



# Variabilidade genética em progênies de guapuruvu *Schizolobium parahyba*

## Genetic variability in guapuruvu *Schizolobium parahyba* progenies

Fernanda Carolina Silva Chinelato<sup>1</sup>, Cristiano Bueno de Moraes<sup>1</sup>, André Carignato<sup>1</sup>, Evandro Vagner Tambarussi<sup>2</sup>, Léo Zimback<sup>3</sup>, Edwin Camacho Palomino<sup>4,\*</sup>, Edson Seizo Mori<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Faculdade de Ciências Agrônômicas de Botucatu - FCA/UNESP - Fazenda Experimental Lageado, Rua José Barbosa de Barros, nº 1780, CEP: 18.610-307 - Botucatu, SP, Brasil.

<sup>2</sup> Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas (ESALQ/USP), Universidade de São Paulo. Avenida Pádua Dias, nº 11 CEP: 13418-900, Piracicaba/SP – Brasil.

<sup>3</sup> Instituto Florestal do Estado de São Paulo, Floresta Estadual de Botucatu, Avenida José Ítalo Bacchi s/n, Aeroporto, CEP: 18603-970 - Botucatu, SP - Brasil.

<sup>4</sup> Departamento de Melhoramento Vegetal - Universidade Federal do Oeste do Pará – UFOPA. Rua Vera Paz, s/n, Salé CEP: 68035-110, Santarém/PA, Brasil.

Recibido 24 enero 2014. Aceptado 10 marzo 2014.

### Resumo

O guapuruvu é uma espécie pioneira de rápido crescimento da família Leguminosae de grande importância em projetos de restauração. O objetivo do estudo foi verificar a variabilidade genética de progênies de *Schizolobium parahyba* da região de Botucatu/SP, por meio de parâmetros genéticos quantitativos. O teste de progênies foi instalado no delineamento experimental em blocos casualizados, três repetições, quatro plantas por parcelas e 60 progênies. Foram avaliados os caracteres: altura de plantas (ALT) e diâmetro à altura do peito (DAP) nas idades de 2, 7, 14, 20 e 66 meses e a porcentagem de sobrevivência, aos 66 meses, transformada em log (x+10). Para as estimativas dos parâmetros genéticos, os dados coletados foram analisados pelo software SELEGEN. Os coeficientes de variação genética individual ( $CV_{gi}$  %), variação genotípica entre progênies ( $CV_{gp}$  %) e variação relativa ( $CV_r$ ), apresentaram estimativas que demonstram uma variabilidade genética restrita e muito influenciada pelo ambiente. Os coeficientes de herdabilidade ao nível individual ( $\hat{h}_a^2$ ) foram maiores para altura (0,318, 0,012, 0,247, 0,390 e 0,012) em relação ao DAP (0,021, 0,024 e 0,015) aos 14, 20 e 66 meses, respectivamente. As correlações genotípicas no geral foram altas entre os caracteres ALT e DAP. A maior correlação genética entre os caracteres DAP e ALT de plantas ocorreu entre a idade 14 meses (0,85). As progênies estudadas, apesar de não mostrarem significativa variabilidade genética, são potenciais para se dar início a programas de melhoramento e conservação genética.

**Palavras chave:** Guapuruvu, melhoramento florestal, parâmetros genéticos, teste de progênies, variabilidade genética.

### Abstract

The guapuruvu is pioneer specie by fast growing of legume family with great importance in restoration projects. The aim of the study was to assess the genetic variability of offspring of *Schizolobium parahyba* through quantitative genetic parameters. The progeny test was installed in a randomized block design in three replications four plants per plot with 60 progenies. Was evaluated plant height, diameter at breast height with the ages: 2, 7, 14, 20 and 66 months and the percentage of survival at 66 months. For the estimates of genetic parameters, the data were analyzed by software SELEGEN. The heritability coefficients at individual level ( $\hat{h}_a^2$ ) were higher by height (0.318, 0.012, 0.247, 0.390 and 0.012) compared to DBH (0.021, 0.024 and 0.015) in the 14, 20 and 66 months, respectively. The highest genetic correlation between characters and plant height DBH occurred in the period of 14 months (0.85). The progenies studied, despite not show significant genetic variability, have the potential to initiate programs of forest breeding and for conservation genetics.

**Keywords:** Guapuruvu, forest breeding, genetic parameters, progeny tests, genetic variability.

\* Autor para correspondencia

E-mail: [edwincamacho2@gmail.com](mailto:edwincamacho2@gmail.com) (E. Camacho)

## 1. Introdução

A Mata Atlântica tem recebido certa atenção quanto aos estudos da estrutura genética das populações naturais de espécies arbóreas, geralmente selecionando-se essas espécies para estudos com base em suas características ecológicas, o que já tem possibilitado inferências sobre a comunidade de espécies arbóreas deste ecossistema (Ortega e Engel, 1992).

O *Schizolobium parahyba* é uma espécie nativa que ocorre principalmente na Floresta Ombrófila Densa, pertence à família Leguminosae - Caesalpinoideae também conhecido como flicheira, pataqueira, guarapivu, pau-de-vintem, biroasca e faveira. Esta espécie está distribuída pelos estados da Bahia até Santa Catarina e o seu crescimento é favorecido em solos preferencialmente férteis, profundos e úmidos (Carvalho, 2005; Coelho *et al.*, 2006; Carvalho *et al.* 2008). Esta espécie pode chegar até 30 m de altura e 80 cm de diâmetro de tronco, possui madeira muito leve ( $d=0,32g/cm^3$ ), com inúmeras utilidades, podendo ser empregada para a confecção de miolos de painéis e portas, medicina popular, projetos de paisagismo e como planta apícola (Lorenzi, 1992).

Freire *et al.* (2007) estudando *S. parahyba*, observaram altos níveis de diversidade genética para a espécie. Esses mesmos autores discutem que as cinco populações de *S. parahyba* avaliadas apresentaram um alto nível de polimorfismo e de diversidade gênica, sugerindo que as populações têm potencial para a conservação genética.

A obtenção de estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos é fundamental para orientar os futuros trabalhos de melhoramento, especialmente no caso de espécies arbóreas. Dentre os parâmetros genéticos os que mais interessam ao melhorista e que são objetos de estudos em testes de procedências e progênies são as variâncias genéticas, os coeficientes de variação, a herdabilidade no sentido amplo e restrito e o ganho genético (Vencovsky,

1969; Borém e Miranda, 2009). Dentre os parâmetros genéticos a variância genética aditiva é o componente mais importante, pois é a principal causa da semelhança entre parentes; logo é o principal indicador das propriedades genéticas observadas em uma população e sua resposta à seleção (Massaro *et al.*, 2010; Zimback *et al.*, 2011).

A viabilidade genética das populações, principalmente de espécies arbóreas raras, sofre muito mais com os efeitos da fragmentação (Kageyama *et al.*, 1998; Fonseca *et al.*, 2010), podendo ser consideradas referências para estudo de variabilidade genética.

O presente trabalho teve por objetivo estudar variabilidade genética de progênies *S. parahyba* da região de Botucatu/SP, por meio de parâmetros genéticos quantitativos, visando obter subsídios para programas de melhoramento e conservação genética da espécie.

## 2. Material e métodos

O teste de progênies de polinização aberta de guapuruvu foi implantado na Fazenda Experimental Lageado, FCA/UNESP/ Campus de Botucatu/SP, e disposto no delineamento experimental em blocos casualizados, três repetições, quatro plantas por parcelas e 60 progênies. Para o entendimento da população de guapuruvu foram analisados os seguintes caracteres: altura de plantas (m), diâmetro à altura do peito (cm) aos 2, 7, 14, 20 e 66 meses.

As estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pelo método da máxima verossimilhança restrita e melhor predição linear não viciada (REML/BLUP), a partir dos dados dos caracteres estudados, empregando-se o programa genético-estatístico SELEGEN, desenvolvido por Resende (2007). Utilizou-se o modelo matemático:  $y = Xr + Za + Wp + e$  (modelo 93), onde  $y$  é o vetor de dados,  $r$  é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral,  $a$  é o vetor dos efeitos genéticos aditivos

individuais (assumidos como aleatórios),  $p$  é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), e  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.  $X$ ,  $Z$  e  $W$  são matrizes de incidência conhecidas, formadas por valores zero e um, as quais associam as incógnitas  $r$ ,  $a$  e  $p$  ao vetor de dados  $y$ , respectivamente. A metodologia de modelos mistos permite estimar  $r$  pelo procedimento de quadrados mínimos generalizados e prever  $a$  e  $p$  pelo procedimento BLUP. Através de algoritmos EM realiza-se o procedimento REML ou método da máxima verossimilhança, onde as resoluções de matrizes geram estimativas de efeitos ajustados dos vetores calculados. Foram calculados os seguintes parâmetros genéticos:

a) Variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_a^2$ ):

$$\hat{\sigma}_a^2 = [\hat{a}' A^{-1} \hat{a} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(A^{-1} C^{22})] / q$$

b) Variância ambiental entre parcelas ( $\hat{\sigma}_c^2$ ):

$$\hat{\sigma}_c^2 = [\hat{c}' \hat{c} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr} C^{33}] / s_1$$

c) Variância residual (ambiental + não aditiva) ( $\hat{\sigma}_e^2$ ):

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{r}' X' y - \hat{a}' Z' y - \hat{c}' W' y] / [N - r(x)]$$

em que:  $C^{22}$ ,  $C^{33}$ ,  $C^{44}$  e  $C^{55}$  vem da inversa de  $C$ ;  $C$ : matriz dos coeficientes das equações de modelo misto;  $tr$ : operador traço matricial;  $r(x)$ : posto da matriz  $X$ ;  $N$ ,  $q$ ,  $s$ : números de dados, de indivíduos e de parcelas, respectivamente.

d) Variância fenotípica individual ( $\hat{\sigma}_f^2$ ):

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

e) Herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos:

$$\hat{h}_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

f) Herdabilidade da média de progênies:

$$\hat{h}_{mp}^2 = \frac{(1/4) \cdot \hat{\sigma}_a^2}{(1/4) \cdot \hat{\sigma}_a^2 + \frac{\hat{\sigma}_c^2}{r} + \frac{(0,75 \cdot \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2)}{n \cdot r}}$$

g) Herdabilidade aditiva dentro de parcela:

$$\hat{h}_{ad}^2 = \frac{0,75 \cdot \hat{\sigma}_a^2}{0,75 \cdot \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2}$$

h) Coeficiente de variação genética aditiva individual:

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

i) Coeficiente de variação genotípica entre progênies:

$$CV_{gp}(\%) = \frac{\sqrt{0,25 \cdot \hat{\sigma}_a^2}}{\hat{m}} \cdot 100$$

j) Coeficiente de variação experimental:

$$CV_e(\%) = \frac{\sqrt{[(0,75 \cdot \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2) / n] + \hat{\sigma}_c^2}}{\hat{m}} \cdot 100$$

k) Coeficiente de variação relativa:

$$CV_r = \frac{CV_{gp}}{CV_e}$$

l) Acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa:

$$r_{\hat{a}a} = \sqrt{\hat{h}_m^2}$$

n) Correlações entre idades: foram estimadas pelas equações de Lambeth, segundo Resende (2007), utilizando os modelos 105 e 102 do programa SELEGEN.

### 3. Resultados e discussão

As estimativas da variação genética para os caracteres DAP e ALT para as quatro idades do experimento estão apresentadas na Tabela 1.

Com base nos resultados de variação genética, as progênies foram analisadas como uma população. Dessa maneira as estimativas das variâncias e herdabilidades foram obtidas da maneira tradicional. Em média, as progênies de guapuruvu, obtiveram 2,3, 3,0 e 5,6 m de altura e 6,0, 7,5 e 11,0 cm de DAP, aos 14, 20 e 66 meses respectivamente. Os coeficientes de variação genética individual ( $CV_{gi}$  %), genotípica entre progênies ( $CV_{gp}$  %) e variação relativa ( $CV_r$  %) mostraram uma variabilidade genética restrita e muito influenciada pelo ambiente, mesmo em

condições onde os coeficientes de variação residual estão aceitáveis entre 12,8 e 26,2%, sendo um comportamento típico de caracteres poligênicos, sugerindo o uso de seleção recorrente e não individual para a espécie.

Ainda na Tabela 1, os coeficientes de herdabilidade ao nível individual foram maiores para altura (0,318, 0,012, 0,247, 0,390 e 0,012) em relação ao DAP (0,021, 0,024 e 0,015) aos 14, 20 e 66 meses respectivamente, sendo que valores semelhantes foram encontrados para herdabilidade aditiva dentro de parcelas. Já os resultados obtidos para herdabilidade ao nível de média de progênies para ALT (0,354, 0,012, 0,199, 0,272 e 0,015) e DAP (0,025, 0,026 e 0,012) foram de baixo a moderado. Mesmo para altura o coeficiente de herdabilidade não foi alto, mas permite melhores ganhos aumentando-se o número plantas selecionadas dentro de progênies. Dessa forma, permite um tamanho efetivo ( $N_e$ ) suficiente para uma seleção recorrente em futuras gerações. Comparando com os resultados obtidos com eucalipto, os coeficientes de herdabilidade para altura são baixos tanto para progênies como para indivíduos dentro de progênies, principalmente para o DAP (Moraes, 1987; Sampaio *et al.*, 2002; Garcia e Nogueira, 2005; Zimback *et al.*, 2011).

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade dentro de progênies foram de moderadas a baixas para os caracteres avaliados, variando de 0,009 a 0,324. Todos os parâmetros genéticos variaram com as diferentes idades estudadas para o caráter DAP. O coeficiente de herdabilidade média aos 20 e 66 meses de idade para a característica DAP foi baixo apresentando valores de 0,026 e 0,015 respectivamente. As herdabilidades no sentido restrito ao nível de plantas individuais foram de 0,024 e 0,012 e adentro foi de 0,018 e 0,009 para as idades de 20 e 66 meses. O coeficiente de variação genética ao nível de plantas foi moderado 3,04% para o caráter DAP e ALT 13,81 para a idade de 20 meses, já aos 66 meses os valores obtidos foram 2,82 para o caractere DAP e ALT 3,34. Os coeficientes de variação experimental ( $CV_e$  %) foram de 16,12% e 19,80 para o caractere DAP aos 20 e 66 meses, mostrando erros aceitáveis para experimentos de campo. Resultados estes que não estão de acordo com o estudo realizado por Freitas *et al.* (2008). Estes autores observaram variação genética para os caracteres quantitativos crescimento, sobrevivência e forma do fuste em progênies de *Gallesia integrifolia*, procedente de Alvorada do Sul (PR), na Estação Experimental de Luiz Antônio (SP) aos 20 anos de idade.

**Tabela 1**

Estimativa de parâmetros genéticos para o caráter diâmetro a altura do peito (DAP) e altura de plantas em testes de progênies de guapuruvu, avaliados aos 2, 7, 14, 20 e 66 meses de idade

Parâmetros genéticos	2	7	14 meses		20 meses		66 meses	
	meses ALT	meses ALT	DAP	ALT	DAP	ALT	DAP	ALT
$h^2_a$	0,318	0,012	0,021	0,247	0,024	0,390	0,012	0,015
$h^2_{mp}$	0,354	0,012	0,025	0,199	0,026	0,272	0,015	0,012
$h^2_{ad}$	0,260	0,009	0,016	0,198	0,018	0,324	0,009	0,011
$CV_{gi}$ %	10,97	2,26	3,13	11,72	3,04	13,81	2,82	3,34
$CV_{gp}$ %	5,48	1,13	1,57	5,86	1,52	6,90	1,41	1,67
$CV_e$ %	12,83	18,02	16,97	20,35	16,12	19,55	19,80	26,28
$CV_r$	0,43	0,06	0,09	0,29	0,09	0,35	0,07	0,063
<i>Média Geral</i>	0,70	1,10	6,15	2,30	7,53	3,0	11,84	5,60

Assim sendo, encontraram coeficientes de variação genética relativamente altos para os caracteres DAP (6,75%) e VOL (7,70%), moderado para ALT (3,47%) e baixo para forma do tronco (1,41%) e sobrevivência (0,54%).

A baixa herdabilidade média entre progênies observada para sobrevivência evidência um baixo controle genético dessa característica na população. Isto pode estar indicando que a espécie tem uma baixa taxa de endogamia, autofecundação ou cruzamento entre parentes e pode indicar que as árvores matrizes que deram origem às sementes utilizadas neste ensaio apresentam baixa carga genética, em termos de alelos letais (Tabela 2).

**Tabela 2**

Estimativas dos parâmetros genéticos para sobrevivência no teste de progênies de guapuruvu, avaliado aos 66 meses

Parâmetro genético	Sobrevivência
$h^2_a$	0,0108 ± 0,0220
$h^2_{mp}$	0,031
$CV_{gi}^{\%}$	0,846
$CV_e^{\%}$	8,070
$CV_r$	0,104
Média geral Log (x+10)	1,944
Média geral sem transformação	88,04 %

Foram obtidas também as correlações fenotípicas e genéticas entre ALT e DAP para todas as idades de medição (Tabela 3). Estas correlações podem ser consideradas boas correlações fenotípicas e variaram de 0,21 entre altura aos 2 meses e altura aos 66 meses até 0,91 entre as alturas aos 14 meses e 20 meses. As melhores correlações estão entre medidas realizadas aos 14 e 20 meses.

As correlações genéticas mostraram tendências semelhantes mostrando que valores entre 14 e 20 meses dentro do caráter DAP (0,88) e da ALT (0,91) são os valores mais altos sendo, portanto, os meses indicados para seleção precoce. Já para o caráter DAP está bem correlacionado com altura aos 14 meses (0,85) e um pouco menos aos 20 meses (0,74), podendo apresentar resposta correlacionada com a seleção no caráter altura, uma vez que a herdabilidade de DAP foi muito baixa.

Correlações fenotípicas e genéticas foram obtido por Sampaio *et al.* (2002) para *Pinus oocarpa* e *Araucaria angustifolia* (Sebbenn *et al.*, 2004), mostraram que o caráter DAP tem o mesmo comportamento em diversas espécies arbóreas de diversos gêneros e os dados obtidos estão em concordância com o que é observado na literatura.

**Tabela 3**

Correlações fenotípicas ( $r_f$ ) e genéticas ( $r_g$ ) entre os caracteres diâmetro a altura do peito (DAP) e altura de plantas (ALT) nas idades de 2, 7, 14, 20 e 66 meses

Variáveis	2 meses		7 meses		14 meses		20 meses		66 meses	
	ALT	ALT	DAP	ALT	DAP	ALT	DAP	ALT	DAP	ALT
2 meses										
ALT	-	0,489	0,527	0,580	0,475	0,514	0,434	0,213		
7 meses										
ALT	0,429	-	0,373	0,466	0,389	0,521	0,287	0,280		
14 meses										
DAP	0,585	0,433	-	0,819	0,907	0,737	0,539	0,467		
ALT	0,580	0,469	0,853	-	0,826	0,918	0,588	0,606		
20 meses										
DAP	0,537	0,412	0,902	0,841	-	0,851	0,596	0,601		
ALT	0,469	0,384	0,735	0,878	0,831	-	0,553	0,612		
66 meses										
DAP	0,338	0,256	0,469	0,460	0,535	0,475	-	0,538		
ALT	0,252	0,257	0,384	0,466	0,487	0,497	0,517			

#### 4. Conclusões

Existe variabilidade genética nas procedências, no entanto, os valores encontrados foram baixos para todas as características fenotípicas avaliadas. Os coeficientes de herdabilidade, tanto para ALT como para DAP, variaram com a idade. Os baixos valores de herdabilidade mostram haver grande influência ambiental nos caracteres estudados nas idades avaliadas. As correlações genotípicas no geral foram altas entre os caracteres ALT e DAP, sendo que a maior correlação ocorreu aos 14 meses (0,85).

#### 5. Referências bibliográficas

- Borém, A.; Miranda, G. 2009 Melhoria de Plantas. Editorial UFV. Viçosa, Brasil
- Carvalho, M.; Nascimento, I.; Carvalho, G. 2008. 5-Desoxiflavonóides e Lignina Isolados da Madeira de *Schizolobium parahyba* (Vell.) S.F. Blake (guapuruvu). Química Nova 31(6): 1349-1352.
- Carvalho, P.E.R. 2005. Guapuruvu. Circular Técnica Embrapa Florestas 104: 1-10.
- Coelho, R.R.P.; Silva, M.T.C.; Bruno, R.L.A.; Santana, J.A.S. 2006. Influência de substratos na formação de mudas de guapuruvu (*Schizolobium parahyba* (Vell. Blake). Revista Ciência Agronômica 37(2): 149-152.
- Freitas, M.L.M.; Sebbenn, A.M.; Zanatto, A.C.S.; Moraes, E.; Moraes, M.A. 2008. Variação genética para caracteres quantitativos em população de *Gallsia integrifolia* (Spreng.) Harms. Revista Instituto Florestal 20(2): 165-173.
- Freire, J.M.; Piña-Rodrigues, F.C.M.; De Lima, E.R.; Sodré, S.R.C.; Corrêa, R.X. 2007. Estrutura genética de populações de *Schizolobium parahyba* (Vell.) Blake (guapuruvu) por meio de marcadores RAPD. Scientia forestalis 74: 27-35.
- Fonseca, S.M.; Resende, M.D.V.; Alfenas, A.C.; Guimarães, L.M.S.; Assis, T.F.; Grattapaglia, D. 2010. Manual prático de melhoramento genético do eucalipto. Editorial UFV. Viçosa, Brasil.
- Garcia, C.H.; Nogueira, M.C.S.N. 2005. Utilização da metodologia REML/BLUP na seleção de clones de eucalipto. Scientia Forestalis 68: 107-112.
- Kageyama, P.Y.; Gandara, F.B.; Souza, L.M.I. 1998. Consequências genéticas da fragmentação sobre populações de espécies arbóreas. Serie Técnica IPEF 12: 65-70.
- Lorenzi, H. 1992. Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil. Editorial Plantarum. Nova Odessa, Brasil.
- Massaro, R.A.M.; Bonine, C.A.V.; Scarpinati, E.A.; Paula, R.C. 2010. Viabilidade de aplicação da seleção precoce em testes clonais de *Eucalyptus* spp. Ciência Florestal 20(4): 597-609.
- Moraes, M.L.T. 1987. Variação genética da densidade básica da madeira em progênies de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden e suas relações com as características de crescimento. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.
- Ortega, V.R.; Engel, V. L. 1992. Conservação da biodiversidade em remanescentes de Mata Atlântica na região de Botucatu-SP. Revista do Instituto Florestal 4(3): 839-852.
- Resende, M.D.V. 2007. Software Selegen-Reml/Blup. Editorial UFV, Colombo, Brasil.
- Sampaio, P.T.B.; Resende, M.D.V.; Araújo, A.J. 2002. Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus oocarpa* Schiede. Pesquisa Agropecuária Brasileira 37(5): 625-636.
- Sebbenn, A.M.; Pontinha, A.A.S.; Giannotti, E.; Kageyama, P.Y. 2004. Variação genética em cinco procedências de *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Ktze. no sul do Estado de São Paulo. Revista do Instituto Florestal 16(2): 91-99.
- Vencovsky, R. Genética quantitativa. In: Kerr, W. E. (org.). 1969. Melhoramento e Genética, Editorial Melhoramentos, São Paulo, Brasil.
- Zimback, L.; Mori, E.S.; Brizolla, T.F.; Chaves, R. 2011. Correlações entre caracteres silviculturais durante o crescimento de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. Revista do Instituto Florestal 23(14): 14-12.