

## PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE PROCEDÊNCIAS E PROGÊNIES DE ERVA-MATE NATIVA NO ESTADO DE MATO GROSSO DO SUL

Reginaldo Brito da Costa<sup>1</sup>, Marcos Deon Vilela de Resende<sup>2</sup>, Diego Tyszka Martinez<sup>1</sup>, Antonia Railda Roel<sup>3</sup>, Natasha Brianez Rodrigues<sup>1</sup>, Adriana Zanirato Contini<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Universidade Federal de Mato Grosso, Av. Fernando Corrêa da Costa, nº 2367, Bairro Boa Esperança. - 78060-900, Cuiabá, MT. E-mail: reg.brito.costa@gmail.com, diegotyszka@hotmail.com, natashabrianez@gmail.com, dricazc@hotmail.com

<sup>2</sup> Embrapa Florestas, Estrada da Ribeira, km 111, Caixa Postal 319, CEP 83411-000, Colombo, PR.

E-mail: marcos.deon@gmail.com

<sup>3</sup> Universidade Católica Dom Bosco, Avenida Tamandaré, nº 6000, Jardim Seminário, CEP 79117-900, Campo Grande, MS.

E-mail: arroel@ucdb.br

### RESUMO

O estudo objetivou estimar parâmetros genéticos e ganho com seleção precoce em procedências e progênies de erva-mate nativas, quanto aos caracteres de crescimento, subsidiando o programa de melhoramento genético da espécie no Estado de Mato Grosso do Sul (Brasil). As sementes foram coletadas de três procedências, com 25 matrizes de polinização aberta de cada procedência, nos municípios de Ponta Porã, Aral Moreira e Laguna Carapã, MS. Os testes foram instalados nos municípios de Tacuru, Amambai e Ponta Porã, sob delineamento de blocos ao acaso com 75 tratamentos e 5 repetições por local. Aos 2 anos de idade, as plantas foram avaliadas quanto aos caracteres altura, diâmetro do coleto e número de lançamentos foliares, usando-se a metodologia de modelo linear misto do software Selegen - Reml/Blup. A maior parte da variação genética encontra-se distribuída dentro das procedências. As herdabilidades individuais no sentido restrito para os caracteres estudados foram de altas magnitudes, indicando expressivo controle genético das progênies e progresso com seleção precoce. O programa de melhoramento genético pode ser conduzido em apenas um dos locais, tendo em vista a similaridade dos ambientes.

**Palavras-chave:** *Ilex paraguariensis*, variabilidade genética, ganho genético, modelo linear misto

### GENETIC PARAMETERS AND SELECTION OF NATIVE ERVA-MATE PROVENANCES AND PROGENIES IN MATO GROSSO DO SUL STATE

### ABSTRACT

The objective of this work was to estimate genetic parameters and gain through early selection of native erva-mate provenances and progenies regarding growth parameters and supporting the improvement program of this species in Mato Grosso do Sul State (Brazil). Seeds were collected from three provenances, having 25 open pollination parent trees from each provenance in the Ponta Porã, Aral Moreira and Laguna Carapã municipalities, MS. Trials were carried out in Tacuru, Amambai and Ponta Porã municipalities under a random blocks design with 75 treatments and 5 replications per site. When plants were two years old, they were evaluated for: height, diameter and number of foliar shoots. The mixed linear model method of Selegen - Reml/Blup was used to analyze the data. The greatest part of genetic variation was found within provenance. Strict sense individual heritability for the studied characteristics was of high magnitude, indicating expressive genetic control and progress with early selection. A

genetic improvement program can be carried out in only one of the three locations, since all environments were shown to be similar.

**Key words:** *Ilex paraguariensis*, genetic variability, genetic gain, linear mixed model

## INTRODUÇÃO

A erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.) é a espécie mais comum e utilizada do gênero e pertence à família Aquifoliaceae com cerca de 600 espécies. Dessas, 220 são nativas da América do Sul e 68 ocorrem no Brasil, principalmente na região sul (FERREIRA *et al.*, 1983; SCHERER, 1997; STURION & RESENDE, 2010) e em remanescentes florestais no sul do Estado do Mato Grosso do Sul (POTT & POTT, 2002). É uma espécie perene bastante apreciada em todo o Brasil na forma de bebidas, insumos para alimentos, produtos de uso e higiene pessoal.

A cultura é uma das melhores opções de geração de emprego e renda, especialmente entre os pequenos e médios produtores rurais. No Brasil a maior parte da produção é extrativista, demonstrando que a atividade ainda está muito dependente dos ervais nativos. Em 2009, no segmento do extrativismo vegetal, a erva-mate nativa ocupou a quarta colocação entre os produtos não madeireiros, com produção equivalente a 218 mil toneladas, o que representa R\$ 86,6 milhões (IBGE, 2010).

As estimativas de parâmetros e ganhos genéticos com seleção têm sido objeto de estudos em testes de progênies para diversas espécies nativas (GONÇALVES *et al.*, 2005 e FURLANI *et al.*, 2005 para a seringueira, FARIAS NETO & RESENDE, 2001 para a pupunha, CAMARGO *et al.*, 2010 para a castanha-do-Brasil, entre outros) e erva-mate (ROSSE & FERNANDES, 2002 e SIMEÃO *et al.*, 2002), porém ainda são escassas as informações disponíveis na literatura sobre procedências e progênies de erva-mate nativas, relacionadas à seleção precoce do

material genético, especialmente no Estado de Mato Grosso do Sul. Os estudos que envolvam a seleção na fase inicial do programa de melhoramento são importantes, constituindo-se em um procedimento eficiente para a maximização do ganho genético (ADAMS *et al.*, 2007), subsidiando o monitoramento das procedências e progênies ao longo do programa de melhoramento.

Nesse sentido, os testes de procedências e progênies são instrumentos importantes para estimação da variância entre procedências, de parâmetros genéticos, seleção de progênies e de indivíduos, com vistas a quantificar e maximizar os ganhos genéticos, além de permitir a utilização de procedimento de seleção adequado.

A utilização da metodologia Reml/Blup, desenvolvida para o melhoramento de plantas perenes tem maximizado os ganhos genéticos com seleção (RESENDE, 2002b; MISSIO *et al.*, 2005), por tratar-se de um procedimento estimativo, especialmente para dados desbalanceados, predizendo valores genéticos em testes de procedências e progênies.

O presente estudo objetivou estimar parâmetros genéticos e ganho com seleção precoce em procedências e progênies de erva-mate, quanto aos caracteres de crescimento de plantas nativas, subsidiando o programa de melhoramento da espécie, no Estado de Mato Grosso do Sul.

## MATERIAL E MÉTODOS

As sementes de erva-mate foram coletadas nos municípios de Ponta Porã (23°32'30" S e 55°37'30" W), Aral Moreira (22°56'02" S e 55°38'07" W) e Laguna

Carapã (22°32'47" S e 55°08'59" W), localizados em área de fronteira entre Brasil e Paraguai, na região sul do Estado de Mato Grosso do Sul, as quais foram denominadas procedências. De cada procedência, foram coletadas sementes de 25 matrizes nativas de polinização aberta.

O testes de procedências e progênes foram instalados nos municípios de Tacuru, Amambai e Ponta Porã, no estado de Mato Grosso do Sul (Tabela 1), em agosto de 2009, sob delineamento de blocos ao acaso com 75 tratamentos (25 progênes de cada local), 5 repetições e 10 plantas por parcela em linhas simples, no espaçamento 3 m x 2 m. O preparo do solo foi realizado utilizando-se aração e gradagem, com limpezas e controle manual de plantas invasoras após o estabelecimento do experimento.

Aos 2 anos de idade, as progênes foram avaliadas quanto aos caracteres: altura total das mudas expressas em centímetros (ALT); diâmetro do coleto expresso em milímetros (DC) e, número de lançamentos foliares (NF).

As variáveis foram analisadas usando-se a metodologia de modelo linear misto univariado aditivo do software Selegen - Reml/Blup (restricted maximum likelihood-best linear unbiased prediction) apresentado por Resende (2002a), cujo modelo consistiu do seguinte:

$y = Xb + Za + Wc_1 + Qr + Uc_2 + e$ , em que:  
 $y$ ,  $b$ ,  $a$ ,  $c_1$ ,  $r$ ,  $c_2$ ,  $e$ : vetores de dados, dos efeitos de repetição somados à média geral, dos efeitos genéticos aditivos individuais, dos efeitos de parcela, dos efeitos de população ou procedência, dos efeitos da interação genótipos x ambientes e de erros ou resíduos respectivamente.

**Tabela 1.** Detalhamento dos municípios de coleta dos dados das procedências e progênes nos municípios de Tacuru, Amambai e Ponta Porã, no Estado de Mato Grosso do Sul.

Variáveis Descritivas	Municípios		
	Tacuru	Amambai	Ponta Porã
Altitude (m)	372	480	755
Classificação climática de Köppen	Aw	Aw	Aw
Umidade relativa média (%)	60	60	60
Latitude	23°37'57" S	23°06'15" S	23°32'30" S
Longitude	55°00'57" W	55°13'33" W	55°37'30" W
Temperatura média anual (°C)	21	22	20
Precipitação média anual (mm)	1.500	1.400	1.660
Classe de solo	Neossolo Quartzarênico com manchas de Latossolo Vermelho	Latossolo Vermelho	Latossolo Vermelho

X, Z, W, Q e U: matrizes de incidência para os respectivos efeitos.

As equações de modelo misto foram:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'Q & X'U \\ Z'X & Z'Z+A^{-1}\lambda_1 & Z'W & Z'Q & Z'U \\ W'X & W'Z & W'W+\lambda_2 & W'Q & W'U \\ Q'X & Q'Z & Q'W & Q'Q+\lambda_3 & Q'U \\ U'X & U'Z & U'W & U'Q & U'U+\lambda_4 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{c}_1 \\ \hat{r} \\ \hat{c}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ Q'y \\ U'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1-h^2-c_1^2-r^2-c_2^2}{h^2};$$

$$\lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{c_1}^2} = \frac{1-h^2-c_1^2-r^2-c_2^2}{c_1^2};$$

$$\lambda_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_r^2} = \frac{1-h^2-c_1^2-r^2-c_2^2}{r^2};$$

$$\lambda_4 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{c_2}^2} = \frac{1-h^2-c_1^2-r^2-c_2^2}{c_2^2}.$$

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_{c_1}^2 + \sigma_r^2 + \sigma_{c_2}^2 + \sigma_e^2}, \text{ herdabilidade individual no sentido restrito.}$$

$$c_1^2 = \frac{\sigma_{c_1}^2}{\sigma_a^2 + \sigma_{c_1}^2 + \sigma_r^2 + \sigma_{c_2}^2 + \sigma_e^2} : \text{ coeficiente de determinação dos efeitos da parcela.}$$

$$r^2 = \frac{\sigma_r^2}{\sigma_a^2 + \sigma_{c_1}^2 + \sigma_r^2 + \sigma_{c_2}^2 + \sigma_e^2} : \text{ coeficiente de determinação dos efeitos de procedências ou populações.}$$

$$c_2^2 = \frac{\sigma_{c_2}^2}{\sigma_a^2 + \sigma_{c_1}^2 + \sigma_r^2 + \sigma_{c_2}^2 + \sigma_e^2} : \text{ coeficiente de determinação dos efeitos da interação progênes x ambientes.}$$

O estimador iterativo dos componentes de variância por REML via algoritmo EM foram:

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{b}'X'y - \hat{a}'Z'y - \hat{c}_1'W'y - \hat{r}'Q'y - \hat{c}_2'U'y]/[N-r(x)]$$

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

$$\hat{\sigma}_{c_1}^2 = [\hat{c}_1'\hat{c}_1 + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}C^{33}]/s_1$$

$$\hat{\sigma}_r^2 = [\hat{r}'\hat{r} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}C^{44}]/t$$

$$\hat{\sigma}_{c_2}^2 = [\hat{c}_2'\hat{c}_2 + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}C^{55}]/s_2, \text{ em que:}$$

q, s<sub>1</sub>, t e s<sub>2</sub>, número de indivíduos, de parcelas, de procedências e de combinações progênes x ambientes, respectivamente.

$\hat{\sigma}_a^2$ , variância genética aditiva livre da interação G x E;

$\hat{\sigma}_r^2$ , variância genotípica entre procedências;

$\hat{\sigma}_{c1}^2$ , variância entre parcelas;

$\hat{\sigma}_{c2}^2$ , variância da interação progênes x ambientes

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

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

$$r_{gloc} = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_a^2 + 4\hat{\sigma}_{c2}^2}, \text{ correlação genotípica entre o desempenho das progênes nos vários locais;}$$

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

As herdabilidades individuais no sentido restrito para os caracteres estudados foram altas, o que demonstra expressivo controle genético e, conseqüentemente, possibilidades de sucesso com a seleção (Tabela 2). Valores moderados de herdabilidade individual para caracteres de crescimento em populações autóctones de erva-mate foram encontrados por Costa *et al.* (2009) no Estado de Mato Grosso do Sul e valores moderados e altos na região sul do país (ROSSE & FERNANDES, 2002; SIMEÃO *et al.*, 2002).

As correlações genotípicas através dos locais relacionam o desenvolvimento e o comportamento das progênes em diferentes ambientes. As correlações genotípicas das progênes nos três ambientes foram altas para os três caracteres avaliados, indicando que a classificação das progênes através dos ambientes é semelhante. Estes resultados são corroborados pelos baixos valores da variância da interação progênes x ambientes que, da mesma forma, indicam maior similaridade do desempenho dos genótipos nos três ambientes. Os resultados demonstram que uma única estratégia de melhoramento por característica poderá ser adotada em apenas um dos locais, embora a

altitude do município de Ponta Porã seja maior que a dos municípios de Tacuru e Amambai.

A magnitude dos coeficientes de variação genética individual (CVgi%), considerando a idade precoce que os genótipos foram avaliados, sugerem boas perspectivas para a seqüência do programa de melhoramento para o caráter número de lançamentos foliares. Os dados obtidos são condizentes àqueles encontrados por Costa *et al.*, (2005). A idade avaliada de forma precoce pode ter contribuído na baixa expressão genética dos caracteres diâmetro e altura nesta fase do desenvolvimento das plantas. As variâncias estimadas para o efeito de procedências demonstram que há pouca variabilidade genética entre elas, sendo de 3,38% para altura, 2,50% para diâmetro e 7,05% para número de lançamentos foliares.

A estimativa dos efeitos genéticos e do ganho genético com a seleção (Tabela 3) apresentou pouca variação entre procedências, o que pode ter sido causado pela proximidade dos locais de coleta ou ainda pela possibilidade de serem populações com certo grau de endogamia. Apesar disso, destacou-se a procedência Ponta Porã, com maior diâmetro e número de lançamentos foliares, na média geral. Neste caso, a maior variabilidade genética

**Parâmetros genéticos e seleção de procedências e progênies de erva-mate nativa no estado de Mato Grosso do Sul**

está dentro de procedências, o que não compensaria esforços futuros na coleta destas fontes de sementes, considerando-se os três locais como uma única procedência.

A continuidade do monitoramento da variabilidade genética em idades mais avançadas oferecerá subsídios para delinear estratégias a serem adotadas ao longo do programa de melhoramento genético da erva-mate nativa do Estado de Mato Grosso do Sul.

Em relação aos locais de estudo, através dos valores genéticos preditos, nota-

se a predominância de melhores desempenhos das progênies em Ponta Porã para os caracteres diâmetro e número de lançamentos foliares (Tabela 4). Para o caráter altura, Amambai apresentou resultados expressivos, especialmente para a progênie 25. Simeão *et al.*, (2002) enfatizam que os valores genéticos preditos em relação a todos os indivíduos candidatos possibilitam estabelecer a melhor estratégia para o aumento da eficiência do melhoramento.

**Tabela 2.** Análise conjunta dos três municípios (Tacuru, Amambai e Ponta Porã) para procedências e progênies, referentes aos caracteres altura - ALT (cm), diâmetro - DC (mm), e nº de lançamentos foliares - NF em erva-mate, aos 2 anos de idade, no Estado de Mato Grosso do Sul.

Estimativas <sup>1</sup>	Caracteres		
	ALT	DC	NF
$\hat{h}^2$	0,53 ± 0,11	0,44 ± 0,10	0,38 ± 0,09
$\hat{\sigma}_a^2$	0,31	0,03	0,59
$\hat{\sigma}_{c1}^2$	0,07	0,11	0,07
$\hat{\sigma}_e^2$	0,18	0,02	0,70
$\hat{\sigma}_f^2$	0,59	0,16	1,56
$\hat{\sigma}_r^2$	0,02	0,004	0,11
$\hat{\sigma}_{c2}^2$	0,007	0,0008	0,017
$r_{gloc}$	0,70	0,75	0,77
Média geral	34,59	20,49	12,23
CV <sub>gi</sub> (%)	1,62	0,88	6,28

<sup>1</sup> Herdabilidade individual no sentido restrito no bloco ( ), variância genética aditiva ( ), variância ambiental entre parcelas ( ), variância residual dentro de parcela (ambiental + não aditiva ( ), variância fenotípica individual ( ), variância de procedência ( ), variância da interação progênies x ambientes ( ), correlação genotípica através dos locais ( ), média geral e coeficiente de variação genética individual (CV<sub>gi</sub>%).

**Tabela 3.** Efeito genético aditivo (g), valores genéticos (u+g), ganho e nova média das procedências, na análise conjunta dos três municípios (Tacuru, Amambai e Ponta Porã), quanto aos caracteres altura, diâmetro, e número de lançamentos foliares, no Estado de Mato Grosso do Sul.

Caráter	Procedências	Efeito Genético Aditivo (g)	Valores Genéticos (u+g)	Ganho genético	Nova Média da População
Altura (cm)	Ponta Porã	0,072	34,665	0,072	34,665
	Laguna Carapã	0,060	34,650	0,066	34,657
	Aral Moreira	-0,144	34,445	0,000	34,593
Diâmetro (mm)	Ponta Porã	0,062	20,552	0,062	20,552
	Laguna Carapã	0,0006	20,490	0,031	20,521
	Aral Moreira	-0,063	20,427	0,000	20,490
Número de Lançamentos Foliares	Ponta Porã	0,3409	12,570	0,341	12,569
	Laguna Carapã	0,096	12,3236	0,218	12,446
	Aral Moreira	-0,436	11,791	0,000	12,228

**Tabela 4.** Melhores progênies, para os caracteres altura (cm), diâmetro (mm) e número de lançamentos foliares de erva-mate, aos 2 anos de idade, nos municípios de Tacuru (1), Amambai (2) e Ponta Porã (3), no Estado de Mato Grosso do Sul.

Bloco	Local	Progênie	Árvore	Valores fenotípicos	Valores genéticos (u + a)	Ganho genético (%)	Nova Média	Acurácia Seletiva
Altura (cm)								
1	2	25	1	37,300	36,087	4,328	36,087	
3	3	18	2	37,100	36,041	4,261	36,064	
1	3	4	1	37,500	35,844	4,050	35,991	
1	2	10	3	37,300	35,821	3,926	35,948	
5	1	4	1	36,400	35,801	3,848	35,921	
5	2	24	3	36,400	35,811	3,790	35,901	
2	2	25	1	36,400	35,779	3,738	35,883	
1	3	16	3	37,000	35,778	3,700	35,870	
2	2	21	3	36,700	35,745	3,660	35,856	
4	2	13	4	36,400	35,740	3,602	35,836	0,81
Diâmetro (mm)								
1	3	16	2	23,180	21,627	5,549	21,627	
1	3	4	1	21,780	21,012	4,051	21,320	
3	3	21	2	21,180	20,905	3,377	21,182	
2	3	21	1	21,180	20,893	3,021	21,109	
4	3	4	2	21,280	20,875	2,796	21,063	
4	3	21	4	21,080	20,868	2,635	21,030	
3	3	21	1	21,080	20,859	2,518	21,006	
4	3	6	2	21,180	20,856	2,426	20,987	
5	3	19	1	21,180	20,854	2,352	20,972	
4	3	18	3	21,180	20,853	2,294	20,960	0,79

**Parâmetros genéticos e seleção de procedências e progênes de erva-mate nativa no estado de Mato Grosso do Sul**

Continuação...

Bloco	Local	Progênie	Árvore	Valores fenotípicos	Valores genéticos (u + a)	Ganho genético (%)	Nova Média	Acurácia Seletiva
Número de lançamentos foliares								
2	3	9	1	18,000	14,882	21,709	14,885	
5	2	24	1	17,000	14,249	19,133	14,570	
5	3	24	1	16,000	14,170	18,038	14,436	
3	3	23	4	16,000	14,155	17,465	14,366	
1	3	9	1	16,000	14,060	16,975	14,306	
1	3	9	2	16,000	14,060	16,639	14,265	
2	3	23	1	16,000	14,040	16,378	14,233	
2	3	23	4	16,000	14,040	16,182	14,209	
3	3	18	4	16,000	14,000	16,075	14,196	
4	3	7	1	16,000	13,964	15,814	14,164	0,79

Os ganhos genéticos estimados com a seleção dos melhores indivíduos para os caracteres variaram de 3,60 a 4,23% para altura, 2,29 a 5,55% para diâmetro e 15,81 a 21,71% para número de lançamentos foliares. A seleção dos 10 melhores indivíduos elevou a nova média da população para, no mínimo, de 34,59 cm a 35,83 cm, de 20,49 mm a 20,96 mm e de 12,23 a 14,16 para altura, diâmetro e número de lançamentos foliares, respectivamente.

Os valores de acurácia seletiva correspondentes aos três caracteres analisados foram superiores a 79%. Isto, associado às elevadas correlações genotípicas através dos locais reforçam uma condição muito favorável para o programa de melhoramento genético da erva-mate na região.

### CONCLUSÕES

As herdabilidades individuais obtidas demonstram expressivo controle genético a ser explorado na seleção.

A maior parte da variação genética encontra-se distribuída dentro das procedências.

A seleção precoce dos melhores genótipos proporciona ganhos substanciais

para o caráter número de lançamentos foliares.

O programa de melhoramento genético pode ser conduzido em apenas um dos locais, tendo em vista a similaridade dos ambientes.

### AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem à Empresa ervateira Santo Antônio pelo apoio logístico durante o estabelecimento do experimento nas fases de viveiro e campo, bem como ao CNPq pelas bolsas concedidas.

### REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ADAMS, J.P.; ROUSSEAU, R.J.; ADAMS, J.C. 2007. Genetic performance and maximizing genetic gain through direct and indirect selection in cherrybark oak. *Silvae Genetica*, v. 56, n. 2.
- CAMARGO, F.F.; COSTA, R.B.; RESENDE, M.D.V.; ROA, R.A.R.; SANTOS, L.V.; FREITAS, A.C.A. 2010. Variabilidade genética para caracteres morfométricos de matrizes de castanha-do-brasil da Amazônia Matogrossense. *Acta Amazonica*, v.40, n.4, 705-710.



- COSTA, R.B.; RESENDE, M.D.V.; ROA, R.A.R. ; BUNGENSTAB, D.J.; MARTINS, W.J.; ROEL, A.R. 2009. Melhoramento genético de erva-mate nativa do Estado de Mato Grosso do Sul. **Bragantia**, v. 68, n.3, p. 611-619.
- COSTA, R.B.; RESENDE, M.D.V.; CONTINI, A.Z.; REGO, F.L.H.; ROA, R.A.R.; MARTINS, W.J. 2005. Avaliação genética dentro de indivíduos de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.), na região de Caarapó, MS, pelo procedimento REML/BLUP. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v.15, n.4, p.371-376.
- FARIAS NETO, J.T.; RESENDE, M.D.V. 2001. Aplicação da metodologia de modelos mistos (Reml/Blup) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes*). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.23,n.2, p.320-324.
- FERREIRA, A.G.; KASPARY, R.; FERREIRA, H.B.; ROSA, L.M. 1983. Proporção de sexo e polinização em *Ilex paraguariensis* St. Hil. **Brasil Florestal**, n.53, p. 29-33.
- FURLANI, R.C.M.; MORAES, M.L.T.; RESENDE, M.D.V.; FURLANI JUNIOR, E.; GONÇALVES, P.S.; VALÉRIO FILHO, W.V.; PAIVA, J.R. 2005. Estimation of variance components and prediction of values in rubber tree breeding using the Reml/Blup procedure. **Genetics and Molecular Biology**, v.28, n.2, p.271-276.
- GONÇALVES, P.S.; MORAES, M.L.T.; BORTOLETTO, N.; COSTA, R.B.; GONÇALVES, E.C.P. 2005. Genetic variation in growth traits rubber trees (*Hevea brasiliensis*) growing in the Brazilian State of São Paulo. **Genetics and Molecular Biology**, v.28, n.4, p.765-772.
- IBGE. **Produção da extração vegetal e da silvicultura em 2009**. 2010. Rio de Janeiro: Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística, v. 24, p. 1-45.
- MISSIO, R.F.; SILVA, A.M.; DIAS, L.A.S.; MORAES, M.L.T.; RESENDE, M.D.V. 2005. Estimates of genetic parameters and prediction of additive genetic values in *Pinus kesyia* progenies. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.5, p.394-401.
- POTT, A.; POTT, V. Espécies de fragmentos florestais em Mato Grosso do Sul. 2003. In: COSTA, R.B. (Org.). **Fragmentação florestal e alternativa de desenvolvimento rural na região Centro-Oeste**. Campo Grande: UCDB, p. 26-52.
- RESENDE, M.D.V. 2002a. **Software Selegem-REML/BLUP**. Colombo: Embrapa Florestas, 67p.
- RESENDE, M.D.V. 2002b. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 975p.
- ROSSE, L.N.; FERNANDES, J.S.C. 2002. Escolha de caracteres para o melhoramento genético em erva-mate por meio de técnicas multivariadas. **Ciência Florestal**, v.12, n.1, p.21-27.
- SCHERER, R. A. 1997. **Early selection of yerba mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.) in Argentina**. Bonn: Rheinischen Friedrich-Wilhelms- Universität, 58p.

SIMEÃO, R.M.; STURION, J.A.; RESENDE, M.D.V. 2002. Avaliação genética em erva-mate pelo procedimento BLUP individual multivariado sob interação genótipo x ambiente. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, n.11, p.1589-1596, nov.

STURION, J.A.; RESENDE, M.D.V. 2010. Melhoramento genético da erva-mate. Colombo: Embrapa Florestas, v. 1. 274 p.