

DEMONSTRAÇÃO DA UTILIZAÇÃO DO SOFTWARE SELEGEN – “SELEÇÃO GENÉTICA COMPUTADORIZADA” PARA O MELHORAMENTO DE ESPÉCIES PERENES.

MORAES, M.L.T¹; MORI, E. S²; SILVA, A. M.¹; CANUTO, D. S. O¹.; SILVA, J. M¹.;
GOMES, J. E³.; AULES, D. S³.

1 - Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira

2 - Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” / Faculdade de Ciências Agrárias de Botucatu

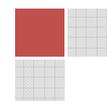
3 - Faculdade de Agronomia e Engenharia Florestal (Garça/SP)

RESUMO - O presente trabalho utilizou-se de dados de inventário florestal em Teste de Progênes de *Eucalyptus urophi*, com experimento instalado em maio de 2001 tendo os dados coletados em julho de 2007, na cidade de Selvíria/MS. Será demonstrada a utilização do programa SELEGEN, Seleção genética computadorizada para o melhoramento de espécies perenes, para o procedimento “Várias Populações ou Procedências”. A utilização do Programa gerou resultados como o Desenvolvimento dos Testes de Progênes, Variação Genética e Ganho na Seleção, Tamanho Efetivo e Diversidade Genética para os caracteres Altura, DAP, Volume e Sobrevivência. Foi encontrada, com a utilização do software, a tabela com os melhores indivíduos para Propagação Sexuada e Assexuada. Demonstrado os procedimentos para obtenção dos resultados e a utilização dos mesmos obtidos chega-se a resultados finais para elaboração de programa de melhoramento genético, com seqüências em linhas de APS (Área de Produção de Sementes) e PSC (Pomar de Sementes Clonais), tendo como benefício a rapidez na elaboração de cálculos e a confiabilidade nos resultados obtidos.

Palavras-Chave: Ganho Seletivo, Propagação, Teste de Progênie, Variação Gênica

EMONSTRATION OF THE USE OF SELEGEN SOFTWARE – “COMPUTERIZED GENETIC ELECTION” FOR THE IMPROVEMENT OF PERENNIAL SPECIES.

ABSTRACT - The present work uses data of forest inventory in Test of Lineages of *Eucalyptus urophi* with a experiment installed in May 2001, which the datas collected in July 2007 in the city of Selvíria-MS. However, it will be showed how to use the SELEGEN Program (computerized genetic Election for the improvement of perennial species) to the procedure “Several Populations and Provenances”. The use of the Program generated results like the Development of the Tests of Lineages, Genetic Variation and Profit in the Election, Effective size and Genetic Diversity for Character Height, DAP, Volume and Survival. It was found with the help of the software the table with the best individuals to the Sexed and Asexual Propagation. It was demostrated the procedures for attainment of the results and the use of it which is possible to obtain final



results for program elaboration of genetic improvement, With sequence in lines of *APS* (Seed Production's Area) and *PSC* (clonal seed orchard), which the benefits are the agility in the elaboration of calculations and the confiability in the results conquered.

Key works: Profit of Election, Propagation, Test of Lineage, Genetic Variation

1. INTRODUÇÃO

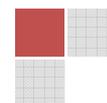
A utilização da madeira de florestas nativas como fonte de matéria-prima florestal no Brasil, caracterizou uma necessidade de aumentar a produtividade das florestas implantadas, para que houvesse um crescimento contínuo do setor, sem maiores danos aos recursos florestais nativos (CESAR, et al., 1988).

Valera e Kageyama afirmaram em 1998, que o estabelecimento de plantações é uma atividade muito importante dentro da economia de muitos países para satisfazer as necessidades de abastecimento de matéria prima para a indústria de celulose e papel, madeira e também como potencial para fonte energética para suprir os combustíveis fósseis, em contínuo esgotamento.

O Brasil apresenta uma extensa área reflorestada com eucalipto, cerca de 3,55 milhões de hectares, isso faz com que programas de melhoramento florestal sejam imprescindíveis (SBS, 2007).

A seleção de clones com boas características silviculturais e tecnológicas é o objetivo primordial dos programas de melhoramento com *Eucalyptus* no Brasil, objetivando a produção racional e organizada dessas florestas implantadas, para se obter a máxima produção sustentada de madeira e outros produtos, da maior qualidade e aos custos mais baixos possíveis (NUNES, et al., 2002 e VALERA & KAGEYAMA, 1998).

Os programas de melhoramento genético são avaliados em diferentes ambientes antes da seleção final, recomendação e multiplicação para exploração comercial, sendo sua eficiência avaliada pelo ganho genético por unidade de tempo, e manifestação das características desejadas em diferentes ambientes (NUNES, et al., 2002 e CASTRO, et al., 2003).



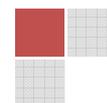
Segundo Resende e Oliveira (1997), a adoção de estratégias eficientes de melhoramento genético de espécies perenes depende, sobretudo, da utilização de acurados métodos de seleção, tornando-se imprescindível a disponibilidade de um software que compare diferentes métodos de seleção em termos de acurácia, ganho genético, tamanho efetivo, variância de ganho genético, dentre outros. No setor florestal existem alguns softwares desenvolvidos para análise e processamentos de dados em procedimentos Matemáticos, Estatísticos e Genéticos.

O programa GENES apresenta procedimentos de análise estatística, assim, estatísticas descritivas, análise de variância, de regressão, de correlação e testes comparativos de médias são amplamente utilizados por pesquisadores das diversas áreas. O GENES conta também com procedimentos específicos de biometria aplicados a dados obtidos de estudos de Genética e Melhoramento (PROGRAMA, 2001).

Segundo Ferreira & Zambalde (1997) o programa Mapgen refere-se as análises dialéticas para múltiplos ambientes. O termo dialelo é usado para expressar um conjunto de híbridos resultante do acasalamento entre um grupo ou até mesmo dois grupos distintos de genitores (linhagens, variedades, clones, etc.). As suas análises têm a finalidade de proporcionar informações que serão utilizadas para o melhoramento genético de plantas ou de animais no sentido de fornecer estimativas de parâmetros genéticos úteis para que o melhorista escolha os pais para iniciar o programa de melhoramento genético.

Sobre o software Knott, descrito por Scott & Knott (1974) e citado por Ferreira & Zambalde (1997), visa à aplicação de um teste de comparação múltipla entre médias de tratamentos, obtidas da análise de algum experimento. Este programa tem como principal vantagem a aplicação de teste que elimina a ambigüidade dos demais testes existentes na literatura (Tukey, Duncan, SNK, Gabriel, etc.), facilitando a interpretação e tornando os resultados mais transparentes.

SAS, ou "Statistical Analysis System", é o nome de uma empresa pioneira em Business intelligence e de uma família de softwares gerenciadores de bancos de dados comercializados por ela. O SAS é um sistema integrado de aplicações para a análise de dados, que consiste de: Recuperação de dados, Gerenciamento de arquivos, Análise estatística, Acesso a Banco de Dados, Geração de gráficos, Geração de relatórios.



Trabalha com quatro ações básicas sobre o dado: Acessar, Manipular, Analisar e Apresentar (KUSEL, 2008).

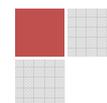
O Programa Statgraphics Plus é um programa para gerenciar e analisar valores estatísticos. Statgraphics Plus destaca-se especialmente por suas capacidades para a representação gráfica de todo tipo de estatísticas e o desenvolvimento de experimentos, previsões e simulações em função do comportamento dos valores (STATGRAPHICS, 2008).

O software SELEGEN REML/BLUP 2002 (RESENDE, 1997), foi desenvolvido para servir de base ao melhoramento genético florestal. Para Resende & Oliveira (1997) as potencialidades do SELEGEN são bastante amplas, pois ele permite trabalhar com vários sistemas reprodutivos e dezenas de métodos de seleção. O SELEGEN permite o delineamento de programas de melhoramento para a obtenção de máximos progressos genéticos imediatos, porém compatíveis com a manutenção de variabilidade genética suficiente para o melhoramento em longo prazo.

Para Resende (2002), a avaliação genética dos candidatos à seleção é um processo fundamental ao melhoramento genético de plantas e animais. Em plantas perenes, a seleção propriamente dita deve basear-se nos valores genéticos aditivos (quando o interesse é a propagação sexuada dos indivíduos selecionados) e genotípicos preditos (quando o interesse é a propagação assexuada dos indivíduos selecionados) de todos os indivíduos avaliados em campo.

A possibilidade da predição dos ganhos obtidos por uma estratégia de seleção constitui-se em uma das principais contribuições da Genética Quantitativa. Através dessas informações é possível orientar, de maneira mais efetiva, o programa de melhoramento, predizer o sucesso ou o fracasso do esquema seletivo adotado e decidir por técnicas alternativas que possam ser mais eficazes. Com os ganhos obtidos, independente da técnica utilizada, podemos avaliar as correlações entre os caracteres utilizados no programa de melhoramento (LEMOS et al. 2008).

O presente trabalho tem por objetivo demonstrar como utilizar o programa SELEGEN, como obter os resultados no programa e como utilizar os resultados obtidos por ele.



2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Origem dos Dados Utilizados

Os dados utilizados no presente trabalho foram oriundos de experimento instalado na cidade de Selvíria, estado de Mato Grosso do Sul, localizado nas coordenadas geográficas 20 ° 22 ' S e 51 ° 22 ' W, numa altitude média de 335 m. (EMBRAPA, 1999).

2.2. Caracterização dos Experimentos

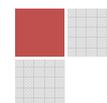
Em maio de 2001 foram instalados experimentos de *Eucalyptus urophylla* com materiais genéticos provenientes das cidades de Rio Claro, estado de São Paulo de altitude de 613 m com clima caracterizado por estiagens de inverno (junho a setembro) e chuvas de verão (dezembro a março) e relevo predominantemente plano e a vegetação natural é composta por cerrado (Prefeitura de Rio Claro/SP, 2008); e material genético proveniente de Três Lagoas, estado de Mato Grosso do Sul com coordenadas geográficas: 20' 45' 04" de Latitude Sul e 51' 40' 42" Longitude Oeste, altitude média de 320 metros.

Foram analisadas em julho de 2007, no experimento com seis anos de idade, 33 progênies, sendo verificados alguns caracteres como DAP (Diâmetro a Altura do Peito), Altura, Sobrevivência e Volume. Com duas Procedências e sem Covariância, que não considera mortes e falhas na parcela amostrada.

As progênies foram enumeradas de 1 a 33 sendo as de numero 1 a 26 as provenientes de Rio Claro e as de numero 27 a 33 provenientes de Três Lagoas. Todas as progênies possuíam quatro repetições, tendo seis árvores, para cada uma. Os dados coletados em campo foram digitalizados no Programa Microsoft Excel e podem ser observados em Anexo.

Os dados foram processados no Programa SELEGEN e por meio das variáveis definidas DAP, Altura, Volume e Sobrevivência, gerou-se resultados os quais serão apresentados e demonstrados as suas obtenções com o uso do referido programa.

3. RESULTADOS E DISCUSSÕES



3.1. Desenvolvimento dos Testes de Progênes

Foram calculados Estimativa da Média e Coeficiente de Variação Experimental para os caracteres, obtendo os seguintes resultados, conforme Figura 01, que mostra a utilização dos resultados obtidos pelo software.

Forma do tronco	\hat{m}	CV_{exp} (%)
1 - ALT	26.549909	11.920312
2 - DAP	23.446615	14.751527
3 - VOL	0.729770	35.335848
4 - SOB	0.645655	29.942805

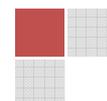

```

1. Componentes de Variância ( REML Individual )
va          =      12.867970
vparc      =      1.631025
vproc      =      9.031929
ve         =     40.659844
vf         =     64.190768
h2a        =      0.200465 +- 0.1094
c2parc     =      0.025409
c2proc     =      0.140704
cvgi%      =     13.511140
cvgp%      =      6.755570
cve%       =     11.920312
Média geral =     26.549909

```

Figura 01. Valores de Estimativas da Média e Coeficiente de Variação Experimental para os caracteres Altura (ALT), Diâmetro à altura do Peito (DAP), Volume (VOL) e Sobrevivência (SOB) sem covariância de *Eucalyptus urophylla*, considerando duas procedências, instalados em 14/05/2001 em Selvíria-MS.

Para a obtenção dos resultados da Figura 01 é demonstrado o processo realizado no Programa SELEGEN para obtenção dos mesmos. Os dados coletados em campo foram preparados no programa Microsoft Excel, utilizando 10 colunas na seguinte ordem: Números de Indivíduos; Progênie; Repetição; Parcela; Procedência; Árvore; Altura; DAP, Volume e Sobrevivência (RESENDE, 2002). Foi necessária esta ordem para a correta execução e procedimento do programa. O arquivo foi salvo em extensão .PRN (Texto separado por tabulação), sendo processados conforme demonstração nas figuras a seguir. A figura 02 mostra o modelo de preparação do arquivo no Microsoft Excel para execução no programa. Os valores utilizados neste experimento encontram-se em Anexo a este trabalho.



	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L
1	IND	PROG	REP	PARC	PROC	ARV	ALT	DAP	VOL	SOB		
2	100	1	1	11	1	1	0	0	0	0		
3	101	1	1	11	1	2	0	0	0	0		
4	102	1	1	11	1	3	28.9	26.5	0.79658	1		
5	103	1	1	11	1	4	0	0	0	0		
6	104	1	1	11	1	5	35.3	23	0.732943	1		
7	105	1	1	11	1	6	14.2	12	0.080258	1		
8	106	1	2	12	1	1	34.7	27.5	1.030516	1		
9	107	1	2	12	1	2	35.7	29.5	1.220035	1		
10	108	1	2	12	1	3	0	0	0	0		
11	109	1	2	12	1	4	0	0	0	0		
12	110	1	2	12	1	5	18.6	15.5	0.175483	1		
13	111	1	2	12	1	6	33.2	29.5	1.134598	1		
14	112	1	3	13	1	1	0	0	0	0		
15	113	1	3	13	1	2	30.6	24	0.692156	1		
16	114	1	3	13	1	3	0	0	0	0		
17	115	1	3	13	1	4	20.9	15	0.184667	1		
18	116	1	3	13	1	5	34.5	29	1.139397	1		
19	117	1	3	13	1	6	28.6	23	0.59413	1		
20	118	1	4	14	1	1	20.5	18	0.260699	1		
21	119	1	4	14	1	2	19.5	19	0.2763	1		
22	120	1	4	14	1	3	17.1	15	0.151014	1		
23	121	1	4	14	1	4	34.9	30	1.232843	1		
24	122	1	4	14	1	5	18.7	15	0.165144	1		
25	123	1	4	14	1	6	29.2	21	0.50543	1		
26	124	2	1	21	1	1	33.7	37.5	1.860082	1		
27	125	2	1	21	1	2	28.6	23	0.593829	1		
28	126	2	1	21	1	3	26.2	13	0.173791	1		
29	127	2	1	21	1	4	34.4	31	1.297542	1		
30	128	2	1	21	1	5	27.4	22.5	0.544447	1		
31	129	2	1	21	1	6	27.9	29.5	0.952989	1		
32	130	2	2	22	1	1	38.2	29.5	1.305471	1		

Figura 02. Modelo de montagem de tabela para execução do programa

Na tela inicial do Programa SELEGEN é evidenciado os Procedimentos Matemáticos, Estatísticos e Genéticos que são desenvolvidos no software. No referido trabalho utilizou-se o procedimento “Varias Populações ou Procedências”, indicado na figura 03 por uma seta de cor preta, se tratando de um Teste de Progênie com mais de uma procedência, conforme foi relatado no Material e Métodos.

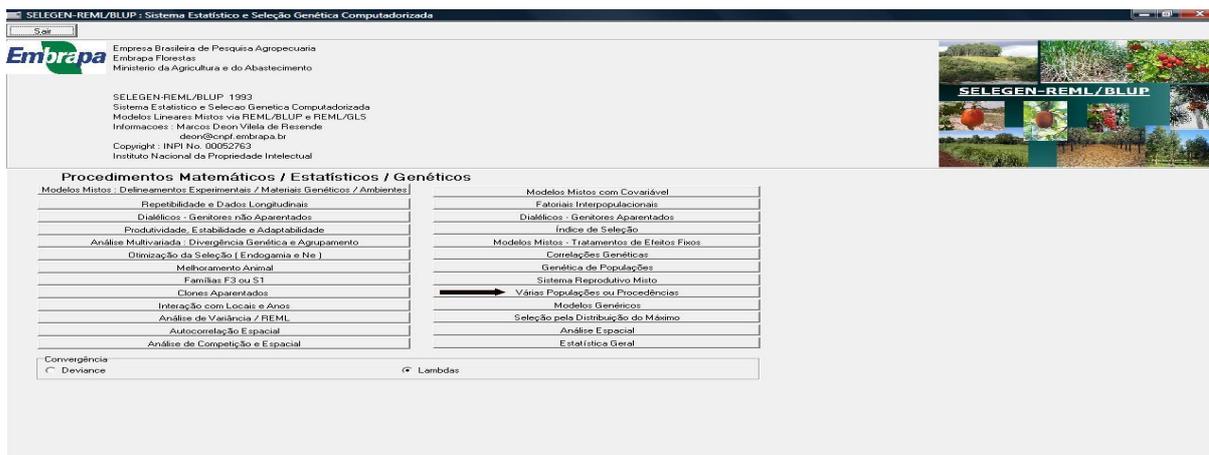
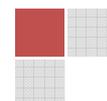


Figura 03. Tela Inicial do Programa SELEGEN (Escolha dos Procedimentos Matemáticos, Estatísticos e Genéticos)

Na figura 04 denotam-se os procedimentos para o processamento dos dados.



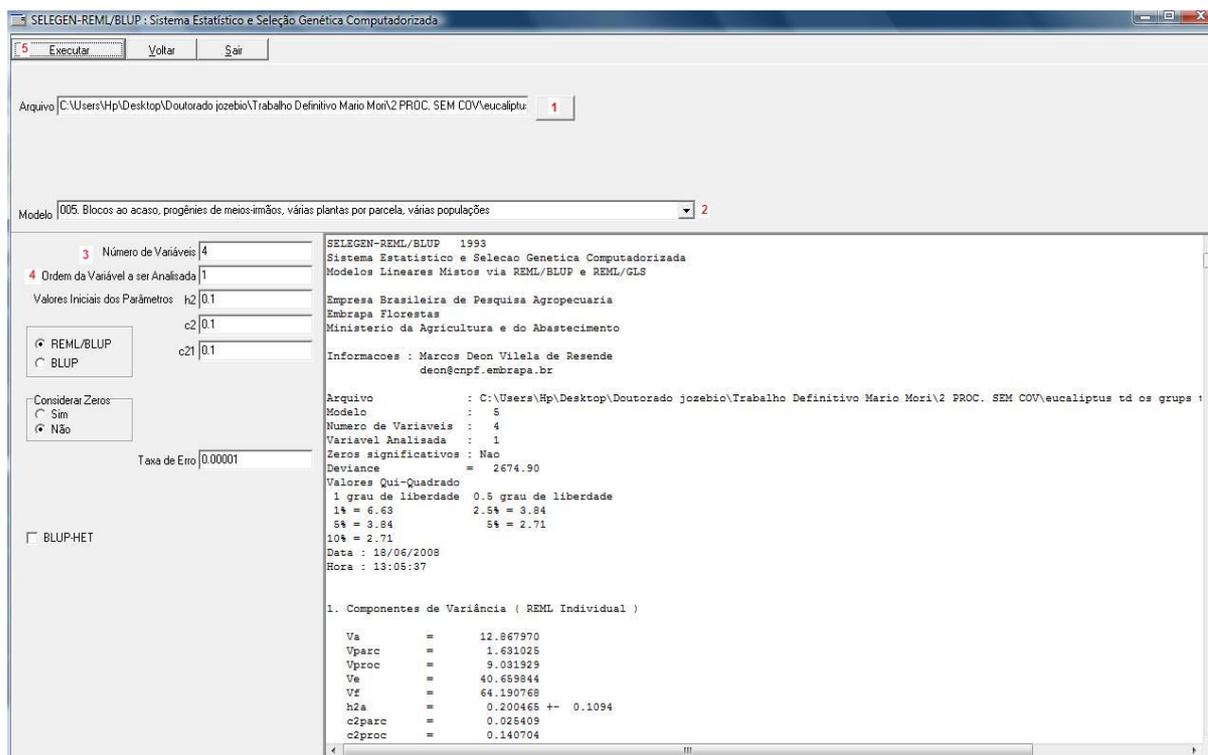
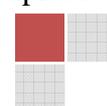


Figura 04. Layout do Procedimento Várias Populações ou Procedências

Acompanhando os processos da Figura 04, observou-se os passos a serem seguidos para preenchimentos dos campos a seguir: 1) Arquivo: onde se selecionou o arquivo preparado com dados coletados em campo para o processamento; 2) Modelo: onde o exemplo 005 referiu-se ao estilo de Blocos ao acaso, Progênies de meios-irmãos, várias plantas por parcela e várias populações; 3) Número de Variáveis: As variáveis neste exemplo foram quatro, sendo elas Altura, DAP, Volume e Sobrevivência; 4) A Ordem da Variável a ser Analisada: Utilizou-se o número 1 em referência a variável Altura, pois foi demonstrada a obtenção dos resultados para Altura. Por exemplo, se quiséssemos os resultados para DAP, utilizaria neste campo o número 2 referente ao DAP, conforme procedimento feito no planejamento da tabela a qual foi usada no programa; 5) Executar: Deu-se um clique no passo 5 para executar o programa. Nos demais campos, utilizou-se os valores já sugeridos pelo programa, tendo Taxa de Erro igual a 0,00001 pois no exemplo não desejou ter erros, não considerou Zeros pois o dados são sem Covariância e herdabilidade de 10%, minimizando os erros. O sistema utilizado foi REML/BLUP que é o processo da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) para a estimação dos componentes de variância e dos parâmetros genotípicos.



A figura 05 demonstra os resultados gerados na figura 04, que foram transportados para o aplicativo Bloco de Notas, para melhor visualização dos dados.

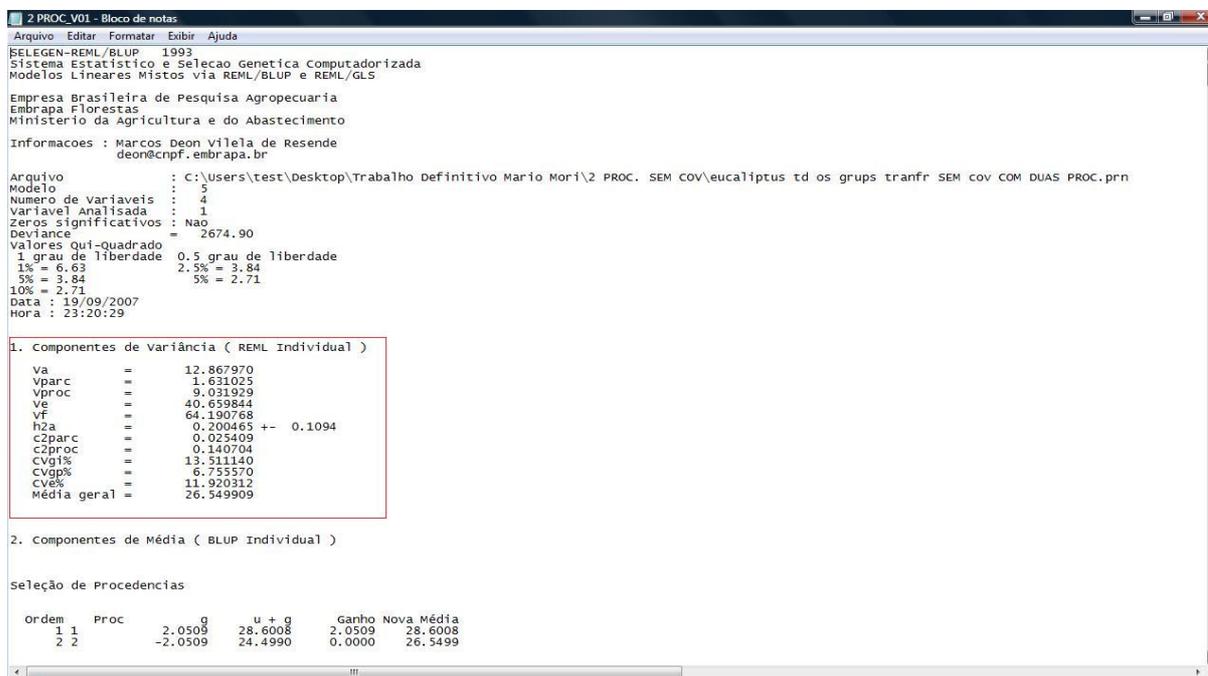
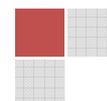


Figura 05. Resultados do experimento utilizando Bloco de Notas

Por meio destes dados encontrou-se os resultados explícitos na tabela 01 e demonstrados na figura 01, conforme referência destacada em vermelho na figura 05.

4.2. Variação Genética

Variação genética é a estimativa dos coeficientes de Herdabilidade capazes de medir o grau de correspondência entre fenótipo e genótipo, dos quais influenciam a próxima geração. Individual, no sentido restrito (\hat{h}_a^2), de variação genética em nível de indivíduo (CV_{gi}) e de parcela (CV_{sp}); da correlação devida ao ambiente comum da parcela (\hat{C}^2) e da correlação devida ao ambiente comum de procedência (\hat{c}^2), conforme Figura 06.



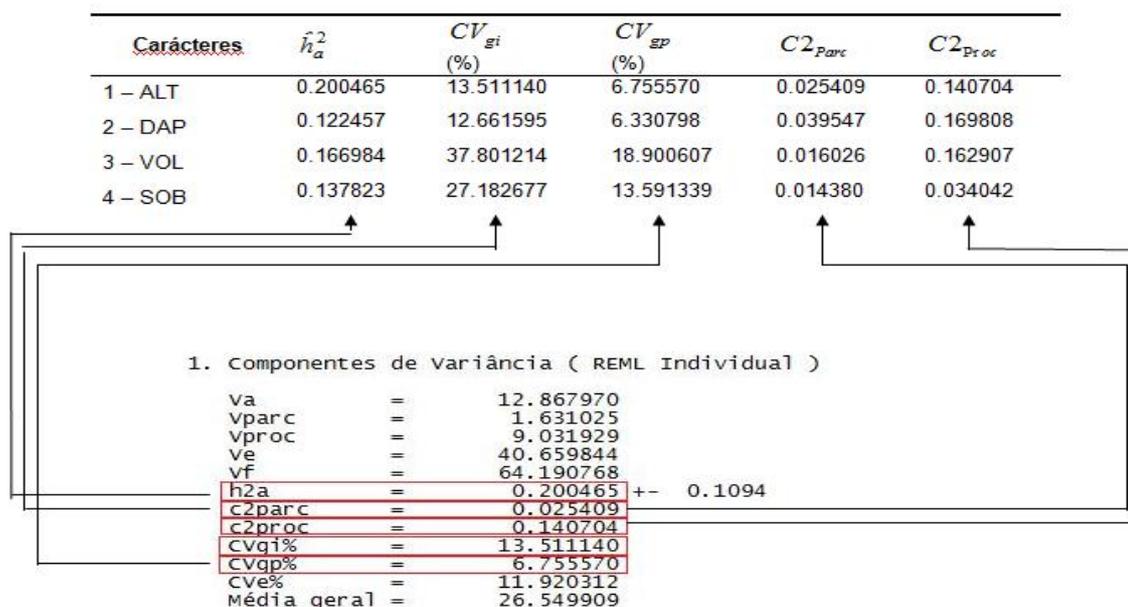


Figura 06. Valores correspondentes a estimativas dos coeficientes de herdabilidade individual, no sentido restrito (\hat{h}_a^2), de variação genética em nível de indivíduo (CV_{EP}) e de parcela (CV_{gi}); da correlação devida ao ambiente comum da parcela (\hat{C}^2) e da correlação devida ao ambiente comum de procedência (\hat{C}^2), para os caracteres Altura (ALT), Diâmetro à altura do Peito (DAP), Volume (VOL), Sobrevivência (SOB) sem covariância de *Eucalyptus urophylla*, considerando duas procedências instalados em 14/05/2001 em Selvíria-MS.

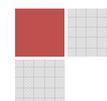
4.3. Ganho na Seleção, Tamanho Efetivo e Diversidade Genética para

Caráter Altura

Para comparação entre as formas de seleção para o Caráter Altura, foi observada três condições: I ($k_f = K \neq 0$), II ($k_f = \forall K \neq 0$) e III ($k_f \leq 3$), conforme Tabela 01.

Tabela 01. Comparação entre as formas de seleção para o caráter Altura (m) sem covariância, em um teste de progênies de *Eucalyptus urophylla*, considerando duas procedências instalados em 14/05/2001 em Selvíria-MS, em três condições: I ($k_f = K \neq 0$), II ($k_f = \forall K \neq 0$) e III ($k_f \leq 3$).

$k_f = \forall K \neq 0$		$k_f = K \neq 0$		$k_f \leq 3$	
Prog.	k_f	Prog.	k_f	Prog.	k_f
2	1	6	4	2	1
6	10	8	4	6	3
8	5	11	4	8	3
11	5	13	4	11	3
13	2	15	4	13	2
15	1	2	4	15	1
		7	4		
		10	4		
		19	4		



	12		4		
N	24	N	24	N	24
N_{fo}	33	N_{fo}	33	N_{fo}	33
N_f	6	N_f	10	N_f	6
\bar{k}_f	4,00	\bar{k}_f	4	\bar{k}_f	2,33
$\hat{\sigma}_{kf}^2$	12,00	$\hat{\sigma}_{kf}^2$	0	$\hat{\sigma}_{kf}^2$	0,66
N_e	9,60	N_e	22,85	N_e	9,97
$\mu(m)$	26,55	$\mu(m)$	26,55	$\mu(m)$	26,55
$\hat{a}(m)$	5,07	$\hat{a}(m)$	4,43	$\hat{a}(m)$	5,13
$\hat{G}_s(\%)$	19,12	$\hat{G}_s(\%)$	16,72	$\hat{G}_s(\%)$	19,35
$Ef.(\%)$	303,59	$Ef.(\%)$	253	$Ef.(\%)$	308,45
\hat{D}	0,11	\hat{D}	0,30	\hat{D}	0,16

N : nº de indivíduos selecionados; N_{fo} = nº de progênies do teste; N_f : nº de progênies selecionadas; k_f : nº de indivíduos selecionados por progênie; \bar{k}_f : nº médio de indivíduos selecionados por progênie; σ_{kf}^2 : variância do nº de indivíduos selecionados por progênie; N_e : tamanho efetivo; μ : média geral; \hat{a} : efeito genético aditivo = **IME**: Índice Multi-efeito; \hat{G}_s : Ganho na seleção; **Ef.**: eficiência do IME em relação à Seleção entre e dentro de progênies; \hat{D} : Diversidade genética

Para a tabela 01 seguiu-se alguns passos para a obtenção destes resultados.

1º Passo: A Tabela de “Seleção Entre + Dentro” foi feita com 30% na seleção Entre e 10% na seleção Dentro. Conforme os cálculos a seguir.

Seleção Entre Progênies

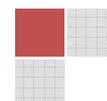
100 % -----→ 33 (número de Progênies)

30 % -----→ 10 (Famílias que se utiliza na tabela)

Seleção Dentro Progênies

100 % ----→ 6 (número de árvores por repetição)

10 % ----→ 1 (numero de árvores a utilizar por Repetição)

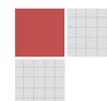


Dos resultados obtidos do programa SELEGEN foram verificadas então as dez primeiras melhores famílias, da seleção de genitores, conforme figura 07. A Tabela de Seleção de Genitores encontra-se abaixo da tabela de Seleção de Procedências, que foi gerada na execução do programa, as quais se encontram nos resultados que foram transportados para o aplicativo Bloco de Notas.

Ordem	Genitor	a	Ganho	Nova Média
1	6	6.0703	6.0703	32.6202
2	8	5.8215	5.9459	32.4958
3	11	5.8109	5.9009	32.4508
4	13	5.2037	5.7266	32.2765
5	15	4.4482	5.4709	32.0208
6	2	4.1738	5.2547	31.8046
7	7	3.9553	5.0691	31.6190
8	10	3.5644	4.8810	31.4309
9	19	3.4829	4.7257	31.2756
10	12	3.1020	4.5633	31.1132
11	22	2.9533	4.4169	30.9668
12	23	2.5472	4.2611	30.8110
13	18	2.3591	4.1148	30.6647
14	25	1.8953	3.9563	30.5062
15	21	1.5998	3.7992	30.3491
16	32	1.4523	3.6525	30.2024
17	17	1.4233	3.5214	30.0713
18	4	0.9655	3.3794	29.9293
19	3	0.8740	3.2475	29.7974
20	20	0.8347	3.1269	29.6768
21	16	0.8177	3.0169	29.5668
22	1	0.0986	2.8843	29.4342
23	31	-0.2651	2.7473	29.2972
24	5	-0.2921	2.6207	29.1706
25	24	-0.5222	2.4950	29.0449
26	9	-1.0836	2.3573	28.9072
27	33	-1.9315	2.1985	28.7484
28	30	-2.0818	2.0456	28.5955
29	14	-2.3288	1.8948	28.4447
30	26	-2.9903	1.7319	28.2819
31	27	-3.3200	1.5690	28.1189
32	28	-3.3465	1.4154	27.9653
33	29	-6.3246	1.1808	27.7307

Figura 07. Seleccionando dez primeiras melhores Famílias da Seleção de Indivíduos

Foi efetuado ainda no primeiro passo a transferência dos dados da tabela de Procedências para um arquivo do Microsoft Excel, dos quais os mesmos são organizados em colunas, conforme figura 08. Foram selecionados todos os dados resultantes do programa nesta planilha.



UROPHILLA (Altura)													
Ordem	Bloco	Família	Proc	Árvore	f	a	u+a	Ganho	Nova Média	Ne	d	g	
1	1	3	8	1	1	41.3000	5.5568	32.1067	5.5568	32.1067	1.0000	1.0804	6.6371
2	2	2	8	1	1	36.7000	5.3178	31.8677	5.4373	31.9872	1.6000	0.9211	6.2389
3	3	4	6	1	4	39.1000	5.2866	31.8365	5.3870	31.9370	2.4828	0.8173	6.1039
4	4	1	6	1	6	35.4000	5.2824	31.8324	5.3609	31.9108	3.2000	0.8145	6.0970
5	5	2	13	1	3	37.7000	5.2593	31.8092	5.3406	31.8905	4.1096	1.0880	6.3472
6	6	1	6	1	3	35.1000	5.2249	31.7748	5.3213	31.8712	4.3636	0.7762	6.0011
7	7	4	6	1	2	38.7000	5.2098	31.7597	5.3054	31.8553	4.4211	0.7661	5.9760
8	8	2	8	1	2	36.1000	5.2027	31.7526	5.2925	31.8424	4.8917	0.8443	6.0470
9	9	1	6	1	2	34.6000	5.1290	31.6789	5.2744	31.8243	4.9091	0.7122	5.8412
10	10	2	6	1	6	35.7000	5.1190	31.6689	5.2588	31.8087	4.8583	0.7056	5.8245
11	11	4	6	1	3	38.1000	5.0947	31.6446	5.2439	31.7938	4.7763	0.6894	5.7842
12	12	1	6	1	4	34.1000	5.0331	31.5830	5.2263	31.7762	4.6829	0.6483	5.6814
13	13	4	15	1	3	40.9000	5.0225	31.5724	5.2107	31.7606	5.4116	1.1820	6.2045
14	14	2	6	1	4	35.1000	5.0039	31.5538	5.1959	31.7458	5.2854	0.6288	5.6327
15	15	2	11	1	6	35.4000	4.9864	31.5363	5.1819	31.7318	6.0000	0.7037	5.6901
16	16	1	8	1	4	33.8000	4.9748	31.5247	5.1690	31.7189	6.3920	0.6924	5.6672
17	17	2	2	1	1	38.2000	4.9541	31.5040	5.1563	31.7062	7.1109	1.2278	6.1819
18	18	2	11	1	2	35.2000	4.9480	31.4979	5.1448	31.6947	7.7143	0.6741	5.6261
19	19	2	6	1	2	34.6000	4.9079	31.4579	5.1323	31.6822	7.4987	0.5689	5.4728
20	20	3	8	1	2	37.9000	4.9045	31.4545	5.1209	31.6708	7.8023	0.6456	5.5501
21	21	3	13	1	1	38.9000	4.8912	31.4411	5.1100	31.6599	8.3880	0.8426	5.7338
22	22	1	11	1	6	33.3000	4.8624	31.4123	5.0987	31.6486	8.8862	0.6210	5.4834
23	23	4	11	1	4	36.9000	4.8471	31.3970	5.0878	31.6377	9.2902	0.6108	5.4578
24	24	4	11	1	5	36.8000	4.8279	31.3778	5.0769	31.6269	9.6000	0.5980	5.4259
25	25	4	8	1	4	36.6000	4.7869	31.3368	5.0653	31.6153	9.8206	0.5671	5.3541

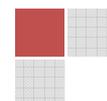
Figura 08. Dados expostos em Planilha do Microsoft Excel

2º Passo: Foram excluídas algumas colunas, as quais não foram usadas nesse passo, ficando apenas com as colunas: Ordem, Bloco, Família, Procedência, Árvore e ganho genético “a”. Classificou-se a tabela em ordem crescente primeiro por procedência, família e por ganho genético, para a elaboração do próximo passo que facilitará na coleta dos resultados. A coluna para Ganho na seleção “a”, corresponde ao ganho em relação à média geral. Planejou-se a planilha conforme figura 09.

UROPHILLA (Altura)						
Ordem	Bloco	Família	Proc	Árvore	a	
173	1	1	1	5	2.9287	
196	2	1	1	2	2.7372	
214	2	1	1	1	2.5454	
224	4	1	1	4	2.3994	
239	2	1	1	6	2.2576	
253	3	1	1	5	2.0645	
276	1	1	1	3	1.7010	
315	3	1	1	2	1.3164	
316	4	1	1	6	1.3060	
343	3	1	1	6	0.9327	
405	4	1	1	1	-0.3629	
408	2	1	1	5	-0.5431	
409	3	1	1	4	-0.5443	
411	4	1	1	2	-0.5547	
416	4	1	1	5	-0.7082	
433	4	1	1	3	-1.0151	
438	1	1	1	6	-1.1189	
17	2	2	1	1	4.9541	
34	2	2	1	3	4.6088	
52	1	2	1	4	4.3472	
61	1	2	1	1	4.2129	
83	3	2	1	4	3.9811	
89	3	2	1	5	3.9236	
96	3	2	1	3	3.8660	
104	3	2	1	6	3.7893	

Figura 09. Segundo passo em tabela no Microsoft Excel

3º Passo: Elaborou-se uma nova tabela com as 10 primeiras melhores famílias, conforme tabela de genitores demonstrada na figura 07, utilizando as quatro repetições e os melhores ganhos genéticos, em relação a média geral, de cada uma das repetições.



Conforme Figura 10, utilizou-se então o melhor ganho genético de cada repetição em cada uma das 10 melhores famílias, conforme cálculo da “Seleção Entre + Dentro Progênes”. Na figura 11 é enunciada a montagem dos índices que são utilizados na tabela 01 para $k_f = K \neq 0$.

k_f significa o número de indivíduos selecionados por progênie.

UROPHILLA (Altura)			
prog = 33		rep = 4	arv = 10
Entre = 10		Dentro = 1	
FAM	kf	REP	Arv
6	6	1	5.2824
7	6	2	5.1190
8	6	3	4.6286
9	6	4	5.2866
10	8	1	4.9748
11	8	2	5.3178
12	8	3	5.5568
13	8	4	4.7869
14	11	1	4.8624
15	11	2	4.9864
16	11	3	4.4467
17	11	4	4.8471
18	13	1	4.3054
19	13	2	5.2593
20	13	3	4.8912
21	13	4	4.5789
22	15	1	3.2013
23	15	2	4.6414
24	15	3	4.4671
25	15	4	5.0225
26	2	1	4.3472
27	2	2	4.9541

Figura 10. Demonstração de montagem de tabela com melhores famílias e com suas melhores árvores dentro de cada repetição

A	B	C	D	E	F	G	H
10		4	4.0270				
19		1	3.9772				
19	4	2	4.1457				
19		3	4.1449				
19		4	4.7598				
12		1	3.9897				
12	4	2	4.0032				
12		3	3.8447				
12		4	3.5569				
$\sum k_f$	40						
N_f	10						
$\sum k_f^2$	160						
K_f	4						
σ^2	0.000						
N_e	22.857						
IME	4.439						
$G_s(\%)$	16.720	4.73809					
$E_f(\%)$	252.883						
N_{co}	33.000						
N_{ef}	10.000						
D	0.303						
Média	26.550						

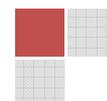
Figura 11. Montagem dos Índices para $k_f = K \neq 0$

Para os Índices utilizados na figura 10 temos:

$\sum k_f$ = Somatório dos Kf, que são as repetições;

N_f = Quantidade de Kf utilizados;

$\sum k_f^2$ = Somatório de Kf^2 ;



\bar{K}_f = Média do Kf;

σ_{kf}^2 = Variância dos indivíduos;

Ne = tamanho efetivo;

\overline{IME} = Índice Multi-efeito;

Gs (%) = Ganho na seleção;

Ef(%) = eficiência do IME em relação à Seleção entre e dentro de progênies;

Nfo = Número de Progênies do teste;

Nfe = Número de Progênies selecionadas;

D = Diversidade genética;

Média = Média Geral.

4ºPasso: Neste passo calculou-se a quantidade de 3% do total de 792 árvores resultantes das interações entre Progênies, repetições e indivíduos por repetições. Neste caso, 24 melhores indivíduos, conforme o cálculo utilizado abaixo.

TOTAL = Progênies X Repetição X Árvore

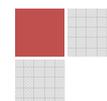
$$33 \quad X \quad 4 \quad X \quad 6 = 792$$

100 % -----> 792

3 % -----> 24 Árvores

Extraídos os resultados, os mesmos são organizados no Microsoft Excel para montagem das tabelas de Propagação, conforme figura 12.

Nesta tabela utilizou-se os valores das colunas: Ordem, Bloco, Família, Procedência, Árvore, Ganho genético (a), valores Genéticos Aditivos Preditos (u+a), Efeitos Genotípicos (g) e Valores Genotípicos Preditos (u+g). Para a coluna “u+g” usa-se o valor de Efeitos Genotípicos (g) somados a Média Geral (u), que pode ser visualizado ainda na figura 12.



UROPHILLA (Altura)														
PROPAGAÇÃO SEXUADA							PROPAGAÇÃO ASSEXUADA							
Ordem	Bloco	Família	Proc	Árvore	a	u+a	Ordem	Bloco	Família	Proc	Árvore	g	u+g	
1	1	3	8	1	1	5.5568	32.1067	1	3	8	1	1	6.6371	33.19
2	2	2	8	1	1	5.3178	31.8677	5	2	13	1	3	6.3472	32.90
3	3	4	6	1	4	5.2866	31.8365	2	2	8	1	1	6.2389	32.79
4	4	1	6	1	6	5.2824	31.8324	13	4	15	1	3	6.2045	32.75
5	5	2	13	1	3	5.2593	31.8092	17	2	2	1	1	6.1819	32.73
6	6	1	6	1	3	5.2249	31.7748	3	4	6	1	4	6.1039	32.65
7	7	4	6	1	2	5.2098	31.7597	4	1	6	1	6	6.0970	32.65
8	8	2	8	1	2	5.2027	31.7526	8	2	8	1	2	6.0470	32.60
9	9	1	6	1	2	5.1290	31.6789	6	1	6	1	3	6.0011	32.55
10	10	2	6	1	6	5.1190	31.6689	7	4	6	1	2	5.9760	32.53
11	11	4	6	1	3	5.0947	31.6446	9	1	6	1	2	5.8412	32.39
12	12	1	6	1	4	5.0331	31.5830	10	2	6	1	6	5.8245	32.37
13	13	4	15	1	3	5.0225	31.5724	11	4	6	1	3	5.7842	32.33
14	14	2	6	1	4	5.0039	31.5538	21	3	13	1	1	5.7338	32.28
15	15	2	11	1	6	4.9864	31.5363	15	2	11	1	6	5.6901	32.24
16	16	1	8	1	4	4.9748	31.5247	12	1	6	1	4	5.6814	32.23
17	17	2	2	1	1	4.9541	31.5040	16	1	8	1	4	5.6672	32.22
18	18	2	11	1	2	4.9480	31.4979	14	2	6	1	4	5.6327	32.18
19	19	2	6	1	2	4.9079	31.4579	18	2	11	1	2	5.6261	32.18
20	20	3	8	1	2	4.9045	31.4545	20	3	8	1	2	5.5501	32.10
21	21	3	13	1	1	4.8912	31.4411	22	1	11	1	6	5.4834	32.03
22	22	1	11	1	6	4.8624	31.4123	19	2	6	1	2	5.4728	32.02
23	23	4	11	1	4	4.8471	31.3970	23	4	11	1	4	5.4578	32.01
24	24	4	11	1	5	4.8279	31.3778	24	4	11	1	5	5.4259	31.98
28	Média Geral													26.550

Figura 12. Melhores indivíduos para propagação sexuada e assexuada

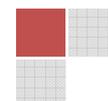
5º Passo: Montagem da tabela de Kf variável, $k_f = \forall K \neq 0$, fazendo uso dos valores da figura 12. Foram aproveitadas as 24 melhores árvores, de modo a serem classificadas em ordem crescente de Família, de acordo com figura 13.

UROPHYLLA (Altura)			
Kf Variável			
FAM	kf	Arv	
2	1	4.9541	
5	6	5.2866	
6	6	5.2824	
7	6	5.2249	
8	6	5.2098	
9	6	5.1290	
10	6	5.1190	
11	6	5.0947	
12	6	5.0331	
13	6	5.0039	
14	6	4.9079	
15	8	5.5568	
16	8	5.3178	
17	8	5.2027	
18	8	4.9748	
19	8	4.9045	
20	11	4.9864	
21	11	4.9480	
22	11	4.8624	
23	11	4.8471	
24	11	4.8279	
25	13	5.2593	
26	13	4.8912	
27	15	5.0225	

Figura 13. Montagem da tabela de Kf variável

Também neste passo organizou-se na mesma planilha os coeficientes para a utilização na Tabela 01, na mesma situação da Figura 11.

6º Passo: Elaboração de tabela de Kf de no máximo 3. Conforme metodologia utilizada na Figura 13, as Progênes que tiveram Kf maiores que 3, tiveram as demais



deletadas, ficando somente com as 3 primeiras. Foi montado os coeficientes da Tabela 01 também nesta etapa, conforme a figura 14.

	A	B	C	D	E	F	G	H	I
1	UROPHYLLA (Altura)								
2	Kf de no Máximo 3								
3	FAM	kf	Arv			$\sum k_f$	14		
4	2	2	4.9541			N_f	6		
5	6		5.2866			$\sum k_f^2$	36		
6	6		5.2824			K_f	2.333		
7	6	3	5.2249			$\sigma_{\bar{x}}$	0.6667		
8	8		5.5568			N_e	9.966		
9	8		5.3178			\overline{IME}	5.138		
10	8	3	5.2027			$G_s(\%)$	19.353	4.73809	
11	11		4.9864			$Ef.(\%)$	308.447		
12	11		4.9480			N_{fo}	33.000		
13	11	3	4.8624			N_{ef}	5.444		
14	13		5.2593			D	0.1650		
15	13	2	4.8912			Média	26.550		
16	15	1	5.0225						
17									
18									
19									
20									
21									
22									
23									
24									
25									
26									
27									

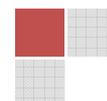
Figura 14. Tabela de Kf de no máximo 3

7º Passo: Os índices utilizados na Tabela 01 foram expostos no sexto passo do trabalho, conforme a figura 15 mostrada a seguir.

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K
1	T21										
2	UROPHYLLA (Altura)			Seleção E + D				IME kf: 3 no máximo			
3	IME - kf variável	kf		FAM	kf		FAM	kf			
4	2	1		6	4		2	1			
5	6	10		8	4		6	3			
6	8	5		11	4		8	3			
7	11	5		13	4		11	3			
8	13	2		15	4		13	2			
9	15	1		2	4		15	1			
10				7	4						
11				10	4						
12				19	4						
13				12	4						
14											
15	N	24		N	24		N	24			
16	N_e	33		N_e	33		N_e	33			
17	N_f	6		N_f	10		N_f	6			
18	K_f	4.00		K_f	4		K_f	2.33			
19	$\sigma_{\bar{x}}$	12.0000		$\sigma_{\bar{x}}$	0		$\sigma_{\bar{x}}$	0.6667			
20	N_e	9.600		N_e	22.85714		N_e	9.97			
21	Média	26.550		Média	26.550		Média	26.550			
22	\overline{IME}	5.077		\overline{IME}	4.439		\overline{IME}	5.138			
23	$G_s(\%)$	19.12		$G_s(\%)$	16.72		$G_s(\%)$	19.35			
24	$Ef.(\%)$	303.59		$Ef.(\%)$	253		$Ef.(\%)$	308.45			
25	D	0.1119		D	0.3030		D	0.1650			
26											
27											

Figura 15. Última passo para obtenção dos valores utilizados na Tabela 01

Na figura 15 foram expostos os índices e valores a serem utilizados na tabela 01, no qual, N: no de indivíduos selecionados; N_{fo} = nº de progênies do teste; N_f : no de



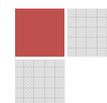
progênes selecionadas; k_f : no de indivíduos selecionados por progênie; \bar{k}_f : no médio de indivíduos selecionados por progênie; σ_{kf}^2 : variância do no de indivíduos selecionados por progênie; N_e : tamanho efetivo; μ : média geral; \hat{a} : efeito genético aditivo = IME: Índice Multi-efeito; \hat{G}_s : Ganho na seleção; Ef.: eficiência do IME em relação à Seleção entre e dentro de progênes; \hat{D} : Diversidade genética. Os demais índices que foram calculados nas planilhas, durante o passo 3, 5 e 6 não serão utilizados neste ultimo passo, aproveitando apenas os que são demonstrados na figura 15 e usados na Tabela 01.

4.4. Propagação Sexuada e Assexuada

Para propagação Sexuada e Assexuada obtivemos os seguintes resultados, que serão mostrados na tabela 02.

Tabela 02. Efeitos aditivos (a), valores genéticos aditivos preditos (u+a), efeitos genotípicos (g) e valores genotípicos preditos (u+g) dos 24 melhores indivíduos, para o caráter Altura (m), sem covariância em um teste de progênes de *Eucalyptus urophylla*, considerando duas procedências, instalados em 14/05/2001 em Selvíria-MS

PROPAGAÇÃO SEXUADA							PROPAGAÇÃO ASSAEXUADA						
Ordem	Bloco	Família	Proc	Árvore	a	u+a	Ordem	Bloco	Família	Proc	Árvore	g	u+g
1	3	8	1	1	5.5568	32.1067	1	3	8	1	1	6.6371	33.19
2	2	8	1	1	5.3178	31.8677	5	2	13	1	3	6.3472	32.90
3	4	6	1	4	5.2866	31.8365	2	2	8	1	1	6.2389	32.79
4	1	6	1	6	5.2824	31.8324	13	4	15	1	3	6.2045	32.75
5	2	13	1	3	5.2593	31.8092	17	2	2	1	1	6.1819	32.73
6	1	6	1	3	5.2249	31.7748	3	4	6	1	4	6.1039	32.65
7	4	6	1	2	5.2098	31.7597	4	1	6	1	6	6.0970	32.65
8	2	8	1	2	5.2027	31.7526	8	2	8	1	2	6.0470	32.60
9	1	6	1	2	5.1290	31.6789	6	1	6	1	3	6.0011	32.55
10	2	6	1	6	5.1190	31.6689	7	4	6	1	2	5.9760	32.53
11	4	6	1	3	5.0947	31.6446	9	1	6	1	2	5.8412	32.39
12	1	6	1	4	5.0331	31.5830	10	2	6	1	6	5.8245	32.37
13	4	15	1	3	5.0225	31.5724	11	4	6	1	3	5.7842	32.33
14	2	6	1	4	5.0039	31.5538	21	3	13	1	1	5.7338	32.28
15	2	11	1	6	4.9864	31.5363	15	2	11	1	6	5.6901	32.24
16	1	8	1	4	4.9748	31.5247	12	1	6	1	4	5.6814	32.23
17	2	2	1	1	4.9541	31.5040	16	1	8	1	4	5.6672	32.22

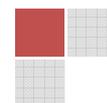


18	2	11	1	2	4.9480	31.4979	14	2	6	1	4	5.6327	32.18
19	2	6	1	2	4.9079	31.4579	18	2	11	1	2	5.6261	32.18
20	3	8	1	2	4.9045	31.4545	20	3	8	1	2	5.5501	32.10
21	3	13	1	1	4.8912	31.4411	22	1	11	1	6	5.4834	32.03
22	1	11	1	6	4.8624	31.4123	19	2	6	1	2	5.4728	32.02
23	4	11	1	4	4.8471	31.3970	23	4	11	1	4	5.4578	32.01
24	4	11	1	5	4.8279	31.3778	24	4	11	1	5	5.4259	31.98
Média Geral													26,550

A tabela acima possui os valores do quarto passo, resultando nos valores desejáveis finais para a escolha de bons indivíduos de *Eucalyptus urophylla* para continuidade no melhoramento genético. Assim, o melhorista a partir desses resultados pode tomar uma linha de melhoramento, tais como, APS – Área de Produção de Sementes e/ou PSC – Pomar de Sementes Clonais. Observa-se que para propagação sexuada a melhor árvore, que possui o melhor ganho “a”, em relação a média geral, no caráter Altura, encontra-se em primeiro na tabela 02, que é o indivíduo de número 01, que se encontra na procedência de Rio Claro, Família 08 e na Repetição 03. Para a reprodução assexuada, por meio vegetativo, o melhor indivíduo, também no caráter Altura, se encontra também na procedência de Rio Claro, na Família 8, Repetição 03 e árvore de número 01.

Para a utilização destes dados e continuação no programa de melhoramento, com quesitos para indivíduos superiores em caráter Altura, faz-se necessário a identificação dos cinco ou 10 melhores indivíduos, dos 24 melhores indivíduos relacionados pelo software, sendo que para Propagação Sexuada, por meio de sementes, para não haver polinização entre indivíduos inferiores faz-se a derrubada de todas as árvores, deixando somente as cinco ou 10 melhores árvores, para que se faça a coleta individualizada de sementes em um APS (Área de Produção de Sementes).

Para o programa de melhoramento através de Propagação Assexuada, vegetativamente, faz-se a identificação em campo de cinco ou 10 melhores árvores e o abate das mesmas para um PSC (Pomar de Sementes Clonais), onde se coletará as estacas dos melhores indivíduos para produção de mudas, com características superiores em caráter Altura.



Os mesmos procedimentos feitos para a variável altura devem ser feitos com as outras variáveis, restando outros caracteres como DAP, Volume e Sobrevivência, para a finalização do trabalho por completo.

5. CONCLUSÕES

Pode-se concluir a importância da utilização do software SELEGEN para o processamento dos dados, gerando confiabilidade e redução de tempo devido à agilidade adquirida com a utilização do mesmo.

A linha de melhoramento que pode ser escolhida, conforme os resultados gerados pelo programa, quanto a reprodução Sexuada e Assexuada, utilizando dessa forma uma linha de melhoramento, com os melhores indivíduos relacionados no programa, para cada tipo de reprodução, utilizando uma área de produção de sementes ou um pomar de sementes clonais.

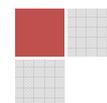
Como qualquer outro programa computacional, o SELEGEN está em constante atualização e devido a isso, pelo menos por enquanto, nem todos os seus recursos são de domínio de todos os usuários.

A facilidade na montagem das tabelas com os resultados gerados pelo programa, demonstra a eficiência com o qual o programa trabalha, desenvolvendo tabelas que melhor exemplificam os dados lançados no mesmo, proporcionando assim resultados concisos, práticos e exatos, conforme a tabela de reprodução Sexuada e Assexuada, gerada pelo programa, que demonstra a melhor procedência a ser escolhida.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CASTRO, A. W. V. de, et al. **Aplicação da Seleção precoce em Famílias de meios irmãos de taxi-branco**. Acta Amazônica 33: 85-91. 2003.

CESAR, E.R.G.; et al. **Variação entre Procedências e Progênies de *Pinus oocarpa* em Angatuba, SP**. Boletim de Pesquisa Florestal, Colombo, n 17, p. 13-24, Dez. 1988



EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA. **Centro Nacional de Pesquisa de Solos. Sistema brasileiro de classificação de solos.** Brasília, 1999. 412p.

FERREIRA, D.F.; ZAMBALDE, A.L. Simplificação das análises de algumas técnicas especiais da Experimentação Agropecuária no Mapgen e Software correlatos. Disponível em: <http://www.agrosoft.org.br/trabalhos/ag97/c4a1330.htm>. Acesso em: 24 jun. 2008.

PROGRAMA GENES - Análise e processamento de dados baseado em modelos biométricos e em Estatística Experimental. Disponível em: <http://www.ufv.br/dbg/genes/genes.htm>. Acesso em: 24 jun. 2008.

KUSEL, R.A. de M. **SAS Programação I.** Centro Nacional de Processamento de Alto Desempenho, Campinas, Março, 2008.

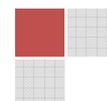
LEMONS, S.V. et al. **Seleção Genética Computadorizada através do Software SELEGEN.** FEIS/UNESP, Ilha Solteira, Setembro, 2007.

NUNES, G.H. de S. *et al.* **Implicações da Interação Genótipo X Ambiente na Seleção de Clones de Eucalipto.** CERNE, V.8, N.1, P.049-058, 2002.

RESENDE, M.D.V. **Software SELEGEN - REML/BLUP.** EMBRAPA, Colombo, Novembro, 2002.

RESENDE, M.D.V.; OLIVEIRA, E.B. **Sistema "SELEGEN" – Seleção Genética Computadorizada para o Melhoramento de Espécies Perenes.** Revista PAB, Colombo, n 32. V. 9. Setembro, 1997.

SBS, 2007. **Fatos e Números do Brasil Florestal - 2006.** Sociedade Brasileira de Silvicultura. São Paulo. 110 p. 2007.



STATGRAPHICS. STATGRAPHICS Centurion XV. Disponível em:
<http://www.statgraphics.net/>. Acesso em: 25 jun. 2008.

VALERA, F. P. e KAGEYAMA, P. Y. **Interação Genótipo X Espaçamento em Progenies de Eucalyptus saligna SMITH**. IPEF, n.39, p.5-16, ago.1988.

