

AValiação GENÉTICA E FENOTÍPICA DO DESEMPENHO PRODUTIVO DE CULTIVARES DE SERINGUEIRA NA REGIÃO NOROESTE PAULISTA

Ligia Regina Lima Gouvêa¹, Elaine Cristine Piffer Gonçalves², Ivana Marino Bárbaro², Antônio Lúcio Mello Martins³, José Antônio Alberto da Silva²

¹Instituto Agronômico (IAC), Av. Barão de Itapura, 1.481, Botafogo, 13020-902, Campinas, SP, Brasil, ligia.gouvea@sp.gov.br; ²Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios, Departamento de Descentralização do Desenvolvimento, Pólo Regional de Desenvolvimento Tecnológico dos Agronegócios da Alta Mogiana - CP 35, 15830-000 Colina, SP, Brasil, e-mails: elaine.piffer@sp.gov.br; ivana.torneli@sp.gov.br; joasilva@sp.gov.br; ³Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios, Departamento de Descentralização do Desenvolvimento, Pólo Regional de Desenvolvimento Tecnológico dos Agronegócios do Centro Norte - CP 24, Rod. Washington Luiz, km. 372 Rural, 15830-000 - Pindorama, SP - Brasil, almartins@sp.gov.br

O objetivo deste estudo foi realizar a avaliação genotípica e a fenotípica do desempenho de produção de borracha de cultivares de seringueira na região Noroeste Paulista. O experimento foi instalado sob delineamento de blocos ao acaso, com três repetições e dez plantas por parcela, no espaçamento 8 m entre linhas e 2,5 m entre plantas. Os tratamentos utilizados foram oito cultivares (PM 10, PR 255, PB 291, IAC 400, IAC 402, IAC 403, IAC 404, IAC 405) e duas testemunhas (RRIM 600 e GT 1). A avaliação da produção de borracha foi realizada a partir do sétimo ano, por duas safras. A idade do seringal no período de avaliação da produção de borracha correspondeu a sete/oito anos e oito/nove anos, respectivamente. Para estimar os parâmetros genéticos e fenotípicos das análises individuais e conjunta dos dois anos de produção foi utilizado o procedimento de modelo linear misto Reml/Blup (Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Predição Linear não Viesada). Nos dados fenotípicos, os clones IAC 404, IAC 405, PB 291, PM 10, IAC 403 e IAC 400 superaram a testemunha RRIM 600 em 141%, 139%, 122%, 120%, 106% e 102%, respectivamente. Os quatro melhores clones em valores genotípicos foram IAC 404, IAC 405, PB 291 e PM 10. As médias preditas com a seleção foram: 21,27 %, 20,48 %, 16,26 % e 13,91%, superiores à média do experimento, respectivamente. O plantio diversificado com clones produtivos é uma alternativa para aumentar a produtividade dos cultivos comerciais de seringueira e consequentemente o lucro do produtor.

Palavras-chave: Diversificação clonal, parâmetros genéticos e fenotípicos, produção de borracha, seleção.

Genetic and phenotypic evaluation of the productive performance of rubber tree cultivars in the Northwest Region of São Paulo.

This study aimed to perform the genotypic and phenotypic evaluation of the rubber production performance of rubber tree cultivars in the Northwest region of São Paulo. The experiment was evaluated in a randomized block design, with three replications and ten plants per plot, with a spacing of 8m between rows and 2.5m between plants. The treatments used were eight cultivars (PM 10, PR 255, PB 291, IAC 400, IAC 402, IAC 403, IAC 404, IAC 405) and two controls (RRIM 600 and GT 1). The evaluation of rubber production was carried out from the seventh year onwards, for two harvests. The age of the rubber plantation in the rubber production evaluation period corresponded to seven/eight years and eight/nine years, respectively. To estimate the genetic and phenotypic parameters of the individual and joint analyses of the two years of production, the Reml/Blup (Restricted Maximum Likelihood/Best Unbiased Linear Prediction) procedure was used. In the phenotypic data, the clones IAC 404, IAC 405, PB 291, PM 10, IAC 403 and IAC 400 outperformed the control RRIM 600 by 141%, 139%, 122%, 120%, 106% and 102%, respectively. The four best clones in genotypic values were IAC 404, IAC 405, PB 291 and PM 10. The averages predicted with their selection were: 21.27%, 20.48%, 16.26% and 13.91%, higher than the experiment average, respectively. Diversified planting with productive clones is an alternative to increase the productivity of commercial rubber tree crops and consequently the producer's profit.

Key words: Clonal diversification, genetic and phenotypic parameters, rubber production, selection.

Introdução

A seringueira [*Hevea brasiliensis* (Willd. ex. A.D. Juss. Müell-Arg.)] é uma espécie de grande importância, por ser a principal fonte de borracha natural. No Brasil, o estado de São Paulo é o maior produtor de borracha natural, atingindo 60,5% da produção nacional, em 2023 (IBGE, 2025). O clone mais cultivado em terras paulistas é o clone malaio RRIM 600 (Santanna et al., 2021; Lopes et al., 2022). Esse clone foi introduzido no estado na década de 1950, pelo Instituto Agrônomo (IAC) e é cultivado em vastas áreas, situação que oferece risco de vulnerabilidade genética no caso de praga ou doença que se adapte ao clone (Gonçalves & Marques, 2014).

No Brasil, há dezenas de cultivares (clones) de seringueira obtidos no país e registrados no Ministério da Agricultura (CultivarWeb, 2024), aptos para comercialização. O Instituto Agrônomo (IAC) vem desenvolvendo há décadas um programa de melhoramento genético da seringueira para o Estado de São Paulo. Entre os cultivares obtidos pelo IAC, há vários que apresentaram desempenho produtivo superior ao clone RRIM 600 (Gonçalves et al., 1999, 2001, 2002, 2006, 2007 e 2011) e, também, clones tolerantes às doenças que ocorrem na seringueira (Antonio et al., 2021, Gonçalves et al. 2002 e 2000). Esses clones podem ser utilizados para diversificar o cultivo de seringueira.

A validação agrônoma de cultivares em área de produtor é uma das estratégias de pós-melhoramento genético que pode potencializar a adoção de cultivares de programa de melhoramento genético (Zacharias et al., 2020). Além disso, o uso diversificado de cultivares produtivos de seringueira em plantios comerciais, pode contribuir para um cultivo mais eficiente. Dessa forma, o objetivo desse trabalho é fazer a avaliação genotípica e fenotípica do desempenho de produção de borracha de cultivares de seringueira.

Material e Métodos

O experimento é composto por 10 tratamentos, sendo oito cultivares (PM 10, PR 255, PB 291, IAC 400, IAC 402, IAC 403, IAC 404, IAC 405) e duas testemunhas (RRIM 600 e GT 1). A genealogia desses clones é descrita em Gonçalves et al. (2021). O

experimento foi conduzido em área comercial no município de Pontes Gestal, Região Noroeste do Estado de São Paulo, com coordenadas geográficas 20° 12' 03" S; 49° 39' 03" W. O solo é do tipo Argissolo vermelho amarelo, textura argilosa. O experimento foi instalado sob o delineamento de Blocos ao Acaso, com três repetições e dez plantas por parcela, no espaçamento 8 m entre linhas e 2,5 m entre plantas.

A avaliação da produção de borracha foi realizada a partir do sétimo ano. As safras 1 e 2 são referentes às idades de sete/oito e oito/nove anos, respectivamente. Foi utilizado o sistema de sangria, $\frac{1}{2}$ S d/4 5d/7 ET 2,5% nos dois anos (duas safras), no qual $\frac{1}{2}$ S corresponde a sangria em meio espiral, d/4 sangrias realizadas a cada quatro dias e 5d/7 corresponde ao período de sangrias em 5 dias da semana e ET 2,5% refere-se à estimulação de Etefon a 2,5%. O registro da produção foi efetuado pelo látex coagulado, pesado a cada ciclo de coleta. O total anual de borracha foi dividido pelo número de árvores e pelo número de sangrias (52 cortes na primeira safra e 63 na segunda safra). Houve 5 e 7 coletas, respectivamente. Para cada coleta, o conteúdo de borracha seca (DRC) foi analisado na usina de beneficiamento e utilizado para converter a borracha fresca em borracha seca. O resultado final foi expresso em gramas de borracha seca, por árvore, por sangria ($g\ s^{-1}\ a^{-1}$). As análises estatísticas foram realizadas utilizando os dados médios de produção de borracha em $g\ s^{-1}\ a^{-1}$, por parcela.

Para estimar os parâmetros genéticos e fenotípicos das análises individuais e conjuntas dos dados de produção de borracha foi utilizado o procedimento de modelo linear misto Reml/Blup (Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Predição Linear não Viesada), conforme descrito em Resende (2007). As análises foram realizadas utilizando o programa Selegen Reml/Blup. O modelo 20 foi utilizado nas análises individuais e o modelo 29 na análise conjunta entre anos.

As análises individuais foram analisadas pelo modelo:

$$y = X_r + Z_g + e$$

em que: y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumido como fixo) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatório), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatório). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Os parâmetros genéticos estimados na análise individual foram:

$\hat{\sigma}_g^2$ = variância genotípica;

$\hat{\sigma}_{amb}^2$ = variância ambiental;

$\hat{\sigma}_f^2$ = variância fenotípica;

$(\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_{amb}^2); \hat{h}_g^2$ = herdabilidade no sentido amplo;

\widehat{AC}_{clone} = Acurácia de clones;

$CV_{gi} \%$ = coeficiente de variação genotípica e

$CV_e \%$ = coeficiente de variação residual.

Para estimar os parâmetros da análise conjunta dos dois anos de produção e prever as médias com a seleção dos melhores clones, os dados foram analisados pelo modelo utilizado na análise da interação clones x safras. Esse modelo é expresso pela equação:

$$y = X_m + Z_g + W_p + e$$

Em que: y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações safras-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (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. O vetor m contempla todas as safras em todas as repetições e ajusta simultaneamente para os efeitos de repetições, safras e interação repetições x medições.

Os parâmetros estimados na análise conjunta foram:

$\hat{\sigma}_g^2$ = variância genotípica;

$\hat{\sigma}_{perm}^2$ = variância de ambiente permanente;

$\hat{\sigma}_{amb}^2$ = variância ambiental;

$\hat{\sigma}_f^2$ = variância fenotípica;

$(\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_{perm}^2 + \hat{\sigma}_{amb}^2) e \hat{h}_g^2$ = herdabilidade no sentido amplo.

A significância em relação ao efeito de clones na análise conjunta foi verificada sobre os valores da razão da máxima verossimilhança [LTR (χ^2)] da análise de

deviance (Resende, 2016). A classificação da herdabilidade seguiu o critério de Resende (2002) e a classificação da acurácia o critério de Resende e Duarte (2007).

Resultados e Discussão

Nas médias de produção de borracha (Tabela 1), verifica-se que os clones IAC 404, IAC 405, PB 291, PM 10, IAC 403 e IAC 400 superaram a testemunha RRIM 600 em 141%, 139%, 122%, 120%, 106% e 102%, respectivamente. A superioridade dos clones IAC 400, IAC 403 e IAC 405 sobre o RRIM 600 já tinha sido verificada em Jaú (Gonçalves et al., 2007). Esses valores superiores mostraram a vantagem do plantio diversificado com cultivares produtivos sobre a média obtida com o clone comercial RRIM 600.

Na análise individual por ano, a variância ambiental ($\hat{\sigma}_{amb}^2$) foi o componente de variação que mais contribuiu para variância fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) (Tabela 2). No primeiro ano, a variância ambiental ($\hat{\sigma}_{amb}^2$) foi equivalente à 55,83% da variação fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) e a variância genética ($\hat{\sigma}_g^2$) equivalente à 44,06%. Já, no segundo ano, foram equivalentes à 64,51% e 35,94%, respectivamente. As herdabilidades no sentido amplo (\hat{h}_g^2) foram médias e as acurácias (\widehat{AC}_{clone}) altas. A acurácia é o parâmetro que indica a confiabilidade da predição de dados (Resende e Duarte, 2007). Os valores estimados do coeficiente de variação genética

Tabela 1. Produção média de borracha seca em gramas por árvore por sangria ($g \cdot a^{-1} \cdot s^{-1}$) e desvio padrão de dois ensaios com dez clones avaliados em Pontes Gestal, SP.

Clones	Ano 1	Ano 2	Média		
	Média	Média	($g \cdot a^{-1} \cdot s^{-1}$)	% em relação à Testem.	Ordem
PM 10	40,62 ± 12,38	28,61 ± 6,13	34,61	120	4
PR 255	24,84 ± 1,24	24,86 ± 5,37	24,85	86	10
PB 291	31,97 ± 1,89	38,21 ± 6,43	35,09	122	3
IAC 400	32,55 ± 2,06	26,35 ± 3,89	29,45	102	6
IAC 402	29,04 ± 5,35	22,78 ± 6,29	25,91	90	9
IAC 403	32,58 ± 4,20	28,42 ± 6,79	30,50	106	5
IAC 404	45,36 ± 5,49	36,08 ± 5,08	40,72	141	1
IAC 405	43,03 ± 11,40	37,11 ± 8,92	40,07	139	2
RRIM 600*	32,01 ± 1,35	25,72 ± 3,79	28,87	100	7
GT 1*	30,88 ± 0,97	24,64 ± 2,24	27,76	96	8

*Testemunhas

(CV_{gi} %) são condizentes com o que foi já observado na avaliação da produção de borracha de 23 clones (Gouvêa et al., 2010). Isso é uma condição favorável, considerando que a variação observada está ocorrendo, também, por causas genéticas. Os coeficientes de variação experimental no primeiro e segundo anos estão dentro da faixa de variação que já foi observada entre clones de seringueira (Gonçalves et al., 2007 e 2002).

O coeficiente de correlação genotípica ($r = 0,7659^{**}$) foi superior ao de correlação fenotípica ($r = 0,4885$) na comparação entre os dois anos. A magnitude maior e significativa da correlação genotípica indica que há associação entre os caracteres de um ano para o outro devido a fatores genéticos.

Os parâmetros genéticos e fenotípicos estimados na análise conjunta dos dois anos de produção de borracha são apresentados na Tabela 3. A variância ambiental ($\hat{\sigma}_{amb}^2$) foi a que mais contribuiu para variação fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$), sendo equivalente a (51,03%), semelhante ao que foi observado nas análises individuais por ano (Tabela 1). A variância do efeito ambiental permanente ($\hat{\sigma}_{perm}^2$) foi equivalente a 11% da variação fenotípica. Os valores estimados das herdabilidade no sentido amplo (\hat{h}_g^2) foram médios, conforme observado nas análises individuais. A significância de clones nessa análise de deviance ([LTR (χ^2)] indica possibilidade de seleção de clones que representem os dois anos.

A seleção dos melhores clones foi realizada comparando os valores genotípicos (u+g) (Tabela 4). O melhor clone foi o IAC 404, com média predita de 38,54 g s⁻¹ a⁻¹. A seleção desse clone promove um aumento na média geral do experimento de 21,27%. Os quatro melhores clones em valores genotípicos foram (IAC 404, IAC 405, PB 291 e PM 10) por apresentarem valores genotípicos positivos. A média predita com a seleção desses quatro melhores clones é de 36,20 g s⁻¹ a⁻¹, promovendo ganhos genéticos da ordem de 13,91% sobre a média geral. Os clones (IAC 404, IAC 405, PB 291, PM 10, IAC 403 e IAC 400) apresentaram valores genotípicos superiores ao RRIM 600.

Os desempenhos fenotípicos dos clones IAC 404, IAC 405, PB 291, PM 10, IAC 403 e IAC 400 (Figura 1) foram superiores ao da testemunha (RRIM 600). Os clones IAC 404, IAC 405, PB 291, PM 10, IAC 403 e IAC 400 superaram a testemunha RRIM 600 (28,87

Tabela 2. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de produção de borracha seca em gramas por sangria por árvore de dois ensaios de competição de clones avaliados no município de Pontes Gestal - SP

Parâmetro	Ano 1	Ano 2
$\hat{\sigma}_g^2$	29,97	20,27
$\hat{\sigma}_{amb}^2$	38,04	36,85
$\hat{\sigma}_f^2$	68,01	57,12
\hat{h}_g^2	0,44	0,35
\widehat{AC}_{clone}	0,84	0,79
CV_{gi} %	15,97	15,38
CV_e %	17,99	20,73
Média geral (g.s ⁻¹ a ⁻¹)	34,29	29,28

$\hat{\sigma}_g^2$ = variância genotípica; $\hat{\sigma}_{amb}^2$ = variância ambiental; $\hat{\sigma}_f^2$ = variância fenotípica; \hat{h}_g^2 = herdabilidade no sentido amplo; \widehat{AC}_{clone} = Acurácia de clones, CV_{gi} % = coeficiente de variação genotípica; CV_e % = coeficiente de variação residual.

$\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_{amb}^2$ [LTR (χ^2)] = χ^2 dos valores da razão da máxima verossimilhança da análise de deviance para efeito de clones. Tabelado: 3,84 e 6,63 para os níveis de significância de 5% (*) e 1% (**), respectivamente.

Tabela 3. Estimativas dos componentes de variância (REML) para produção de borracha seca em gramas por sangria por árvore (g a⁻¹ s⁻¹), da análise conjunta de dois anos de produção de borracha

Parâmetro	Valores estimados
$\hat{\sigma}_g^2$	23,66
$\hat{\sigma}_{perm}^2$	6,98
$\hat{\sigma}_{amb}^2$	31,93
$\hat{\sigma}_f^2$	62,57
\hat{h}_g^2	0,38
Média geral (g.s ⁻¹ a ⁻¹)	31,78
LTR (χ^2)	6,45*

$\hat{\sigma}_g^2$ = variância genotípica; $\hat{\sigma}_{perm}^2$ = variância de ambiente permanente; $\hat{\sigma}_{amb}^2$ = variância ambiental; $\hat{\sigma}_f^2$ = variância fenotípica; \hat{h}_g^2 = herdabilidade no sentido amplo. $\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_{perm}^2 + \hat{\sigma}_{amb}^2$ [LTR (χ^2)] = χ^2 dos valores da razão da máxima verossimilhança da análise de deviance para efeito de clones. Tabelado: 3,84 e 6,63 para os níveis de significância de 5% e 1%, respectivamente.

Tabela 4. Valores genotípicos preditos dos componentes de médias da análise conjunta de dois anos de produção de borracha de dez cultivares de seringueira, avaliados no Ensaio 2 no município de Pontes Gestal-SP

Clone	g	u + g	Ganho	Nova Média (g. s ⁻¹ a ⁻¹)
Ensaio B				
IAC 404	6,75	38,54	6,75	38,54 (21,27 %)
IAC 405	6,26	38,05	6,51	38,29 (20,48 %)
PB 291	2,50	34,28	5,17	36,95 (16,26 %)
PM 10	2,14	33,92	4,41	36,20 (13,91%)
IAC 403	-0,97	30,81	3,34	35,12
IAC 400	-1,76	30,02	2,49	34,27
RRIM 600	-2,20	29,58	1,82	33,60
GT 1	-3,04	28,74	1,21	32,99
IAC 402	-4,44	27,34	0,58	32,37
PR 255	-5,24	26,54	0,00	31,78
u = 31,78				

u + g média geral + o ganho em gramas
(%) desvio em função da média

g s⁻¹a⁻¹) em 141%, 139%, 122%, 120% 106% e 102%, respectivamente (Figura 1). Esses clones apresentaram baixa dispersão de dados em torno da média, com exceção do IAC 405 que apresentou maior desvio padrão.

Observa-se a superioridade da maioria dos clones avaliados sobre o clone RRIM 600 em relação a produção de borracha (Tabela 4 e Figura 1). Isso evidencia a vantagem de plantio diversificado e de utilização de novos cultivares. Clones com bom

desempenho produtivo podem ser cultivados em blocos monoclonais. Essa forma de cultivo já é empregada por empresas produtoras de eucalipto (Martins et al., 2014).

Conclusão

Os cultivares IAC 404, IAC 405, PB 291 e PM 10 apresentam desempenho genético e fenotípico superior aos demais avaliados.

O plantio diversificado de clones é uma alternativa para aumentar a produtividade dos cultivos comerciais de seringueira e o lucro do produtor.

Agradecimentos

Agradecemos ao produtor rural, Sr. Antônio Cesar Merenda, que disponibilizou a área para o experimento e toda infraestrutura necessária para realização do mesmo. Ao Dr. Paulo de Souza Gonçalves que cedeu o material genético para realização do experimento. Ao gerente da fazenda onde se encontra o experimento, o Sr. José Maria Alves da Silva, que ajuda em todas as etapas do projeto. Ao viveiro de mudas Citrosol pela doação de mudas do experimento. Agradecemos à Coopbor (Cooperativa dos produtores de borracha natural) e à FUNDAG (Fundação de Apoio à Pesquisa Agrícola) pelo apoio financeiro.

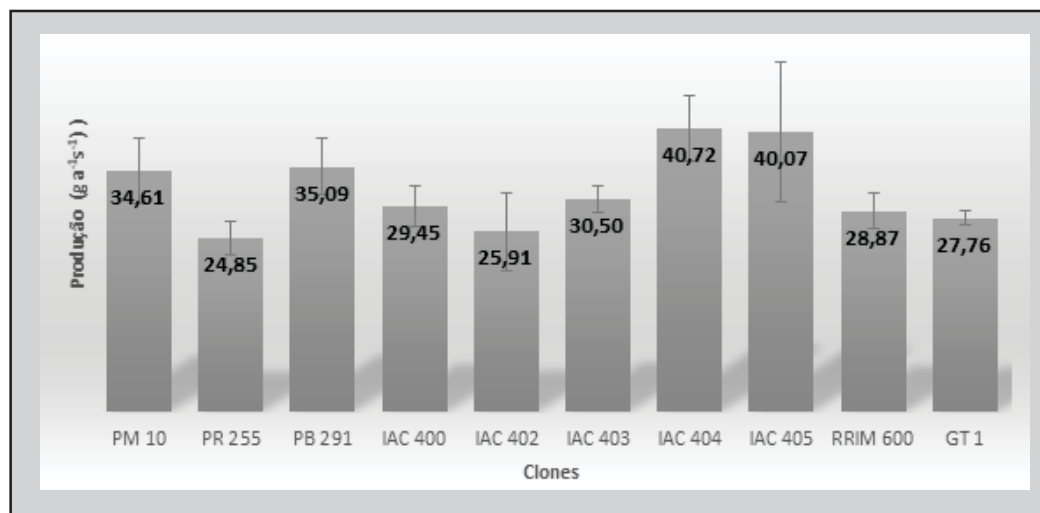


Figura 1. Produção média de borracha seca em gramas por sangria por árvore (g s⁻¹ a⁻¹) da média de dois anos de produção de borracha seca e desvio padrão, do experimento avaliado em Pontes Gestal, SP.

Literatura Citada

- ANTONIO, G. L. et al. 2021. Clonal resistance of rubber tree to *Colletotrichum* spp. Forest Pathology (Alemanha) 51 (3) e12685. <https://doi.org/10.1111/efp.12685>
- CULTIVARWEB. 2024. Seringueira (*Hevea brasiliensis* (Willd. ex A. Juss.) Müll. Arg.) Disponível:https://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php [acesso em 24 de abril de 2024]
- GONÇALVES, P. S. et al. 1999. Phenotypic stability and genetic gain in six-year girth growth of *Hevea* clones. Pesquisa Agropecuária Brasileira 34:1223-1232.
- GONÇALVES, P. S. et al. 2000 Clones promissores de seringueira para a região do Vale do Ribeira, São Paulo. Pesquisa Agropecuária Brasileira 35 (2):2343-2353.
- GONÇALVES, P.S. et al. 2001 Desempenho de clones de seringueira da série IAC 300 selecionados para a região noroeste do Estado de São Paulo. Pesquisa Agropecuária Brasileira 36:589-599.
- GONÇALVES, P. S. et al. 2002. Desempenho de clones de seringueira da série IAC 300 na região do Planalto de São Paulo. Pesquisa Agropecuária Brasileira 37:113-138.
- GONÇALVES, P. S. et al. 2007. Performance of new *Hevea* clones from IAC 400 séries. Scientia Agricola (Brasil) 64:241-248.
- GONÇALVES, P. S. et al. 2011. Assessment of growth and yield performance of rubber tree clones of the IAC 500 series. Pesquisa Agropecuária Brasileira 46:1643-1649.
- GONÇALVES, E. C. P. et al. 2021. Vigor assessment of juvenile rubber tree clones in Northwestern São Paulo State, Brazil. Revista Ceres (Brasil) 68:564-568.
- GONÇALVES, P. S.; GOUVÊA, L. R. L.; AGUIAR, A. T. E. 2006. Expressão fenotípica de clones de seringueira na região noroeste do Estado de São Paulo. Bragantia (Brasil) 65:389-398.
- GONÇALVES, P. S.; MARQUES, J. R. B. 2014. Clones de seringueira: influência dos fatores ambientais na Produção e recomendação para o plantio. In: Alvarenga, A.P. (Eds.), Seringueira. Epamig, Viçosa, MG. pp.247-325.
- GOUVEA, L. R. L.; CHIORATO, A. F.; GONÇALVES, P. S. 2010. Divergence and genetic variability among superior rubber tree genotypes. Pesquisa Agropecuária Brasileira 45:163-170
- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA- IBGE. 2023. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/borracha-latex-oagulado/br>. Acesso em 14 março 2025.
- LOPES, M. P. B. et al. 2022. Initial studies of the response of rubber tree seedlings treated with saprobic fungi from the Semiarid Region of Northeast Brazil to anthracnose. Plants (Suíça) 11:1-11.
- MARTINS, G. S. et al. 2014. Performance of *Eucalyptus* Clones in Auto and Allocompetition. Silvae Genetica (Alemanha) 63:1-2.
- RESENDE, M. D. V. 2002. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília, DF. 975p.
- RESENDE, M. D. V. 2007. SELEGEN REML/BLUP: Sistema Estatístico e seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos. Embrapa Florestas, Colombo. 362p.
- RESENDE, M. D. V. 2016. Software Selegen-Reml/Blup: a useful tool for plant breeding. Crop Breed Applied Biotechnology 16: 330-339.
- RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. 2007. Precision and quality control in variety trials. Pesquisa Agropecuária Tropical 37:182-194.
- SANT'ANNA, I. C. et al. 2021. Genetic diversity associated with natural rubber quality in elite genotypes of the rubber tree. Scientific Report (Inglaterra) 11: 1-10.
- SARASWATHYAMMA, C. K.; LICY, J.; MARATTUKALAM, J. G. 2000. Planting material, in natural rubber: Agro-Management and Crop Processing, Rubber Research Institute of India, Kottayam, Kerala. 20p.
- ZACHARIAS, A. O. et al. 2020. Pós-melhoramento de Passifloras no Brasil: a experiência da Embrapa em inovação tecnológica. Documentos, nº 359. Planaltina, DF, Embrapa Cerrados. 102p.

