Albornoz – University of Miami and Miami Dade College
Prof. Me. Jhonatan da Silva Lima – Universidade Federal do Pará
Prof. Dr. José Carlos da Silva Mendes – Instituto de Psicologia Cognitiva, Desenvolvimento Humano e Social
Prof. Me. Jose Elyton Batista dos Santos – Universidade Federal de Sergipe
Prof. Me. José Luiz Leonardo de Araujo Pimenta – Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria Uruguay
Prof. Me. José Messias Ribeiro Júnior – Instituto Federal de Educação Tecnológica de Pernambuco
Profª Drª Juliana Santana de Curcio – Universidade Federal de Goiás
Profª Ma. Juliana Thaisa Rodrigues Pacheco – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Kamilly Souza do Vale – Núcleo de Pesquisas Fenomenológicas/UFPA
Prof. Dr. Kárpio Márcio de Siqueira – Universidade do Estado da Bahia
Profª Drª Karina de Araújo Dias – Prefeitura Municipal de Florianópolis
Prof. Dr. Lázaro Castro Silva Nascimento – Laboratório de Fenomenologia & Subjetividade/UFPR

Prof. Me. Leonardo Tullio – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Ma. Lilian Coelho de Freitas – Instituto Federal do Pará
Profª Ma. Liliani Aparecida Sereno Fontes de Medeiros – Consórcio CEDERJ
Profª Drª Lívia do Carmo Silva – Universidade Federal de Goiás
Prof. Dr. Lucio Marques Vieira Souza – Secretaria de Estado da Educação, do Esporte e da Cultura de Sergipe
Prof. Dr. Luan Vinicius Bernardelli – Universidade Estadual do Paraná
Profª Ma. Luana Ferreira dos Santos – Universidade Estadual de Santa Cruz
Profª Ma. Luana Vieira Toledo – Universidade Federal de Viçosa
Prof. Me. Luis Henrique Almeida Castro – Universidade Federal da Grande Dourados
Profª Ma. Luma Sarai de Oliveira – Universidade Estadual de Campinas
Prof. Dr. Michel da Costa – Universidade Metropolitana de Santos
Prof. Me. Marcelo da Fonseca Ferreira da Silva – Governo do Estado do Espírito Santo
Prof. Dr. Marcelo Máximo Purificação – Fundação Integrada Municipal de Ensino Superior
Prof. Me. Marcos Aurelio Alves e Silva – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de São Paulo
Profª Ma. Maria Elanny Damasceno Silva – Universidade Federal do Ceará
Profª Ma. Marileila Marques Toledo – Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri
Prof. Me. Pedro Panhoca da Silva – Universidade Presbiteriana Mackenzie
Profª Drª Poliana Arruda Fajardo – Universidade Federal de São Carlos
Prof. Me. Ricardo Sérgio da Silva – Universidade Federal de Pernambuco
Prof. Me. Renato Faria da Gama – Instituto Gama – Medicina Personalizada e Integrativa
Profª Ma. Renata Luciane Polsaque Young Blood – UniSecal
Prof. Me. Robson Lucas Soares da Silva – Universidade Federal da Paraíba
Prof. Me. Sebastião André Barbosa Junior – Universidade Federal Rural de Pernambuco
Profª Ma. Silene Ribeiro Miranda Barbosa – Consultoria Brasileira de Ensino, Pesquisa e Extensão
Profª Ma. Solange Aparecida de Souza Monteiro – Instituto Federal de São Paulo
Profª Ma. Taiane Aparecida Ribeiro Nepomoceno – Universidade Estadual do Oeste do Paraná
Prof. Me. Tallys Newton Fernandes de Matos – Faculdade Regional Jaguaribana
Profª Ma. Thatianny Jasmine Castro Martins de Carvalho – Universidade Federal do Piauí
Prof. Me. Tiago Silvio Dedoné – Colégio ECEL Positivo
Prof. Dr. Welleson Feitosa Gazel – Universidade Paulista

Conceitos e conhecimentos de métodos e técnicas de pesquisa científica em engenharia florestal

Editora Chefe: Profª Drª Antonella Carvalho de Oliveira
Bibliotecária: Janaina Ramos
Diagramação: Camila Alves de Cremo
Correção: Mariane Aparecida Freitas
Edição de Arte: Luiza Alves Batista
Revisão: Os Autores
Organizadora: Cristina Aledi Felsemburgh

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

C744 Conceitos e conhecimentos de métodos e técnicas de pesquisa científica em engenharia florestal / Organizadora Cristina Aledi Felsemburgh. – Ponta Grossa - PR: Atena, 2021.

Formato: PDF
Requisitos de sistema: Adobe Acrobat Reader
Modo de acesso: World Wide Web
Inclui bibliografia
ISBN 978-65-5706-727-7
DOI 10.22533/at.ed.277211301

1. Engenharia Florestal. 2. Conceitos. 3. Conhecimentos. 4. Pesquisa. I. Felsemburgh, Cristina Aledi (Organizadora). II. Título.

CDD 634.928

Elaborado por Bibliotecária Janaina Ramos – CRB-8/9166

Atena Editora

Ponta Grossa – Paraná – Brasil
Telefone: +55 (42) 3323-5493
www.atenaeditora.com.br
contato@atenaeditora.com.br

DECLARAÇÃO DOS AUTORES

Os autores desta obra: 1. Atestam não possuir qualquer interesse comercial que constitua um conflito de interesses em relação ao artigo científico publicado; 2. Declaram que participaram ativamente da construção dos respectivos manuscritos, preferencialmente na: a) Concepção do estudo, e/ou aquisição de dados, e/ou análise e interpretação de dados; b) Elaboração do artigo ou revisão com vistas a tornar o material intelectualmente relevante; c) Aprovação final do manuscrito para submissão.; 3. Certificam que os artigos científicos publicados estão completamente isentos de dados e/ou resultados fraudulentos; 4. Confirmam a citação e a referência correta de todos os dados e de interpretações de dados de outras pesquisas; 5. Reconhecem terem informado todas as fontes de financiamento recebidas para a consecução da pesquisa.

APRESENTAÇÃO

É com enorme contentamento que apresentamos o e-book “Conceitos e Conhecimentos de Métodos e Técnicas de Pesquisa Científica em Engenharia Florestal” que foi elaborado para a divulgação de resultados e avanços relacionados às Ciências Florestais. O e-book está disposto em 1 volume subdividido em 17 capítulos. Os capítulos estão organizados de acordo com a abordagem por assuntos relacionados nas diversas áreas da Engenharia Florestal. Em uma primeira parte, os capítulos estão de forma a atender a área de silvicultura voltada para as técnicas silviculturais para produção, tecnologias para produção de sementes e mudas, melhoramento florestal e proteção florestal. Em uma segunda parte, os trabalhos estão estruturados de forma a abordar a área de ecologia e dinâmica florestal. Em uma terceira parte, os trabalhos estão voltados para a tecnologia de produtos florestais mais especificamente relacionados às propriedades físicas, químicas e mecânicas da madeira. Em uma quarta parte, com um trabalho sobre gestão ambiental, abordando a importância dos recursos hídricos. E finalizando, a quinta parte com um trabalho sobre sensoriamento remoto. Desta forma, o e-book “Conceitos e Conhecimentos de Métodos e Técnicas de Pesquisa Científica em Engenharia Florestal” apresenta resultados relevantes realizados por diversos professores e acadêmicos que serão apresentados neste de forma didática. Agradecemos o empenho e dedicação de todos os autores das diferentes instituições de ensino, pesquisa e extensão, por partilharem ao público os resultados dos trabalhos desenvolvidos por seus grupos de pesquisa. Esperamos que os trabalhos aqui apresentados possam inspirar outros estudos voltados às Ciências Florestais.

Cristina Aledi Felseburgh

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1..... 1

DESEMPENHO SILVICULTURAL DO HÍBRIDO DE *Eucalyptus grandis* x *E. camaldulensis*, SOB DIFERENTES ESPAÇAMENTOS DE PLANTIO NA CHAPADA DO ARARIPE, ARARIPINA-PE

Marcos Antônio Drumond
Visêldo Ribeiro de Oliveira
José Gomes Chaves
Jorge Ribaski
Diogo Denardi Porto

DOI 10.22533/at.ed.2772113011

CAPÍTULO 2..... 7

EFEITOS DE DIFERENTES ESPAÇAMENTOS DE PLANTIO SOB O DESEMPENHO SILVICULTURAL DO HÍBRIDO DE *Eucalyptus brassiana* x *E. urophylla*, NA CHAPADA DO ARARIPE, ARARIPINA-PE

Marcos Antônio Drumond
Visêldo Ribeiro de Oliveira
José Alves Tavares
João Tavares Calixto Júnior
Jorge Ribaski

DOI 10.22533/at.ed.2772113012

CAPÍTULO 3..... 14

GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE *Moringa oleifera* Lam. TRATADAS COM NITRATO DE POTÁSSIO E SUBMETIDAS AO ESTRESSE POR ALUMÍNIO

Thiago Pereira de Paiva Silva
Josefa Patricia Balduino Nicolau
Francisca Adriana Ferreira de Andrade
Francisco Eudes da Silva
Jackson Araújo Silva
André Dantas de Medeiros
Kelem Cristiany Nunes Silva
Marcio Dias Pereira

DOI 10.22533/at.ed.2772113013

CAPÍTULO 4..... 20

BIOMETRIA DIGITAL E QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE *Leucaena leucocephala* WIT. EM FUNÇÃO DA SUA POSIÇÃO NO FRUTO

Thiago Pereira de Paiva Silva
Amanda Karoliny Fernandes Ramos
Jackson Araújo Silva
Josefa Patricia Balduino Nicolau
André Dantas de Medeiros
Kelem Cristiany Nunes Silva
Francisco Eudes da Silva
Marcio Dias Pereira

DOI 10.22533/at.ed.2772113014

CAPÍTULO 5.....26

ESTRUTURA FAMILIAR E ESTIMATIVAS DE BLUPS EM ESPÉCIES COM O SISTEMA MISTO DE REPRODUÇÃO

Evandro Vagner Tambarussi
Lucas Mateus Domingues da Silva
Osmarino Pires dos Santos
Dandara Yasmim Bonfim de Oliveira Silva
Lucas Fernandes Rocha
Fabiana Schmidt Bandeira Peres

DOI 10.22533/at.ed.2772113015

CAPÍTULO 6.....51

CARACTERIZAÇÃO BIOQUÍMICA DE DOENÇAS BACTERIANAS EM VIVEIROS E PLANTIOS DE *EUCALYPTUS* SPP

Daniella Flávia Said Heid Schettini Silva
Helena Piedade Farsoni
Sharlles Christian Moreira Dias
Luciano Flávio Neves Ramos
Celso Luis Marino
Edson Luiz Furtado

DOI 10.22533/at.ed.2772113016

CAPÍTULO 7.....63

ANALYSIS OF CHLOROPLASTIDIAL SEQUENCES OF COLD-TOLERANT *Eucalyptus* AND *Corymbia* SPECIES

Marcos Rafael Amâncio
Evandro Vagner Tambarussi
Lucas Fernandes Rocha
Alexandre Techy de Almeida Garrett
Daniel Barletta Sulis
Andrea Nogueira Dias
Leandro de Siqueira

DOI 10.22533/at.ed.2772113017

CAPÍTULO 8.....75

REGENERAÇÃO NATURAL EM ÁREAS DE CAATINGA EM DIFERENTES ESTÁDIOS DE CONSERVAÇÃO

Natalie da Mota Soares
Robério Anastácio Ferreira
Janisson Batista de Jesus
Higor dos Santos Vieira
Diogo Gallo de Oliveira
Ana Cecília da Cruz Silva
Fernando Luis Hillebrand
Cristiano Niederauer da Rosa

DOI 10.22533/at.ed.2772113018

CAPÍTULO 9	94
CRECIMIENTO Y MORTALIDAD DE PLÁNTULAS DE CASTAÑA (<i>Bertholletia excelsa</i> Humb. & Bonpl.) EN CLAROS Y SOTOBOSQUE EN LA AMAZONIA PERUANA	
Jorge Garate-Quispe	
Mishari Garcia Roca	
Liset Rodriguez-Achata	
Rembrandt Canahuire Robles	
Gabriel Alarcón Aguirre	
DOI 10.22533/at.ed.2772113019	
CAPÍTULO 10	106
INFILTRATION CAPACITY MODELLING UNDER FORESTS IN THE BASIN OF THE SAN CRISTOBAL RIVER, BOGOTÁ	
Carlos Francisco García Olmos	
Diana Constanza García Rincón	
DOI 10.22533/at.ed.27721130110	
CAPÍTULO 11	120
MÉTODO BOTANAL APLICADO A QUANTIFICAÇÃO DA BIOMASSA NA SERAPILHEIRA EM FLORESTA OMBRÓFILA MISTA	
Luciano Farinha Watzlawick	
Maria Fernanda Subtil Gallo	
Matheus Rech	
Talyta Mytsuy Zanardini Galeski Sens	
Richeliel Albert Rodrigues Silva	
Joelmir Augustinho Mazon	
DOI 10.22533/at.ed.27721130111	
CAPÍTULO 12	132
ANÁLISE E QUANTIFICAÇÃO DA NECROMASSA EM FLORESTA OMBRÓFILA MISTA	
Luciano Farinha Watzlawick	
Angélica Lorini	
Talyta Mytsuy Zanardini Galeski Sens	
Jaqueline Aparecida Schran	
DOI 10.22533/at.ed.27721130112	
CAPÍTULO 13	142
O DESMATAMENTO DA FLORESTA AMAZÔNICA E A FRAGMENTAÇÃO DE HABITATS NATURAIS: COMO A DEGRADAÇÃO AMBIENTAL IMPULSIONA O SURGIMENTO DE ZOONOSES	
Beatriz John Kettermann	
Karina Wegermann	
DOI 10.22533/at.ed.27721130113	
CAPÍTULO 14	149
PROPIEDADES FÍSICAS DA MADEIRA DE ESPÉCIES COMERCIALIZADAS NO MUNICÍPIO DE PARAGOMINAS – PA	
Mateus Souza da Silva	

Genilson Maia Corrêa
Julita Maria Heinen do Nascimento
Jones de Castro Soares
Maria Eloisa da Silva Miranda
Layane Jesus dos Santos
Rick Vasconcelos Gama
Anne Caroline Malta da Costa
Gesivaldo Ribeiro Silva
João Rodrigo Coimbra Nobre

DOI 10.22533/at.ed.27721130114

CAPÍTULO 15..... 156

SOLUBILIDADE DA MADEIRA DE TECa EM ÁGUA

Zaira Morais dos Santos Hurtado de Mendoza
Pedro Hurtado de Mendoza Borges
Pedro Hurtado de Mendoza Morais

DOI 10.22533/at.ed.27721130115

CAPÍTULO 16..... 162

COBRANÇA PELO USO DA ÁGUA: UM ESTUDO DE CASO NA BACIA DO RIO MANHUAÇU, MG

Rodolfo Alves Barbosa
Aline Gonçalves Spletozer
Lucas Jesus da Silveira
Sergio Guedes Barbosa
Herly Carlos Teixeira Dias

DOI 10.22533/at.ed.27721130116

CAPÍTULO 17..... 181

APPLICATION OF R LANGUAGE IN THE ANALYSIS OF FOREST FRAGMENTATION USING SPATIAL DATA

Juliana Marchesan
Rudiney Soares Pereira
Elisiane Alba
Letícia Daiane Pedrali
Luciane Marchesan
Mateus Sabadi Schuh
Roberta Aparecida Fantinel

DOI 10.22533/at.ed.27721130117

SOBRE A ORGANIZADORA..... 193

ÍNDICE REMISSIVO..... 194

ESTRUTURA FAMILIAR E ESTIMATIVAS DE BLUPS EM ESPÉCIES COM O SISTEMA MISTO DE REPRODUÇÃO

Data de aceite: 04/01/2021

Data de submissão: 09/09/2020

Evandro Vagner Tambarussi

Universidade Estadual do Centro-Oeste
UNICENTRO
Irati, PR, Brasil
<http://lattes.cnpq.br/3021997145272130>
<http://orcid.org/0000-0001-9478-5379>

Lucas Mateus Domingues da Silva

Universidade Estadual do Centro-Oeste
UNICENTRO
Irati, PR, Brasil
<http://lattes.cnpq.br/0515452735403576>

Osmarino Pires dos Santos

CMPC Company
Guaíba, RS, Brasil
<http://lattes.cnpq.br/1148060829429730>

Dandara Yasmim Bonfim de Oliveira Silva

Universidade Estadual Paulista “Júlio de
Mesquita Filho” (FCA/UNESP)
Botucatu - SP, Brasil
<http://lattes.cnpq.br/0590440452925137>

Lucas Fernandes Rocha

Universidade Estadual Paulista “Júlio de
Mesquita Filho” (FCA/UNESP)
Botucatu - SP, Brasil
<http://lattes.cnpq.br/1499134273942358>

Fabiana Schmidt Bandeira Peres

Universidade Estadual do Centro-Oeste
UNICENTRO
Irati, PR, Brasil
<http://lattes.cnpq.br/7693284421776611>

RESUMO: Frequentemente, em programas de melhoramento, as espécies de *Eucalyptus* são tratadas como espécies alógamas, negligenciando o sistema misto de reprodução que possuem e gerando estimativas de parâmetros incorretas. Deste modo, a presente pesquisa visou entender o controle genético em diferentes cenários de parentesco para uma população de *Eucalyptus benthamii*, como estudo de caso. A base de dados consistiu em um teste de progênie de *E. benthamii* aos 2,6 anos de idade. O caráter avaliado foi o diâmetro à altura do peito (DAP, cm), altura (m), densidade básica e o incremento médio anual (IMA). Os parâmetros genéticos foram estimados considerando cinco cenários de parentesco, além disto, foram estimados os ganhos genéticos por seleção para cada cenário. A variância genética aditiva apresentou alta variação entre os cenários (de 28,92 a 42,03%), o que gerou alta variação também na herdabilidade no sentido restrito (de 28,34 a 41,73%). O coeficiente de variação residual apresentou menor variação entre os cenários, aproximadamente 8% e acurácia seletiva variou entre moderada a alta entre os cenários e caracteres. A correlação genética foi alta e estatisticamente significativa, aproximadamente 0,90, entre os caracteres de crescimento IMA, DAP e altura total, e negativa para densidade básica. O ordenamento dos melhores indivíduos, por melhor preditor linear não viesado (BLUP), se diferenciou entre os cenários, mostrando que o parentesco afeta na seleção.

PALAVRAS-CHAVE: Matriz de parentesco; correlação genética; ganho genético.

FAMILY STRUCTURE AND BLUP ESTIMATES IN MIXED MATING SPECIES

ABSTRACT: In genetics studies, *Eucalyptus* species are often treated as perfectly allogamous, which ignores their mixed mating system and can generate incorrect estimates of studied parameters. Thus, the present study aimed to assess genetic control under different kinship scenarios for a *Eucalyptus benthamii* population. The database consisted of an *E. benthamii* progeny test at 2.5 years of age, and the evaluated traits included diameter at breast height (DBH), total height, basic density, and mean annual increment (MAI). The genetic parameters were estimated considering five different kinship scenarios. Furthermore, genetic gains by selection for each scenario and genetic correlation between the characteristics were also estimated. The additive genetic variance showed high levels of variation between scenarios (28.92 to 42.03%), which generated elevated levels of variation for narrow-sense heritability (28.34 to 41.73%). The residual coefficient of variation showed limited variation between scenarios, at approximately 8.0% for all traits and selection accuracy ranged from moderate to high between scenarios and traits. Genetic correlation was high and statistically significant, approximately 0.90, between the growth traits of IMA, DAP and total height, and negative for basic density. The best linear unbiased estimator (BLUP) ranking of the best individuals differed between scenarios, showing that kinship affects selection. Genetic gains per selection ranged among scenarios from 10.74 to 44.02%.

KEYWORDS: Kinship matrix; genetic correlation; genetic gains.

INTRODUÇÃO

O Brasil é um país de forte base agroindustrial, em que o setor florestal tem grande destaque, com aproximadamente 7,8 milhões de hectares de florestas plantadas (IBÁ, 2019). Com a crescente evolução deste setor, o melhoramento genético de espécies e bases de conservação genética florestais têm mostrado suma importância para o avanço da produtividade ao longo de gerações, realizados por meio de estimativas de parâmetros genéticos com a ferramenta da genética quantitativa e a seleção recorrente.

O gênero *Eucalyptus* tem se mostrado o mais utilizado em plantios nacionais, justamente por ser um gênero com espécies adaptáveis a diferentes regiões climáticas do país, que apresentam alta produtividade e resistência a condições adversas. Soma-se a isso que, para muitas espécies de importância econômica pertencentes ao gênero, existe um maior avanço em relação ao melhoramento genético das espécies (Grattapaglia et al., 2012).

Os programas de melhoramento genético avançaram significativamente em diversas regiões do mundo, visando aumento de alelos favoráveis para crescimentos mais acentuados, resistência a pragas, resistência à climas inóspitos, como secos e frios, e de adaptações à demanda industrial. Frente ao atual cenário, é frequente o uso conjunto das ferramentas de genética quantitativa e genômica, as quais possibilitam utilizar informações mais detalhadas sobre a população trabalhada, inclusive com relação ao parentesco (Grattapaglia et al., 2018).

No entanto, os programas de melhoramento e estudos genéticos deste gênero costumam assumir que os indivíduos que compõem suas populações se reproduzem por panmixia (Eldridge et al., 1993; Tambarussi et al., 2018), ou seja, parte-se do pressuposto de que a planta mãe foi fecundada por diferentes indivíduos (genitor masculino) e não houve qualquer tipo de autofecundação, de modo a inferir que as espécies de *Eucalyptus* são alógamas perfeitas.

O sistema reprodutivo de plantas pode variar entre completamente autóginas e completamente alógamas, sendo que as espécies que se encaixam no meio termo, são consideradas mistas. Sendo assim, o sistema reprodutivo de grande parte das espécies de *Eucalyptus* é misto, em outras palavras, a taxa de cruzamento é bastante variável entre as espécies e entre os indivíduos da população. Estudos mostram valores de taxa de cruzamento variando entre 0,45 até 0,96 (Eldridge et al., 1993; Fuchs et al., 2015). Isto mostra que considerar as espécies deste gênero como alógamas perfeitas é inadequado.

A abordagem dessa discussão não é recente, Squillace (1974) já questionava considerar espécies alógamas perfeitas em estudos e quais problemas essa suposição poderia acarretar. O erro gerado na estimativa da variância genética aditiva (σ_A^2) ocorre, pois, ao considerar alogamia o coeficiente de parentesco entre meias-irmãs é de $\frac{1}{4}$. No entanto, considerando o sistema de reprodução real, o coeficiente de parentesco é alterado e a estimativa da variância genética aditiva se torna mais confiável (Bush et al., 2011; Tambarussi et al., 2020).

Não considerar o parentesco real no processo de melhoramento, e conseqüentemente encontrar estimativas de variância genética aditiva muito acima das reais, o melhorista pode estar superestimando os ganhos e conduzindo o programa à um processo de depressão endogâmica, o que pode gerar mortalidade e perda de produtividade ao longo das gerações (Borralho, 1994; Costa e Silva, 2010). A estimativa incorreta da variância genética aditiva e da herdabilidade no sentido restrito são muito prejudiciais, uma vez que estes são os parâmetros que mais merecem atenção em programas de melhoramento. Para o bom desenvolvimento do programa de melhoramento genético, os caracteres de interesse devem ter alta herdabilidade e variação genética, facilitando o ato da seleção. Com base nisso, é de extrema importância que a estimativa seja a mais correta possível.

Para minimizar este problema, a utilização do parentesco vem sendo realizada, de modo a inseri-lo no modelo da análise. Atualmente, com a seleção genômica, tais matrizes de parentesco têm ficado cada vez mais acuradas e permitido economia significativa de tempo entre os ciclos de seleção (Mphahlele et al., 2020).

Além da melhor estimativa de valores de variância genética aditiva e herdabilidade, a inserção da informação de parentesco melhora significativamente a estimativa dos *Best Linear Unbiased Prediction* (BLUP), ou valores genéticos aditivos, gerando uma seleção muito mais acurada (Piepho et al., 2008). Com a melhor acurácia das estimativas de BLUP, a capacidade preditiva se torna mais realista e, deste modo, melhores ganhos podem ser

obtidos (Zhang et al., 2010; Kerr et al., 2012).

Para a obtenção dos dados de composição da matriz de parentesco são utilizadas informações de genealogia (*pedigree*) ou uso marcadores moleculares, sendo que o segundo é preferencialmente utilizado e se mostra uma ferramenta bastante confiável, com capacidade de gerar estimativas de parâmetros mais realistas (Bush et al., 2015).

Conforme o comentado, quando estimamos a variância genética, por exemplo, para progênies de polinização aberta ou meio-irmãs o que tem sido admitido para espécies de *Eucalyptus* é $\sigma_A^2 = 4 \sigma_p^2$, pois, segundo Cockerham e Weir (1984):

$$\begin{aligned}\sigma_p^2 &= 2\theta\sigma_A^2 + 0 + 0\sigma_D^2 + 0D_1 + 0D_2 + 0H^2 \\ &= \sigma_A^2 = \frac{\sigma_p^2}{2\theta}.\end{aligned}$$

Em espécies perfeitamente alógamas, o coeficiente de endogamia (F) é igual a zero e o parentesco (θ) é igual a 1/8 (0,125). Assim, somente neste caso, $\sigma_A^2 = \frac{\sigma_p^2}{2 \cdot \frac{1}{8}} = 4\sigma_p^2$, ou seja, $\sigma_A^2 = 4 \sigma_p^2$.

No entanto, para os *Eucalyptus* o cálculo mais adequado de σ_A^2 admitindo sistema misto de reprodução e dois alelos por loco, é:

$$\sigma_p^2 = a\sigma_A^2 + b\sigma_D^2 + cD_1 + dD_2^* + eH^2.$$

A saber, $a = \frac{(1+3F)^2}{4(1+F)}$ e para isolar σ_A^2 poderíamos escrever:

$$\begin{aligned}\sigma_p^2 &= (a/a)\sigma_A^2 + (b/a)\sigma_D^2 + (c/a)D_1 + (d/a)D_2^* + (e/a)H^2 = \\ &= \frac{4(1+F)}{(1+3F)^2} \sigma_p^2\end{aligned}$$

$\sigma_p^2 + \hat{V}$; onde σ_A^2 = Variância genética aditiva, σ_p^2 = Variância fenotípica entre progênies, F = coeficiente de endogamia D_1 = covariância entre os efeitos aditivos e os desvios de dominância dos homozigotos, D_2^* = variância dos desvios de dominância dos homozigotos, H^2 = quadrado da depressão endogâmica e \hat{V} é um viés e como se percebe, não facilmente estimável quando não se tem delineamentos genéticos apropriados.

Nota-se dessa forma, que uma população com sistema misto é bastante complexa principalmente em relação à taxa de endogamia natural das plantas que a compõem. Essa complexidade genética dificulta as pesquisas sobre os componentes da variação genotípica (σ_G^2) de um caráter em uma população sob melhoramento. Cockerham e Weir (1984) tiveram que acrescentar esses três componentes para explicar (σ_G^2), além da variância aditiva (σ_A^2) e a de dominância (σ_D^2). Com dois alelos por loco são necessárias apenas mais três componentes conforme mencionado, admitindo-se ausência de epistasia. Estas

componentes são D_1 , D_2^* e H^2 e não havendo dominância, $\sigma_D^2 = D_1 = D_2^* = H^2 = 0$.

Outra consequência dessa estrutura genética complicada é a maior dificuldade em estimar o progresso esperado com a seleção. Houve inclusive a necessidade de redefinir o coeficiente de herdabilidade no sentido restrito (h^2) que passou a ser: $h^2 = \frac{C}{\sigma_F^2}$; sendo: $C = \frac{2}{2-s} \left[\sigma_A^2 + \frac{s(3-s)}{2-s} D_1 + \frac{s^2}{2(2-s)} D_2^* \right]$ (Wright e Cockerham, 1985), admitindo equilíbrio de endogamia, situação em que $F = \frac{s}{2-s}$.

Nesta expressão de herdabilidade o parâmetro “s” é a taxa natural de autofecundação, ou seja, $s = 1 - t$ e σ_F^2 é a variância fenotípica do caráter entre as plantas da população sob seleção.

Quanto à resposta à seleção, há dois tipos em qualquer esquema, a saber:

i) resposta imediata e ii) resposta permanente. A alternativa i) sendo a esperada logo na geração seguinte à seleção e a alternativa ii) aquela que é atingida quando a população retornar ao equilíbrio de endogamia, após o término do dado ciclo seletivo.

De qualquer forma, vale observar que o progresso permanente, em qualquer esquema de seleção recorrente em população mista, é função de σ_A^2 , D_1 e D_2^* apenas. Na estimação dos componentes de σ_G^2 deve-se, portanto, pensar em delineamentos genéticos, que permitam estimar estas três componentes, além da variância fenotípica inerente à unidade de seleção.

Resende et al. (1995) mostraram ser possível obter estimativas conservativas, ou seja, que são menores do que o valor real não viesado para dados experimentais de avaliação de progênies de polinização livre. O que esses autores não mostraram é o viés dessas estimativas aproximadas do progresso esperado.

Vencovsky et al. (2001) dão uma descrição detalhada dos aspectos teóricos e aplicados da genética quantitativa em espécies mistas. Trata-se de texto voltado aos interesses de melhoristas. Resende (2002) fez o mesmo em seu livro e aborda essencialmente o melhoramento de plantas perenes. Numa revisão mais detalhada sobre o assunto não foram encontrados trabalhos tratando especificamente da estimação e utilização das novas componentes de σ_G^2 . Há uma publicação de Ghai (1982) que é inicial e menos abrangente. Esta foi posteriormente aprimorada por Cockerham e Weir (1984) num trabalho que hoje é a principal referência na área de genética quantitativa em espécies mistas. Ressaltamos, desta forma, a importância de tal pesquisa no âmbito florestal.

ESTUDO DE CASO

A base de dados utilizada no presente estudo, foi obtida a partir de avaliações realizadas em um teste de progênie de *Eucalyptus benthamii* Maiden & Cabbage situado no Horto Florestal (Tabela 1), no município de Sertão Santana-RS. As sementes das progênies, foram coletadas em um pomar de sementes por muda (PSM), em área de

polinização aberta.

Características	Horto Florestal
Latitude	30° 30' 41.371" S
Longitude	51° 31' 42.035" W
Altitude (m)	115
Município	Sertão Santana - RS
Classificação do solo	Argisolo Vermelho-Amarelo Distrófico Típico
Fertilidade	Média
Relevo	Ondulado e Suave Ondulado
Temperatura média (°C)	19,8
Temperatura mínima (°C)	2,0
Temperatura máxima (°C)	37,3
Umidade relativa (%)	83,1
Risco de geada	Baixo
Precipitação (mm)	1.735

Tabela 1. Condições edafoclimáticas do teste de progênie de *Eucalyptus benthamii* do Horto Florestal, no município de Sertão Santana-RS.

O espaçamento utilizado no teste de progênie foi de 3,4 x 2,2 m, e os caracteres avaliados foram diâmetro à altura do peito (DAP, cm), altura total (H, m), incremento médio anual (IMA, m³/ha/ano) e Densidade básica (Db, kg/m³), aos 2,5 anos de idade. O delineamento experimental utilizado foi o de uma planta por parcela, com 24 progênies de *E. benthamii* e uma testemunha comercial da mesma espécie, em 20 repetições.

As análises genéticas e estatísticas foram realizadas no *software* RStudio (R Core Team, 2018), com auxílio do pacote de modelos mistos e genômica “*Sommer*” (Pazaran, 2016). As análises foram realizadas pelo método REML/BLUP conforme o seguinte modelo misto:

$$y = Xb + Za + e$$

Onde: *b*: Efeito fixo associado aos blocos; *a*: Efeito aleatório associado à variância genética aditiva; *e*: Efeito residual (erro); *X* e *Z* são as matrizes de incidência dos efeitos.

No entanto, o modelo foi analisado cinco vezes, considerando diferentes cenários

na matriz de parentesco (Tabela 2), de modo a ajustar o coeficiente de parentesco e, por sua vez, ajustar a variância genética aditiva com o intuito de avaliar o efeito de parentesco nas estimativas de parâmetros genéticos e BLUPs.

Cenários	Parentesco (%)		
	Meio Irmão	Irmão Completo	Autofecundado
1	100	0	0
2	90	10	0
3	90	0	10
4	80	10	10
5	50	0	50

Tabela 2. Cenários de parentesco utilizados para ajuste da variância genética aditiva, obtida no modelo misto para o teste de progênie de *Eucalyptus benthamii*, aos 2,5 anos de idade, no município de Sertão Santana-RS.

Os componentes de variância extraídos do modelo foram: σ_a^2 : Variância genética aditiva (ajustada em cada cenário), σ_e^2 : Variância residual, σ_p^2 : Variância entre progênies e σ_f^2 : Variância fenotípica. Com isto, os seguintes parâmetros foram estimados:

$$\text{Herdabilidade no sentido restrito: } h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_f^2}$$

$$\text{Herdabilidade média: } h_m^2 = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_p^2 + \frac{\sigma_e^2}{n.r}}$$

$$\text{Acurácia de seleção: } AC = \sqrt{h_a^2}$$

$$\text{Coeficiente de variação genético entre progênies: } CV_p (\%) = \frac{\sqrt{\sigma_p^2}}{\bar{x}} \cdot 100$$

$$\text{Coeficiente de variação genético individual: } CV_{gi} (\%) = \frac{\sqrt{\sigma_a^2}}{\bar{x}} \cdot 100$$

$$\text{Coeficiente de variação experimental: } CV_e (\%) = \frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\bar{x}} \cdot 100$$

Após a estimativa dos parâmetros acima, foi estimado o coeficiente de variação entre os valores encontrados para cada cenário, com o objetivo de observar a variação dos valores obtidos entre os cenários:

$$\text{Coeficiente de variação entre os cenários: } CV (\%) = \frac{\sqrt{\sigma^2}}{\bar{x}} \cdot 100$$

A correlação genética foi estimada por meio da metodologia proposta por Vencovsky e Barriga (1992) para todos os caracteres avaliados, sendo possível entender como a seleção em um caractere influencia os demais.

Além disto, foram estimados os componentes BLUPs (melhor predição linear não viesada) individuais para o caractere incremento médio anual (IMA) para cada cenário (Tabela 2), possibilitando o entendimento e comportamento dos melhores indivíduos selecionados em função do parentesco atribuído. O ganho genético foi estimado conforme proposto por Lush (1937):

$$\hat{G}_s = d_s h_a^2$$

onde, \hat{G}_s corresponde a estimativa do ganho genético, d_s é o diferencial de seleção e h_a^2 a herdabilidade individual no sentido restrito. O diferencial de seleção foi calculado da seguinte forma: ($d_s = \bar{x}_s - \bar{x}_0$, onde \bar{x}_s é a média dos indivíduos selecionados e o \bar{x}_0 , média da população original na qual foi praticado a seleção).

Após obter as estimativas do ganho genético, foi calculado o ganho de seleção percentual: $G_{s(\%)} = \frac{G_s}{\bar{x}_0} \cdot 100$ e a média da população melhorada: $P_m = \bar{x}_0 + G_s$.

Para exemplificação da análise realizada no estudo de caso, foi elaborado um script para as análises utilizando o *software* estatístico R (R CORE TEAM, 2016). O *script* (Quadro 1) foi organizado para análise dos dados apresentados na Tabela 3, no entanto, o mesmo pode ser aplicado e/ou modificado para outros experimentos com maior número de blocos, progênies, indivíduos por parcela e para outras espécies e mesmo diferentes delineamentos experimentais. Assim como o script, a matriz de parentesco dos indivíduos utilizada para as análises de exemplificação (50% meios-irmãos e 50% autofecundado) (Tabela 2, cenário 5) e o *output* do software com os resultados do ajuste do modelo linear misto utilizando o conjunto de dados apresentados na Tabela 3, também estão apresentados a seguir, nos Quadros 2 e 3, respectivamente.

Ind	Rep	Prog	Arv	DB	Ind	Rep	Prog	Arv	DB	Ind	Rep	Prog	Arv	DB
ID001	1	1	1	468.23	ID041	1	3	1	422.92	ID081	1	5	1	437.02
ID002	2	1	1	422.92	ID042	2	3	1	437.02	ID082	2	5	1	485.58
ID003	3	1	1	546.27	ID043	3	3	1	524.42	ID083	3	5	1	437.02
ID004	4	1	1	422.92	ID044	4	3	1	422.92	ID084	4	5	1	374.59
ID005	5	1	1	452.09	ID045	5	3	1	485.58	ID085	5	5	1	NA
ID006	6	1	1	485.58	ID046	6	3	1	468.23	ID086	6	5	1	437.02
ID007	7	1	1	524.42	ID047	7	3	1	422.92	ID087	7	5	1	409.71
ID008	8	1	1	468.23	ID048	8	3	1	409.71	ID088	8	5	1	385.61
ID009	9	1	1	452.09	ID049	9	3	1	485.58	ID089	9	5	1	524.42
ID010	10	1	1	NA	ID050	10	3	1	NA	ID090	10	5	1	NA
ID011	11	1	1	485.58	ID051	11	3	1	485.58	ID091	11	5	1	397.29
ID012	12	1	1	422.92	ID052	12	3	1	385.61	ID092	12	5	1	485.58
ID013	13	1	1	437.02	ID053	13	3	1	409.71	ID093	13	5	1	437.02
ID014	14	1	1	NA	ID054	14	3	1	NA	ID094	14	5	1	397.29

ID015	15	1	1	468.23	ID055	15	3	1	570.03	ID095	15	5	1	374.59
ID016	16	1	1	624.31	ID056	16	3	1	452.09	ID096	16	5	1	NA
ID017	17	1	1	437.02	ID057	17	3	1	504.25	ID097	17	5	1	374.59
ID018	18	1	1	452.09	ID058	18	3	1	452.09	ID098	18	5	1	NA
ID019	19	1	1	452.09	ID059	19	3	1	452.09	ID099	19	5	1	NA
ID020	20	1	1	468.23	ID060	20	3	1	409.71	ID100	20	5	1	452.09
ID021	1	2	1	437.02	ID061	1	4	1	437.02	ID101	1	6	1	NA
ID022	2	2	1	437.02	ID062	2	4	1	422.92	ID102	2	6	1	NA
ID023	3	2	1	452.09	ID063	3	4	1	437.02	ID103	3	6	1	397.29
ID024	4	2	1	452.09	ID064	4	4	1	422.92	ID104	4	6	1	397.29
ID025	5	2	1	397.29	ID065	5	4	1	468.23	ID105	5	6	1	452.09
ID026	6	2	1	397.29	ID066	6	4	1	NA	ID106	6	6	1	468.23
ID027	7	2	1	NA	ID067	7	4	1	452.09	ID107	7	6	1	452.09
ID028	8	2	1	452.09	ID068	8	4	1	452.09	ID108	8	6	1	504.25
ID029	9	2	1	437.02	ID069	9	4	1	437.02	ID109	9	6	1	422.92
ID030	10	2	1	409.71	ID070	10	4	1	437.02	ID110	10	6	1	437.02
ID031	11	2	1	437.02	ID071	11	4	1	468.23	ID111	11	6	1	485.58
ID032	12	2	1	397.29	ID072	12	4	1	422.92	ID112	12	6	1	452.09
ID033	13	2	1	437.02	ID073	13	4	1	422.92	ID113	13	6	1	437.02
ID034	14	2	1	NA	ID074	14	4	1	385.61	ID114	14	6	1	385.61
ID035	15	2	1	364.18	ID075	15	4	1	437.02	ID115	15	6	1	374.59
ID036	16	2	1	452.09	ID076	16	4	1	397.29	ID116	16	6	1	409.71
ID037	17	2	1	524.42	ID077	17	4	1	385.61	ID117	17	6	1	NA
ID038	18	2	1	409.71	ID078	18	4	1	NA	ID118	18	6	1	422.92
ID039	19	2	1	452.09	ID079	19	4	1	468.23	ID119	19	6	1	422.92
ID040	20	2	1	NA	ID080	20	4	1	437.02	ID120	20	6	1	422.92

Ind= indivíduo; Rep= repetição (bloco); Prog= progênie; Arv= árvore dentro da parcela; DB= densidade básica da madeira (kg m³); NA=dados ausentes.

Tabela 3. Dados de densidade básica da madeira (DB, kg m³) de um teste de progênies de polinização aberta de *Eucalyptus benthamii*, aos 2,5 anos de idade.

```

# ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS UTILIZANDO O PACOTE
ESTADÍSTICO Sommer E MATRIZ DE PARENTESCO
#Carregar o arquivo de dados com valores ausentes
dados = read.table(file="dados.txt", sep=" ", header=TRUE, na = "0")
# Instalar e abrir os pacotes
install.packages(sommer)
library(sommer)
library(dplyr)
library(plyr)
# Retorna o local do diretório de trabalho
getwd()
# Visualizar dados
View(dados)
#Transformando em fatores
dados <- transform(dados,
                    Ind=as.factor(Ind),
                    Prog=as.factor(Prog),
                    Rep=as.factor(Rep),
                    Arv=as.factor(Arv))
# Carregar o arquivo da matriz de parentesco
matA = read.table(file="matrizA.txt", sep=" ", header=TRUE) matA<- matrizA
rownames(matA) <- colnames(matA)
dim(matA)
matA[1:5,1:5]
A<-as.matrix(matA)
dim(A)
A[1:5,1:5]
dados$Ind <- paste("ID",sprintf("%03d",dados$Ind),sep="")
# Ajuste do modelo misto
m1 <- mmer(DB ~ Rep,
           random= ~vs(Ind, Gu=A),
           rcov=~units,
           data=dados)
# Informações sobre o ajuste
summary(m1)
# Extrair componentes de variância a partir dos efeitos aleatórios
(suma<- summary(m1))$varcomp)
# Número de Blocos (Repetições)
Nb= 20
# Número de Progênieis
Np = 6
# Número de indivíduos a serem selecionados, conforme escolha do melhorista
NIS = 40
# Variável resposta para dados não transformados
resp = "DB"
Va = suma[1,1] #Variância aditiva
Ve = suma[2,1] #Variância residual
vf = Va+Ve #Variância fenotípica
h2r = (Va/vf) #Herdabilidade individual no sentido restrito h²r
h2m = (0.25*Va)/((0.25*Va)+(Ve/(20*1))) #Herdabilidade média de progênieis h²m
acur = sqrt(h2m) #Acurácia na seleção de progênieis
desv = pin(m1, h2 ~ (V1) / (V1+V2)) #Desvio da herdabilidade no sentido restrito
desv
s = desv/sqrt(120) #Erro padrão da herdabilidade no sentido restrito
media = mean(dados$DB, na.rm=T) # Média Geral
cvgi = (sqrt(Va)/media)*100 # Coeficiente de variação genética individual
cvgp = (sqrt(0.25*Va)/media)*100 # Coeficiente de variação genética de progênie
CVe = (sqrt(Ve)/media)*100 # Coeficiente de variação experimental
media = mean(dados$DB, na.rm=T) # Média do caractere

```

```

#Estimativas dos Parâmetros Genéticos
Parametros = c("Variância Aditiva",
  "Variância residual",
  "Variância fenotípica",
  "Herdabilidade individual no sentido restrito h²r",
  "Herdabilidade média de progênes h²m",
  "Acurácia na seleção de progênes",
  "Desvio da herdabilidade no sentido restrito",
  "Erro padrão da herdabilidade no sentido restrito",
  "Coeficiente de Variação genética individual (CVgi%)",
  "Coeficiente de Variação genética de progênie (CVgp%)",
  "Coeficiente de Variação Experimental",
  "Média do caractere")
Valores = round(c(Va, Ve, vf, h2r, h2m, acur, desv, s, cvgi, cvgp, CVe, media),4) #4 Casas
decimais
data.frame(Parametros, Valores)
result_parametros <- data.frame(Parametros, Valores)
#####
                        BLUP
#####
# Extrair solução dos efeitos aleatórios médios
BLUP = randef(m1)
BLUPS = BLUP$'u:Ind'
BLUPS <- as.data.frame(BLUPS)
Ind <- rownames(BLUPS) <- gsub("Ind", "", rownames(BLUPS))
BLUP <- data.frame(Ind,BLUP_DB=BLUPS[,1])
head(BLUP)
# Ordenar por BLUP
BLUP_DB <- arrange(BLUP,desc(BLUP$BLUP_DB))
BLUP_DB$media=BLUP_DB$BLUP_DB+media
Head(BLUP_DB)
#União das tabelas (dados + BLUP)
df= select(dados, Ind, Rep, Prog, Arv, DB)
dfblup = merge(x=df, y=BLUP,all.x=T)
dfblup$yijblup = dfblup$DB-dfblup$BLUP_DB
dfblup$yijblup = dfblup$yijblup*h2d
dfblup$yijblup = dfblup$yijblup+dfblup$BLUP_DB
dfblup$yijblup = dfblup$yijblup - mean(dfblup$yijblup, na.rm = T)
dfblup = na.exclude(dfblup)
BLUP_DB <- arrange(dfblup,desc(dfblup$yijblup)) # Ordenar por BLUP individual
BLUP_DB$'u+a'<- BLUP_DB$yijblup+media
head(BLUP_DB)
#####
                        GANHO GENÉTICO
#####
#Número de indivíduos selecionados
> NIS = 40
# Diferencial de Seleção
> Ds = mean(BLUP_DB[1:NIS,5])-media
# Ganho de seleção individual
> Gs = Ds*h2r
# Ganho de seleção percentual
> Gs.per = (Gs/media)*100
# Média da população melhorada
> pm = media + Gs
> Ganho <- data.frame (NIS,Gs,Gs.per,pm)

```

Quadro 1. Script para ambiente R elaborado para estimativa de parâmetros genéticos utilizando o pacote estatístico *Sommer* e matriz de parentesco

A matriz de parentesco utilizada para exemplificação da análise foi uma matriz quadrática 120x120, o que corresponde ao número de indivíduos avaliados (Tabela 3), e dentre os cenários analisados no estudo de caso, o C5 (50% meios-irmãos e 50% autofecundados) foi utilizado para exemplo. A matriz 120x120 foi subdividida em “submatrizes”, ou mesmo, “matriz bloco” como identificada. A submatriz, no caso exemplificado, será 20 x 20, o que corresponde ao número de indivíduos de uma mesma progênie, ou seja, número de repetições. Para exportar a matriz de parentesco para o programa R, no caso exemplificado denominada de matriz A, é necessário excluir a primeira coluna do exemplo abaixo (coluna em destaque).

Ind	ID001	ID002	ID003...	ID020	.	.	.	ID120
ID001	1	0,25	0,25	0,60	0	0	0	0
ID002	0,25	1	0,25	0,60	0	0	0	0
ID003...	0,25	0,25	1	0,60	0	0	0	0
ID020	0,60	0,60	0,60	1	0	0	0	0
.	0	0	0	0	0	0	0	0
.	0	0	0	0	0	0	0	0
.	0	0	0	0	0	0	0	0
.	0	0	0	0	0	0	0	0
.	0	0	0	0	0	0	0	0
ID120	0	0	0	0	0	0	0	1

Quadro 2. Exemplo para montar a matriz de parentesco dos indivíduos apresentados na Tabela 3, para as estimativas dos parâmetros genéticos.

Os resultados das análises a partir dos dados da Tabela 3 e matriz de parentesco (Quadro 2) são apresentados a seguir (Quadro 3), conforme *output* gerado pelo *software*.

```
> summary(ml) # Informações sobre o ajuste
```

Multivariate Linear Mixed Model fit by REML

***** sommer 4.0 *****

	logLik	AIC	BIC	Method	Converge
Value	-41.88833	123.7767	176.4712	NR	TRUE

Variance-Covariance components:

	VarComp	VarCompSE	Zratio	Constraint
u:Ind.DB-DB	239.5	267.8	0.8941	Positive
units.DB-DB	1651.3	325.3	5.0762	Positive

Fixed effects:

Trait	Effect	Estimate	Std.Error	t.value
1	DB (Intercept)	439.2772	19.41	22.6268
2	DB Rep2	0.6495	27.06	0.0240
3	DB Rep3	26.4081	25.92	1.0187
4	DB Rep4	-23.8219	25.92	-0.9189
5	DB Rep5	10.3280	27.10	0.3811
6	DB Rep6	10.8599	27.09	0.4009
7	DB Rep7	12.4745	27.09	0.4605
8	DB Rep8	6.0516	25.92	0.2334

... please access the object to see more

Groups and observations:

DB
u:Ind 103

Use the '\$' sign to access results and parameters

```
> (suma<- summary(ml)$varcomp)
```

	VarComp	VarCompSE	Zratio	Constraint
u:Ind.DB-DB	239.473	267.8424	0.8940817	Positive
units.DB-DB	1651.324	325.3043	5.0762450	Positive

```
> Parâmetros
```

	Parâmetros	Valores
1	Variância Aditiva	239.4730
2	Variância residual	1651.3241
3	Variância fenotípica	1890.7971
4	Herdabilidade individual no sentido restrito h^2_r	0.1267
5	Herdabilidade média de progênes h^2_m	0.4203
6	Acurácia na seleção o de progênes	0.6483
7	Desvio da herdabilidade no sentido restrito	0.1359
8	Erro padrão da herdabilidade no sentido restrito	0.0124
9	Coefficiente de Variação genética individual (CV _{gi} %)	3.4969
10	Coefficiente de Variação genética de progênie (CV _{gp} %)	1.7484
11	Coefficiente de Variação Experimental	9.1826
12	Média do caractere	442.5363

```
#####
                                BLUP
#####
#Extrair o BLUP
> BLUP = randef(m1)
> BLUPS = BLUP$'u:Ind'
> BLUPS <- as.data.frame(BLUPS)
> Ind <- rownames(BLUPS) <- gsub("Ind","",rownames(BLUPS))
> BLUP <- data.frame(Ind,BLUP_DB=BLUPS[,1])
> head(BLUP)
  Ind  BLUP_DB
1 ID001 14.74736
2 ID002 10.23896
3 ID003 19.81218
4 ID004 12.63949
5 ID005 13.04942
6 ID006 16.28244
# Ordenar BLUP
> BLUP_DB <- arrange(BLUP,desc(BLUP$BLUP_DB))
> head(BLUP_DB)
  Ind  BLUP_DB
1 ID016 25.88721
2 ID007 19.93406
3 ID003 19.81218
4 ID020 18.95346
5 ID018 18.32828
6 ID019 17.41049
#Inserir uma coluna somando o blup a média geral do caractere
> BLUP_DB$BLUP+media=BLUP_DB$BLUP_DB+media
> head(BLUP_DB)
  Ind  BLUP_DB  BLUP+media
1 ID016 25.88721 468.4235
2 ID007 19.93406 462.4704
3 ID003 19.81218 462.3485
4 ID020 18.95346 461.4898
5 ID018 18.32828 460.8646
6 ID019 17.41049 459.9468
#União das tabelas (dados + BLUP)
> df= select(dados, Ind, Rep, Prog, Arv, DB)
> dfblup = merge(x=df, y=BLUP, all.x=T)
> head(dfblup)
  Ind Rep Prog Arv DB  BLUP_DB
1 ID001 1 1 1 468.23 14.74736
2 ID002 2 1 1 422.92 10.23896
3 ID003 3 1 1 546.27 19.81218
4 ID004 4 1 1 422.92 12.63949
5 ID005 5 1 1 452.09 13.04942
6 ID006 6 1 1 485.58 16.28244
> dfblup$yijblup = dfblup$DB-dfblup$BLUP_DB
> dfblup$yijblup = dfblup$yijblup*h2d
> dfblup$yijblup = dfblup$yijblup+dfblup$BLUP_DB
> dfblup$yijblup = dfblup$yijblup - mean(dfblup$yijblup, na.rm = T)
> dfblup = na.exclude(dfblup)
> BLUP_DB <- arrange(dfblup,desc(dfblup$yijblup))
> BLUP_DB$'u+a'<- BLUP_DB$yijblup+media
> head(BLUP_DB)
  Ind  Rep Prog Arv DB  BLUP_DB  yijblup  u+a
1 ID016 16 1 1 624.3100 25.88721 42.59940 485.1357
2 ID003 3 1 1 546.2700 19.81218 28.69717 471.2335
3 ID007 7 1 1 524.4200 19.93406 26.42929 468.9656
4 ID055 15 3 1 570.0251 12.49743 24.76170 467.2980
5 ID020 20 1 1 468.2300 18.95346 19.44389 461.9802
6 ID006 6 1 1 485.5800 16.28244 18.95044 461.4867
```

```
#####
                                GANHO GENÉTICO
                                #####
#Número de indivíduos selecionados
> NIS = 40
#Diferencial de Seleção
> Ds = mean(BLUP_DB[1:NIS,5])-media
#Ganho de seleção individual
> Gs = Ds*h2r
#Ganho de seleção percentual
> Gs.per = (Gs/media)*100
#Média da população melhorada
> pm = media + Gs
> Ganho <- data.frame (NIS,Gs,Gs.per,pm)
> Ganho
  NIS  Gs      Gs.per      pm
1 40 3.663534 0.8278494 446.1998
#####
```

Quadro 3. *Output* do *script* desenvolvido no Quadro 1.

RESULTADOS

A estimativa dos componentes de variância foi realizada e estes serviram de base para a estimativa dos parâmetros genéticos para os caracteres avaliados (Tabela 4). Verifica-se pelas estimativas dos parâmetros genéticos, que a variância genética aditiva () foi diferente para os cenários analisados, sendo que esta diminui conforme a porcentagem de meios irmãos diminuíram e a de irmãos completos e autofecundados entre os indivíduos aumentaram (Tabela 4).

Parâmetros	C1	C2	C3	C4	C5	CV(%)
DAP						
σ_a^2	2,821	2,333	1,850	1,626	0,731	42,03
h_a^2	0,43	0,35	0,28	0,25	0,11	41,73
SE h_a^2	0,02	0,02	0,01	0,01	0,00	51,28
h_m^2	0,79	0,73	0,66	0,62	0,39	24,15
Ac	0,66	0,60	0,53	0,50	0,34	12,98
CVgi (%)	16,18	14,72	13,11	12,29	8,24	23,33
CVp (%)	8,09	7,36	6,55	6,14	4,12	23,33
CVe (%)	18,64	19,85	20,87	21,35	23,12	8,07
Média	10,38	10,38	10,38	10,38	10,38	-
H						
σ_a^2	2,782	2,243	1,734	1,816	0,788	39,26
h_a^2	0,44	0,36	0,28	0,29	0,13	38,96
SE h_a^2	0,01	0,01	0,00	0,00	0,00	37,42
h_m^2	0,80	0,74	0,66	0,67	0,42	21,76

<i>Ac</i>	0,67	0,60	0,53	0,54	0,36	11,61
<i>CV_{gi}</i> (%)	12,29	11,04	9,71	9,93	6,54	21,62
<i>CV_p</i> (%)	6,15	5,52	4,85	4,97	3,27	21,62
<i>CV_e</i> (%)	13,74	14,80	15,64	15,53	17,11	8,04
Média	13,57	13,57	13,57	13,57	13,57	-
IMA						
σ_a^2	59,290	47,340	37,317	33,714	17,515	39,97
h_a^2	0,46	0,37	0,29	0,26	0,14	39,53
SE h_a^2	0,01	0,01	0,00	0,00	0,00	37,20
h_m^2	0,81	0,74	0,67	0,64	0,44	20,90
<i>Ac</i>	0,68	0,61	0,54	0,51	0,37	10,99
<i>CV_{gi}</i> (%)	36,27	32,41	28,77	27,35	19,71	21,43
<i>CV_p</i> (%)	18,14	16,20	14,39	13,68	9,86	21,43
<i>CV_e</i> (%)	39,38	42,60	44,95	45,82	49,36	8,38
Média	21,23	21,23	21,23	21,23	21,23	-
DB						
σ_a^2	1102,165	1061,084	863,998	750,666	494,838	28,92
h_a^2	0,48	0,46	0,38	0,33	0,22	28,34
SE h_a^2	0,01	0,01	0,00	0,00	0,00	38,38
h_m^2	0,82	0,81	0,75	0,71	0,58	13,10
<i>Ac</i>	0,69	0,68	0,61	0,57	0,47	6,74
<i>CV_{gi}</i> (%)	7,32	7,18	6,48	6,04	4,90	15,32
<i>CV_p</i> (%)	3,66	3,59	3,24	3,02	2,45	15,32
<i>CV_e</i> (%)	7,64	7,83	8,36	8,65	9,29	7,93
Média	453,55	453,55	453,55	453,55	453,55	-

σ_a^2 : Variância genética aditiva; h_a^2 : Herdabilidade individual no sentido restrito; SE h_a^2 : Desvio padrão da herdabilidade individual no sentido restrito; h_m^2 : Herdabilidade média de progênies; *Ac*: Acurácia seletiva; *CV_{gi}* (%): Coeficiente de variação genético individual; *CV_{gp}* (%): Coeficiente de variação genético entre progênies; *CV_e* (%): Coeficiente de variação residual; Grau de parentesco (Cenários): C1: 100% meios-irmãos; C2: 90% meios-irmãos e 10% Irmãos completos; C3: 90% meios-irmãos e 10% autofecundados; C4: 80% meios-irmãos, 10% irmãos completos e 10% autofecundados; e C%: 50% meios-irmãos e 50% autofecundados.

Tabela 4. Estimativa de parâmetros genéticos de diâmetro à altura do peito (DAP, cm), altura total (H, m), incremento médio anual (IMA, m³/ha/ano) e densidade básica (DB, kg/m³) para o teste de progênie de *E. benthamii* aos 2,5 anos de idade, no município de Sertão Santana-RS, considerando cinco cenários de parentesco.

Para o caractere diâmetro a altura do peito (DAP), as estimativas de herdabilidade no sentido restrito (h_a^2), para os diferentes parentescos, variaram de 0,11 a 0,43. O coeficiente de variação genético individual (*CV_{gi}* (%)), que é estimado com base na variância genética

aditiva, também apresentou variação expressiva e variou de 8,24% a 16,18%. O menor valor de coeficiente de variação residual ($CV_{e(\%)}$) ocorreu no cenário 1 (100% de meios-irmãos) com 16,18%. Os maiores valores de acurácia (Ac) foram obtidos nos cenários com maior porcentagem de meios-irmãos. O coeficiente de variação entre os cenários para a herdabilidade individual no sentido restrito (h_a^2) foi de 41,73% , variação superior à encontrada para o coeficiente de variação genético ($CV_{gi(\%)}$) =(23,33%) e coeficiente de variação ambiental ($CV_{e(\%)}$) =(8,07%).

O caractere altura apresentou individual no sentido restrito (h_a^2) que variou de 0,13 a 0,44. O coeficiente de variação residual ($CV_{e(\%)}$) foi inferior se comparado ao caractere DAP, variando de 13,74% a 17,11%. O coeficiente de variação genético individual ($CV_{gi(\%)}$) teve seu maior valor no cenário 1 (100% meios-irmãos) (12,29%) e o menor valor no cenário 5 (50% meios-irmãos e 50% autofecundados) (6,54%). Apesar de valores maiores, a acurácia para altura se comportou da mesma forma que para DAP, com valores maiores nos três primeiros cenários (C1: 100% meios irmãos, C2: 90% meios-irmãos e 10% irmãos completos, e C3: 90% meios irmãos e 10% autofecundados) e redução nos dois últimos (C4: 80% meios-irmãos, 10% irmãos completos e 10% autofecundados e C5: 50% meios irmãos e 50% autofecundados). Assim, como para o caractere DAP, a variação entre os cenários foi superior para herdabilidade individual no sentido restrito (h_a^2) (38,96%) se comparada ao coeficiente de variação genético ($CV_{gi(\%)}$) (21,62%) e coeficiente de variação ambiental ($CV_{e(\%)}$) (8,04%)..

O caractere incremento médio anual (IMA) apresentou o mesmo padrão que os caracteres DAP e altura. A herdabilidade individual no sentido restrito (h_a^2) variou entre 0,14 a 0,46, sendo o maior valor no cenário 1 (100% meios-irmãos) e o menor valor no cenário 5 (50% meios-irmãos e 50% autofecundados). O coeficiente de variação genético individual ($CV_{gi(\%)}$) foi superior, comparado aos valores estimados para DAP e altura, variando de 19,71% a 36,27%. Por outro lado, o coeficiente de variação residual ($CV_{e(\%)}$) também foi superior, atingindo 49,36% no cenário 5 (50% meios-irmãos e 50% autofecundados). A acurácia (Ac) atingiu valores acima de 0,60 para os cenários 1 e 2, que tem respectivamente 100 % e 90% de meios-irmãos. A herdabilidade individual no sentido restrito (h_a^2) apresentou variação de 49,53% entre os cenários analisados. O coeficiente de variação genético individual ($CV_{gi(\%)}$) foi inferior aos caracteres DAP e altura, enquanto o coeficiente de variação residual foi bastante similar (8,38%).

Por fim, para a densidade básica, os valores de herdabilidade no sentido restrito (h_a^2) foram superiores aos outros caracteres avaliados, que variaram de 0,22 (50% meios-irmãos) a 0,48 (100% meios-irmãos). Os valores de coeficiente de variação genético individual ($CV_{gi(\%)}$) não foram tão altos quanto aos estimados para os demais caracteres, sendo o maior valor 7,32% no cenário 1 (100% meios-irmãos). Por outro lado, os valores de coeficiente de variação residual ($CV_{e(\%)}$) foram baixos, entre 7,64% (100% meios-irmãos) e 9,29% (50% meios-irmãos e 50% autofecundados). Devido aos baixos valores

do coeficiente de variação residual ($CV_{e(\%)}$), as acurácias (Ac) atingiram valores entre de 0,47 e 0,69. Entre os caracteres, para a densidade básica observou-se a menor variação entre os cenários, atingindo 28,34% para herdabilidade individual no sentido restrito (h_a^2), 15,32% para coeficiente de variação genético ($CV_{gi(\%)}$) e 7,93% para coeficiente de variação residual ($CV_{e(\%)}$).

As correlações genética e fenotípica foram estimadas (Tabela 5) entre todos os caracteres, a fim de verificar como os caracteres avaliados estão correlacionados. Observamos que o caractere IMA, apresentou correlação genética de 0,99 com DAP e 0,89 com altura total. Com relação à correlação fenotípica, o caractere IMA também apresentou valores altos e positivos com DAP (0,95) e altura total (0,84). Por outro lado, o caractere densidade básica apresentou valores negativos com todos os caracteres, tanto para correlação genética quanto para fenotípica. Mesmo assim, todos os valores foram estatisticamente significativos à 5%, conforme teste T.

	DAP	H	DB	IMA
DAP	1	0,93*	-0,67*	0,99*
H	0,82*	1	-0,58*	0,89*
DB	-0,34*	-0,28*	1	-0,59*
IMA	0,95*	0,84*	-0,29*	1

DAP: Diâmetro à altura do peito; H: Altura total; DB: Densidade básica; IMA: Incremento médio anual; *Significativo à 5%; ^{ns}: Não significativo.

Tabela 5. Correlação genética (diagonal superior) e fenotípica (diagonal inferior) para o teste de progênie de *E. benthamii*, aos 2,5 anos de idade, em Sertão Santana-RS.

A estimativa dos BLUPs individuais foi realizada (Tabela 6) para o caractere incremento médio anual (IMA) para todos os cenários, com o objetivo de verificar como os diferentes níveis de parentesco afetam a seleção dos melhores indivíduos.

	C1		C2		C3		C4		C5	
	Prog	Rep								
1	23	3	23	3	23	3	14	6	9	17
2	14	6	14	6	14	6	23	3	4	16
3	9	17	9	17	9	17	9	17	14	6
4	4	16	4	16	4	16	4	16	23	3
5	14	14	14	14	9	14	9	14	17	19
6	3	5	9	14	14	14	14	14	9	20

7	9	14	3	5	3	5	9	20	9	14
8	12	12	4	14	4	14	17	9	4	4
9	15	14	4	4	17	9	17	13	17	15
10	4	14	17	9	4	4	3	5	4	14
11	4	4	4	13	9	6	4	14	17	20
12	8	5	12	12	4	13	4	4	4	13
13	4	13	15	14	9	20	17	19	4	17
14	23	5	9	6	17	13	9	6	9	6
15	17	9	17	13	9	3	4	13	14	14
16	9	6	23	5	23	5	15	14	17	9
17	17	13	8	5	15	14	9	3	17	13
18	20	16	20	16	12	12	9	2	17	18
19	6	3	9	3	9	2	6	3	9	3
20	14	12	6	3	17	20	17	20	9	2
21	9	3	9	2	6	3	17	6	6	3
22	18	8	14	12	20	16	23	5	23	5
23	21	6	9	20	8	5	8	5	4	20
24	16	6	13	1	14	12	12	12	17	6
25	9	2	18	8	17	6	20	16	14	19

Prog: Progenie; Rep: Bloco.

Tabela 6. Ordenamento dos melhores indivíduos de *E. benthamii* aos 2,5 anos de idade, com base no BLUP individual, no município de Sertão Santana-RS.

Observa-se que o ordenamento varia em função do parentesco atribuído. Para os cenários 1, 2 e 3 (100% e 90% de meios-irmãos) a diferença é menor, tendo a alteração da ordem apenas a partir da quinta colocação. Para os dois últimos cenários (C4: 80% meios-irmãos, 10% irmãos completos e 10% autofecundados e C5: 50% meios-irmãos e 50% autofecundados), o melhor indivíduo do teste já não coincide com os cenários 1, 2 e 3 (C1: 100% meios-irmãos, C2: 90% meios-irmãos e 10% irmãos completos e C3: 90% meios irmãos e 10% autofecundados), mostrando uma significativa alteração na seleção quando há a atribuição de níveis de parentesco distintos.

Além disto, os ganhos esperados por seleção foram estimados (Tabela 7), sendo assim possível estabelecer como o grau de parentesco afeta o ganho genético esperado para a próxima geração após a seleção.

	C1	C2	C3	C4	C5
$i_{\%}$	10,00	10,00	10,00	10,00	10,00
\bar{X}_0	21,22	21,22	21,22	21,22	21,22
\bar{X}_s	41,59	41,45	41,14	40,93	37,80
Gs(%)	44,02	34,93	27,26	24,38	10,74

$i_{\%}$: Intensidade de seleção; \bar{X}_0 : Média da população inicial; \bar{X}_s : Média da população selecionada; Gs(%): Ganho genético.

Tabela 7. Ganhos esperados por seleção com base no nível de parentesco atribuído para o teste de progênie de *E. benthamii* aos 2,5 anos de idade, em Sertão Santana-RS.

Os ganhos esperados com uma intensidade de seleção de 10% foram bastante variáveis entre os cenários avaliados. Os valores de Gs(%) variaram de 10,74% no cenário 5 (50% meios-irmãos) até 44,02% no cenário 1 (100% meios-irmãos).

DISCUSSÃO

As herdabilidades no sentido restrito para os caracteres incremento médio anual e altura mostram controle genético de alta magnitude para todos os cenários, com exceção do cenário 5 que foi considerado baixo. O caractere diâmetro à altura do peito mostrou alto controle genético dentro dos cenários 1 a 4, enquanto o cenário 5 (50% meios-irmãos) foi considerado de magnitude mediana. Por outro lado, para o caractere densidade básica todos os resultados indicam alta magnitude de herdabilidade no sentido restrito, evidenciando alto controle genético do caractere (Resende, 1995). De modo geral, o que se observa é que os cenários que são compostos por maior número de meios-irmãos tendem a apresentar maiores valores de herdabilidade, isto ocorre pois com menor grau de parentesco entre os indivíduos, maior a variância genética aditiva encontrada, ou seja, ocorre o inflacionamento deste parâmetro (Tambarussi et al., 2018).

Os resultados encontrados são similares aos constatados por Tambarussi *et al.* (2018), que ao estimar a herdabilidade no sentido restrito considerando as progênies como de meios-irmãos e comparando com o sistema misto de reprodução ($t = 0,90$) encontrou uma superestimativa de até 32,25% para este parâmetro. O mesmo fenômeno foi constatado por Bush *et al.* (2014), que estudando *Eucalyptus cladocalyx* com marcadores moleculares (SNPs) perceberam um aumento de até 100% da herdabilidade no sentido restrito ao considerar progênies de 100% de meios-irmãos.

Assim, como o coeficiente de herdabilidade, o coeficiente de variação genético individual também apresentou alta variação entre os cenários estudados, isto porque este parâmetro também é calculado com base na variância genética aditiva. Os cenários que possuem maior porcentagem de indivíduos meios-irmãos, apresentaram maiores valores

de coeficiente de variação genético individual, comparado aos cenários com maior nível de parentesco, como irmãos completos e autofecundados, isto acontece pois com o maior grau de parentesco entre os indivíduos, menor tende a ser a variância genética aditiva (Squillace, 1974). Por este motivo, é possível dizer que ao negligenciar o sistema de reprodução das espécies, pode ocasionar informação incorreta e inflacionada sobre os as herdabilidades no sentido restrito e ganhos com a seleção (Bush et al., 2015; Tambarussi et al., 2018).

Um ponto importante para ser destacado é que dentre os parâmetros avaliados, o coeficiente de variação genético residual foi o que apresentou a menor variação entre os cenários avaliados. Os caracteres DAP e altura apresentaram valores abaixo de 30% em todos os cenários, valores considerados normais em experimentos em campo (Pimentel-Gomes e Garcia, 2002). O caractere incremento médio anual (IMA) apresentou valores mais elevados que ultrapassaram 40%, isto ocorreu por se tratar de um caractere estimado de maneira indireta, levando em consideração outras variáveis como DAP e altura, além do fator de forma. A densidade básica apresentou valores inferiores de coeficiente de variação genético residual, abaixo de 10%, isto é normal visto que caracteres de qualidade da madeira apresentam menor variação residual do que caracteres de crescimento (Mora e Arriagada, 2016).

Os valores de acurácia seletiva indicam confiabilidade moderada no processo de seleção individual, principalmente nos cenários com maior porcentagem de indivíduos meios-irmãos, visto que os valores foram próximos de 0,60 (Resende, 2015). No entanto, os cenários 4 e 5, que consideram porcentagens menores de indivíduos meios-irmãos (80% e 50%, respectivamente) e maiores de irmãos completos e autofecundados, alcançaram valores que indicam menor confiabilidade, já que os valores de herdabilidade também foram reduzidos, uma vez que o coeficiente de parentesco para estes cenários é superior.

Os valores de correlação genética encontrados entre os caracteres de crescimento IMA, diâmetro à altura do peito e altura total foram positivos e de alta magnitude, visto que ficaram próximos de 0,90, e isto mostra que é possível realizar seleção indireta entre estes caracteres, ou seja, selecionar indivíduos pelo diâmetro à altura do peito visando alto incremento médio anual (Resende, 2015). Valores similares de correlação genética, entre os mesmos caracteres, foram encontrados por Massaro et al. (2010) em *Eucalyptus* spp. aos 2 anos de idade, que verificaram correlação genética de 0,98 entre DAP e incremento em volume e de 0,89 entre altura total e incremento em volume, reforçando a alta associação entre estes caracteres. Com relação a densidade básica, os valores negativos encontrados estão de acordo com a literatura, e indicam que a seleção conjunta para caracteres de crescimento e para densidade básica não pode ser executada (Nunes et al., 2016).

Para verificar como a matriz de parentesco afeta a seleção de indivíduos, os genótipos foram ordenados com base no BLUP individual em cada cenário. Os 10 melhores indivíduos para IMA variaram em cada cenário. Os primeiros cenários (C1: 100% meios-

irmãos, e C2: 90% meios-irmãos e 10% irmãos completos e C3: 90% meios-irmãos e 10% autofecundados, respectivamente), por serem similares e terem grande porcentagem de indivíduos meios-irmãos foram mais semelhantes, mesmo assim, houve alteração na ordem dos indivíduos.

Dessa forma, a presente pesquisa visou realizar simulações, não se sabe ao certo qual o cenário que representa de maneira mais realista o parentesco da população estudada. Entretanto, sabe-se que as populações de eucalipto não são compostas inteiramente de indivíduos meios-irmãos. Sendo assim, a inserção do componente de parentesco, sempre traz informações mais acuradas sobre os valores genéticos, visto que a não inserção do parentesco afeta a variância genética aditiva e conseqüentemente estima de maneira viesada os valores genéticos (Piepho et al., 2008; Furlani et al., 2005). Ressalta-se ainda que para a obtenção dos valores genéticos aditivos reais, as progênies devem ser genotipadas e os níveis de parentesco dentro de progênies devem ser considerados.

É possível verificar também, que os ganhos genéticos variam muito conforme o parentesco atribuído. Os cenários 1, 2 e 3 (C1: 100% meios-irmãos, e C2: 90% meios-irmãos e 10% irmãos completos e C3: 90% meios-irmãos e 10% autofecundados, respectivamente), por exemplo, apresentam ganhos superiores aos cenários 4 e 5 (C4: 80% meios-irmãos, 10% irmãos completos e 10% autofecundados e C5: 50% meios-irmãos e 50% autofecundados), afinal consideram menor nível de parentesco entre os indivíduos. O menor nível de parentesco aumenta a herdabilidade individual no sentido restrito, e por este motivo aumenta o ganho genético esperado para a próxima geração. Isto mostra a importância de utilizar a informação do parentesco para predizer os ganhos por seleção em programas de melhoramento genético, pois ao desconsiderar o sistema misto de reprodução o ganho genético é superestimado (Piepho et al., 2008).

A diferença entre o ordenamento dos melhores indivíduos, de acordo com os componentes BLUPs, ocorre devido a diferente estimativa da variância genética aditiva encontrada, que variou de cenário para cenário, com a inserção de diferentes matrizes de parentesco. Com a oscilação da variância genética aditiva, conseqüentemente os valores genotípicos são alterados, de modo que estimativa incorreta deste componente de variância pode afetar a seleção correta dos melhores indivíduos (Dutkowski et al., 2001).

Com as constatações observadas, a recomendação é utilizar sempre que possível informação sobre o parentesco da progênie no modelo, como os dados de *pedigree* ou mesmo matrizes de parentescos obtidas por marcadores moleculares (microssatélites, SNPs etc.). Frequentemente, as populações de *Eucalyptus* spp. são tratadas como populações completamente alógamas (taxa de cruzamento igual a 1,0), apesar de ser uma negligência que pode gerar estimativas incorretas sobre os parâmetros genéticos e afetar a tomada de decisão na seleção de indivíduos. Ou seja, o parentesco afeta a estimativa dos parâmetros genéticos; bem como o ordenamento de indivíduos para seleção e o ganho genético esperado.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem a empresa CMPC celulose por ceder os dados e por ajudar nas informações complementares.

REFERÊNCIAS

BORRALHO, N.M.G. Heterogeneous selfing rates and dominance effects in estimating heritabilities from open-pollinated progeny. **Canadian Journal of Forest Resources** v. 24, n. 5, p. 1079–1082, 1994.

BUSH, D.; KAIN, D.; KANOWSKI, P.; MATHESON, C. Genetic parameter estimates informed by a marker-based pedigree: a case study with *Eucalyptus cladocalyx* in southern Australia. **Tree genetics & genomes**, v. 11, n. 1, p. 798, 2015.

BUSH, D.; KAIN, D.; MATHESON, C.; KANOWSKI, P. Marker-based adjustment of additive relationship matrix for estimation of genetic parameters—an example using *Eucalyptus cladocalyx*. **Tree Genetic & Genomes**. v. 7, n. 1, p. 23–35, 2011.

COCKERHAM, C.C.; WEIR, B.S. Covariances of relatives stemming from a population undergoing mixed self and random mating. **Biometrics**, v.40, p.157-164, 1984.

COSTA E SILVA, J.; HARDNER, C.; POTTS, B.M. Genetic variation and parental performance under inbreeding for growth in *Eucalyptus globulus*. **Annals of forest science**. v. 67, n. 6, p. 606-606, 2010.

DUTKOWSKI, G. W.; GILMOUR, A. R.; BORRALHO, N. M. G. Modification of the additive relationship matrix for open pollinated trials. In 'Developing the eucalypt of the future'. **Proceedings of the IUFRO Symposium**, p. 10-15, 2001.

ELDRIDGE, K.; DAVIDSON, J.; HARWOOD, C.E.; VAN WYK, G. **Eucalypt domestication and breeding**. Clarendon, Oxford, 1993.

FUCHS, M.C.P.; TAMBARUSSI, E.V.; LOURENÇÃO, J.C.; NOGUEIRA, L.M.; BORTOLOTO, T.M.; GONZALEZ, E.R.; ODA, S.; MARINO, C.L. Molecular marker associated with a deleterious recessive anomaly in *Eucalyptus grandis* seedlings. **Annals of forest science**, v. 72, n. 8, p. 1043-1052, 2015.

FURLANI, R.C.M.; MORAES, M.L.T.D.; RESENDE, M.D.V.; FURLANI, E.; GONÇALVES, P.D.S.; VALÉRIO FILHO, W.V.; PAIVA, J.R.D. Estimation of variance components and prediction of breeding values in rubber tree breeding using the REML/BLUP procedure. **Genetics and Molecular Biology**, v. 28, n. 2, p. 271-276, 2005.

GHAI, G.L. Covariances among relatives in populations under mixed self-fertilization and random mating. **Biometrics**, v.38, p.87–92, 1982.

GRATTAPAGLIA, D. et al. Quantitative genetics and genomics converge to accelerate forest tree breeding. **Frontiers in Plant Science**, v. 9, p. 1693, 2018.

GRATTAPAGLIA, D.; VAILLANCOURT, R.E.; SHEPHERD, M.; THUMMA, B.R.; FOLEY, W.; KÜLHEIM, C.; POTTS, B.M.; MYBURG, A.A. Progress in Myrtaceae genetics and genomics: *Eucalyptus* as the pivotal genus. **Tree Genetics & Genomes**, v.8, n.3, p.463-508, 2012.

INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES (IBÁ). **Relatório Anual 2019**. Brasília, Brazil. IBA, 2019. 80 p.

KERR, R. J. Use of the numerator relationship matrix in genetic analysis of autopolyploid species. **Theoretical and applied genetics**, v. 124, n. 7, p. 1271-1282, 2012.

LUSH, J. L. **Animal breeding plans**. Ames: Iowa State University Press. 1937. 433p.

MASSARO, R. A. M.; BONINE, C. A. V.; SCARPINATI, E. A.; PAULA, R. C. Viabilidade de aplicação da seleção precoce em testes clonais de *Eucalyptus* spp. **Ciência Florestal**, v. 20, n. 4, p. 597-609, 2010.

MORA, F.; ARRIAGADA, O. A classification proposal for coefficients of variation in *Eucalyptus* experiments involving survival, growth and wood quality variables. **Bragantia**. v. 75, n. 3, p.263-267. 2016.

MPHAHLELE, M.; ISIK, F.; MOSTERT-O'NEILL, M. M.; REYNOLDS, S. M.; HODGE, G. R.; MYBURG, A. A; Expected benefits of genomic selection for growth and wood quality traits in *Eucalyptus grandis*. **Tree Genetics & Genomes**, v. 16, n. 4, p. 1-12, 2020.

NUNES, A. C. P.; SANTOS, G. A.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, L. D.; HIGA, A.; ASSIS, T. F. Estabelecimento de zonas de melhoramento para clones de eucalipto no Rio Grande do Sul. **Scientia Forestalis**. v. 44, n. 111, p. 563-574, 2016.

PAZARAN, G, C. Genome-assisted prediction of quantitative traits using the R package sommer. **PLoS one**, v. 11, n. 6, p. e0156744, 2016.

PIEPHO, H.P.; MOHRING, J.; MELCHINGER, A.E; BUSCHE, A. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, Wageningen, v. 161, n. 1, p. 209-228, 2008.

PIMENTEL-GOMES, F.; GARCIA, C.H. **Estatística aplicada a experimentos agrônômicos e florestais**. Piracicaba: FEALQ, v.11, p.305, 2002.

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

SQUILLACE, A. E. Average Genetic Correlations Among Offspring From Open-Pollinated Forest Trees. **Silvae Genetica**, v. 23, n. 5, p. 149-156, 1974.

R CORE TEAM. A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria. Available at: URL <https://www.R-project.org/>. 2018.

RESENDE, M.D.V. Delineamento de experimentos de seleção para maximização da acurácia seletiva e do progresso genético. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v.19, n.4, p.479-500, 1995.

RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975p.

RESENDE, M.D.V. **Genética quantitativa e de populações**. Visconde do Rio Branco, Suprema, 2015. 463 p.

TAMBARUSSI, E.V.; PEREIRA, F.B.; DA SILVA, P.H.M.; LEE, D.; BUSH, D. Are tree breeders properly predicting genetic gain? A case study involving *Corymbia* species. **Euphytica**, v. 214, n. 8, p. 150, 2018.

VAN DER WERF, J. **Mixed models for genetic analysis**. Armidale: University of New England, 2011, 27 p.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto, Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.

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

ZHANG, Z.; LIU, J.; DING, X.; BIJMA, P.; DE KONING, D. J.; ZHANG, Q. Best linear unbiased prediction of genomic breeding values using a trait-specific marker-derived relationship matrix. **PLoS one**, v. 5, n. 9, p. e12648, 2010.

WRIGHT, A.J.; COCKERHAM, C.C. Selection with partial selfing. II. Family selection. **Crop Science**, v. 26, p. 261-268, 1986.

ÍNDICE REMISSIVO

A

Amostragem 84, 120, 122, 123, 124, 127, 128, 129, 132, 134, 136, 137, 138, 139

Araucária 120, 132, 133, 140

B

Bactéria 51, 54, 59

Biodiversidade 76, 104, 142, 143, 144, 145, 146, 147, 161, 171, 182, 191, 192

Biomassa 8, 9, 12, 13, 120, 121, 122, 123, 124, 125, 126, 127, 128, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 138, 139, 141

Biometria 20, 25

Bosque natural 106

C

Caatinga 2, 6, 9, 24, 25, 75, 76, 77, 78, 89, 90, 91, 92, 93, 133

Clone 8, 9, 12, 13, 154

Crescimento 1, 3, 4, 6, 9, 11, 13, 15, 26, 46, 52, 54, 55, 56, 57, 104, 105, 134, 139, 162, 163

D

Densidade 1, 4, 7, 9, 26, 31, 34, 41, 42, 43, 45, 46, 76, 79, 80, 82, 83, 84, 85, 88, 89, 90, 91, 132, 134, 149, 150, 151, 152, 154, 161

E

Ecologia da paisagem 182, 191, 192

Ecossistema 130, 133, 134, 143

Espaçamento 1, 3, 4, 5, 6, 7, 9, 10, 11, 12, 31

Estrutura horizontal 76, 79, 82

Estrutura vertical 80, 85

F

Fisiologia 14, 20, 21

Fitossociologia 76, 92

Floresta 1, 6, 7, 9, 13, 24, 76, 89, 91, 92, 93, 104, 120, 121, 122, 123, 124, 125, 126, 127, 128, 129, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141, 142, 143, 144, 145, 148, 161, 182, 192

Floresta amazônica 142, 143, 148

Floresta ombrófila mista 120, 121, 122, 123, 124, 125, 126, 128, 129, 130, 131, 132, 133,

134, 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141

G

Geadas 31, 64

Genética 23, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 40, 41, 43, 45, 46, 47, 49, 50, 62, 64

Germinação 14, 15, 16, 17, 18, 20, 21, 23, 24, 25, 89, 90, 134, 154

Gestão territorial 182

H

Hidrologia florestal 162

M

Madeira 1, 3, 4, 5, 6, 7, 9, 11, 12, 21, 34, 46, 52, 55, 78, 89, 132, 134, 144, 149, 150, 151, 152, 153, 154, 155, 156, 157, 158, 160, 161

Manejo de bacias hidrográficas 162

Mata atlântica 93, 121, 133, 182

Meio ambiente 6, 12, 13, 75, 76, 92, 93, 142, 145, 146, 166, 170, 192

Melhoramento genético 6, 27, 28, 47, 64

Método botanal 120, 122, 123, 124, 125, 127, 131, 132, 135, 141

Mortalidade 28

Mudas 20, 21, 51, 52, 53, 57, 169

P

Plantio 1, 3, 4, 5, 6, 7, 9, 10, 11, 12, 53

Plântulas 16, 18, 23

Polimorfismo 64

Política florestal 142

Proteção florestal 52

R

Recursos hídricos 6, 12, 92, 93, 162, 163, 164, 165, 166, 167, 168, 169, 170, 171, 172, 173, 174, 175, 176, 177, 178, 179

Regeneração 21, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93

S

Sementes 14, 15, 16, 17, 18, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 30, 89, 90, 154

Sensoriamento remoto 75, 182

Serapilheira 6, 120, 122, 123, 124, 125, 126, 127, 128, 129, 130, 134

Silvicultura 6

T

Tecnologia da madeira 151

Conceitos e Conhecimentos de Métodos e Técnicas de Pesquisa Científica em Engenharia Florestal

www.atenaeditora.com.br 

contato@atenaeditora.com.br 

[@atenaeditora](https://www.instagram.com/atenaeditora) 

www.facebook.com/atenaeditora.com.br 

 **Atena**
Editora

Ano 2021

Conceitos e Conhecimentos de Métodos e Técnicas de Pesquisa Científica em Engenharia Florestal

www.atenaeditora.com.br 

contato@atenaeditora.com.br 

[@atenaeditora](https://www.instagram.com/atenaeditora) 

www.facebook.com/atenaeditora.com.br 

 **Atena**
Editora

Ano 2021