



UFPR

UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
SETOR DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
CURSO DE PÓS GRADUAÇÃO EM ENGENHARIA FLORESTAL

**ANÁLISE GENÉTICA E SELEÇÃO EM TESTES
DIALÉLICOS DE *Pinus taeda* L.**

ARNALDO RIBEIRO FERREIRA

CURITIBA - PR

2005

ARNALDO RIBEIRO FERREIRA

**ANÁLISE GENÉTICA E SELEÇÃO EM TESTES
DIALÉLICOS DE *Pinus taeda* L.**

Tese apresentada ao Curso de Pós-Graduação em Engenharia Florestal do Setor de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Paraná, como requisito parcial à obtenção do título de Doutor em Ciências Florestais.

Orientador: Prof. Dr. Antônio Rioyei Higa

CURITIBA - PR

2005

I'm not discouraged, because every wrong attempt discarded is another step forward.

Thomas A. Edison

***Aos meus pais
Sebastião e Miramyrtes,
a minha esposa Sandra
e aos meus filhos
Gabriel e Marina,***

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Eu gostaria de expressar meus profundos agradecimentos a todos aqueles que contribuíram de formas variadas e em diferentes níveis, ao longo do desenvolvimento dos trabalhos que culminaram na conclusão desse doutorado. Agradeço sinceramente aos membros do comitê de orientação, o professor e orientador Dr. Antonio Rioyei Higa, e aos co-orientadores Dr. Marcos Deon Vilela de Resende e Dr. José Alfredo Sturion pelas valiosas contribuições.

A conclusão desse doutorado não teria sido possível sem os conselhos e paciência de meu mentor e amigo, Dr. Antonio Rioyei Higa. Sou muito grato a ele, pela confiança e suporte em todas as etapas envolvidas na conquista desse doutorado. Ao amigo Dr. Jarbas Jarbas Yukio Shimizu, meu sincero agradecimento pelas valiosas revisões durante a fase de correção dessa tese.

Aos amigos Luiz Otávio de Andrade, Heuzer Saraiva Guimarães e Gary Hodge, gostaria de manifestar a minha gratidão pelo incentivo na realização deste trabalho e pelas discussões valiosas sobre o conteúdo do mesmo. Também aos meus amigos Waldemar Assis da Veiga e a Gisela Maria Pedrassani Andrejow, agradeço pela colaboração no levantamento das informações e suporte no desenvolvimento desta tese.

Em especial, gostaria de agradecer aos meus queridos pais, Sebastião e Miramyrtes, assim como a minha irmã Patrícia, pelo amor incondicional e por sempre acreditarem em mim. Sou muito grato a Deus por sempre ter me mostrado o caminho e por ter introduzido na minha vida, a minha querida esposa Sandra e os meus filhos Gabriel e Marina. Sem o amor e a compreensão deles, esse objetivo longo quisto, não teria sido alcançado.

Ao Grande Arquiteto do Universo manifesto meu profundo agradecimento pelas bênçãos a mim concedidas, sendo uma delas a conclusão desse doutorado.

BIOGRAFIA DO AUTOR

ARNALDO RIBEIRO FERREIRA, filho de Sebastião Modesto Ferreira e Miramyrtes Ribeiro Ferreira, nasceu em Uberaba, estado de Minas Gerais, Brasil, no dia 3 de janeiro de 1969. Iniciou o curso Fundamental em 1975 na Escola Municipal Brasil de Uberaba, concluindo em 1983 na Escola Estadual Marechal Humberto Castelo Branco de Uberaba. Concluiu o curso Médio em 1986 na Escola Agrotécnica Federal de Uberaba, atualmente CEFET, onde obteve o título de Técnico em Agropecuária.

Em 1988 iniciou o curso de Engenharia Florestal na Universidade Federal de Viçosa, sendo transferido para o curso de Engenharia Agrônoma em 1990 na mesma universidade, aonde se graduou em 1992 com o título de Engenheiro Agrônomo. Durante a graduação contemplou três bolsas de iniciação científica pelo CNPq, nas áreas de genética microbiana e marcadores moleculares em plantas. Durante esse período também desenvolveu projetos de estágio no setor de Biotecnologia Florestal da North Carolina State University em Raleigh, estado da Carolina do Norte, Estados Unidos e na EMBRAPA Milho e Sorgo em Sete Lagoas, estado de Minas Gerais, Brasil.

Em 1992 iniciou o curso de Mestrado na Northern Arizona University em Flagstaff, estado do Arizona, Estados Unidos, na área de concentração em Genética Quantitativa e Molecular, aonde obteve o grau de “Mestre em Ciências” no ano de 1995. Durante o curso de pós-graduação trabalhou como Técnico de Laboratório na mesma universidade, onde também desenvolveu projetos na área de genética de populações de espécies florestais e anfíbios. Seu principal projeto foi o desenvolvimento metodologias para seleção assistida com marcadores moleculares em plantas onde contribuiu para obtenção de uma patente na área.

Em 1995 ingressou no Departamento de Biotecnologia da empresa Westvaco Corporation (atualmente MeadWestvaco) em Summerville, estado da Carolina do Sul, Estados Unidos. Onde foi pesquisador na área de biotecnologia aplicada a programas de melhoramento florestal. Além da implementação de projetos

utilizando marcadores moleculares, também desenvolveu estudos na área de cultura de tecidos para obtenção de dihaplóides. Durante esse período, obteve notas de patentes no desenvolvimento de uma tecnologia alternativa de marcadores moleculares.

Em 1998 foi transferido para Rigesa Ltda, subsidiária da MeadWestvaco, onde ocupou cargo gerencial no setor de pesquisa da Divisão Florestal até o final de 2004. Durante esse período, desenvolveu inúmeros projetos na área de melhoramento genético florestal, conservação de recursos genéticos, clonagem, cultura de tecidos e análises genéticas. Também atuou expressivamente no gerenciamento no setor de pesquisa, desenvolvendo e monitorando sistemas de controle e planejamento. Atuou como principal elo de interação do setor com grupos de pesquisa nacionais e internacionais, participando inúmeras vezes como palestrante em eventos. Contribuiu também com outras áreas da divisão florestal, desenvolvendo projetos operacionais para controle e monitoramento de atividades, assim como de planejamento.

Em 1999 ingressou na Universidade do Contestado como Professor do curso de Engenharia Florestal, nas áreas de Genética e Melhoramento Florestal. Em conjunto com as duas disciplinas, desenvolveu projetos com estudantes nas áreas de melhoramento genético florestal. Também promoveu treinamentos em marcadores moleculares e participou da iniciativa global para desenvolvimento curricular em certificação florestal.

Em fevereiro de 2000, ingressou no Curso de Pós-Graduação em Engenharia Florestal da Universidade Federal do Paraná, para obtenção no ano de 2005, do título de “Doutor em Ciências” na área de concentração de Silvicultura.

Em 2005 ingressou na empresa Canadense CellFor, onde é responsável pelo desenvolvimento de trabalhos de pesquisa e operações na América do Sul. Gerencia projetos para desenvolvimento de mercado, planejamento estratégico, e implantação de infra-estrutura para a clonagem comercial de espécies florestais por processos biotecnológicos.

SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS	VIII
LISTA DE TABELAS	XI
LISTA DE QUADROS	XIII
LISTA DE NOTAÇÕES MATEMÁTICAS E ESTATÍSTICAS	XIV
LISTA DE SIGLAS	XVIII
RESUMO	XXI
ABSTRACT	XXII
1 INTRODUÇÃO	1
1.1 JUSTIFICATIVA	1
1.2 OBJETIVO GERAL	3
1.3 OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	3
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	4
2.1 PINUS TAEDA L. NO MELHORAMENTO FLORESTAL	4
2.1.1 Importância Econômica e Produtividade.....	4
2.1.2 Taxonomia e Biologia.....	6
2.1.3 Distribuição Natural.....	9
2.1.4 Clima e Solos.....	10
2.1.5 Variação entre Procedências	11
2.1.6 Melhoramento de <i>Pinus taeda</i> nos Estados Unidos	12
2.1.7 Melhoramento de <i>Pinus taeda</i> no Brasil	18
2.2 SELEÇÃO GENÉTICA NO MELHORAMENTO FLORESTAL	23
2.2.1 Componentes de Variância e Parâmetros Genéticos	23
2.2.2 Valores Genéticos e Acurácia.....	26
2.2.3 Métodos e Critérios de Seleção Genética.....	28
2.2.4 Seleção Precoce em Testes Genéticos	31
2.2.5 Interação Genótipo-Ambiente	33
2.2.6 Delineamento de Cruzamentos Dialélicos	36
2.2.7 Análise Genética de Cruzamentos Dialélicos pelo Índice Multiefeitos com a Metodologia BLUP	38
2.2.8 Estimativa de Componentes de Variância e Valores Genéticos com Modelos Mistos.....	43
2.2.9 Análises Genéticas Utilizando o Programa SAS	49
2.2.10 Análises Genéticas Utilizando o Programa Selegen REML/BLUP.....	50

2.3	CARACTERÍSTICAS EMPREGADAS NA SELEÇÃO GENÉTICA.....	51
2.3.1	Características de Crescimento	51
2.3.2	Qualidade e Densidade Básica da Madeira	52
2.3.3	Retidão do Fuste e Características da Copa	56
2.3.4	Conteúdo de Casca	58
2.3.5	Características para Uso Múltiplo da Madeira	58
2.3.6	Características no Contexto Econômico	59
3	MATERIAL E MÉTODOS.....	62
3.1	TESTES GENÉTICOS	62
3.1.1	Material Genético e Delineamento de Cruzamentos Dialélicos	62
3.1.2	Localização da Área Experimental e Características Edafo-Climáticas	62
3.1.3	Delineamento Experimental e Implantação dos Testes	65
3.2	MENSURAÇÕES E AVALIAÇÕES DENDROMÉTRICAS.....	66
3.3	DETERMINAÇÃO DA DENSIDADE BÁSICA DA MADEIRA E DO TEOR DE CASCA.....	67
3.3.1	Coleta de Amostras e Determinação da Densidade Básica da Bagueta	67
3.3.2	Determinação da Densidade Básica da Seção Cilíndrica ou Radial na Altura do Peito.....	69
3.3.3	Determinação do Conteúdo de Casca	70
3.4	DETERMINAÇÃO DE EQUAÇÕES PARA ESTIMATIVA DE CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO, DENSIDADE BÁSICA E TEOR DE CASCA	70
3.4.1	Amostragem e Obtenção de Dados Básicos da Cubagem de Árvores.....	70
3.4.2	Equações de Crescimento para Volume, Peso Verde e Peso Seco	72
3.4.3	Determinação do Peso Verde de Toras Comerciais	73
3.4.4	Estimativa da Densidade Básica Média da Árvore e Teor de Casca	74
3.5	DETERMINAÇÃO DOS VALORES COMERCIAIS DAS ÁRVORES.....	75
3.6	ANÁLISE GENÉTICA DE CRUZAMENTOS DIALÉLICOS PELO BLUP INDIVIDUAL	76
3.6.1	BLUP para Predição de Efeitos Aditivos e de Dominância	77
3.6.2	REML para Estimativas dos Componentes de Variância Genéticas e Herdabilidades.....	78
3.6.3	Modelo Estatístico para Análise por Local	79
3.6.4	Modelo Estatístico para Análise Conjunta de Vários Locais	80
3.6.5	Análise de Testes de Progênie de Cruzamentos Dialélicos Utilizando o Programa Selegen REML/BLUP	81
3.6.6	Análise de Testes de Progênie de Cruzamentos Dialélicos em Vários Locais Utilizando o Programa SAS MIXED/IML	82
3.7	CORRELAÇÕES GENÉTICAS E REGRESSÃO DE LAMBETH	93
3.7.1	Correlação Genética entre Idades	93
3.7.2	Regressão de Lambeth e Eficiência Indireta de Seleção Precoce.....	94
3.7.3	Correlações Genéticas entre Características.....	95
3.7.4	Correlações Genéticas para Efeito Genótipo-Ambiente.....	96
3.8	ANÁLISE MULTIVARIADA COM COMPONENTES PRINCIPAIS	96

4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	98
4.1	DETERMINAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS PARA AVALIAÇÃO DE ÁRVORES	98
4.1.1	Estimativa de Características de Crescimento.....	98
4.1.2	Estimativa da Densidade Básica da Árvore com Amostras de Bagueta	99
4.1.3	Estimativa do Volume de Casca de Árvores	101
4.1.4	Estimativa de Valores Comerciais de Árvores	103
4.2	AVALIAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS PARA SELEÇÃO GENÉTICA	106
4.2.1	Seleção de Variáveis para Seleção Genética	106
4.2.2	Correlações Genéticas entre as Variáveis Compostas Seleccionadas	109
4.2.3	Correlações Genéticas entre as Variáveis Utilizadas para Estimativa da Densidade Básica da Madeira.....	113
4.2.4	Correlações Genéticas entre Variáveis Utilizadas para Quantificação de Volume de Casca	114
4.3	CARACTERÍSTICAS DE VALOR COMERCIAL PARA SELEÇÃO GENÉTICA	115
4.3.1	Valor Comercial na Seleção Genética de Genitores e Cruzamentos.....	115
4.3.2	Valor Comercial na Seleção Genética de Indivíduos	133
4.4	INTERAÇÃO GENÉTICA E ESTABILIDADE DE PERFORMANCE ENTRE LOCAIS PARA AS CARACTERÍSTICAS DE INTERESSE	138
4.4.1	Correlações Genéticas e Grupamentos Entre Locais	138
4.4.2	Performance e Estabilidade de Famílias Entre Locais.....	139
4.4.3	Variação dos Parâmetros Genéticos Entre Locais.....	142
4.5	SELEÇÃO PRECOCE EM TESTES GENÉTICOS	144
4.5.1	Crescimento das Árvores nos Testes Genéticos	144
4.5.2	Tendência Temporal dos Parâmetros Genéticos das Características de Crescimento Até a Idade de Rotação	144
4.5.3	Eficiência da Seleção pela Função de Lambeth	149
4.5.4	Seleção de Genitores pela Capacidade Geral de Combinação	151
4.5.5	Seleção de Cruzamentos pela Capacidade Específica de Combinação...	156
4.5.6	Seleção Individual	161
5	CONCLUSÕES	167
6	RECOMENDAÇÕES	171
7	REFERÊNCIAS	174
	APÊNDICES.....	187

LISTA DE FIGURAS

FIGURA 2.1	- COMPARAÇÃO ENTRE PRODUTIVIDADES EM PLANTIOS DE <i>PINUS TAEDA</i> EM VÁRIOS PAÍSES.	5
FIGURA 2.2	- CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS UTILIZADAS NA CARACTERIZAÇÃO DO <i>PINUS TAEDA</i> : CONE, SEMENTES, ACÍCULAS E ESTRÓBILOS (FONTE DO DESENHO: PRESTON E BRAHAM, 2002).	7
FIGURA 2.3	- ESTRUTURAS REPRODUTIVAS DO <i>PINUS TAEDA</i> A) ESTRÓBILOS MASCULINOS EM PRÉ-LIBERAÇÃO DO PÓLEN (FASE 3); B) ESTRÓBILOS FEMININOS RECEPTIVOS (FASE 2).....	8
FIGURA 2.4	- DISTRIBUIÇÃO NATURAL E FISIOGEOGRÁFICA DE <i>PINUS TAEDA</i> (ADAPTADO DE NELSON E ZILLGITT, 1969)	10
FIGURA 2.5	- DISTRIBUIÇÃO DOS PLANTIOS DE <i>PINUS</i> SPP NO BRASIL. PLANTIOS DE <i>PINUS TAEDA</i> INDICADOS PELA CIRCUNFERÊNCIA. (FONTE SBS, 2002).....	20
FIGURA 3.1	- LOCALIZAÇÃO DOS TESTES GENÉTICOS DE <i>PINUS TAEDA</i> DOS DIALELOS 1 E 2 DE 2 ^ª GERAÇÃO.....	63
FIGURA 4.1	- PROPORÇÃO DO VOLUME COMERCIAL COM CASCA (VOLC) PARA PESO VERDE COM CASCA (PVC) AO LONGO DAS IDADES E SEUS FATORES DE CONVERSÃO.	100
FIGURA 4.2	- DISTRIBUIÇÃO NORMAL DE PROBABILIDADES DOS RESÍDUOS (A) E COMPARATIVO COM VALORES AJUSTADOS OU FITTED VALUES (B) PARA VOLUME DE CASCA (CVOLE).....	102
FIGURA 4.3	- DISTRIBUIÇÃO NORMAL DE PROBABILIDADES DOS RESÍDUOS E COMPARATIVO COM VALORES AJUSTADOS (FITTED VALUES) PARA AS VARIÁVEIS SELECIONADAS COMO MELHORES ESTIMADORAS DE CARACTERÍSTICAS COMERCIAIS:.....	105
FIGURA 4.4	- PLOTAGEM DOS RESÍDUOS DE RESPOSTA DA DENSIDADE BÁSICA DA ÁRVORE (DENSE) PARA: A) ALTURA (ALT); B) DIÂMETRO A ALTURA DO PEITO (DAP); C) VOLUME COMERCIAL ESTIMADO COM CASCA GENERALIZADO (VOLCG); D) PESO VERDE COMERCIAL COM CASCA EM FUNÇÃO DA IDADE (PVCT); E) PESO SECO COMERCIAL SEM CASCA ESTIMADO (PSSE); F) VALOR FINANCEIRO DA ÁRVORE; G) VALOR FINANCEIRO DA ÁRVORE COM PRÊMIOS PARA DENSIDADE BÁSICA E VOLUME DE CASCA (VFDC).....	112
FIGURA 4.5	- RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DE ALTURA DO FUSTE (ALT) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).....	118
FIGURA 4.6	- RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DO DIÂMETRO A ALTURA DO PEITO (DAP) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).	119
FIGURA 4.7	- RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DO DIÂMETRO SEM CASTA NA ALTURA DO PEITO (DAPS) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).	120
FIGURA 4.8	- RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DA DENSIDADE BÁSICA ESTIMADA DA ÁRVORE (DENSE) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).	121
FIGURA 4.9	- RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DO VOLUME COMERCIAL ESTIMADO DE CASCA DA ÁRVORE (CVOLE) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).	122

FIGURA 4.10 - RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DO VOLUME CILÍNDRICO COM CASCA (VCC) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).	123
FIGURA 4.11 - RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DO VOLUME COMERCIAL ESTIMADO COM CASCA GENERALIZADO (VOLCG) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).	124
FIGURA 4.12 - RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DO VOLUME CILÍNDRICO SEM CASCA (VCS) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).	125
FIGURA 4.13 - RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DO VOLUME COMERCIAL ESTIMADO SEM CASCA ESTIMADO (VOLSE) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).	126
FIGURA 4.14 - RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DO PESO SECO CILÍNDRICO (PSC) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).	127
FIGURA 4.15 - RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DO PESO SECO COMERCIAL SEM CASCA ESTIMADO (PSSE) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).	128
FIGURA 4.16 - RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DO PESO VERDE COMERCIAL COM CASCA (PVCT) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).	129
FIGURA 4.17 - RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DO VALOR FINANCEIRO DA TORA COM BASE NO PESO VERDE COMERCIAL COM CASCA (VF) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).	130
FIGURA 4.18 - RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DO VALOR FINANCEIRO DA TORA COM BASE NO PESO VERDE COMERCIAL COM CASCA E PRÊMIOS PARA DENSIDADE BÁSICA (VFD) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).	131
FIGURA 4.19 - RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DO VALOR FINANCEIRO DA TORA COM BASE NO PESO VERDE COMERCIAL COM CASCA E PRÊMIOS PARA VOLUME DE CASCA (VFC) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).	132
FIGURA 4.20 - ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS DOS QUATRO LOCAIS UTILIZANDO VALORES GENÉTICOS EM NÍVEL DE CRUZAMENTOS DAS 16 PRINCIPAIS CARACTERÍSTICAS AVALIADAS EM PROGÊNIES DE <i>PINUS TAEDA</i>	139
FIGURA 4.21 - ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS UTILIZANDO VALORES GENÉTICOS DE VFDC NA AVALIAÇÃO DE PERFORMANCE E ESTABILIDADE DE FAMÍLIAS DE IRMÃOS-COMPLETOS DE <i>PINUS TAEDA</i> PRESENTES EM QUATRO LOCAIS. APENAS OS CRUZAMENTOS COM PERFORMANCE SUPERIOR ESTÁVEIS ESTÃO INDICADOS.	140
FIGURA 4.22 - INTERAÇÃO ENTRE LOCAIS NA PERFORMANCE DE FAMÍLIAS DE <i>PINUS TAEDA</i> PELOS VALORES GENÉTICOS DO VFDC EM RELAÇÃO: A) LOCAL 1 OU BISHOP; B) LOCAL 2 OU BANCO DE AREIA; C) LOCAL 3 OU SÃO JOÃO DO TRIUNFO; D) LOCAL 4 OU PAUL. OS PONTOS INDICADOS PELO CONTORNO ENGLOBAM AS	

	FAMÍLIAS QUE PROPICIARAM OS MAIORES GANHOS E ESTABILIDADE ENTRE LOCAIS.....	141
FIGURA 4.23 -	VARIAÇÃO ENTRE LOCAIS DAS PRINCIPAIS CARACTERÍSTICAS ESTUDADAS NOS TESTES GENÉTICOS DE <i>PINUS TAEDA</i>	142
FIGURA 4.24 -	MAGNITUDE DE VARIAÇÃO DAS PRINCIPAIS CARACTERÍSTICAS AVALIADAS NOS TESTES GENÉTICOS DE <i>PINUS TAEDA</i> E SUAS RESPECTIVAS HERDABILIDADES NO SENTIDO RESTRITO (H_A^2) EM TODOS OS LOCAIS.....	143
FIGURA 4.25 -	SOBREVIVÊNCIA MÉDIA DE ÁRVORES NOS QUATRO TESTES GENÉTICOS DE <i>PINUS TAEDA</i> EM SANTA CATARINA.....	145
FIGURA 4.26 -	CRESCIMENTO MÉDIO EM ALTURA E DAP DAS ÁRVORES NOS QUATRO TESTES GENÉTICOS DE <i>PINUS TAEDA</i> EM SANTA CATARINA.....	145
FIGURA 4.27 -	EVOLUÇÃO DA HERDABILIDADE NO SENTIDO RESTRITO (H_A^2) DAS CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE <i>PINUS TAEDA</i> ATÉ 17 ANOS DE IDADE EM SANTA CATARINA.....	148
FIGURA 4.28 -	EVOLUÇÃO DO EFEITO DE DOMINÂNCIA (D^2) DAS CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE <i>PINUS TAEDA</i> ATÉ 17 ANOS DE IDADE EM SANTA CATARINA.....	149
FIGURA 4.29 -	DISTRIBUIÇÃO DA FUNÇÃO DE LAMBETH (LAR) EM RELAÇÃO AS CORRELAÇÕES GENÉTICAS (R_G) EM TESTES GENÉTICOS DE <i>PINUS TAEDA</i>	150
FIGURA 4.30 -	EVOLUÇÃO DOS VALORES GENÉTICOS EM VOLUME (A), DAP (B) E ALTURA (C) DOS GENITORES DE <i>PINUS TAEDA</i> ATÉ A IDADE 17 EM SANTA CATARINA.....	154
FIGURA 4.31 -	POSIÇÃO RELATIVA DOS VALORES GENÉTICOS EM VOLUME (A), DAP (B) E ALTURA (C) DOS GENITORES DE <i>PINUS TAEDA</i> ATÉ A IDADE 17.....	155
FIGURA 4.32 -	ORDENAÇÃO RELATIVA DE GENITORES DE <i>PINUS TAEDA</i> PELOS VALORES GENÉTICOS EM VOLUME NAS IDADES 3 E 8 EM RELAÇÃO A IDADE DE ROTAÇÃO (17 ANOS).....	156
FIGURA 4.33 -	POSIÇÃO RELATIVA DOS CRUZAMENTOS DE <i>PINUS TAEDA</i> EM RELAÇÃO AO VALOR GENÉTICO DO CRUZAMENTO DE MAIOR VOLUME AO LONGO DAS IDADES.....	159
FIGURA 4.34 -	POSIÇÃO RELATIVA DOS CRUZAMENTOS DE <i>PINUS TAEDA</i> PELOS VALORES GENÉTICOS EM VOLUME NAS IDADES 3 E 8 EM RELAÇÃO A IDADE DE ROTAÇÃO (17 ANOS).....	160
FIGURA 4.35 -	EVOLUÇÃO AO LONGO DAS IDADES DOS VALORES GENOTÍPICOS EM VOLUME PARA CADA CRUZAMENTO EM <i>PINUS TAEDA</i> AO LONGO DAS IDADES EM SANTA CATARINA.....	161
FIGURA 4.36 -	ORDENAMENTO DE INDIVÍDUOS PELOS VALORES GENÉTICOS EM VOLUME ENTRE A IDADE DE ROTAÇÃO (VOL17) E SELEÇÕES PRECOSES NAS IDADES: 4 (VOL04), 8 (VOL08), 12 (VOL12) E 16 (VOL16) <i>PINUS TAEDA</i>	162
FIGURA 4.37 -	EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO INDIVIDUAL PRECOCE EM VOLUME, DAP E ALTURA EM RELAÇÃO À IDADE DE 17 ANOS EM <i>PINUS TAEDA</i> , INCLUINDO INDIVÍDUOS COM PERFORMANCE MAIOR QUE 1 DP EM TORNO DA MÉDIA (A) E PARA SELEÇÃO DE 1% DOS INDIVÍDUOS (B).....	163
FIGURA 4.38 -	EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO INDIVIDUAL PRECOCE PELO VOLUME, DAP E ALTURA EM RELAÇÃO AO VOLUME NA IDADE DE 17 ANOS, DE INDIVÍDUOS COM VG MAIOR QUE 1 DP DA MÉDIA (A) E SELEÇÃO DE 1% DOS INDIVÍDUOS (B) EM <i>PINUS TAEDA</i>	165

LISTA DE TABELAS

TABELA 4.1	- ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS DE EQUAÇÕES INDIVIDUAIS DE VOLUME, PESO SECO E PESO VERDE E SUAS RESPECTIVAS PRECISÕES ESTATÍSTICAS. OS VALORES OBTIDOS PARA ESSES PARÂMETROS FORAM UTILIZADOS NAS EQUAÇÕES 1 E 2, DESCRITAS EM MATERIAIS E MÉTODOS *.	99
TABELA 4.2	- COMPARAÇÃO ENTRE OS EFEITOS DA PONDERAÇÃO NA DETERMINAÇÃO DA DENSIDADE BÁSICA DA MADEIRA À ALTURA DO PEITO. PONDERAÇÃO COM BASE NA AVALIAÇÃO DE SEGMENTOS A CADA ANEL DE CRESCIMENTO OU GRUPOS DE ANÉIS.	101
TABELA 4.3	- ANÁLISE DE REGRESSÃO LINEAR MÚLTIPLA PARA ESTIMATIVA DE VOLUME DE CASCA DA ÁRVORE (CVOLE).	102
TABELA 4.4	- COEFICIENTE DE CORRELAÇÃO DAS VARIÁVEIS INDEPENDENTES COM AS CARACTERÍSTICAS QUANTIFICADAS PELA CUBAGEM RIGOROSA DE 358 ÁRVORES DE <i>PINUS TAEDA</i> .	103
TABELA 4.5	- PARÂMETROS GENÉTICOS MÉDIO PARA TODOS OS LOCAIS DAS CARACTERÍSTICAS LEVANTADAS EM TESTES DE PROGÊNIE DE <i>PINUS TAEDA</i> AOS 17 ANOS DE IDADE.	108
TABELA 4.6	- COEFICIENTES DE CORRELAÇÃO GENÉTICA (R_G) ENTRE AS PRINCIPAIS VARIÁVEIS COMPOSTAS EM <i>PINUS TAEDA</i> . OS VALORES EM NEGRITO INDICAM GRAUS DE ASSOCIAÇÃO MAIORES QUE 95% DAS VARIAÇÕES GENÉTICAS ENTRE VARIÁVEIS.	110
TABELA 4.7	- COEFICIENTES DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS (R_G) ENTRE AS PRINCIPAIS VARIÁVEIS SELECIONADAS PARA AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES DE <i>PINUS TAEDA</i> . OS VALORES EM NEGRITO INDICAM O GRAU DE CORRELAÇÕES SUPERIORES A 95% DAS VARIAÇÕES GENÉTICAS ENTRE VARIÁVEIS.	111
TABELA 4.8	- COEFICIENTES DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS (R_G) ENTRE DENSIDADE MÉDIA DA ÁRVORE EM IDADE DE ROTAÇÃO (DENSE) DE PROGÊNIES DE <i>PINUS TAEDA</i> .	114
TABELA 4.9	- GANHOS GENÉTICOS MÉDIOS NAS PRINCIPAIS CARACTERÍSTICAS COM SELEÇÃO DIRETA E COM SELEÇÃO PELO VFDC.	134
TABELA 4.10	- GANHO GENÉTICO EM VFDC E DESVIOS DOS INDIVÍDUOS SELECIONADOS (1% E 2% DOS MAIORES VG) EM <i>PINUS TAEDA</i> PARA AS PRINCIPAIS CARACTERÍSTICAS ESTUDADAS.	136
TABELA 4.11	- VALORES GENÉTICOS INDIVIDUAIS DAS ÁRVORES SELECIONADAS, REPRESENTANDO 1% E 2% DE TODAS AS ÁRVORES VIVAS NO TESTE.	137
TABELA 4.12	- CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE LOCAIS PARA AS 16 CARACTERÍSTICAS ESTUDADAS EM PROGÊNIES DE <i>PINUS TAEDA</i> .	138
TABELA 4.13	- ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS GENÉTICOS DO DIÂMETRO A ALTURA DO PEITO (DAP) EM TESTES GENÉTICOS DE <i>PINUS TAEDA</i> EM SANTA CATARINA, EM TODAS AS IDADES AVALIADAS.	146
TABELA 4.14	- ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS GENÉTICOS DA ALTURA DO FUSTE (ALT) EM TESTES GENÉTICOS DE <i>PINUS TAEDA</i> EM SANTA CATARINA, EM TODAS AS IDADES AVALIADAS.	146

TABELA 4.15 - ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS GENÉTICOS DO VOLUME (VOL) EM TESTES GENÉTICOS DE <i>PINUS TAEDA</i> EM SANTA CATARINA, EM TODAS AS IDADES AVALIADAS.....	147
TABELA 4.16 - CORRELAÇÕES GENÉTICAS DE LAMBETH ENTRE IDADES (R_G) EM VOL E ALT OU DAP EM <i>PINUS TAEDA</i> EM IDADES EM QUE SOMENTE UMA DESSAS CARACTERÍSTICAS FORAM MENSURADAS.	150
TABELA 4.17 - ORDENAMENTO DE GENITORES DE <i>PINUS TAEDA</i> EM IDADE DE ROTAÇÃO E SEUS RESPECTIVOS VALORES GENÉTICOS EM IDADES PRECOCES. OS VALORES EM COR AZUL SÃO MAIORES QUE 1 DP DA MÉDIA DOS VG; VERDES MAIORES QUE 0,5; VERMELHOS MAIORES QUE A MÉDIA; E EM CINZA MENORES QUE A MÉDIA.....	152
TABELA 4.18 - ORDENAMENTO DE CRUZAMENTOS DE <i>PINUS TAEDA</i> EM IDADE DE ROTAÇÃO E SEUS RESPECTIVOS VALORES GENÉTICOS EM IDADES PRECOCES. OS VALORES DE VG EM COR AZUL SÃO MAIORES QUE 1 DP DA MÉDIA; VERDES MAIORES QUE 0,5; VERMELHOS MAIORES QUE A MÉDIA; E EM CINZA MENORES QUE A MÉDIA.	157

LISTA DE QUADROS

QUADRO 3.1	- DELINEAMENTO DOS CRUZAMENTOS DO CONJUNTO DE DIALELOS DESCONECTADOS 1 E 2 DE <i>PINUS TAEDA</i> E SEUS RESPECTIVOS CÓDIGOS DE TRATAMENTOS.....	62
QUADRO 3.2	- NÚMERO DE PLANTAS POR TRATAMENTO E POR PARCELA EM CADA TESTE GENÉTICO DE <i>PINUS TAEDA</i> DOS DIALELOS 1 E 2 DE 2 ^A GERAÇÃO.....	65
QUADRO 3.3	- LISTAGEM DAS VARIÁVEIS AVALIADAS ANUALMENTE ATÉ 17 ANOS DE IDADE NOS QUATRO TESTES GENÉTICOS DE <i>PINUS TAEDA</i> DOS DIALELOS 1 E 2 DE 2 ^A GERAÇÃO.	67

LISTA DE NOTAÇÕES MATEMÁTICAS E ESTATÍSTICAS

Símbolos Matemáticos

\int	Operador de integração (integral de);
∂	Operador de derivação parcial de funções de duas ou mais variáveis (dei);
Σ	Somatório;
Π	Produtório;
\cup	União ou soma lógica;
\cap	Interseção ou produto lógico;
∞	Infinito;
\rightarrow	Tende a;
\propto	Proporcional a;
\equiv	Identidade ou idêntico a;
$=$	Igual a;
\cong ou \approx	Aproximadamente igual a;
\neq	Diferente de;
$<$	Menor que;
$>$	Maior que;
\leq	Menor ou igual a;
\geq	Maior ou igual a;
\in	Pertence a;
\notin	Não pertence a;
\forall	Todo e qualquer;
$ x $	Módulo ou valor absoluto de x;
$\#$	Cardinal: símbolo de contagem que indica numero de elementos;
θ_{ik}	Valor do parâmetro θ_i na interação k.

Simbologia Estatística

\sim	Distribuída como;
$E(y)$	Esperança matemática da variável aleatória y;
$Var(y)$	Variância da variável aleatória y;
$Cov(x,y)$	Covariância entre as variáveis aleatórias x e y;
\hat{A}	Estimador ou estimativa do parâmetro a;

θy	Distribuição condicional de θ dado y ;
$p(\theta y)$	Probabilidade condicional de θ dado y ;
Ω	Espaço amostral;
$\ell(\theta; y)$	Função de verossimilhança de θ , a qual associa a cada valor de θ , o valor $f(y \theta)$;
α	Nível de significância (probabilidade de erro tipo I);
β	Probabilidade de erro tipo II;
$1 - \alpha$	Grau ou coeficiente de confiança;
$1 - \beta$	Poder de um teste estatístico;
χ^2	Estatística com distribuição qui-quadrado;

Operadores Matriciais

\otimes	Produto de Kronecker;
$\#$	Produto de Hadamard;
tr	Operador traço matricial;
$r(X)$	Posto da matriz X;
A^{-1}	Inversa comum da matriz A;
A^{-}	Inversa generalizada da matriz A;
A^T	Transposta da matriz A;

Notação de alguns parâmetros genéticos e fenotípicos

Y	Valor fenotípico, observação ou vetor de observações;
A	Efeito genético aditivo ou vetor de efeitos genéticos aditivos;
D	Efeito genético de dominância ou vetor de efeitos de dominância;
G	Efeito genotípico (a + d) ou vetor de efeitos genotípicos;
δ	Efeito de indivíduo dentro de parcela;
β	Vetor de efeitos fixos;
σ^2	Variância fenotípica individual;
σ^2_a	Variância genética aditiva;
σ^2_d	Variância genética de dominância;
h^2	Herdabilidade individual no sentido restrito ou herdabilidade dos efeitos aditivos;
hg^2	Herdabilidade individual no sentido amplo ou herdabilidade dos efeitos genotípicos;

c^2	Correlação intraclassa devida ao ambiente comum da parcela;
ρ^2	Coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente (confundidos com os efeitos de dominância em alguns modelos);
ρ_a	Coeficiente de repetibilidade individual;
ρ_d	Correlação genética aditiva intraclassa entre os indivíduos da progênie;
ρ_p	Correlação genética de dominância intraclassa entre os indivíduos da progênie;
ρ	Correlação genética intraclassa entre os indivíduos de diferentes progênies, mas da mesma população;
A	Matriz de correlação genética aditiva entre os indivíduos em avaliação;
D	Matriz de correlação genética de dominância entre os indivíduos em avaliação;
A#A	Matriz de correlação genética epistática (do tipo aditivo x aditivo) entre os indivíduos em avaliação;
A#D	Matriz de correlação genética epistática (do tipo aditivo x dominante) entre os indivíduos em avaliação;
D#D	Matriz de correlação genética epistática (do tipo dominante x dominante) entre os indivíduos em avaliação;
A#A#A	Matriz de correlação genética epistática (do tipo aditivo x aditivo x aditivo) entre os indivíduos em avaliação;
D^1	Covariância entre os efeitos aditivos dos alelos e os efeitos de dominância dos homocigotos;
D^2	Variância genética dos efeitos de dominância dos homocigotos;
H	Soma dos quadrados da depressão por endogamia de cada loco;
H^2	Quadrado da soma da depressão por endogamia;
σ_i^2	Variância do efeito i;
$\lambda = \sigma e^2$	Relação entre a variância residual e a variância do efeito i;
t1	Correlação intraclassa entre os indivíduos de uma mesma parcela;
t2	Correlação intraclassa entre os indivíduos de uma mesma família em diferentes blocos;
t3	Correlação intraclassa entre os indivíduos de diferentes famílias, mas da mesma população;
r_{aa}	Acurácia seletiva ou da predição dos valores genéticos aditivos;
r_{gg}	Correlação genética entre o desempenho do germoplasma através dos ambientes;
PEV	Variância do erro de predição dos valores genéticos;
Ne	Tamanho efetivo populacional;

Nef	Número efetivo de famílias selecionadas;
N	Número de plantas por parcela;
B	Número de repetições;
F	Coeficiente de endogamia;
Ra	Correlação genética entre caracteres;
rx,y ou r	Correlação fenotípica entre caracteres;
r _{fp}	Correlação fenotípica permanente entre caracteres;
I	Índice de seleção ou índice de predição dos valores genéticos;
GS	Ganho genético com a seleção;
hc^2	Coherdabilidade ou herdabilidade indireta ou correlacionada;
$\psi(x,y)$	Coeficiente de predição genética;
ψ_m	Coeficiente de predição genética multivariado;
hm^2	Herdabilidade multivariada;
β	Herdabilidade generalizada.

LISTA DE SIGLAS

AAP	Área da Seção na Altura do Peito (cm ²)
AAPS	Área da Seção Sem Casca na Altura do Peito (cm ²)
AI	Algoritmo de Informação Média
ALT	Altura do Fuste (m)
AMMI	Análise de Efeito Principal Aditivo e Interação Multiplicativa (<i>Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis</i>)
AMV	Número de Árvores Mortas Vizinhas
APS	Área de Produção de Sementes
DBC	Delineamento em Blocos Casualizados
BIF	Presença de Bifurcação
BLUE	Melhor Estimador Linear Não Viciada (<i>Best Linear Unbiased Estimator</i>)
BLUP	Melhor Preditor Linear Não Viciado ou (<i>Best Linear Unbiased Prediction</i>)
BP	Melhor Preditor (<i>Best Prediction</i>)
CAR	Área da Casca na Altura do Peito (cm ²)
CEC	Capacidade Específica de Combinação
CES	Espessura da Casca na Altura do Peito (cm)
CGC	Capacidade Geral de Combinação
COQ	Presença de Copa Quebrada
CPE	Proporção da Espessura da Casca em Relação à Altura do Peito
CPV	Proporção do Volume de Casca da Árvore para o Volume Total da Árvore
CPA	Proporção da Área de Casca na Altura do Peito para Área Total da Seção
CVOLD	Volume Comercial Estimado de Casca da Árvore obtido pela diferença entre o VOLCG e o VOLSD (m ³)
CVOLE	Volume Comercial Estimado de Casca da Árvore (m ³)
DAB04	Densidade Básica Acumulada da Bagueta na Altura do Peito até o 4 ^o Anel (g.cm ⁻³)
DAB08	Densidade Básica Acumulada da Bagueta na Altura do Peito até o 8 ^o Anel (g.cm ⁻³)
DAB12	Densidade Básica Acumulada da Bagueta na Altura do Peito até o 12 ^o Anel (g.cm ⁻³)
DAP	Diâmetro á Altura do Peito (cm)
DAPS	Diâmetro Sem Casca na Altura do Peito (cm)

DAS04	Densidade Básica Acumulada da Seção na Altura do Peito até o 4º Anel (g.cm ⁻³)
DAS08	Densidade Básica Acumulada da Seção na Altura do Peito até o 8º Anel (g.cm ⁻³)
DAS12	Densidade Básica Acumulada da Seção na Altura do Peito até o 12º Anel (g.cm ⁻³)
DENSA	Densidade Básica Estimada da Árvore (g.cm ⁻³)
DENSB	Densidade Básica Total da Bagueta na Altura do Peito (g.cm ⁻³)
DENSS	Densidade Básica Total da Seção na Altura do Peito (g.cm ⁻³)
DFREML	REML obtido via algoritmo DF
DSB04	Densidade Básica do Segmento da Bagueta na Altura do Peito até o 4º Anel (g.cm ⁻³)
DSB08	Densidade Básica do Segmento da Bagueta na Altura do Peito do 4º ao 8º Anel (g.cm ⁻³)
DSB12	Densidade Básica do Segmento da Bagueta na Altura do Peito do 8º ao 12º Anel (g.cm ⁻³)
DSB16	Densidade Básica da Bagueta na Altura do Peito após o 12º Anel (g.cm ⁻³)
EBLUE	BLUE empírico
EBLUP	BLUP empírico
EM	Algoritmo <i>Expectation-Maximization</i>
EMM	Equações do Modelo Misto
FOX	Presença de Rabo-de-Raposa (<i>Foxtail</i>)
GLS	Quadrados Mínimos Generalizados (<i>Generalized Least Square</i>)
IMA	Incremento Médio Anual
IME	Índice Multiefeitos
MI	Modelo Individual
MIR	Modelo Individual Reduzido
ML	Máxima Verossimilhança (<i>Maximum Likelihood</i>)
OLS	Quadrados Mínimos Ordinários (<i>Ordinary Least Square</i>)
PA	Polinização Aberta
PBC	Pomar Biclonal
PCS	Pomar Clonal de Sementes
PMC	Polinização Massal Controlada
PMS	Polinização Massal Suplementar
PSC	Peso Seco Cilíndrico (t)
PSM	Pomar de Sementes por Mudas

PSSA	Peso Seco Comercial Sem Casca Generalizado Alternativo (t)
PSSD	Peso Seco Comercial Sem Casca Descontado (t)
PSSG	Peso Seco Comercial Sem Casca Generalizado (t)
PVCG	Peso Verde Comercial Com Casca Generalizado (t)
PVCT	Peso Verde Comercial Com Casca (t)
QM	Quadrados Médios
REML	Máxima Verossimilhança Restrita (<i>Restricted Maximum Likelihood</i>)
RET	Retidão do Fuste
VCC	Volume Cilíndrico Com Casca (m ³)
VCS	Volume Cilíndrico Sem Casca (m ³)
VF	Valor Financeiro da Tora com base no Peso Verde Comercial Com Casca (R\$)
VFC	Valor Financeiro da Tora com base no Peso Verde Comercial Com Casca e Prêmios para Volume de Casca. Quando os volumes de casca forem maiores ou menores que 1 Desvio Padrão da CVOLE médio, o preço da madeira (R\$) é ponderado pela porcentagem relativa do dp em relação à média dividido por 2
VFD	Valor Financeiro da Tora com base no Peso Verde Comercial Com Casca e Prêmios para Densidade Básica. Quando as densidades forem maiores ou menores que 1 Desvio Padrão da DENSA média, o preço da madeira (R\$) é ponderado pela porcentagem relativa do dp em relação à média
VFDC	Valor Financeiro da Tora com base no Peso Verde Comercial Com Casca e Prêmios para Densidade Básica e Volume de Casca (R\$)
VG	Valor Genético Aditivo
VGP	Valor Genotípico
VOLCG	Volume Comercial Estimado Com Casca Generalizado (m ³)
VOLSD	Volume Comercial Estimado Sem Casca Descontado (m ³)
VOLSE	Volume Comercial Estimado Sem Casca (m ³)
VOLSG	Volume Comercial Estimado Sem Casca Generalizado (m ³)
VP	Valor Presente

RESUMO

ANÁLISES GENÉTICAS E SELEÇÃO EM TESTES DE PROGÊNIES DE CRUZAMENTOS DIALÉLICOS DE *Pinus taeda* L.

A maximização do ganho genético para características de valor econômico por unidade de tempo é o principal objetivo de um programa de melhoramento florestal. A obtenção de resultados mais precisos em um menor intervalo de tempo está vinculada à adoção de procedimentos de seleção precoce e metodologias de análise mais apropriadas para seleção genética. O emprego de variáveis que melhor expressem características que reflitam valor comercial da árvore devem também ser embutidas nas estratégias de seleção. Como o delineamento de cruzamentos dialélicos desconectados é uma ferramenta importante no melhoramento genético de *Pinus taeda*, também tem se tornado necessário o emprego de metodologias que possibilitem a sua análise na íntegra. Esse estudo focou o a definição de variáveis que quantifiquem valores comerciais para seleção genética, procedimentos para análise de delineamentos dialélicos desconectados e estratégias para seleção precoce para *Pinus taeda*. Numa primeira instância, metodologias foram desenvolvidas para quantificação e estimativa de várias características de interesse, gerando recomendações que contribuirão diretamente no processo de avaliação para seleção genética de árvores. Procedimentos para quantificação de ganhos genéticos econômicos, indicaram que o impacto no retorno financeiro advindo de programas de melhoramento genético, tem sido subestimado. Esses procedimentos poderão ser ajustados para cada empresa ou cenário, com a aplicação de modelos biométricos e definição de produtos e seus preços na construção de variáveis que reflitam ganhos econômicos. Em seguida, os resultados obtidos com a análise de avaliações anuais em testes genéticos, propiciaram a recomendação de estratégias para seleção precoce de: genitores para composição de pomares; combinação de cruzamentos para implementação de estratégias de produção de famílias de irmãos-completos; e indivíduos nos testes para a composição da próxima geração de melhoramento. Essas análises e estratégias de seleção genética em idades precoces apresentam altas correlações entre idades juvenis e de rotação, além de níveis satisfatórios de herdabilidade nas características de interesse ao longo do desenvolvimento da árvore. Também como produto desse trabalho, foram definidas metodologias computacionais mais apropriadas para estimativa de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos em delineamentos de cruzamentos dialélicos de *Pinus taeda*, estabelecidos em um ou vários locais.

Palavras-chave: *Pinus taeda*; Melhoramento Florestal; Delineamento de Cruzamentos Dialélicos; BLUP; REML; Correlação entre Idades; Análise de Características; SELEGEN; SAS; Modelos Mistos.

ABSTRACT

GENETIC ANALYSIS AND SELECTION IN *Pinus taeda* L. PROGENY TESTS FROM DIALLEL DESIGNS

The main objective of an effective tree improvement program is the maximization of genetic gain per unit of time for traits of economic value. In order to obtain precise results in a smaller timeframe, procedures for early selection linked to more appropriate methods for genetic analysis should be employed. Also, the quantification of traits that better reflect commercial values for individual trees should be part of the selection strategies. Disconnected diallel designs have been an important tool applied in *P. taeda* genetic improvement programs, therefore more complex analytical methods have been required to fully handle the dataset. This study focused the identification of variables that would better quantify commercial tree values for genetic selection, procedures for analysis of disconnected diallel designs, and strategies for early selection in *Pinus taeda*. First, methods for quantifying and estimating characteristics of commercial value were developed and evaluated for genetic analysis. These methods will directly contribute with improving the precision for tree selection. Procedures for quantifying economic genetic gains showed that the positive impact on the financial returns from tree improvement programs has been underestimated. These procedures can be adjusted for each improvement program or scenario. The combination of biometric models with wood product types and prices in the market would allow the development of variables that better reflect financial gains. Secondly, the efficiency of different strategies for early selection was obtained for: general combining ability for seed orchard development and management; specific combining abilities for implementing strategies for deployment of full-sib families; and individual tree selections for the composition of the next breeding cycle. These early-age genetic analysis and selection strategies showed high correlations between juvenile ages (3 and 4 years) and rotation age (17 years). Significant levels of heritability were also detected for all ages. Also, more appropriate computer methods were identified and developed for estimating genetic parameters and predicting genetic values of disconnected diallel designs in *P. taeda*, established in one or several locations.

Key-words: *Pinus taeda*; Tree Improvement; Diallel Mating Design; BLUP; REML; Age-Age Correlation; Trait Analysis; SELEGEN; SAS; Mixed Models.

1 INTRODUÇÃO

1.1 JUSTIFICATIVA

O principal objetivo de todos programas de melhoramento florestal é o de maximizar o ganho genético de características de valor econômico por unidade de tempo (ZOBEL e TALBERT, 1984). A eficiência de um programa de melhoramento aumenta com a redução do tempo necessário para a obtenção de ganhos genéticos por ciclo de melhoramento e com o aumento da precisão na seleção genética para as características desejáveis. A obtenção de resultados mais precisos em um menor intervalo de tempo está vinculada à adoção de procedimentos de seleção precoce e metodologias de análise apropriadas para seleção genética. Essas, em conjunto com o uso de características que reflitam ganhos econômicos, propiciam o aumento da eficiência do programa de melhoramento que visem à maximização do retorno financeiro da empresa em cada ciclo de melhoramento.

Geralmente, os programas de melhoramento florestal estão direcionados para características de crescimento, estabelecendo ou objetivando ganhos genéticos, sem contudo, quantificá-los em termos econômicos. O não emprego de características expressas em valores econômicos na seleção genética está, provavelmente, relacionado com a dificuldade de mensurar tais ganhos.

Seleções precoces de famílias e indivíduos reduzem o ciclo de melhoramento e antecipam a obtenção de ganhos genéticos. Além das vantagens relacionadas a disponibilização operacional antecipada de produtos do programa de melhoramento, a redução do período de cada ciclo propiciará maior adaptabilidade às mudanças das demandas do setor florestal. Para que as vantagens da seleção precoce sejam efetivamente capturadas, as características avaliadas em idades juvenis devem, também apresentar altos valores de herdabilidade e correlações genéticas com a idade adulta ou idade de rotação. Dessa forma, identificando idades ótimas para seleção precoce eficiente de características de interesse comercial no setor florestal.

Estimativas precisas de parâmetros genéticos são também essenciais na predição de ganhos futuros na escolha de estratégias mais adequadas em programas de melhoramento. Diversos autores têm reportado sobre a estimativa de

variação genética de características de crescimento em *Pinus taeda* (FRANKLIN, 1979; LAMBETH et al., 1983; FOSTER, 1986; BALOCCHI et al., 1993; LI et al., 1996; LI et al., 1997). Apesar da validade desses resultados nas regiões abordadas por esses trabalhos, pouco se sabe sobre a inferência desses parâmetros genéticos em outros ambientes. Portanto, justificando a necessidade de se obter estimativas de parâmetros em idades precoces em ambientes de rápido crescimento da espécie, como a região sul do Brasil.

Em programas de melhoramento de *Pinus* spp., estratégias de cruzamentos como meio-dialelos desconectados têm sido amplamente utilizadas na geração de progênies para testes genéticos (HUBER, 1993; YANCHUK, 1996). Dialelos desconectados apresentam vantagens práticas quando comparados com dialelos completos, pois são compostos de poucos cruzamentos por genitor, exigindo menos tempo e recursos para obtenção do conjunto de progênies a ser testado. Apesar das vantagens práticas do uso de dialelos desconectados, esse delineamento de cruzamentos exige o emprego de metodologias computacionais mais complexas que possibilitem a sua análise na íntegra.

Estratégias de melhoramento focando delineamentos de cruzamentos estruturados dependem da detecção das melhores combinações de genitores através de procedimentos específicos de análise genética. Tais procedimentos devem propiciar, de forma precisa, a obtenção de valores genéticos dos caracteres para avaliação da performance dos indivíduos provenientes desses delineamentos. Portanto, na análise de delineamentos como nos de cruzamentos dialélicos desbalanceados, torna-se imprescindível à definição de metodologias e procedimentos computacionais que propiciem a obtenção de resultados precisos para seleção genética. Além de possibilitar a análise de dados desbalanceados, essas metodologias devem contemplar a existência de dois níveis do mesmo efeito principal para cada observação. Esses procedimentos são necessários para a análise dos delineamentos dialélicos parciais. Devido a essas peculiaridades, metodologias como a do Melhor Preditor Linear Não Viciado (*Best Linear Unbiased Prediction* ou BLUP) e Máxima Verossimilhança Restrita (*Restricted Maximum Likelihood* ou REML), que têm demonstrado várias vantagens na predição de ganhos genéticos (BORRALHO, 1995; WHITE e HODGE, 1989; RESENDE 2002), são as mais indicadas na avaliação desses delineamentos. Para a implementação

dessas metodologias, procedimentos computacionais como o programa Selegen REML/BLUP (RESENDE, 2002) e SAS (XIANG, 2001) são ferramentas que podem ser aplicadas para análises complexas como a de delineamentos dialélicos desconectados. Vinculados à estratégia de melhoramento, o emprego de metodologias computacionais para análise de delineamentos de cruzamentos dialélicos desconectados, associados aos procedimentos de seleção precoce e ao emprego de variáveis que reflitam valores financeiros, contribuirão significativamente na obtenção de ganhos genéticos quantificados economicamente e obtidos num menor ciclo de melhoramento.

1.2 OBJETIVO GERAL

O objetivo geral desse estudo é o de definir procedimentos para seleção genética em delineamentos dialélicos desconectados em *Pinus taeda* e avaliar ganhos genéticos mediante seleção, com: a) a determinação de idades precoces para seleção, b) a definição e obtenção de parâmetros genéticos de variáveis que quantifiquem valores comerciais e c) o emprego de metodologias computacionais apropriadas para análise genética de testes estabelecidos em vários locais.

1.3 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Definir metodologias para estimar variáveis compostas e quantificar variáveis econômicas para produtos múltiplos a serem aplicadas na seleção genética em *P. taeda*.
- Desenvolver e avaliar estratégias para seleção precoce de indivíduos, genitores e cruzamentos em testes de progênie de *P. taeda*.
- Estimar parâmetros genéticos e predizer valores genéticos em delineamentos de cruzamentos dialélicos de *P. taeda*, estabelecidos em um ou vários locais.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 *PINUS TAEDA* L. NO MELHORAMENTO FLORESTAL

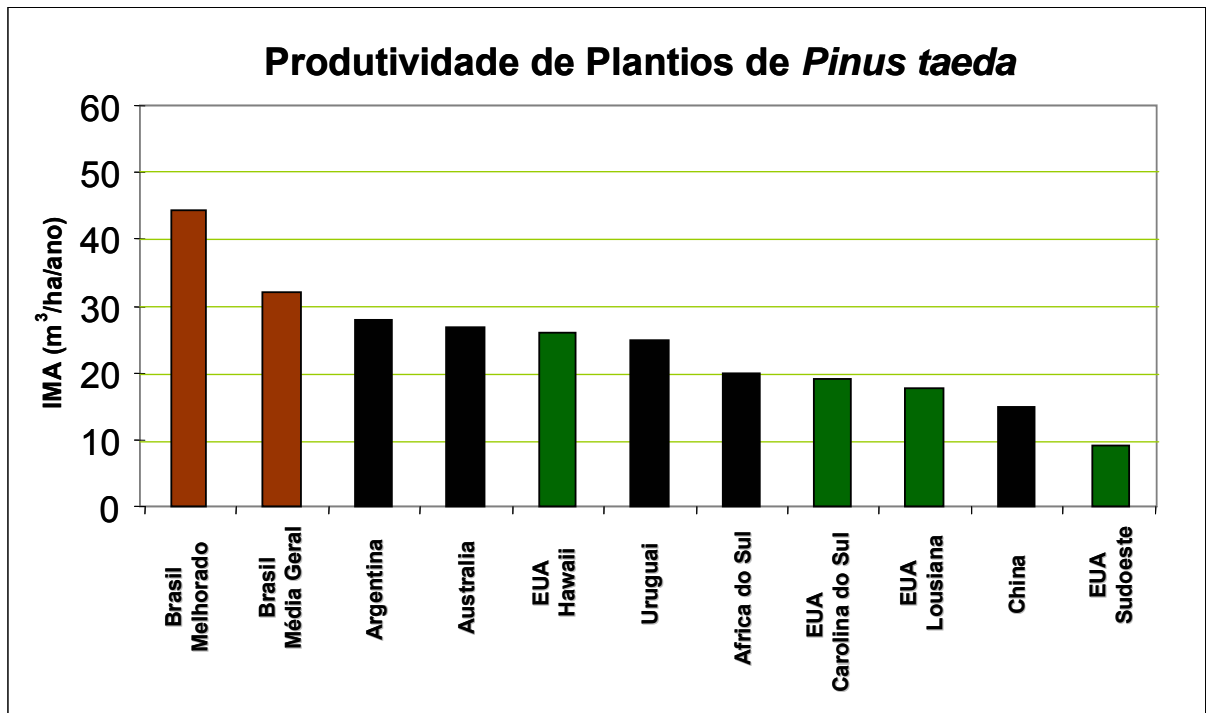
2.1.1 Importância Econômica e Produtividade

Pinus taeda L. tem sido uma das espécies florestais mais plantadas economicamente na região sul do Brasil e no sudeste dos Estados Unidos. Os Estados Unidos, é o principal plantador de *P. taeda*, detendo mais de 11,7 milhões de hectares de florestas plantadas (CUBBAGE et al., 1996). O Brasil, como segundo maior plantador de *Pinus* spp detém cerca de 1,7 milhão de hectares de plantios (SBS, 2002). Dessa área, mais de 1 milhão de hectares é de plantações com *P. taeda*, localizados principalmente nos estados do Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul. O estado do Paraná conta com mais de 600 mil hectares de plantios, Santa Catarina mais de 350 mil, e Rio Grande do Sul mais de 130 mil. Essa expressiva área de florestas plantadas com *P. taeda* é consequência da sua importância na produção de papel e no mercado madeireiro no Brasil. Essa espécie tem sido o principal foco de exploração florestal sustentável no sul do Brasil por várias empresas do setor e, conseqüentemente, o alvo de programas de melhoramento florestal.

Tendo em vista a exploração florestal sustentável e renovável de uma espécie florestal exótica, o uso do pinus pode ser visto como uma atividade que minimiza a exploração extrativista de florestas nativas no Brasil. O aumento da produtividade é relevante para a contínua redução de áreas destinadas à atividade florestal. O crescente aumento de produtividade observado em plantios de pinus tem sido principalmente oriundo do uso de material geneticamente superior, proveniente de programas de melhoramento genético. Atualmente, com a tendência mundial voltada à produtividade em função da qualidade e sustentabilidade da atividade florestal, os produtores florestais contemplam a necessidade de desenvolver a tecnologia para se manterem competitivos no mercado. Portanto, como parte integrante desse processo, o melhoramento genético do *P. taeda* continuará tendo importância “*sine qua non*” para o sucesso de empresas no setor.

Pinus taeda é uma das espécies de pínus de maior desenvolvimento em plantios em várias regiões com atividade florestal, alcançando incrementos médios anuais (IMA) superiores a 32 m³/ha/ano no Sul do Brasil (FERREIRA, 2003). Esses níveis de produtividade de florestas plantadas resultaram de programas de melhoramento genético em várias empresas do setor. Essas iniciativas começaram no Brasil no início da década de 60. Os primeiros testes de progênies de *P. taeda* foram estabelecidos no Brasil no final da década de 60, com o apoio de instituições públicas. Atualmente, algumas empresas florestais têm alcançado Incremento Médio Anual (IMA) de mais de 40 m³/ha/ano de madeira verde com casca aos 18 anos de idade em plantios (Figura 2.1). Esse IMA tem sido considerado, no setor florestal mundial, como uma das maiores produtividades constatadas para o gênero *Pinus* em plantios comerciais.

FIGURA 2.1 - COMPARAÇÃO ENTRE PRODUTIVIDADES EM PLANTIOS DE *Pinus taeda* EM VÁRIOS PAÍSES.



A madeira de *P. taeda* é utilizada, primariamente para construção civil, fabricação de polpa e papel, assim como em indústrias de chapeados e compensados. Essa espécie é utilizada também, em grande proporção, na

confeção de vigas ou feixes laminados, tábuas de partículas, móveis, caixas, engradados, barcos e combustíveis.

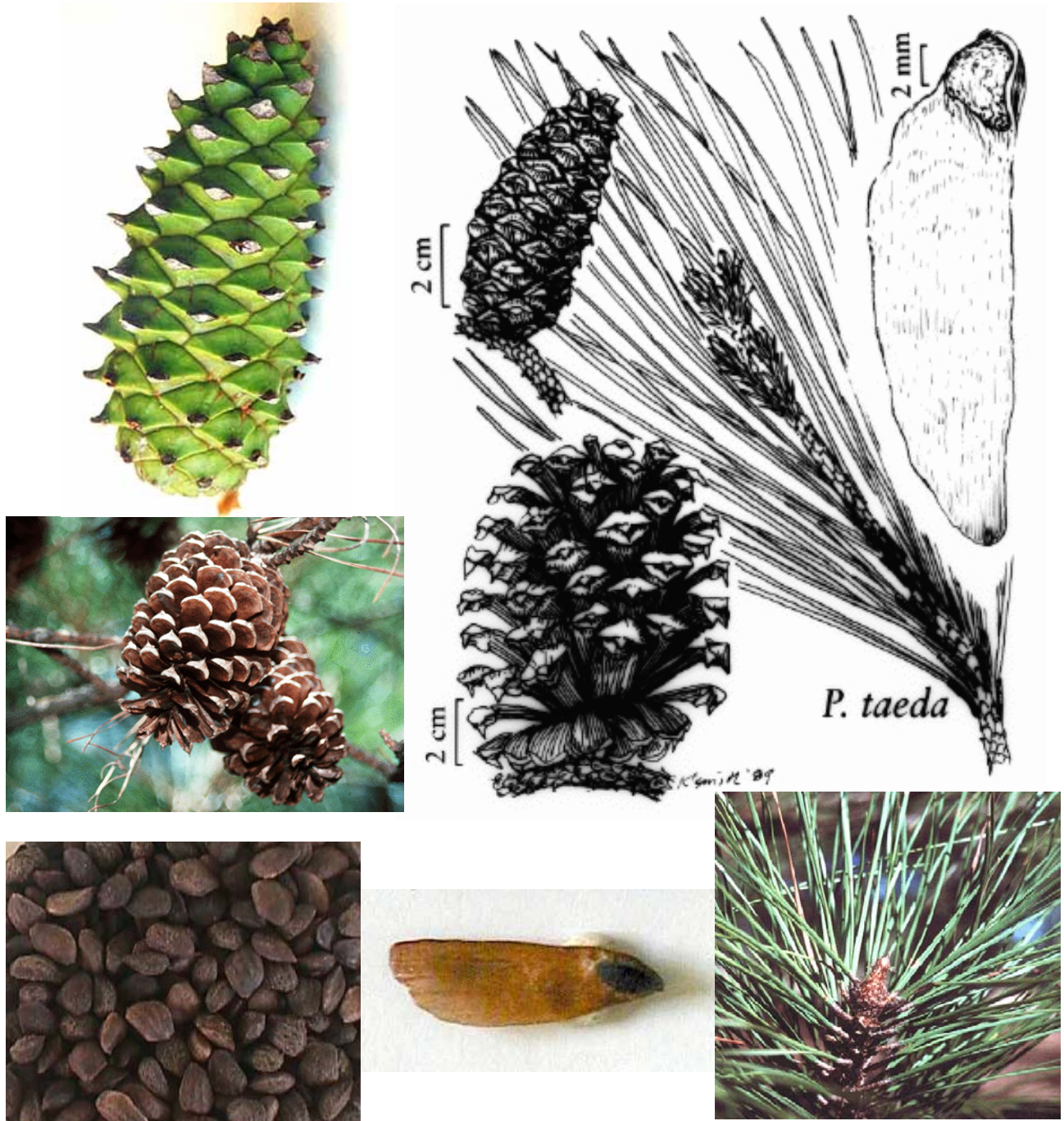
2.1.2 Taxonomia e Biologia

Reino: Vegetal
Divisão: Embryophytae siphonogamae (Spermatophytae)
Subdivisão: Gymnospermae
Classe: Coniferopsida
Ordem: Coniferales
Família: Pinaceae
Subfamília: Pinoideae
Gênero: *Pinus*
Espécie: *Pinus taeda*

A determinação das diferenças entre as espécies de *Pinus* spp. pelos caracteres botânicos baseia-se, principalmente, em número e comprimento de acículas, coloração das acículas, disposição das acículas nos ramos, forma das sementes, tamanho dos cones e coloração das sementes. Segundo PRESTON JUNIOR e BRAHAM (2002), *P. taeda* apresenta um conjunto de três acículas por fascículo, raramente 2 ou 4. Essas são longas e de coloração verde amarelada, persistindo por até 3 anos. Seus cones são de 7 a 15 cm de comprimento, oblongos e cilíndricos, abrindo-se quando maduros. As sementes apresentam cerca de 0,5 cm de comprimento, coloração marrom com marcas negras e asas de 2 cm de comprimento (Figura 2.2).

Pinus taeda é uma das 90 espécies do gênero, da família Pinaceae, com centro de diversidade ou de origem na região sudeste dos Estados Unidos. Árvores de *P. taeda*, apesar de alcançarem, em média, 25 a 35 m em altura, podem atingir até cerca de 50 m. Em diâmetro à altura do peito (DAP), a média máxima está entre 90 a 120 cm, podendo alcançar 140 cm (HARTMAN, 1982). O *P. taeda* pode viver até 150 anos, mas existem registros de alguns indivíduos ultrapassando 300 anos de idade (LITTLE e TREW, 1979).

FIGURA 2.2 - CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS UTILIZADAS NA CARACTERIZAÇÃO DO *Pinus taeda*: CONE, SEMENTES, ACÍCULAS E ESTRÓBILOS (FONTE DO DESENHO: PRESTON e BRAHAM, 2002).



Pinus taeda é uma espécie monóica, na qual os estróbilos masculinos se formam em grupos, nas extremidades dos ramos desenvolvidos no ano anterior, e os estróbilos femininos nos ramos desenvolvidos no ano corrente (Figura 2.3). Os

estróbilos masculinos se formam em grupos, na base de novas brotações na parte média e inferior da copa de árvores adultas. No Brasil, o pólen é liberado de agosto a setembro. Além da temperatura, a formação dos estróbilos é influenciada, também, pela altitude. Regiões com menores altitudes são propícias para a antecipação da maturação reprodutiva.

FIGURA 2.3 - ESTRUTURAS REPRODUTIVAS DO *Pinus taeda* A) ESTRÓBILOS MASCULINOS EM PRÉ-LIBERAÇÃO DO PÓLEN (FASE 3); B) ESTRÓBILOS FEMININOS RECEPTIVOS (FASE 2).



A produção de estróbilos masculinos e femininos varia muito com a matriz. Geralmente, menos de 20% dos genótipos em um pomar clonal com menos de 10 anos, nos Estados Unidos, produz cerca de 50% a 80% de todos estróbilos, cones e sementes no pomar (BERGMAN, 1968). Alguns desses genótipos formam vários estróbilos por ramo, enquanto que outros apenas um ou dois. Em um estudo realizado por SCHMIDTLING (1975), mais de 50% da variação na produção de estróbilos femininos, cones e sementes, assim como 40% da variação em produção de estróbilos masculinos foi atribuído a diferenças genotípicas. Geralmente, genótipos que apresentam fases reprodutivas precoces tendem a manter o seu potencial produtivo ao longo dos anos (SCHMIDTLING, 1983).

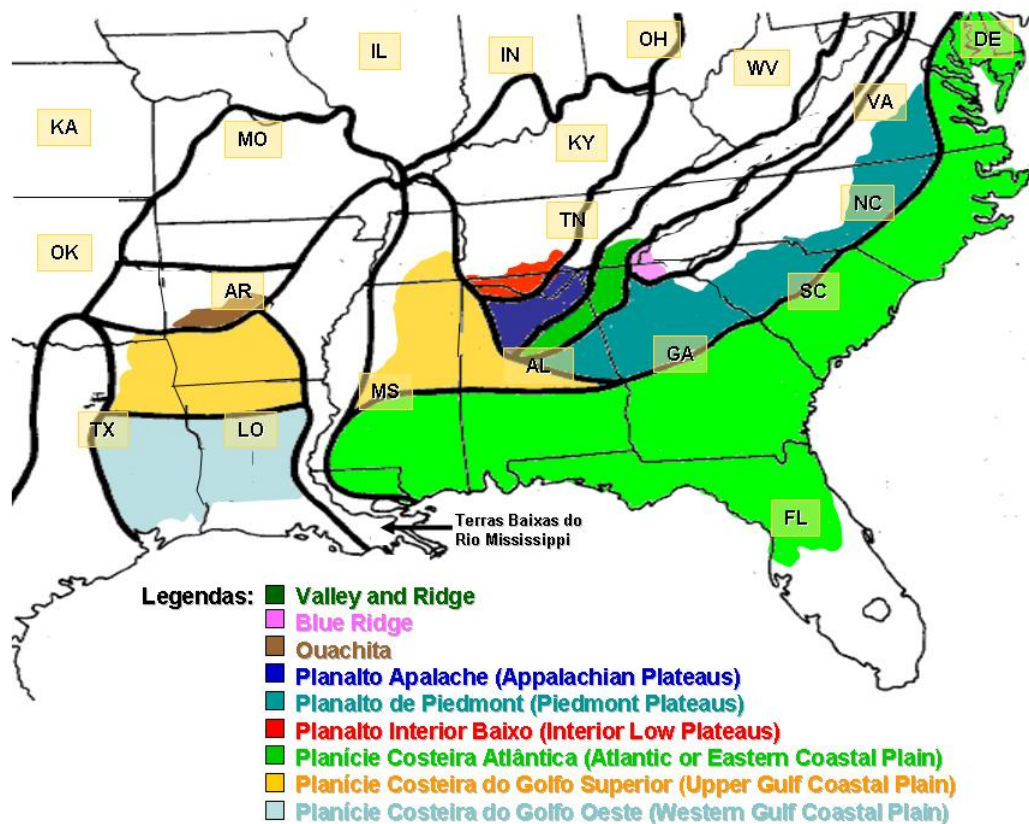
As sementes estão maduras para colheita a partir do final de fevereiro. A produção anual de sementes de *P. taeda* flutua, com picos de produção a cada ciclo de 3 a 6 anos (BAKER e LANGDON, 1990). No Brasil, os pomares clonais de *P.*

taeda apresentam produtividades médias variando de 0,3 a 1,0 kg de sementes por árvore, em pomares com mais de 15 anos. Isso equivale a cerca de 30 kg a 80 kg de sementes por hectare. Cones maduros podem conter entre 20 a 200 sementes cada, com viabilidade variando de 15% a 100%. O número de sementes por quilograma pode variar de 27.000 a 58.000, dependendo da matriz e condições edafo-climáticas, mas normalmente está entre 30.000 a 35.000 sementes/kg.

2.1.3 Distribuição Natural

Distribuído pelas regiões fisiogeográficas no sudeste dos Estados Unidos e abrangendo 14 estados, o *P. taeda* é uma espécie que se adapta a vários tipos de habitat, sob ampla variação de condições ambientais. Esta espécie ocorre naturalmente desde o estado de New Jersey no norte, ao centro da Flórida, no sul, para a região costeira no leste. Segundo SCHULTZ (1997), o limite oeste de ocorrência natural de *P. taeda* se estende do estado de Ohio no norte, ao leste do estado do Texas no sul (Figura 2.4). Apesar de *Pinus palustris* originalmente ter dominado essa área antes da colonização européia, dois fatores principais contribuíram para a dominância atual de *P. taeda* nessa região. Um deles, que contribuiu para que o *P. taeda* ocupasse cerca de 75% da área do ecossistema, está relacionado com a sua capacidade de rápida colonização em áreas erodidas e abandonadas, que a caracteriza como pioneira agressiva (LITTLE JUNIOR, 1971); o outro fator, está ligado à redução da incidência de incêndio florestais. Sem o fogo, o *P. taeda* dominou áreas onde *P. palustris* era mais abundante. O *P. taeda* se desenvolve, também, no Planalto de Piedmont e em partes da região alta no interior do sudeste dos Estados Unidos (SCHULTZ, 1997). Essa espécie não cresce naturalmente na planície inundada do Rio Mississippi e é raro nas areias profundas e densas da planície baixa e nas dunas dos estados da Carolina do Sul e da Carolina do Norte.

FIGURA 2.4 - DISTRIBUIÇÃO NATURAL E FIOGEOGRÁFICA DE *Pinus taeda*
(Adaptado de NELSON e ZILLGITT, 1969)



2.1.4 Clima e Solos

Na sua área de ocorrência natural, o *P. taeda* se desenvolve em solos moderadamente ácidos, com drenagem superficial e de fertilidade baixa, com camada superficial de textura média e subsolo de textura fina. Esses solos são comuns na Planície Atlântica Costeira e em planícies e terraços de rios do sudeste dos Estados Unidos. Essa espécie, normalmente, não se desenvolve em áreas de solos rasos, erodidos e com muita umidade (FOWELLS, 1965). A espécie tem apresentado excelente adaptação quando introduzidas em faixas de latitude equivalentes às de sua região de origem. Na região de ocorrência da espécie, o clima se caracteriza por verões longos e quentes e invernos moderados. A temperatura média nessas áreas varia de 13°C a 24°C, com médias no inverno entre 4°C a 16°C (SCHULTZ, 1997). A precipitação média anual dessa região varia de

1.000 mma 1.500 mm com déficit hídrico durante a estação de crescimento. A altitude média dessa região de ocorrência natural do *P. taeda* é de 400 m.

2.1.5 Variação entre Procedências

A variação geográfica é, provavelmente, a principal fonte de variabilidade genética em *P. taeda* (ZOBEL e SPRAGUE, 1993). Os mais de 60 anos de testes de procedências nos Estados Unidos têm demonstrado a presença e o efeito da variação geográfica no seu crescimento (WAKELEY e BERCAW, 1965; WELLS e LAMBETH, 1983). Como esta espécie ocorre naturalmente em diferentes condições edafo-climáticas, em uma ampla área geográfica, acredita-se que ela apresente grande variabilidade genética natural. Essa variabilidade pode ser decorrente da sua evolução em ambientes com ampla variação de latitudes, longitudes, altitudes, solo, clima e fotoperíodos. Esses fatores devem ser considerados na seleção de suas procedências. Nos Estados Unidos, essa diversidade tem possibilitado a identificação de procedências mais promissoras às explorações florestais e mais adaptadas a regiões específicas.

Entre as regiões fisiogeográficas onde ocorre o *P. taeda* (Figura 2.4), quatro são consideradas as principais fontes de sementes: Planície Costeira Atlântica (Atlantic ou *Eastern Coastal Plain*), Planalto de Piedmont (*Piedmont Plateau*), Planície Costeira do Golfo Oeste (*Western Gulf Costal Plain*) e Planície Costeira do Golfo Superior (*Upper Gulf Costal Plain*). Apesar dessas fontes apresentarem variações nas características de crescimento em plantios nos Estados Unidos, as densidades básicas da madeira juvenil são semelhantes entre as várias regiões geográficas (TALBERT et al., 1983). Tampouco parece haver influência da origem geográfica sobre o comprimento de traqueídeos (JACKSON e STRICKLAND, 1962). Contudo, como citado por vários autores (WAKELEY e BERCAW, 1965; WELLS e LAMBETH, 1983; MCKEAND et al., 1997), sementes originadas da Planície Costeira Atlântica têm produzido árvores com maior crescimento, enquanto as procedentes da Louisiana e do Texas têm apresentado maior resistência à ferrugem fusiforme (*fusiform rust*). Apesar de menor crescimento, as procedências do Texas têm demonstrado maior tolerância à seca (BONGARTEN e TESKEY, 1987).

A equivalência ambiental entre o local de plantio e da origem tem sido utilizada com frequência na otimização de programas de melhoramento genético da espécie. Em vista da grande extensão da área de ocorrência de *P. taeda* e da ampla variabilidade desses ambientes, variações expressivas têm sido observadas entre e dentro de populações, principalmente com respeito ao crescimento e a forma das árvores (FONSECA, 1978). A avaliação de um grande número de procedências da espécie possibilitará a seleção rigorosa de genótipos que melhor se adaptem a ambientes específicos de produção.

2.1.6 Melhoramento de *Pinus taeda* nos Estados Unidos

O melhoramento genético de *P. taeda* iniciou na década de 50, na região sudeste dos Estados Unidos. Apesar dessa iniciativa ter tido uma grande receptividade na época, alguns trabalhos de relevância científica já haviam sido desenvolvido anteriormente (ZOBEL e SPRAGUE, 1993). Um dos pioneiros no melhoramento genético florestal foi Philip C. Wakeley, que iniciou seus trabalhos enfatizando a importância da identificação de regiões geográficas ou procedências (ZOBEL e JETT, 1995). Segundo Philip C. Wakeley, a identificação de procedências que propiciem a maximização de ganho em plantios florestais era o primeiro passo a ser dado. Juntamente com a avaliação de procedências, formou-se uma ampla base genética para os programas de melhoramento genético nessa época. Esses programas de melhoramento foram iniciados para assegurar a disponibilidade de sementes para os plantios, visando à produção de matéria-prima a baixo custo para as indústrias de celulose e papel. Esses programas focaram o desenvolvimento de material genético melhorado para rápido crescimento, resistência à infecção por doenças e produção de madeira de alta qualidade (ZOBEL e JETT, 1995). Na implementação desses programas, surgiram os primeiros pomares clonais para produção de sementes de *P. taeda*.

O programa de melhoramento genético florestal nos Estados Unidos prosseguiu enfocando a seleção de espécies de melhor sobrevivência e crescimento em determinadas condições edafo-climáticas. No início da década de 50, cerca de 80% dos plantios florestais no sul dos Estados Unidos era composto de *Pinus elliottii* (ZOBEL e TALBERT, 1984). O crescimento inicial rápido do *P. elliottii*, em

condições variadas de locais, e sua resistência ao ataque da mariposa-do-ponteiro ou “*Tipmoth*”, motivou o seu plantio em locais mesmo onde *P. taeda* poderia crescer melhor. Na década de 90, os plantios de *P. taeda* chegaram a mais de 80% das áreas reflorestadas nos Estados Unidos (TODD et al., 1995). Os plantios de *P. elliotii* tornaram-se restritos às áreas de planícies úmidas na região baixa da Planície Costeira Atlântica (*Lower Costal Plains*), onde predominam solos com camadas arenosas superficiais e perfis inferiores argilosos com drenagem deficiente. Segundo SCHULTZ (1997), os plantios com *P. taeda* concentraram-se em áreas de melhor drenagem na região mais elevada da Planície Costeira Atlântica (*Upper Costal Plains*) e Piedmont, onde sua sobrevivência e produtividades são maiores. Plantios com *P. taeda* não eram recomendados em regiões com déficit hídrico e solos arenosos profundos, onde a espécie apresenta baixa sobrevivência e menor produtividade.

Com o interesse das empresas no estabelecimento de plantios com material genético de melhor qualidade, o uso de sementes de procedências recomendáveis tornou-se pré-requisito no estabelecimento de plantios florestais nos Estados Unidos. No caso de *P. elliotii*, sementes de qualquer procedência eram aceitáveis, devido à pequena variação na adaptabilidade e performance entre elas. Em contraste, para *P. taeda*, que se caracteriza por uma ampla variação natural, recomendações específicas foram empregadas.

Árvores de *P. taeda* procedentes da Região Costeira Atlântica, que apresentavam crescimento mais rápido quando introduzidas na região do Mississippi, eram suscetíveis à ferrugem fusiforme. Além disso, estas apresentavam menor densidade básica da madeira quando comparadas às procedências do oeste do Rio de Mississippi (LI et al., 1999). Em geral, procedências da região sudeste apresentam maior crescimento do que as do norte. Contudo, precauções eram tomadas na movimentação de material do sul para as áreas ao norte de sua origem, onde o frio e a neve poderiam causar perdas de produtividade. Em vários casos, a introdução de sementes de procedências onde as temperaturas mínimas médias são 3°C maiores que do local de plantio (no sentido sul), propiciavam maior crescimento do que as procedências locais (SCHMIDTLING, 1992). O material genético procedente da região de Livingston Parish, no estado de Louisiana, exibiam rápido crescimento e alta resistência à ferrugem fusiforme, quando introduzido na região

costeira do Golfo do México (*Lower Gulf Coast*) e na Região Costeira Atlântica Sul (*South Atlantic Coast*) (LI et al., 1999).

Em 1951, várias iniciativas surgiram com o intuito de selecionar árvores de *P. taeda* de crescimento rápido, boa forma, e características da madeira desejáveis ao setor de celulose e indústrias de produtos madeiráveis. Intensidades de seleção eram em torno de uma árvore para 100.000 avaliadas, com base nas características fenotípicas (KELLISON, 1997). As seleções efetuadas na década de 50 deram origem aos primeiros pomares de sementes clonais de *P. taeda*. O primeiro plantio experimental estabelecido com material genético melhorado mediante seleções fenotípicas ocorreu em 1960. Contudo, foi somente em 1969 que os pomares de sementes clonais de 1ª geração disponibilizaram sementes para plantios operacionais (LI et al., 1999). No início da década de 80, atingiu-se a produção sustentável de sementes em pomares clonais, para abastecimento da demanda para os plantios nos Estados Unidos. A colheita dos primeiros plantios originados de sementes melhoradas teve início na década de 90. Desde então, tem-se confirmada as expectativas de ganhos esperados com o melhoramento genético florestal (WEIR, 1996). Os ganhos genéticos obtidos com o plantio de material genético melhorado de *P. taeda* estavam centrados no maior crescimento em volume em diferentes condições edafo-climáticas, aumento da densidade específica da madeira e aumento da resistência à ferrugem fusiforme. O ganho em volume obtido em plantios com rotações de 25 anos alcançaram 32% em valor, quando comparado com material não melhorado (TALBERT et al., 1985).

O avanço do melhoramento genético na região sudoeste dos Estados Unidos foi, em grande parte, realizado pelos esforços de três cooperativas. Estas eram compostas por universidades, indústrias florestais e agências governamentais. A Cooperativa de Melhoramento Florestal do Oeste do Golfo (*Western Gulf Tree Improvement Cooperative*) focou no melhoramento de *P. taeda* e *P. elliotii*. Esse programa continua sendo coordenado pelo Serviço Florestal do Texas, que trabalha cooperativamente com pesquisadores da Universidade A&M do Texas. A segunda entidade, a Cooperativa de Pesquisa em Genética Florestal (*Cooperative Forest Genetics Research Program*), coordenada pela Universidade da Flórida, teve *P. elliotii* como foco prioritário. A terceira cooperativa, sediada na Universidade Estadual da Carolina do Norte, Cooperativa Industrial de Melhoramento Florestal

(*Industry Cooperative Tree Improvement Program*), focou principalmente sobre *P. taeda*. Desde o estabelecimento dessas cooperativas, membros de cada uma delas têm contribuído com recursos para a manutenção do corpo científico e técnico, desenvolvimento de trabalhos de cruzamentos, avaliação e seleção de material genético superior. A execução de projetos cooperativos continua sendo o foco dessas entidades. Elas desenvolvem atividades contínuas de pesquisa, visando ao aumento da eficiência dos processos de melhoramento florestal, agregando benefícios advindos de seus programas.

A Cooperativa Industrial de Melhoramento Florestal da Universidade Estadual da Carolina do Norte iniciou seu trabalho com a seleção fenotípica de 3.000 árvores de *P. taeda* em áreas nativas. Segundo ZOBEL e SPRAGUE (1993), as procedências utilizadas para essa seleção foram indicadas previamente como de alta performance. Procedências como Piedmont, Planície Costeira Atlântica e Planície Costeira do Golfo foram as mais focadas para a formação da população base. Algumas seleções foram realizadas em ambientes específicos, como áreas relativamente mais secas e de baixa drenagem. Essas seleções constituíram as populações de melhoramento de 1ª geração e formaram a base dos primeiros pomares clonais estabelecidos pela entidade. As empresas participantes dessa cooperativa selecionaram uma fração elite dentre os melhores materiais genéticos para constituir os seus primeiros pomares. Após testes de progênie, geralmente 15 a 20 genitores dos 30 a 40 clones presentes em cada pomar eram eliminados no desbaste genético.

Apesar do intenso trabalho inicial na implantação dos primeiros pomares de produção pelas empresas, a geração de populações avançadas nos seus programas internos de melhoramento não acompanhou o ritmo da cooperativa (ZOBEL e SPRAGUE, 1993). Apenas alguns cruzamentos realizados por essas empresas integraram o programa. Os cruzamentos implementados na população de melhoramento da cooperativa utilizavam o esquema de cruzamento testador. Este era um fatorial incompleto em que quatro a cinco genótipos eram cruzados com todos os demais parentais. Esses cruzamentos geraram famílias de irmãos-completos para testes de progênie (TALBERT et al., 1982; LI et al., 1996). A avaliação da performance dessas famílias, em comparação às testemunhas produzidas a partir de material não melhorado, foram realizadas em testes com

delineados em blocos casualizados com parcelas lineares. Segundo LI et al. (1999), cerca de 2.000 árvores selecionadas de 2ª geração, obtidas dos testes de progênie de 1ª geração, foram utilizadas para estabelecer pomares clonais. Além das seleções em testes de progênie de 1ª geração, o 2º ciclo de melhoramento contou com a introdução de seleções realizadas em plantios comerciais no final da década de 70.

Testes de progênie de polinização aberta das matrizes dos pomares de 2ª Geração foram implantados em diversos locais na região sudeste dos Estados Unidos. Esses testes foram agrupados em quatro regiões geográficas: 1) Virginia e Carolina do Norte; 2) Planície Costeira Atlântica (*Atlantic Coastal Plain*); 3) Baixo Golfo (*Lower Gulf*) e 4) Piedmont (SCHULTZ, 1997). O número de famílias testadas em cada região variou de 83 a 285. Nesse 2º ciclo de melhoramento, as características avaliadas foram principalmente altura, DAP, retidão do fuste e resistência à ferrugem fusiforme (LI et al., 1997). Após a avaliação das matrizes, com base na performance das progênies, os pomares de 2ª geração iniciaram a produção de sementes no final da década de 80. Contudo, somente no final do século passado, passaram a contribuir com cerca de 50% da produção total de sementes de *P. taeda* do país. Até 1997, cerca de 9,6 milhões de hectares de *P. taeda* foram estabelecidos com sementes de pomares clonais de 2ª geração (LI et al., 1999).

O melhoramento genético do *P. taeda* nos Estados Unidos proporcionou ganhos significativos em volume de madeira e em retorno financeiro. Esses ganhos foram verificados quando a performance dos plantios melhorados era comparada com a dos plantios não melhorados. Os plantios estabelecidos com sementes de pomares de sementes de 1ª geração proporcionaram um aumento em produtividade volumétrica de 7% a 12% em relação aos de plantios estabelecidos com sementes de procedências selecionadas (TALBERT et al., 1985). Segundo o mesmo autor, o ganho genético referente à qualidade dos plantios (retidão do fuste, resistência a doenças e densidade básica da madeira) tem sido estimado entre 10% e 20%. Plantios estabelecidos com sementes de pomares de sementes de 2ª geração tiveram projeções de aumento de produtividade de 17% a 30% em relação aos plantios com semente não melhorada (LI et al., 1999). Ganhos volumétricos em plantios das melhores famílias oriundas de pomares desbastados aos 25 anos foram

estimados em 26% a 35%. Esses ganhos foram alcançados com dois ciclos de melhoramento. As sementes desses pomares proporcionaram cerca de 15% de ganho adicional nas regiões da Virginia e Carolina do Norte, 14% na Planície Costeira Atlântica e 19% no Baixo Golfo e 23% em Piedmont. A melhor família da Planície Costeira Atlântica proporcionou 38% de ganhos em produtividade em comparação com plantios não-melhorados, enquanto que a melhor família de Piedmont proporcionou 66% de ganho (LI et al., 1997). Apesar de características como retidão do fuste serem de avaliação subjetiva, os plantios de 2ª geração apresentaram ganhos perceptíveis em forma do fuste e estrutura de copa.

Em geral, misturas de material genético do 2º ciclo de melhoramento nos Estados Unidos propiciaram um ganho real de no mínimo 17% em produtividade volumétrica de madeira (TODD et al., 1995; FRAMPTON JUNIOR e HUBER, 1995). No caso de plantios em blocos com as melhores famílias (*Family Block Plantations*), essas produtividades foram estimadas com até 25% de aumento volumétrico de madeira em relação às sementes de 1ª geração. Além desses altos níveis de produtividade alcançados, espera-se que mais ganhos sejam obtidos com o emprego de tecnologias como a polinização massal controlada (PMC) dos melhores genitores e/ou propagação vegetativa dos melhores indivíduos resultantes dos melhores cruzamentos. Com base em testes de progênie, estima-se que sementes de irmãos-completos provenientes de PMC dos melhores genitores proporcionem incrementos volumétricos superiores a 40%. Em plantios clonais, estimam-se aumentos em produtividades de até 60% com o emprego de clones dos melhores indivíduos das melhores famílias de irmãos-completos.

Nos Estados Unidos, o custo marginal médio do desenvolvimento de um programa de melhoramento em empresas com mais de 4.000 ha de plantios anuais foi estimado em aproximadamente US\$20,00/ha de plantio estabelecido (LI et al., 1999). Esses valores se referem à mistura de sementes provenientes de pomares de polinização aberta. Dependendo do nível de melhoramento genético alcançado, o retorno desse investimento em valores presentes (VP) pode variar de US\$250,00 a US\$750,00/ha. O custo de produção da mudas de valor genético aditivo superior, utilizando tecnologias mais avançadas, como polinização massal controlada (PMC) e propagação vegetativa, ainda são desconhecidas. Apesar de estarem aparentemente operacional em algumas empresas, essas tecnologias ainda estão

sendo aperfeiçoadas. Acredita-se que os ganhos decorrentes do uso de material gerado por tais tecnologias, em breve, compensem os custos de operacionalização. Mesmo que o custo de produção de mudas seja maior que das produzidas por métodos convencionais, acredita-se que os ganhos financeiros a serem obtidos no final da rotação justificam o investimento inicial. Resultados financeiros dessas tecnologias podem ser estimados pela performance em testes de campo e pelo histórico dos benefícios obtidos com o melhoramento florestal.

Além do grande impacto causado pelo melhoramento genético no setor florestal dos Estados Unidos, a evolução das técnicas de manejo silvicultural tem, também, contribuído no aumento da produtividade dos plantios. Dependendo do nível de melhoramento do material genético utilizado e do nível tecnológico das práticas silviculturais adotadas, inovações em técnicas de cultivo podem também contribuir com incrementos em produtividade. A resposta ao preparo de solo intensivo, à fertilização e ao controle da competição tem sido uma realidade na obtenção de aumentos em produtividade florestal nos Estados Unidos (ALLEN et al., 1990). Contudo, para alcançar o potencial máximo de benefício do investimento em práticas silviculturais, a escolha do melhor material genético a ser usado é uma condição *sine qua non*. Em um estudo comparando a utilização de progênies com diferentes valores genéticos, em condições intensivas de tratamento silvicultural, constatou-se que famílias com altos valores genéticos promoveram um incremento adicional de cerca de 35% em relação à testemunha (MCKEAND et al., 1997). Isso mostra que um bom manejo silvicultural deve ser conciliado com a utilização de um bom material genético para se conseguir a maximização do retorno financeiro nas atividades florestais.

2.1.7 Melhoramento de *Pinus taeda* no Brasil

Na América do Sul, onde não existe ocorrência natural de *P. taeda*, esta espécie se desenvolve melhor entre as latitudes de 24°S e 32°S, em altitudes entre 500 m e 1.500 m (MACHADO, 1984). As condições edafo-climáticas da região Sul do Brasil, incluindo os estados do Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul, assim como as províncias de Misiones e Corrientes, na Argentina, têm se

caracterizado como áreas de maior potencial de crescimento de *P. taeda* no mundo (FERREIRA, 2004).

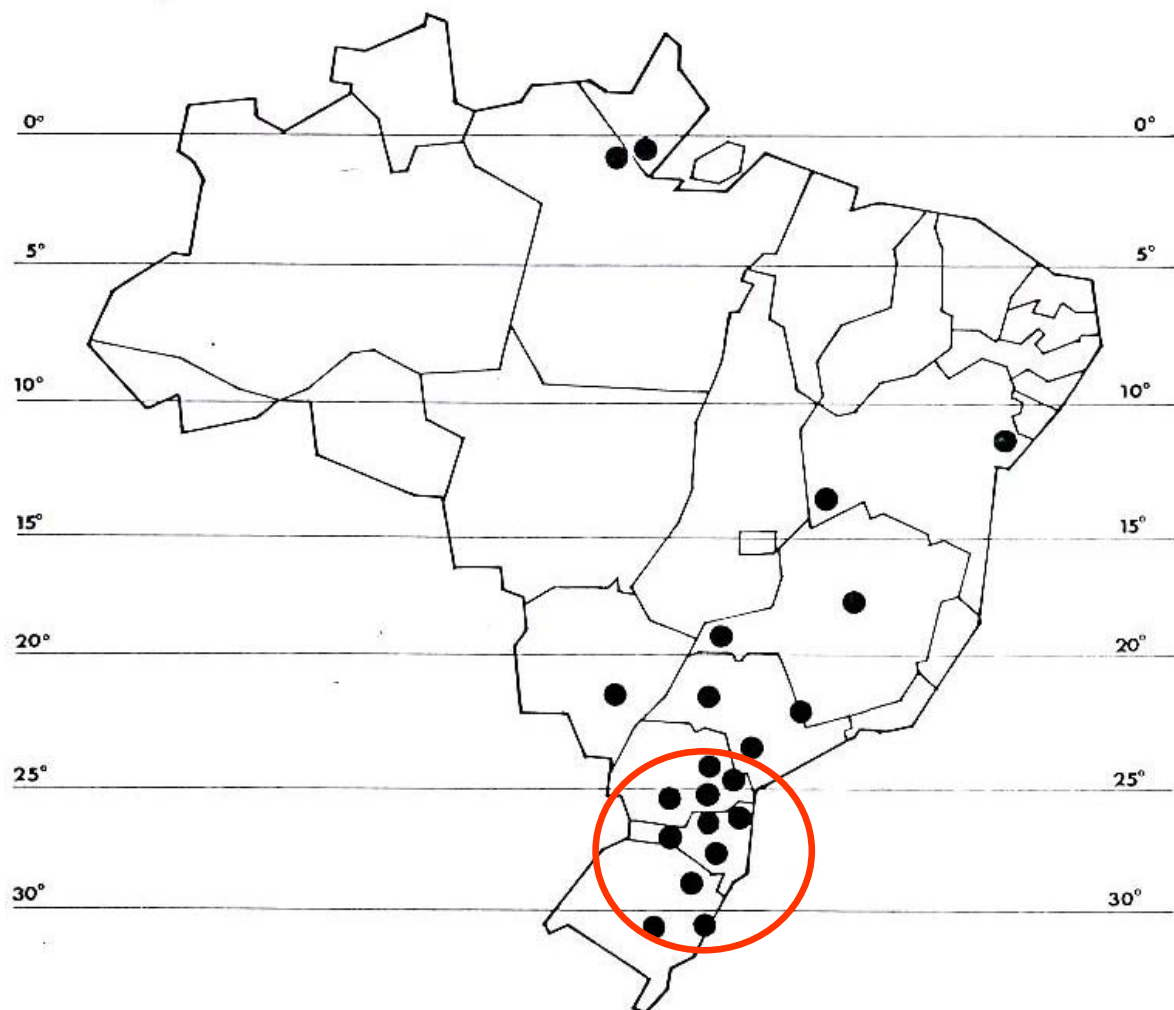
O *P. taeda* tem sido a espécie florestal exótica mais expressiva, economicamente, na região sul do Brasil. Em vista de sua ampla utilização na produção de papel e madeira, esta espécie tem sido o principal foco em programas de melhoramento florestal nos estados do Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul (Figura 2.5). Apesar de originária de regiões temperadas nos Estados Unidos, *P. taeda* adaptou-se às condições edafo-climáticas desses Estados. Em algumas empresas dessa região, áreas específicas com plantios oriundos de sementes geneticamente melhoradas têm alcançado produtividade média de 45 m³/ha/ano, com densidade de plantio de 1.600 árvores/ha e corte raso aos 18 anos (FERREIRA, 2003). Essa produtividade corresponde a um ganho de 40% em relação à média no Brasil para a espécie. Esses resultados são oriundos dos programas de melhoramento genético iniciados na década de 70.

As plantações, inicialmente estabelecidas no sul do Brasil, foram formadas a partir de sementes importadas de diversas regiões do Sul dos Estados Unidos, principalmente da Flórida, Geórgia, Alabama, Louisiana, Mississippi, Carolina do Sul e Carolina do Norte. No final da década de 70, ocorreram também, introduções de material genético de pomares clonais da África do Sul, que foram constituídos de material genético proveniente de programas de melhoramento dos Estados Unidos. Devido à diversidade de origem do material genético utilizado na composição dos povoamentos, esses plantios se tornaram as principais fontes de genótipos selecionados em programas locais de melhoramento da espécie.

Sementes das regiões de Livingston Parish na Louisiana, Condado de Marion (*Marion County*) na Florida e Condado de Beaufort (*Beaufort County*) na Carolina do Norte, foram as principais fontes inicialmente introduzidas em plantios de *P. taeda* no Brasil (SCHULTZ, 1997). A maioria dos plantios apresentou crescimento satisfatório. Contudo, a identificação das melhores procedências não foi possível por falta de documentação para a verificação de informações sobre a introdução de procedências que foram registradas somente com a implantação de testes de procedências no sul do Brasil. Nesses testes, procedências da Planície Costeira Atlântica, do Norte da Flórida, Geórgia e Carolina do Sul proporcionaram maior crescimento em altura, diâmetro e, conseqüentemente, volume nas idades de 6 a 9

anos (SHIMIZU e HIGA, 1981). Com base nesses testes e em indicações de plantios da mesma época, procedências da planície costeira do estado da Carolina do Sul foram as mais indicadas. Sementes dessa procedência se tornaram as principais fontes de material genético para plantios florestais em várias empresas na época. Eventualmente, alguns desses plantios foram transformados em áreas de produção de sementes (APS). Essas áreas, em sua maioria localizadas em empresas privadas, deram origem às primeiras fontes isoladas de sementes de *P. taeda* no Brasil. A vantagem dessas sementes se baseava no fato de serem provenientes de um material selecionado fenotipicamente para as condições locais.

FIGURA 2.5 - DISTRIBUIÇÃO DOS PLANTIOS DE *Pinus* SPP NO BRASIL. PLANTIOS DE *Pinus taeda* INDICADOS PELA CIRCUNFERÊNCIA. (FONTE SBS, 2002)



Com a constatação da performance diferencial de algumas procedências e dos benefícios comprovados dos primeiros programas de melhoramento de *P. taeda* nos Estados Unidos, surgiram iniciativas independentes para o melhoramento da espécie no Brasil. Na época, haviam-se constatado nos Estados Unidos ganhos de 12% em volume, obtidos em plantios com material de 1ª geração dos programas de melhoramento (TALBERT et al., 1985). No mesmo período, testes de progênes de 2ª geração, apresentaram ganhos genéticos adicionais da mesma ordem do obtido no 1º ciclo de melhoramento (LI et al., 1996). Além dos ganhos em volume observados, várias famílias de polinização aberta apresentaram performance estável em diferentes condições de sítios florestais (MCKEAND et al., 1997).

Essencialmente, a população base dos programas de melhoramento iniciados no Brasil, na década de 70, foi composta de indivíduos provenientes das procedências mais adaptadas localmente. Progênes de APS local e material genético de programas de melhoramento dos Estados Unidos, também, fizeram parte dessa população base. Com esse material genético, foram estabelecidos testes de progênie, assim como os primeiros pomares clonais de sementes (PCS) de *P. taeda* no Brasil. As matrizes escolhidas para os pomares foram, inicialmente, provenientes de seleções fenotípicas de árvores superiores em plantios comerciais. Esses PCS de 1ª geração sofreram desbastes seletivos após a avaliação da performance de suas progênes em testes de polinização aberta (PA). Além da capacidade geral de combinação (CGC) identificada em testes de progênie de PA, polinizações controladas (PC) também foram realizadas com o intuito de se estimar a capacidade específica de combinação (CEC) dessas matrizes. Contudo, apesar da identificação de indivíduos com alta CEC mediante delineamentos de cruzamentos dialélicos, os melhores genitores e progênes de irmãos-completos nunca foram disponibilizadas operacionalmente. Isso ocorreu devido à falta de tecnologia viável de produção de sementes por polinização massal controlada ou mesmo de propagação vegetativa por enraizamento de estacas.

Apesar da disponibilidade de sementes de pomares de sementes por mudas (PSM) de 1ª geração em algumas empresas no Brasil, o melhor material genético atualmente disponível para plantio é proveniente de PCS de 1ª geração desbastados. As sementes de PSM são inferiores aos de PCS em relação à composição de suas matrizes. O PSM é um teste de progênes desbastado

seletivamente, composto principalmente das melhores árvores das melhores famílias. Apesar de superiores, mesmos os indivíduos não selecionados para a população de melhoramento são mantidos no PSM para contribuírem com a produção de sementes do pomar; visto que a presença de poucos indivíduos não justificaria a manutenção do pomar. No caso do PCS, somente indivíduos que fazem parte da população de melhoramento são clonados e devidamente distribuídos no pomar, seguindo delineamentos específicos.

Semelhante aos resultados obtidos nos Estados Unidos (TALBERT et al., 1985), o material genético de PCS de *P. taeda* de 1ª geração no Brasil propiciou ganhos de 12% em volume, em relação ao material proveniente de APS. Com base nas análises de testes genéticos de progênes de 2ª geração de *P. taeda*, estima-se que ganhos genéticos da mesma ordem poderão ser também obtidos no próximo ciclo de melhoramento, a exemplo dos obtidos pelos programas de melhoramento nos Estados Unidos (LI et al., 1996).

Com o avanço do melhoramento genético de *P. taeda* no Brasil, alguns PCS de 2ª geração têm sido implantados por algumas empresas para atender a demanda interna e externa de sementes melhoradas. Alguns desses pomares foram estabelecidos com indivíduos selecionados em testes de progênie em idades precoces (3 a 4 anos). Esses indivíduos não foram selecionados com base na performance de suas progênes, mas com estimativas de performance preditas baseadas em seus irmãos no teste de onde foram obtidas. Portanto, os PCS de 2ª geração implantados nessas condições ainda requererão desbastes seletivos após a validação da performance de suas progênes. Os PCS de 2ª geração, implantados com matrizes cujas progênes de polinização aberta, de polimix ou de cruzamentos dialélicos tenham sido testadas, poderão ser dimensionados e otimizados para a produção operacional de sementes. Tais informações, normalmente são obtidas durante o processo de polinização controlada nas árvores selecionadas presentes em bancos clonais ou pomares de melhoramento. Por se tratar de PCS de 2ª geração, otimizados para produção com base em ganhos genéticos de suas progênes, suas sementes serão a próxima melhor fonte de material genético de *P. taeda* no Brasil.

Delineamentos de cruzamentos dialélicos foram os mais utilizados na década de 80, para o desenvolvimento de populações avançadas em programas de

melhoramento de algumas empresas no Brasil. Contudo, a implementação de técnicas de produção de sementes de famílias de irmãos-completos selecionadas nessas populações ainda não é operacional no Brasil. Técnicas como polinização massal controlada (PMC), polinização massal suplementar (PMS) e pomares bi-clonais (PBC) ainda não foram aplicadas na produção de sementes de *P. taeda* no Brasil. A implantação dessas técnicas tem sido limitada, principalmente pelas dificuldades climáticas e operacionais na região onde foram avaliadas. A alta precipitação e a alta umidade relativa do ar nos meses de polinização têm as principais restrições na implementação desses procedimentos no Brasil. Outros fatores relevantes, têm sido a falta de mão-de-obra especializada e a disponibilidade de equipamentos (cestos aéreos) para polinização em um curto período. Nos Estados Unidos, mesmo com o alto investimento em PMC e PMS nas poucas empresas que adotam essa tecnologia, a produção de sementes de famílias de irmãos-completos não têm sido constante ao longo dos anos.

Devido às limitações até então encontradas na efetivação do ganho genético com o uso de famílias de irmãos-completos, a clonagem de famílias de irmãos-completos tem se mostrado promissora. A utilização de processos como mini-estaquia, pode tornar viável o uso de famílias de irmãos-completos em escala operacional no sul do Brasil. Resultados de teste de progênie de cruzamentos dialélicos, desenvolvidos no final da década de 80 têm demonstrado superioridade em crescimento e em características de copa nas progênies de famílias de irmãos-completos. Valores genéticos individuais para volume com ganhos de mais de 50% tem sido observados em alguns testes de progênie. O estabelecimento de plantios com esse material genético, certamente, será um novo marco da contribuição do melhoramento genético com o aumento no retorno do investimento no setor florestal, após a fase do uso de sementes de pomares clonais.

2.2 SELEÇÃO GENÉTICA NO MELHORAMENTO FLORESTAL

2.2.1 Componentes de Variância e Parâmetros Genéticos

Parâmetros genéticos são expressões, numéricas utilizadas para inferências sobre a estrutura genética de populações. Essas expressões em conjunto com

delineamentos experimentais utilizados no melhoramento genético, propiciam o conhecimento do controle genético das características de interesse. Esse controle descreve as condições de herança do caráter através dos componentes genéticos como: número de genes, efeitos gênicos, interações alélicas, herdabilidade, repetibilidade e associações genéticas entre características. No melhoramento genético florestal, os parâmetros genéticos de maior relevância são as variâncias genéticas e seus componentes aditivos e não aditivos, as herdabilidades no sentido amplo e restrito, assim como as correlações genéticas entre locais e entre idades com referência às características de valor econômico (WILLIAMS e MATHESON, 1995). Os parâmetros genéticos são estimados com base em testes genético.

Testes genéticos que incluem a estrutura de famílias podem ser constituídos de progênies de cruzamentos controlados. Os cruzamentos controlados geram progênies de irmãos completos (irmãos germanos) e de meio-irmãos, enquanto que os cruzamentos não controlados, nos quais somente a mãe é conhecida, as progênies são consideradas de meios-irmãos. No caso de cruzamentos controlados com mistura de pólen (polimix), as progênies obtidas são consideradas meios-irmãos, por se tratar de uma mistura de pólen de pais conhecidos. A partir desses testes genéticos, podem ser estimados os componentes de variância como: variância entre plantas dentro de uma parcela (σ^2_d); variância devido às diferenças ambientais entre parcelas (σ^2_e); e a variação genética devido às diferenças entre progênies (σ^2_p).

Entre os efeitos genéticos que contribuem para a expressão genotípica de um indivíduo (genético aditivo, dominância e epistático), a variância genética aditiva (σ^2_a) é a que mais contribui para a resposta à seleção. Assim como a variância genética aditiva, os demais parâmetros relevantes à seleção genética são derivados das estimativas dos componentes de variância. Uma vez obtidos os parâmetros genéticos, estes constituem as ferramentas básicas no programa de melhoramento genético, sendo utilizadas para: predição de valores genéticos dos indivíduos e parentais; desenvolvimento de estratégias de melhoramento; construção de índices de seleção; delineamento de pomares de semente; e quantificação da eficiência da seleção precoce (ZOBEL e TALBERT, 1984).

A herdabilidade se refere à proporção relativa das influências genéticas na manifestação fenotípica das características. A herdabilidade é o quociente entre a variância genética e a variância total. Esse coeficiente determina o grau de controle genético de uma característica em condições ambientais específicas (FALCONER e MACKAY, 1996). O controle genético é decorrente da magnitude da variância genética aditiva e da variância genética não aditiva e pode ser estimada como herdabilidade no sentido amplo ou restrito. A herdabilidade no sentido amplo (h^2_g) é a proporção da variância genética total e a variância fenotípica (LUSH, 1936). Essa, também, é descrita como o quadrado da correlação entre o valor genotípico e o valor fenotípico, ou a regressão do valor genotípico sobre o valor fenotípico ou, ainda, como o coeficiente de determinação do valor genotípico sobre o fenótipo (RESENDE, 2002). A herdabilidade no sentido restrito (h^2_a) é a proporção da variância genética aditiva e a variância fenotípica. De forma análoga, a herdabilidade no sentido restrito pode ser descrita como o quadrado da correlação entre o valor genético aditivo e o valor fenotípico, ou a regressão do valor genético aditivo sobre o valor fenotípico ou, ainda, como o coeficiente de determinação do valor genético aditivo sobre o fenótipo (RESENDE, 2002). Essa herdabilidade é empregada em programas de melhoramento com foco em reprodução sexuada, pois pode ser usada para estimar o ganho que pode ser obtido através da recombinação. A herdabilidade no sentido amplo é empregada em programas de melhoramento direcionado à propagação clonal, nos quais o ganho genético é manifestado na performance dos genótipos selecionados e propagados vegetativamente.

A herdabilidade causa impacto na resposta à seleção baseada em indivíduos ou progênies para uma determinada característica em um determinado ambiente. Quanto maior a herdabilidade, maior a resposta de seleção (VENCOVSKY, 1978). Em *P. taeda*, uma grande variação tem sido reportada nas herdabilidades no sentido restrito em altura do fuste, com valores de 0,11 a 0,37 (PAUL et al., 1997; BALOCCHI et al., 1993). Esses resultados indicam que as respostas à seleção podem ser muito variadas, dependendo das situações de avaliação e das condições ambientais. Essas estimativas são restritas às populações, às características e aos ambientes específicos onde foram determinadas (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992).

O grau de associação genética entre características pode ser expresso pela correlação genética (r_a) entre elas. Esse parâmetro indica o quanto a alteração em

uma está associada às alterações na outra. Segundo FALCONER e MACKAY (1996), a correlação genética é decorrente de efeitos pleiotrópicos, onde alguns genes apresentam efeito sobre uma ou mais características. Uma alta correlação genética entre as características de difícil mensuração com as de fácil medição, poderá ser usada para aumentar a eficiência no melhoramento da primeira. As correlações genéticas entre caracteres, podem ser aplicadas na determinação de respostas à seleção de matrizes que apresentem interação genótipo-ambiente e genótipo-idade na determinação de idades para seleção precoce.

A repetibilidade (ρ) é outro parâmetro genético importante na descrição de estruturas genéticas populacionais. Esse parâmetro se refere à correlação entre medidas repetidas de uma mesma característica em um mesmo indivíduo no tempo (RESENDE, 2002). Ela representa a estimativa da capacidade de um indivíduo de repetir a expressão de uma característica ao longo do seu desenvolvimento. O coeficiente de repetibilidade determina o número de medições necessárias para se obter uma estimativa precisa de valores genéticos aditivos, genotípicos ou fenotípicos permanentes dos indivíduos.

2.2.2 Valores Genéticos e Acurácia

Programas de melhoramento genético são dirigidos à obtenção do máximo de ganho genético na geração seguinte pela avaliação de progênies. As progênies são avaliadas em testes genéticos quanto à performance nas características comerciais. Valores genéticos referentes aos genitores e as progênies são estimados com base na teoria e metodologias de análise genética quantitativa. Em espécies florestais, os valores genéticos aditivos e genotípicos preditos com base nos testes de progênies são utilizados na seleção genética de indivíduos para produção de sementes melhoradas. Seleções para utilização em propagação assexuada são feitas com base nos valores genotípicos. Um mesmo indivíduo pode revelar valores genéticos distintos para cada característica.

Um indivíduo geneticamente superior não é, necessariamente, um genitor superior. A superioridade genética de um indivíduo é determinada pela sua constituição genética, expressa como valor genotípico (VGp). O valor genético aditivo da progênie se refere aos efeitos dos genes que lhe foram transmitidos pelos

pais e de suas interações alélicas. O valor genético aditivo (VG) ou Capacidade Geral de Combinação (CGC) de um genitor é a expressão numérica da performance de seus descendentes quanto a uma determinada característica, em relação à população avaliada. Portanto, essa diferença descreve a superioridade genética (herdável) relativa do genitor. No caso de cruzamentos específicos, o efeito de famílias ajustado para as CGC dos genitores é chamado de Capacidade Específica de Combinação (CEC). Os valores genéticos e a estimativa dos efeitos de família possibilitam a comparação genética entre as árvores e suas famílias em uma população.

Como os valores genéticos aditivos de um genitor podem ser usados para se fazer predição da performance de sua progênie, eles são utilizados na escolha de matrizes para formar populações para produção de sementes. Os valores genéticos aditivos são, também, úteis na tomada de decisões durante a seleção de populações, em gerações avançadas, para o programa de melhoramento. Portanto, a determinação dos valores genéticos através do emprego de métodos de seleção apropriados é fundamental na continuidade do programa de melhoramento e na definição de populações de produção.

Técnicas para avaliação genética envolvem a predição de valores genéticos e a estimação de componentes de variância, utilizando-se modelos estatísticos para análises individuais. Nesses modelos, tanto os valores genéticos quanto os genotípicos são variáveis aleatórias desconhecidas e devem ser preditas “a priori” (RESENDE, 2002). Vários autores (LINDGREN, 1986; WHITE, 1987; RESENDE, 2002) têm enfatizado a importância da predição acurada dos valores genéticos em programas de melhoramento florestal. Quando elevada, a acurácia de predição dos valores genéticos proporciona estimativas mais confiáveis de ganhos genéticos, reduzindo a ocorrência de erros no processo de seleção.

A acurácia (r_{aa}) é um parâmetro que determina a proximidade entre os valores genéticos preditos e os valores genéticos verdadeiros dos indivíduos (VAN VLECK et al., 1987). Quanto maior a acurácia, maior a confiança na avaliação e no valor genético aditivo predito do indivíduo. A acurácia seletiva depende da herdabilidade e da repetibilidade de uma característica, assim como da qualidade e quantidade das informações e procedimentos utilizados na predição dos valores genéticos.

Como a acurácia é uma expressão da precisão de seleção, diferentes métodos de seleção podem ser comparados por esse parâmetro genético (RESENDE, 2002).

2.2.3 Métodos e Critérios de Seleção Genética

Métodos de seleção são classificados, basicamente, quanto às unidades de seleção (geralmente os experimentos) e quanto aos procedimentos de predição de valores genéticos. Os programas tradicionais de melhoramento genético no Brasil têm se baseado, principalmente, na seleção entre e dentro de famílias. Nesse esquema, identificam-se as melhores famílias com base na média das parcelas. Após essa seleção, selecionam-se os indivíduos dentro das progênies de melhor desempenho no teste. Nesse processo, ganhos adicionais são obtidos com a fração da variância não utilizada na “seleção entre progênies”. Entretanto, como a seleção das progênies das melhores famílias se baseia em valores fenotípicos individuais, ela é altamente influenciada pelos efeitos ambientais (FALCONER, 1989).

A seleção combinada se baseia em um índice que leva em consideração, simultaneamente, o comportamento dos indivíduos e da sua família. Nesse método, a seleção se faz pelos valores genéticos líquidos e não fenotípicos, dos candidatos à seleção (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992). A melhor estimativa do valor genético aditivo de um indivíduo candidato à seleção corresponde ao produto do seu valor fenotípico pela regressão do genótipo sobre o fenótipo (FALCONER, 1989). Nesse conceito, enquadram-se todas as modalidades de seleção baseadas em índices univariados ou multivariados (RESENDE e HIGA, 1994). Quando a seleção é praticada com base em um índice combinando de uma série de informações referentes aos candidatos, esperam-se respostas máximas nos valores genéticos desses indivíduos, e conseqüentemente, uma maior precisão na seleção. Contudo, esse índice combinado depende dos pesos e das correlações entre as características avaliadas.

Segundo RESENDE (2002), a seleção com base nos testes de progênies é feita utilizando-se, geralmente, duas fontes de informação: o desvio do valor individual em relação à média da família no bloco e o desvio da média da família em relação à média geral do teste. Essas informações permitem a aplicação dos métodos de seleção individual e seleção combinada (RESENDE e HIGA, 1994).

Entretanto, em esquemas de melhoramento baseados apenas nessas duas fontes de informação, frações da variância genética aditiva não são consideradas na seleção, por serem retidas nos efeitos de parcelas e de blocos. Esses efeitos também propiciam correções para efeitos ambientais. Esse método de seleção chamada também de seleção pelo índice multiefeito (IME) maximiza a precisão da seleção genética. De acordo com RESENDE e FERNANDES (1999), o método do IME é mais recomendado para seleção em experimentos balanceados com alta sobrevivência pois, em presença de desbalanceamentos, metodologias mais robustas devem ser empregadas (WHITE e HODGE, 1989; COTTERILL e DEAN, 1988). Métodos de seleção utilizando procedimentos de predição de valores genéticos geram estimativa fidedigna dos componentes de variância e de parâmetros genéticos. A estimativa desses componentes e parâmetros pode ser realizada com dados balanceados, pelo método de quadrados mínimos ordinários (*Ordinary Least Square* ou OLS) que é efetuada por análise de variância. Para dados desbalanceados, o método da máxima verossimilhança restrita (*Restricted Maximum Likelihood* ou REML) é o mais indicado.

Uma das maiores desvantagens do método da análise de variância (quadrados mínimos) na estimativa de variâncias está em suposições de aleatoriedade na amostragem. Isso tende a gerar estimativas tendenciosas no processo de seleção (ROBERTSON, 1977). Outra limitação no uso dos quadrados mínimos na estimativa de componentes de variância é a necessidade de dados relativamente balanceados. Além dessas limitações, informações sobre parentescos não são levadas em conta na análise genética. Em contraste, estimativas por métodos de máxima verossimilhança como REML não requerem dados balanceados e proporcionam estimativas não-viciadas dos componentes de variância (RESENDE, 2002). Após a obtenção dos componentes de variância, os valores genéticos podem ser preditos pelos métodos de melhor predição (*Best Prediction* ou BP), melhor predição linear (*Best Linear Prediction* ou BLP) e melhor predição linear não viciada (*Best Linear Unbiased Prediction* ou BLUP).

O método BP pode ser utilizado quando as médias e as variâncias são conhecidas e em quantidades iguais de informações e precisões associadas aos indivíduos avaliados. Em relação ao método BLP, o método BP utiliza diferentes quantidades e precisões dessas informações. Já o método BLUP é empregado nas

mesmas condições do BLP, com a diferença de que as médias não são conhecidas (RESENDE et. al, 1994). Isso implica que, nos métodos BLP e BLUP, ao contrário do BP, utilizam-se diferentes pesos para as informações fenotípicas dos candidatos à seleção. Como o BLUP estima os efeitos fixos simultaneamente à predição, ele é mais complexo que os demais e propicia a maximização do ganho genético pela seleção.

Para se estimar parâmetros genéticos a partir de experimentos desbalanceados, o procedimento mais recomendado tem sido o BLUP individual devido à sua maior acurácia na seleção (RESENDE, 2002). Para a predição de valores genéticos individuais pelo modelo BLUP, a avaliação genética envolve também a estimação de componentes de variância, sob modelos estatísticos em nível de indivíduos. Essas estimativas são geralmente obtidas pelo método REML sob o modelo individual. Apesar do aumento da precisão dos resultados decorrentes da utilização do BLUP individual, o método do IME gera resultados equivalentes para dados balanceados. O mesmo é válido para a estimativa de componentes de variância, onde a análise de variância é equivalente ao método REML (RESENDE, 2002).

Para o procedimento BLUP, considera-se que os componentes de variância (matrizes G e R) sejam conhecidos e que as propriedades dos preditores sejam garantidas nessas condições (HENDERSON, 1984). Dessa forma, os componentes de variância devem ser estimados com precisão para que possam substituir adequadamente os valores paramétricos. Anteriormente, os componentes de variância eram gerados a partir da estimativa e interpretação das esperanças matemáticas das covariâncias entre parentes (RESENDE, 2002). Atualmente, os componentes de variância são estimados diretamente como efeitos aleatórios do modelo linear misto. O modelo mais empregado para se estimar componentes de variância e parâmetros genéticos a partir de dados desbalanceados é o da máxima verossimilhança restrita (*Restricted Maximum Likelihood* ou REML).

A estimativa de componentes de variância e predição de valores genéticos geralmente é denominada de avaliação genética (RESENDE et al., 1996b). A avaliação genética é o procedimento analítico usado no processo de seleção. Através dessa avaliação, são determinados os parâmetros genéticos como herdabilidade, variância genética aditiva, repetibilidade e correlações genéticas. A

predição de valores genéticos, a estimação da acurácia seletiva e a predição de ganhos genéticos são também requisitos para a seleção precisa de famílias e indivíduos no programa de melhoramento.

2.2.4 Seleção Precoce em Testes Genéticos

A seleção precoce de árvores e famílias superiores em testes genéticos é fundamental na redução do ciclo de melhoramento genético florestal e antecipação na predição de ganhos com a disponibilização do material selecionado para uso operacional. Portanto, estimativas precisas de parâmetros genéticos são essenciais na predição de ganhos futuros e definição de estratégias viáveis em programas de melhoramento. Diversos autores têm reportado sobre a variação genética de características de crescimento em *P. taeda* (LI et al., 1997; LI et al., 1996; BALOCCHI et al., 1993; FOSTER 1986; LAMBETH et al., 1983; FRANKLIN 1979). Apesar da validade desses resultados nas regiões de foco desses trabalhos, nada se sabe sobre a estimativa de parâmetros genéticos em idades precoces em ambientes de rápido crescimento da espécie, como no Brasil. Outra característica que limita a aplicação dos resultados de trabalhos previamente publicados em seleção precoce é referente ao tipo de material genético utilizado nesses estudos. Na maioria desses estudos, somente testes de progênie de polinização aberta de 1ª geração ou de material genético não-melhorado, compostos de amostras pequenas e de precisão limitada foram empregados. Além de definições locais, testes de progênie uniformes e amostras representativas são requeridas para se obter estimativas confiáveis de parâmetros genéticos. Portanto, é importante usar um conjunto ideal de dados para se estimar a correlação juvenil-adulta e determinar a variação de parâmetros genéticos em populações melhoradas de *P. taeda* no Brasil.

A eficiência de um programa de melhoramento e a obtenção de ganho genético por ciclo de melhoramento tendem a aumentar, quanto menor for o tempo necessário para a obtenção dos cruzamentos e a realização da seleção. Cada ciclo de melhoramento, contemplando as etapas de cruzamentos, testes e seleção genética em *P. taeda* duram de 15 a 20 anos. A implementação da seleção precoce em testes genéticos possibilitaria redução no ciclo de melhoramento em programas de gerações avançadas. Além das vantagens da disponibilização precoce de

produtos do programa de melhoramento para plantios operacionais, a redução do ciclo de seleção possibilita maior adaptabilidade às mudanças nas demandas do setor florestal. Para usufruir das vantagens da seleção precoce, as herdabilidades das características de interesse em idades juvenis e adultas devem ser altas, assim como suas correlações genéticas. A eficiência da seleção precoce e a idade ótima para seleção somente poderão ser determinadas a partir do conhecimento dessas herdabilidades e das correlações genéticas entre idades para as características de interesse.

A mensuração de características de crescimento em árvores juvenis em testes genéticos é uma prática comum em programas de melhoramento. Essas são, normalmente, utilizadas como indicadores de performances futuras das famílias e indivíduos em idade de rotação. A seleção precoce com base em caracteres de alta correlação genética entre idades é um requisito para a otimização de programas de melhoramento florestal e o aumento de ganho genético por unidade de tempo. Normalmente, na fase de testes de progênie estão as atividades mais prolongadas e de maior custo em programas de melhoramento florestal (ZOBEL e TALBERT, 1984). A determinação de valores genéticos de matrizes através da performance de progênies em testes implantados em vários locais incorre em custos elevados de implantação, manutenção e avaliação. Com a finalidade de se reduzir o período necessário para a avaliação do material genético em programas de melhoramento, num ciclo completo de produção, a seleção de genótipos superiores deve ser realizada quando os ganhos por unidade de tempo são maximizados (LAMBETH, 1980; REHFELDT, 1991).

Estimativas de parâmetros genéticos têm sido publicadas por vários autores (MCKEAND 1988; FOSTER 1986; LAMBETH et al., 1983). Esses estudos indicaram que seleções precoces para características de crescimento poderão ser efetivas na redução de ciclos de melhoramento. LAMBETH (1980) determinou um modelo em que correlações fenotípicas entre alturas em diferentes idades eram previsíveis com base no logaritmo das proporções de idades juvenis e adultas. De acordo com o seu modelo, as correlações fenotípicas entre idades geram estimativas precisas de correlação genética entre idades. Desde então, vários autores (KING e BURDON, 1991; MAGNUSSEN 1988, MCKEAND 1988, RIEMENSCHNEIDER, 1988) têm utilizado modelos logarítmicos para determinar as idades ótimas de seleção precoce.

No início da década de 70, WAKELEY (1971) sugeriu que seleções precoces poderiam ser realizadas somente após a meia-idade da rotação. Contudo, no início da década de 80, vários estudos indicaram que seleções precoces para algumas características como altura do fuste e DAP, em *P. taeda* poderiam ser realizadas em idades mais precoces. LAMBETH (1980) LAMBETH et al. (1983), FOSTER (1986) e MCKEAND (1988) reportaram que seleções em *P. taeda* poderiam ser realizadas dos 6 aos 8 anos. NEWMAN e WILLIAMS (1991) indicaram que a idade econômica mais eficiente para seleção precoce em *P. taeda* utilizando características como altura do fuste e DAP, seria entre 4 e 8 anos. Apesar de vários autores reportarem tendências de aumento da eficiência de seleção, nenhuma informação precisa quanto à idade para seleção precoce em *P. taeda* pôde ser amplamente utilizada. Variação nas estimativas dos parâmetros genéticos ao longo do período de crescimento de *P. taeda*, em regiões e populações distintas, poderiam apresentar resultados distintos. Na maioria dos estudos realizados, as populações utilizadas foram aproveitadas de experimentos com outros objetivos e as análises foram realizadas utilizando-se conjuntos de dados incompletos de diferentes idades.

O uso de um conjunto robusto de dados é fundamental no estudo de correlações genéticas precisas entre idades, para as características de interesse no melhoramento florestal. Dados balanceados em testes de progênies de 2^a geração são ideais para estimativa precisa de parâmetros genéticos visando seleções precoces. Ainda melhor seria, se esses testes estiverem localizados em várias regiões e dados de medições anuais estiverem disponíveis. Com esses dados, seria possível obter estimativas precisas de parâmetros genéticos em idades juvenis. Com estimativas precisas desses parâmetros, tendências temporais de eficiência de seleção poderão ser acessadas visando à maximização de ganhos genéticos por unidade de tempo.

2.2.5 Interação Genótipo-Ambiente

A interação de genótipos com diferentes ambientes (GxA) representa uma das principais dificuldades encontradas pelo melhorista durante a seleção genética. Por isso, delineamentos experimentais repetidos em vários locais são comuns em programas de melhoramento de genético de plantas (VENCOVSKY e BARRIGA,

1992; RAMALHO et al., 1993). Contudo, Extrapolar as estimativas da variância genética de uma localidade para outra pode resultar em ganhos genéticos reais inferiores os esperados com a seleção. Para não incorrer nesse erro, testes genéticos são conduzidos em vários ambientes (locais, anos e/ou épocas), o que possibilita o isolamento do componente ambiental da variabilidade. Assim, torna-se possível detectar interações GxA, onde genótipos específicos podem apresentar performances distintas em diferentes ambientes. Ao contrário, se não houvesse interação GxA, um genótipo adaptar-se-ia a todos os ambientes e inferências de resultados gerais de performance poderiam ser obtidas com o teste em apenas um local de ensaio. Portanto, a determinação da interação GxA possibilita a identificação de genótipos estáveis em vários ambientes testados ou recomendações genótipo-específico para diferentes ambientes (GAUCH e ZOBEL, 1996).

A avaliação genética e a seleção em testes repetidos em vários ambientes são relativamente complexas em decorrência dos efeitos da interação genótipo com o ambiente (GxA). A relevância da detecção de interações GxA no processo de seleção conduz à necessidade da derivação de preditores de valores genéticos e genotípicos de indivíduos em cada ambiente. Em uma análise genética envolvendo fatores de interação genótipo-ambiente em um experimento com p progênes em b blocos com n plantas por parcela, considerando o delineamento de blocos ao acaso repetido em l locais, pode-se seguir o modelo estatístico:

$$Y_{ijkl} = \mu + p_i + l_j + pl_{ij} + b_{kj} + c_{ijk} + e_{ijkl}$$

Onde: Y_{ijkl} é a observação no indivíduo $ijkl$;

μ é a média geral, fixa, $E(\mu) = \mu$ e $E(\mu^2) = \mu^2$;

p_i é o efeito da progênie ou família i , aleatório, $E(p_i) = 0$ e $E(p_i^2) = \sigma_p^2$;

l_j é o efeito fixo do local j , $E(l_j) = l_j$ e $E(l_j^2) = V_l$;

pl_{ij} é o efeito aleatório da interação da progênie i com o local j , $E(pl_{ij}) = 0$ e $E(pl_{ij}^2) = \sigma_{pl}^2$;

b_{kj} é o efeito fixo do bloco ou repetição k dentro do local j , $E(b_{kj}) = b_{kj}$ e $E(b_{kj}^2) = b_{kj}^2$;

c_{ijk} é o efeito aleatório da parcela ik dentro do local j , $E(c_{ijk}) = 0$ e $E(c_{ijk}^2) = \sigma_c^2$.

Os efeitos c_{ijk} apresentam distribuição normal e são independentemente distribuídos e independentes dos demais efeitos aleatórios

e_{ijkl} é o efeito do indivíduo l da progênie i no bloco k do local j , aleatório,

$E(e_{ijkl}) = 0$ e $E(e_{ijkl}^2) = \sigma_e^2$. Como para c_{ijk} , as mesmas considerações são válidas para os efeitos e_{ijkl} .

Nesse modelo, os componentes de variância têm os seguintes significados, em ausência de epistasia:

σ_p^2 , σ_{pi}^2 , σ_c^2 e σ_e^2 são as variâncias genéticas entre progênies, da interação progênies x locais, entre parcelas e dentro de parcelas, respectivamente.

$\sigma_e^2 = (1 - \rho_a) \sigma_{aj}^2 + (1 - \rho_d) \sigma_{dj}^2$, onde σ_{aj}^2 e σ_{dj}^2 são as variâncias genética aditiva e de dominância do local j , respectivamente.

σ_{adj}^2 é a variância ambiental dentro de parcelas no local j .

$\sigma_{rdj}^2 = \sigma_{sj}^2 - (1 - \rho_a) \sigma_{aj}^2$ é a variância residual dentro de parcelas no local j .

ρ_a é a correlação genética intra-classe entre indivíduos da progênie ($\rho_a = 0,25$ para progênies de meio-irmãos e $\rho_a = 0,5$ para progênies de irmãos germanos).

ρ_d é o coeficiente de parentesco de dominância entre os indivíduos da progênie ($\rho_d = 0$ para meio-irmãos e $\rho_d = 0,25$ para irmãos germanos).

Os componentes de variância associados ao modelo apresentado permitem a obtenção dos parâmetros para o local j :

$\sigma_{Kj}^2 = \sigma_{pj}^2 + \sigma_{cj}^2 \sigma_{ej}^2$ para variância fenotípica do local j ;

$h_{nj}^2 = \frac{\sigma_{aj}^2}{\sigma_{yj}^2}$ para herdabilidade no sentido restrito do local j .

$h_{gj}^2 = \frac{\sigma_{aj}^2 + \sigma_{dj}^2}{\sigma_{yj}^2}$ para herdabilidade no sentido amplo do local j .

$e_j^2 = \frac{\sigma_{ej}^2}{\sigma_{yj}^2}$ para correlação intra-classe devida ao ambiente comum da parcela no local

j .

2.2.6 Delineamento de Cruzamentos Dialélicos

Delineamentos de cruzamentos são componentes integrantes de estratégias de melhoramento genético, pois influenciam na eficiência seletiva em testes de progênes (ZOBEL e TALBERT, 1984). Testes de progênie são utilizados na avaliação do valor genético aditivo dos genitores para predição de ganhos genéticos e seleção da população-base para o próximo ciclo de melhoramento. Em vários programas de melhoramento de *P. taeda*, as progênes envolvidas nos testes de 2ª geração são provenientes de cruzamentos dialélicos. Este delineamento é utilizado para determinar da capacidade específica de combinação (CEC) entre genitores (VAN BUIJTENEN e BURDON, 1990; ZOBEL e TALBERT, 1984). Dentre esses delineamentos, destacam-se os do tipo dialélico parcial, fatorial desconexo e meio dialélico desconexo.

A CEC é obtida com base nos valores genotípicos totais dos descendentes, os quais são resultantes do valor genético aditivo, do desvio da dominância e dos efeitos epistáticos. Além das estimativas da CEC, testes de progênes de dialelos geram informações sobre: a) capacidade geral de combinação (CGC) dos pais; b) componentes de variância e herdabilidade; c) ganhos genéticos esperados (ou preditos) da progênie para o próximo ciclo de melhoramento. Cruzamentos dialélicos, meio-dialelos e dialelos parciais desconectados são os mais comuns em programas de melhoramento florestal (YANCHUK, 1996; HUBER, 1992). Em dialelos parciais, um conjunto tem a flexibilidade de ser testado sob as mesmas condições ambientais ou em regiões distintas. Devido a essa condição, estimativas de componentes de variância podem ser obtidas para cada conjunto de dialelos, separadamente, ou para todo o conjunto (LI et al., 1996). No caso de análises combinatórias de todo um conjunto de dialelos, modelos de ajuste eliminam erros decorrentes da necessidade de se utilizar médias dos componentes de variância dos dialelos desconectados.

Dialelos desconectados apresentam vantagens práticas quando comparados com dialelos completos, pois são compostos de poucos cruzamentos por parentais, exigindo menos tempo e recursos para obtenção do conjunto de progênes a ser testado. Contudo, apesar das vantagens práticas, esse delineamento exige metodologias complexas de análise. Um ponto polêmico quanto à definição da

metodologia de análise se relaciona à inclusão dos efeitos dos dialelos nos modelos lineares de análise e à decisão se o mesmo deve ser aleatório ou fixo. Outro ponto se relaciona ao ordenamento dos parentais e das famílias de irmãos-completos provenientes de dialelos desconectados de conjuntos de cruzamentos.

Para a análise de testes com progênes geradas em delineamentos de cruzamentos dialélicos, métodos de análise como dos quadrados mínimos ordinários (OLS), quadrados mínimos generalizados (GLS), melhor preditor linear (BLP) e melhor preditor linear não-viciado (BLUP) podem ser utilizados (BORRALHO, 1995; WHITE e HODGE, 1988). Contudo, existem problemas práticos na utilização desses métodos estatísticos. No caso de meio-dialelos, a existência de dois níveis do mesmo efeito principal para cada observação impede a sua utilização. A limitação é ainda maior quando ocorrem dados desbalanceados devido a parcelas perdidas e cruzamentos não existentes (HUBER, 1992). Devido a essas limitações analíticas, o modelo linear misto (modelo aditivo univariado) tem se tornado uma alternativa viável para análise de testes dialélicos. Essa análise conta com o emprego do procedimento BLUP para predição dos efeitos aditivos e de dominância (RESENDE e FERNANDES, 1999).

Várias metodologias e programas computacionais têm sido desenvolvidos para análise de dados de testes dialélicos. Os mais comuns são: DIALL, DAG, DFREML, GAREML, SAS IML/MIXED, SELEGEN e SELEGEN REML/BLUP. Procedimentos estatísticos de análise como o DIALL (SCHAFFER e USANIS, 1969), DFREML (MEYER, 1998) e GAREML (HUBER 1993) foram desenvolvidos especificamente para análise de dados de testes dialélicos. Esses procedimentos apresentam interfaces de difícil acesso, opções limitadas e requerem formatações específicas dos dados. Além disso, a maioria deles não gera estimativas individuais de valores genéticos. Outras restrições estão no tamanho limitado da base de dados que pode ser analisada, na definição dos modelos de análise e, também, nas opções para a estimativa dos componentes de variância.

Métodos de análise de modelos mistos, utilizando programas como o SAS, podem ser utilizados na análise de dados genéticos de testes dialélicos. Procedimentos SAS como o Proc MIXED implementam análises de modelos mistos e predições BLUP (LITTELL et al., 1996). Como a análise de testes dialélicos requer a inclusão de cálculos da CGC como efeito principal, antes da utilização do SAS

Proc MIXED, se faz necessário o uso de programas como o DFREML (XIANG e LI, 2001). Contudo, existem alternativas que podem ser exploradas no programa SAS para auxiliar na obtenção das estimativas dos componentes de variância com o procedimento SAS Proc MIXED. Estimativas dos efeitos fixos CGC e dos efeitos genéticos aleatórios CEC podem ser obtidas através do método de melhor estimativa linear não-viciada (*Best Linear Unbiased Estimation* ou BLUE) e do melhor preditor linear não-viciado (*Best Linear Unbiased Prediction* ou BLUP), respectivamente (XIANG e LI, 2001). Essa seqüência teórica de análises em SAS torna possível a obtenção das estimativas de parâmetros genéticos e predições de CGC e CEC em delineamentos de cruzamentos dialélicos. Contudo, o principal problema está no desenvolvimento de programas em SAS que sejam aplicáveis a diferentes estruturas de dados de testes dialélicos parciais desconectados com desbalanceamento e em vários locais. Um outro programa para análise de cruzamentos dialélicos, utilizando a metodologia BLUP e REML (RESENDE, 2002). Esta é uma versão atualizada do software Selegen, criado em 1994 (RESENDE et al., 1994; RESENDE e OLIVEIRA, 1997). Em conjunto com a análise pela metodologia BLUP, o método REML desenvolvido por PATTERSON e THOMPSON (1971), é utilizado para a estimativa dos componentes de variância sob o modelo individual. Esse programa inclui os benefícios da estimativa de parâmetros genéticos pelo REML e o uso de BLUP Individual para fornecer valores genéticos preditos de famílias e indivíduos. Em seu procedimento de análise, inclui vários métodos de seleção, obtendo-se resultados de acurácia, ganho genético, tamanho efetivo populacional, variância de ganhos e outros. O Selegen REML/BLUP é fundamentado em algoritmos que maximizam a eficiência do processo seletivo em função de diferentes condições experimentais. Esses algoritmos possibilitam a implementação da metodologia dos modelos mistos ao nível individual, mesmo com a elevada ordem das matrizes a serem invertidas ou a resolução do sistema de equações lineares de elevada ordem.

2.2.7 Análise Genética de Cruzamentos Dialélicos pelo Índice Multiefeitos com a Metodologia BLUP

O modelo estatístico para a avaliação de experimentos em delineamentos de

blocos casualizados de progênies de irmãos-completos obtidas sob cruzamentos dialélicos é descrito com:

$$Y_{ijkl} = \mu + G_i + G_j + B_k + S_{ij} + P_{ijk} + E_{ijkl}$$

Onde: Y_{ijkl} é a observação l do bloco k para o cruzamento ij ;

μ é o efeito fixo da média geral, onde $E(\mu) = \mu$ e $E(\mu^2) = \mu^2$;

G_i ou G_j é o efeito aleatório para a progênie da interação para Capacidade Geral de Combinação (CGC) dos genitores i e j ($i \neq j$). Com distribuição \sim NID($0, \sigma_g^2$);

B_k é o efeito fixo do bloco k , onde $E(B_k) = b_k$ e $E(B_k^2) = V_B$;

S_{ij} é o efeito aleatório para a progênie da interação para Capacidade Específica de Combinação (CEC) ou cruzamentos entre os genitores i e j ($i \neq j$). Com distribuição \sim NID($0, \sigma_s^2$);

P_{ijk} é o efeito aleatório da parcela o cruzamento ij no bloco k . Com distribuição \sim NID($0, \sigma_p^2$).

E_{ijkl} é o efeito aleatório do indivíduo l dentro da parcela ijk , referente ao erro dentro da parcela. Com distribuição \sim NID($0, \sigma_e^2$).

Segundo Resende (2002), esse modelo pode ser representado da seguinte forma:

$$Y_{ijkl} = \bar{Y}_{...} + (\bar{Y}_{i...} - \bar{Y}_{...}) + (\bar{Y}_{.j..} - \bar{Y}_{...}) + (\bar{Y}_{..k.} - \bar{Y}_{...}) + (\bar{Y}_{ij..} - \bar{Y}_{i...} - \bar{Y}_{.j..} + \bar{Y}_{...}) + (\bar{Y}_{ijk.} - \bar{Y}_{ij..} - \bar{Y}_{..k.} + \bar{Y}_{...}) + (Y_{ijkl} - \bar{Y}_{ijk.})$$

onde:

$\bar{Y}_{...}$ é a média geral;

$(\bar{Y}_{i...} - \bar{Y}_{...})$ é o efeito da capacidade geral de combinação do genitor i ;

$(\bar{Y}_{.j..} - \bar{Y}_{...})$ é o efeito da capacidade geral de combinação do genitor j ;

$(\bar{Y}_{..k.} - \bar{Y}_{...})$ é o efeito do bloco;

$(\bar{Y}_{ij..} - \bar{Y}_{i...} - \bar{Y}_{.j..} + \bar{Y}_{...})$ é o efeito da capacidade específica de combinação entre o genitores i e j ;

$(\bar{Y}_{ijk.} - \bar{Y}_{ij..} - \bar{Y}_{..k.} + \bar{Y}_{...})$ é o efeito da parcela;

$(Y_{ijkl} - \bar{Y}_{ijk.})$ é o efeito de indivíduo dentro de parcela.

As herdabilidades e correlações genéticas podem ser obtidas através das seguintes estimativas:

$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_y^2}$ para a herdabilidade individual no sentido restrito;

$h_g^2 = \frac{\sigma_a^2 + \sigma_d^2}{\sigma_y^2}$ para a herdabilidade individual no sentido amplo;

$c^2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_y^2}$ para a correlação entre os indivíduos na parcela, devido ao ambiente

comum da parcela.

Onde:

σ_a^2 é a variância genética aditiva;

σ_d^2 é a variância genética não-aditiva ou de dominância;

σ_y^2 é a variância fenotípica.

Segundo RESENDE (2002), o índice multiefeitos para predição de efeitos aditivos (a) com a metodologia BLUP é obtido por:

$$L1 = b_1G_i + b_2G_j + b_3S_{ij} + b_4P_{ijk} + b_5E_{ijkl}$$

Onde os pesos de b_i devem ser determinados de forma que se maximize a correlação entre o índice e os efeitos genéticos a serem preditos, pelo emprego das covariâncias entre parentes, descritas por RESENDE (1991) e RESENDE e HIGA (1994). As variâncias são então obtidas por:

$$\sigma_{gi}^2 = \text{Var}(\bar{Y}_{i...} - \bar{Y}...) = \frac{f-1}{f} \left[\frac{1 + (n-1)t_1 + (b-1)nt_2 + (m-2)nbt_3}{nbm} \right] \sigma_y^2$$

$$\sigma_{gj^2}^2 = \text{Var}(\bar{Y}_{.j..} - \bar{Y}...) = \frac{m-1}{m} \left[\frac{1 + (n-1)t_1 + (b-1)nt_2 + (f-2)nbt_3}{nbf} \right] \sigma_y^2$$

$$\sigma_s^2 = \text{Var}(\bar{Y}_{ij..} - \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{.j..} + \bar{Y}...) = \frac{f-1}{f} \frac{m-1}{m} \left[\frac{1 + (n-1)t_1 + (b-1)nt_2 + 2nbt_3}{nb} \right] \sigma_y^2$$

$$\sigma_p^2 = \text{Var}(\bar{Y}_{ijk} - \bar{Y}_{ij..} - \bar{Y}_{.k.} + \bar{Y}...) = \frac{fm-1}{fm} \left[\frac{1 + (n-1)t_1 + (b-1)nt_2}{n} \right] \sigma_y^2$$

$$\sigma_e^2 = \text{Var}(Y_{ijkl} - \bar{Y}_{ijk.}) = \frac{n-1}{n} (1-t_1) \sigma_y^2$$

Onde: $t_1 = \frac{(1/2)\sigma_a^2 + (1/4)\sigma_d^2 + \sigma_e^2}{\sigma_y^2} = (1/2)h_a^2 + (1/4)(h_g^2 - h_a^2) + c^2 = t_2 + c^2$ é a correlação

intra-classe entre os indivíduos dentro da parcela;

$$t_2 = \frac{(1/2)\sigma_a^2 + (1/4)\sigma_d^2}{\sigma_y^2} = (1/2)h_a^2 + (1/4)(h_g^2 - h_a^2) \text{ é a correlação intra-classe entre}$$

os indivíduos da progênie de irmãos-completos em diferentes parcelas;

$$t_3 = \frac{(1/2)\sigma_a^2}{\sigma_y^2} = (1/4)h_a^2 \text{ é a correlação intra-classe entre indivíduos meios-irmãos}$$

em diferentes parcelas;

As covariâncias entre efeitos aditivos (a) e valores fenotípicos consideram as covariâncias genitor-filho Cov(G,F), meio tio-sobrinho Cov (MTS) e tio-sobrinho Cov(TS). Dessa forma, resultam as seguintes covariâncias referentes a CGC, CEC, parcela e indivíduo na parcela:

Efeito da capacidade geral de combinação do genitor i :

$$\text{COV}[(a, (\bar{Y}_{i\dots} - \bar{Y}_{\dots}))] = \frac{f-1}{f} \left[(1/4)\sigma_a^2 + \frac{(1/2)\sigma_a^2}{nbm} \right]$$

Efeito da capacidade geral de combinação do genitor j :

$$\text{COV}[(a, (\bar{Y}_{\dots j} - \bar{Y}_{\dots}))] = \frac{m-1}{m} \left[(1/4)\sigma_a^2 + \frac{(1/2)\sigma_a^2}{nbf} \right]$$

Efeito da capacidade específica de combinação dos genitores i e j :

$$\text{COV}[(a, (\bar{Y}_{ij\dots} - \bar{Y}_{i\dots} - \bar{Y}_{\dots j} + \bar{Y}_{\dots}))] = \frac{f-1}{f} \frac{m-1}{m} \frac{(1/2)\sigma_a^2}{nb}$$

Efeito da parcela ijk :

$$\text{COV}[(a, (\bar{Y}_{ijk} - \bar{Y}_{ij\dots} - \bar{Y}_{i\dots} - \bar{Y}_{\dots j} + \bar{Y}_{\dots}))] = \frac{fm-1}{fm} \frac{b-1}{b} \frac{(1/2)\sigma_a^2}{b}$$

Efeito do indivíduo na parcela:

$$\text{COV}[(a, (\bar{Y}_{ijkl} - \bar{Y}_{ijk\dots}))] = \frac{n-1}{n} (1/2)\sigma_a^2$$

Empregando-se as variâncias derivadas por RESENDE e HIGA (1994), os coeficientes b são dados por:

$$b_1 = \frac{(1/4)\sigma_a^2 + (1/2)\sigma_a^2/(nbm)}{\sigma_{gi}^2 + \sigma_s^2/m + \sigma_p^2/(bm) + \sigma_e^2/(nbm)}$$

$$b_2 = \frac{(1/4)\sigma_a^2 + (1/2)\sigma_a^2/(nbf)}{\sigma_{gj}^2 + \sigma_s^2/f + \sigma_p^2/(fb) + \sigma_e^2/(fnb)}$$

$$b_3 = \frac{(1/2)\sigma_a^2/(nb)}{\sigma_s^2 + \sigma_p^2/b + \sigma_e^2/(nb)}$$

$$b_4 = \frac{(1/2)\sigma_a^2/n}{\sigma_p^2 + \sigma_e^2/n}$$

$$b_5 = \frac{(1/2)\sigma_a^2}{\sigma_e^2}$$

Contudo os coeficientes b podem ser expressos em função apenas dos parâmetros h_a^2 , h_g^2 e c^2 , onde:

$$b_1 = \frac{\left(\frac{nbm + 2}{4}\right)h_a^2}{1 + (n-1)t_1 + (b-1)nt_2 + (m-2)nbt_3} \quad (2.1)$$

$$b_2 = \frac{\left(\frac{nbf + 2}{4}\right)h_a^2}{1 + (n-1)t_1 + (b-1)nt_2 + (f-2)nbt_3} \quad (2.2)$$

$$b_3 = \frac{(1/2)h_a^2}{1 + (n-1)t_1 + (b-1)nt_2 - 2nbt_3} \quad (2.3)$$

$$b_4 = \frac{(1/2)h_a^2}{1 + (n-1)t_1 - nt_2} \quad (2.4)$$

$$b_5 = \frac{(1/2)h_a^2}{(1-t_1)} \quad (2.5)$$

Os efeitos aditivos dos genitores são então preditos empregando-se a estimativa da herdabilidade:

$$h_p^2 = \frac{\left(\frac{nbm}{2}\right)h_a^2}{1 + (n-1)t_1 + (b-1)nt_2 + (m-2)nbt_3}$$

O índice multiefeitos para predição dos efeitos de dominância segundo descrito por RESENDE (2002), pode ser estimado por:

$$L_2 = b_6 G_i + b_7 G_j + b_8 S_{ij} + b_9 P_{ijk} + b_{10} E_{ijkl}$$

Assim, procedendo de forma análoga a realizada para índice multiefeitos para os efeitos aditivos, obtém-se:

$$b_6 = \frac{(1/4)\sigma_d^2/m + (3/4)\sigma_d^2/(nbm)}{V_1}$$

$$b_7 = \frac{(1/4)\sigma_d^2/f + (3/4)\sigma_d^2/(nbf)}{V_2}$$

$$b_8 = \frac{\{[1 + (nb-1)(1/4)]/(nb)\}\sigma_d^2}{V_3}$$

$$b_9 = \frac{(3/4)\sigma_d^2/n}{V_4}$$

$$b_{10} = \frac{(3/4)\sigma_d^2}{V_5}$$

Estes coeficientes b_i podem ser expressos em função apenas dos parâmetros h_a^2 , h_g^2 e c^2 , onde:

$$b_6 = \frac{\left(\frac{nb+3}{4}\right)(h_g^2 - h_a^2)}{1 + (n-1)t_1 + (b-1)nt_2 + (m-2)nbt_3} \quad (2.6)$$

$$b_7 = \frac{\left(\frac{nb+3}{4}\right)(h_g^2 - h_a^2)}{1 + (n-1)t_1 + (b-1)nt_2 + (f-2)nbt_3} \quad (2.7)$$

$$b_8 = \frac{[1 + (nb-1)(1/4)](h_g^2 - h_a^2)}{1 + (n-1)t_1 + (b-1)nt_2 - 2nbt_3} \quad (2.8)$$

$$b_9 = \frac{(3/4)(h_g^2 - h_a^2)}{1 + (n-1)t_1 - nt_2} \quad (2.9)$$

$$b_{10} = \frac{(3/4)(h_g^2 - h_a^2)}{(1-t_1)} \quad (2.10)$$

O índice multiefeitos para predição dos efeitos genotípicos é uma combinação dos dois índices já descritos. Portanto:

$$L_3 = (b_1 + b_6) G_i + (b_2 + b_7) G_j + (b_3 + b_8) S_{ij} + (b_4 + b_9) P_{ijk} + (b_5 + b_{10}) E_{ijkl}$$

2.2.8 Estimativa de Componentes de Variância e Valores Genéticos com Modelos Mistos

A genética quantitativa, de modo geral, explica quase a totalidade dos fenômenos genéticos envolvidos nos trabalhos de melhoramento (VENCOVSKY, 1987). Portanto, a estimação de parâmetros genéticos possibilita a obtenção de informações sobre a natureza da ação genética envolvida na herança dos caracteres e fornece a base para avaliação dos planos de melhoramento. Dessa forma, o sucesso de um esquema seletivo de plantas vai depender da quantidade e do valor relativo da variação genética, assim como dos efeitos não genéticos que originam o valor fenotípico observado. Em testes de progênie, a variação entre plantas dentro

das parcelas, a variação devido às diferenças ambientais entre parcelas e a variação devido às diferenças genéticas entre tratamentos/progênes são componentes da variação de um caráter normalmente mensurável em ensaios genéticos.

Os parâmetros genéticos variam com as características em estudo, populações, idades e condições edafo-climáticas do local de crescimento da espécie. Eles são mensurados de forma a permitirem inferências sobre a estrutura genética de uma população. Em programas de melhoramento genético, variâncias genéticas e seus componentes aditivos e não-aditivos, herdabilidade no sentido amplo e restrito, assim como correlações genéticas entre características e idades são os parâmetros genéticos de maior interesse. Para espécies florestais, essas estimativas são determinadas a partir de dados coletados em testes de progênie. Através da estimativa de parâmetros genéticos como variâncias genéticas e ambientais, o grau de controle genético de uma característica pode ser expresso pela herdabilidade (FALCONER, 1996).

O nível de expressão genotípica de um indivíduo resulta da soma dos efeitos genéticos aditivos, de dominância e epistáticos. Desses, o efeito de maior relevância na análise (para propagação sexuada) é o que corresponde à variância genética aditiva, devido à sua contribuição direta na resposta à seleção (VENCOVSKY, 1987).

O melhoramento genético depende do emprego de procedimentos precisos de seleção. Esses procedimentos são utilizados para estimar os componentes de variância e prever os valores genéticos para a seleção. Isso, normalmente, se faz com análise de dados balanceados e desbalanceados. Para dados balanceados, normalmente se empregam índices utilizando todos os efeitos aleatórios do modelo estatístico (multiefeitos). Para outros casos em que haja tanto dados desbalanceados quanto balanceados, usam-se procedimentos de melhor predição linear não viciada (*Best Linear Unbiased Prediction* ou BLUP) de variáveis aleatórias. O BLUP foi desenvolvido para modelos mistos por C. R. Henderson em 1973. Essa metodologia foi desenvolvida para ajuste de dados para efeitos ambientais identificáveis e predição simultânea de valores genéticos de indivíduos (HENDERSON, 1973).

A descrição do procedimento BLUP individual para modelos mistos por Quaas e Pollak em 1980 foi possível após a definição de metodologias para a inversão

direta da matriz de parentesco (HENDERSON, 1977) e desenvolvimento do modelo para animais (HENDERSON e QUAAS, 1976). Esse procedimento envolve a estimativa de componentes de variância e de parâmetros genéticos distinta da forma adotada pelos métodos clássicos (RESENDE et al., 1996a). No procedimento BLUP sob o modelo individual, utilizam-se de informações disponíveis dos indivíduos, de seus ancestrais e progênes, para gerar valores genéticos preditos de cada um na análise. Anteriormente, as covariâncias entre parentes eram estimadas e interpretadas em termos de suas esperanças matemáticas, igualando-as aos seus valores esperados e gerando os componentes de variância. Atualmente, os componentes de variância podem ser estimados diretamente como as variâncias dos efeitos aleatórios do modelo linear misto. Essas estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos a partir de dados desbalanceados são geradas através do método da máxima verossimilhança restrita (*Restricted Maximum Likelihood* ou REML) sob modelo individual. A utilização do REML vinculado ao BLUP individual se justifica pelo fato de suas propriedades estatísticas serem superiores às propriedades dos estimadores de quadrados mínimos (SEARLE et al., 1992).

O uso de modelos mistos envolve a predição de valores genéticos pelo procedimento BLUP e a estimativa de componentes de variância pelo método REML. O procedimento BLUP foi desenvolvido e aperfeiçoado por Charles Roy Henderson desde 1959 (HENDERSON et al., 1959; HENDERSON, 1963; HENDERSON, 1973; HENDERSON, 1975; QUAAS e HENDERSON, 1979; HENDERSON, 1984). O método REML foi publicado por Robin Thompson e colaboradores em 1971 (PATTERSON e THOMPSON, 1971). Esse método surgiu da necessidade de se obter estimadores de componentes de variância mais precisos para dados não ortogonais e desbalanceados (THOMPSON, 1969).

Estimativas de máxima verossimilhança (*Maximum Likelihood* ou ML) indicam o quanto um conjunto de dados representa a amostragem de uma população com um valor numérico de parâmetros em particular. Apesar dos parâmetros estimados pelo método ML representar satisfatoriamente aos verdadeiros parâmetros populacionais, ele não leva em consideração a perda dos graus de liberdade na estimativa dos efeitos fixos sob um modelo misto. Essa característica do modelo resulta em estimativas tendenciosas nos modelos que contemplam vários efeitos

fixos, como no caso do melhoramento florestal. Essa desvantagem foi solucionada com o desenvolvimento do REML, que é um procedimento modificado do ML (PATTERSON e THOMPSON, 1971). O REML maximiza somente a porção de verossimilhança que é independente dos efeitos fixos.

O algoritmo computacional para a obtenção de componentes de variância, como o sistema denominado REML “livre de derivadas” (*Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood* ou DFREML), foi o primeiro desenvolvido para obtenção de componentes de variância e parâmetros genéticos utilizando métodos de máxima verossimilhança restrita (GRASER et al., 1987). Somente em 1995, algoritmos de estimação via informação média (*Average Information-REML* ou AI-REML) foram aperfeiçoados (JOHNSON e THOMPSON, 1995), visando ao seu uso em programas de análise genética como o GENSTAT e o ASREML (GILMOUR e THOMPSON, 1998). Apesar dos princípios gerais de predição e estimativa estarem disponíveis pelos procedimentos BLUP e REML, modelos aplicados a objetivos específicos devem ser desenvolvidos. Por isso, derivações de preditores e estimadores específicos associados aos vários modelos estatísticos, delineamentos experimentais e metodologias de melhoramento têm sido desenvolvidos por vários autores nos últimos anos.

Na estimativa de componentes de variância e de parâmetros genéticos por meio dos modelos mistos, a definição dos fatores fixos e aleatórios são fundamentais. CASELLA e BERGER (1990) definiram que, entre os fatores da análise de variância, o fixo é aquele cujos valores estão inclusos no experimento. Já o fator aleatório é aquele cujos valores são apenas uma amostra aleatória. WHITE e HODGE (1989) definiram como fixo o fator cujos níveis são efeitos constantes e como aleatório o fator cujos níveis estejam associados a distribuições de probabilidade. Seguindo essas definições, os efeitos de blocos podem ser considerados tanto como aleatórios quanto fixos, dependendo do objetivo da seleção (PIMENTEL-GOMES, 1987). No caso de ensaios empregados para seleção genética, blocos são considerados como efeito fixo. Contudo, se as conclusões forem generalizadas para uma população de blocos do ambiente, consideram-se os blocos com efeito aleatório. O efeito das progênies submetidas à seleção sempre será representado como aleatório.

Segundo a recomendação de WHITE e HODGE (1989), os efeitos genéticos para a predição de valores aditivos em testes de progênies de espécies florestais devem ser considerados aleatórios e os demais como fixos. Essa abordagem se caracteriza pela compensação dos efeitos fixos de cada observação, seguida da análise do modelo aleatório residual. Uma vez calculados, os componentes de variância são utilizados na determinação dos preditores (estimadores) de efeitos aleatórios. A relevância da definição de efeitos fixos e aleatórios pode ser observada nos resultados obtidos por BUENO FILHO (1997). Nesse estudo, o autor detectou diferenças no ordenamento em ensaios florestais, decorrentes unicamente de se considerar o modelo como fixo ou aleatório no processo de predição. Esse trabalho exemplifica a relevância da decisão prévia sobre a natureza do modelo de análise mais apropriado para os dados em questão. Falha na escolha do modelo de análise incorrerá em erros na seleção e na predição de ganhos decorrentes da análise de testes genéticos. Portanto, o BLUP tem sido a metodologia mais pertinente para abordagem de modelos mistos na análise de testes genéticos.

As vantagens do BLUP incluem a maximização da probabilidade de se obter um ordenamento correto dos parentais e minimizar o erro associado ao uso de valores genéticos de parentais obtidos para aplicações futuras (HUBER, 1993; WHITE e HODGE, 1988). A metodologia BLUP é particularmente vantajosa quando os dados são desbalanceados e se almeja a predição de ganhos absolutos.

O método REML impede que vícios decorrentes de amostras pequenas relacionadas com efeitos fixos resultem em tendenciosidades na seleção. Esses vícios, decorrentes de mudanças nas freqüências alélicas pela seleção, são eliminados pelo método REML pelo uso da matriz de parentesco completa (A). Assim, obtêm-se componentes de variância para uma população base não selecionada e predições de valores genéticos mais precisos em qualquer geração. Segundo KENNEDY e SORENSEN (1988), o uso da matriz A completa leva em consideração alterações na variância genética e no ganho genético realizado, decorrente da endogamia e do desequilíbrio de ligação resultantes da seleção. Por ser uma correção do método de máxima verossimilhança, o REML é utilizado como método de adequação ao modelo e, portanto, tem se mostrado superior aos métodos baseados em ANOVA (HUBER, 1993; SEARLE et al., 1992). No REML, somente a porção da verossimilhança não mutável aos efeitos fixos é maximizada,

mantendo as demais propriedades do ML. De acordo com GRASER et al. (1987), o REML foi desenvolvido com base em algoritmos livres de derivadas (*Derivative-Free* ou DF) para análise de dados sob modelos mistos univariados. Por esse sistema, uma vez estimados os parâmetros genéticos, a predição de valores genéticos era realizada através de métodos como BLP ou BLUP (HENDERSON 1963, 1977; WHITE e HODGE 1989). Segundo JOHNSON e THOMPSON (1995), o algoritmo DF utilizado no programa DFREML apresenta propriedades numéricas fracas e baixa acurácia nos dígitos significativos. Essa deficiência é um problema na estimativa de vários componentes de variância. O uso do REML, com algoritmos de médias de informações (*Average Information* ou AI), supera as limitações do DF na obtenção de estimativas REML. Ele se fundamenta no uso de derivadas primeira e segunda da função de verossimilhança dos métodos de Newton (GILMOUR et al., 1995). Esse método utiliza a informação advinda da média das derivadas-segundas observadas e esperadas da função de verossimilhança, onde a informação observada é uma medida da curvatura da função de verossimilhança e a informação esperada é a de Fisher.

Como o REML requer uma solução iterativa decorrente da não linearidade de suas equações, os componentes de variância e a predição de valores genéticos são obtidos simultaneamente com o BLUP (RESENDE, 2002). Portanto, o procedimento recomendado de estimação/predição no melhoramento de espécies perenes tem sido o REML/BLUP. Entretanto, para dados balanceados, a estimação de componentes de variância pelo método de quadrados mínimos (Análise de Variância) equivale à estimação por REML (RESENDE et al., 1996b) e a predição de valores genéticos pelo método do índice multiefeitos (RESENDE e HIGA, 1994) equivale ao BLUP individual, conforme demonstrado por RESENDE e FERNANDES (1999). Assim, os procedimentos ótimos de estimação/predição podem ser resumidos em: (i) análise de variância/índice multiefeitos para dados balanceado; (ii) REML/BLUP para dados desbalanceados e balanceado. No caso de dados balanceados, ambos procedimentos conduzem ao mesmo resultado; em casos com pequeno desbalanceamento, esses procedimentos conduzem a resultados similares; e, na presença de grande desbalanceamento, o procedimento (ii) é melhor que (i).

2.2.9 Análises Genéticas Utilizando o Programa SAS

O programa SAS (*Statistic Analysis System*) tem sido o programa robusto mais utilizado em análises estatísticas, globalmente. Somente a partir da década de 90, tem sido explorado na análise de dados genéticos de cruzamentos dialélicos (XIANG e LI, 2001; WU e MATHESON, 2000; JOHNSON e KING, 1998; ZHANG e KANG, 1997; LITTELL et al., 1996). Apesar do grande potencial de uso do programa SAS nessas análises, limitações ainda existem em sua aplicação em diferentes delineamentos e nas particularidades dos testes dialélicos em condições desbalanceadas, incluindo estudos de interação genótipo-ambiente.

No início da aplicação do programa SAS para análise genéticas, SANDERS (1987) propôs o uso de variáveis falsas (*Dummy*) em conjunto com procedimentos Proc GLM e Proc REG, obtendo-se assim, a soma dos quadrados dos efeitos para dados referentes às famílias de irmãos-completos. Contudo, essa estratégia de análise não possibilita estimar diretamente, os componentes de variância e não é flexível para dados individuais, seja em delineamentos complexos ou em presença de observações perdidas. WU e MATHESON (2000) propuseram o uso do procedimento Proc GLM para a estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) e da capacidade específica de combinação (CEC), assim como seus respectivos erros. Apesar desse programa em SAS possibilitar a análise de situações complexas, os efeitos genéticos são testados como fixos, não permitindo a estimação dos componentes de variância. Anteriormente, JOHNSON e KING (1998) haviam proposto uma metodologia para obtenção dos componentes da variância utilizando o procedimento SAS Proc VARCOMP. Esse procedimento, além de ser implementado com a execução de duas análises consecutivas para obtenção das estimativas de variância com os dados de dialelos, gerou estimativas não-viciadas somente para dados balanceados, proporcionando somente aproximações para dados desbalanceados.

Apesar desses procedimentos envolverem o uso de variáveis falsas (*Dummy*), nenhum deles se baseou em modelos mistos para implementação das análises genéticas. A não aplicação de modelos mistos gerou limitações na sua utilização para a análise de dados genéticos complexos com métodos analíticos ou modelos de seleção exigidos para análise de delineamentos dialélicos. Outra deficiência dos

procedimentos que não contemplam modelos mistos era a não aplicação da metodologia BLUP para predição de valores genéticos e genotípicos na seleção de parentais, cruzamentos e seleção individual.

XIANG (2001) desenvolveu um programa em SAS utilizando o procedimento Proc MIXED para implementação de análise de modelos mistos para delineamentos dialélicos. Como o procedimento Proc MIXED proporciona flexibilidade na análise de modelos mistos e predições BLUP (LITTELL et al., 1996), várias restrições referentes aos demais programas em SAS foram superadas. Contudo, limitações ainda existiam na incorporação de efeitos CGC no modelo linear para uso direto em análise de dados dialélicos, além da inflexibilidade na análise desses delineamentos envolvendo vários locais. Apesar do programa Diallel-SAS, proposto por ZHANG e KANG (1997), incorporar interações entre locais e anos a análise de dialelos envolvendo híbridos F1 em espécies agrícolas, esse procedimento se baseou no SAS Proc GLM, que se caracteriza pelas limitações semelhantes ao do procedimento Proc VARCOMP (JOHNSON e KING, 1998).

2.2.10 Análises Genéticas Utilizando o Programa Selegen REML/BLUP

As análises genéticas desenvolvidas pelo program Selegen REML/BLUP se basearam na metodologia dos modelos mistos (MM), a qual estima as variâncias com o algoritmo EM pelo procedimento REML. Esse programa foi desenvolvido para análises genéticas de espécies perenes, utilizando vários modelos de análise, dentre as quais análise de cruzamentos dialélicos pela metodologia BLUP e REML. Desenvolvido por RESENDE (1999), o BLUP individual foi utilizado na análise local dos testes dialélicos desse estudo.

Como a análise BLUP presume o conhecimento dos componentes de variância, o REML é utilizado para a estimativa dessas variâncias sob o modelo individual. Esse programa embute os benefícios da estimativa de parâmetros genéticos pelo REML e o uso de BLUP individual para fornecer valores genéticos preditos de famílias e indivíduos. Eles possibilitam também a comparação de vários métodos de seleção em termos de acurácia, ganho genético, variância de ganhos e outros. O Selegen REML/BLUP é fundamentado em algoritmos que maximizam a eficiência do processo seletivo, em função de diferentes condições experimentais.

Esses algoritmos permitem a implementação da metodologia dos modelos mistos em base individual, mesmo com a elevada ordem das matrizes que precisam ser invertidas ou a resolução de sistema de equações lineares de elevada ordem.

2.3 CARACTERÍSTICAS EMPREGADAS NA SELEÇÃO GENÉTICA

2.3.1 Características de Crescimento

As características de crescimento têm sido as mais empregadas na seleção de árvores desde as primeiras iniciativas de melhoramento genético florestal (ZOBEL e SPRAGUE, 1993). Isso principalmente devido ao foco voltado à maior produção de madeira por unidade de área. Dentre as características de crescimento mais utilizadas, estão o diâmetro a altura do peito (DAP) e altura do fuste. Essas características isoladas ou combinadas, têm sido as variáveis mais empregadas nos programas de melhoramento. O uso da combinação dessas características se dá através de fórmulas simples como volume cilíndrico, ou métodos mais complexos de cálculo de volume individual utilizando modelos biométricos. Normalmente, características como forma do fuste, bifurcação, tamanho de galhos e outras acompanharam os processos de seleção para características de crescimento (DAP e Altura).

Características de crescimento podem também representadas pelo peso verde ou seco, que são calculadas a partir de dados de DAP, altura, densidade básica e teor de umidade da árvore. Apesar da complexidade e limitações operacionais na quantificação dessas características, uma vez empregadas, elas permitirão a obtenção de estimativas precisas de ganhos genéticos reais no processo de seleção.

Variações no crescimento de árvores em povoamentos de *P. taeda* são normalmente substanciais, estando intimamente relacionadas à estrutura genética da população e à intensidade da competição. Portanto, testes genéticos com várias plantas por parcela têm sido as mais recomendadas para a avaliação de características de crescimento (CONKLE, 1963). Nesses testes, herdabilidades moderadas a altas são geralmente estimadas para características de crescimento como, peso seco ou verde, altura do fuste e DAP (ZOBEL e TALBERT, 1984).

Fatores não controláveis como mortalidade e bifurcações podem interferir no crescimento individual de árvores adjacentes e, conseqüentemente, nas avaliações genéticas no teste. Árvores, com falhas no seu entorno, dispõem de mais recursos (luz, nutrientes e água) para crescimento. Assim, eles podem alcançar valores fenotípicos maiores e interferir no desenvolvimento das árvores vizinhas. O mesmo acontece quando essas árvores são bifurcadas. O nível de interferência no crescimento dependerá da densidade do povoamento, da qualidade do sítio e da idade de ocorrência da bifurcação ou da mortalidade da árvore vizinha. Portanto, estudos devem ser realizados para se avaliar o impacto desses fatores não controláveis no teste, para aferição e avaliação de árvores para seleção genética.

2.3.2 Qualidade e Densidade Básica da Madeira

A qualidade da madeira pode ser definida com atributos de valor para um determinado uso (LARSON et al., 2001). De forma geral, a densidade e o ângulo das microfibrilas são considerados indicadores de resistência e consistência importantes na determinação da qualidade da madeira. Para desdobro, a qualidade da madeira tem conseqüências no custo do seu processamento para determinadas classes de produtos (TSEHAYE et al., 1995). A qualidade da madeira, na engenharia, se refere principalmente à resistência de vigas e estruturas na construção civil (TSEHAYE et al., 1995). Para a indústria de celulose e papel, a qualidade da madeira está intimamente ligada às características das fibras (comprimento de traqueídeos), teores de lignina e rendimento da conversão em celulose (ZOBEL e VAN BUIJTENEN, 1989). Portanto, apesar das diferenças de interesses específicos quanto à qualidade da madeira para cada segmento de produtos, uma das características mais estudadas tem sido a densidade básica da madeira.

Em espécies arbóreas, a densidade básica da madeira é a propriedade mais observada na avaliação da qualidade de produtos sólidos da madeira e fibras (LARSON et al., 2001). Como citado por ZOBEL e JETT (1995), a densidade básica da madeira tem sido amplamente estudada em programas de melhoramento florestal, devido à sua forte correlação com produção de fibras e qualidade da madeira. Essa característica apresenta grande variância genética, alta herdabilidade

e herança independente de características de crescimento e forma (ZOBEL e JETT, 1995). A densidade básica da madeira está diretamente relacionada às propriedades físicas, como resistência mecânica, grau de alteração dimensional e perda ou absorção de água. Essa característica tem sido, normalmente, estimada pela densidade específica ou gravidade específica (KLOCK e MOORE, 2000). A densidade específica pode ser utilizada para inferência sobre o impacto da densidade da madeira na qualidade e produção de vários produtos. Como exemplo de aumento na qualidade e produção referente à densidade específica, MITCHELL (1964) reportou que 0,02 unidades de mudança na densidade básica da madeira em coníferas representa uma mudança de cerca de 70 kg.m⁻² no módulo de ruptura em madeira serrada. Mudanças também foram observadas no rendimento em polpa de celulose Kraft, em que 0,02 unidades aumentaram 12 kg.m⁻³. Segundo ZOBEL e TALBERT (1984), diferenças na densidade básica da madeira afetam a produtividade, a qualidade e os custos desde a colheita de madeira até o produto final.

Variações na densidade específica influenciam tanto no rendimento quanto na qualidade da celulose. A densidade específica exerce influência no rendimento volumétrico da polpa, na penetração do licor na madeira, no tempo de cozimento e na qualidade da celulose obtida. Na mesma espécie, quando a densidade específica aumenta, verifica-se aumento na espessura da parede celular, aumento na resistência ao rasgo e diminuição nas resistências à tração e ao arrebatamento (DINWOODIE, 1965). Além disso, madeiras com alta densidade específica apresentam maiores rendimentos bruto e depurado, maior teor de rejeitos e redução no peso específico do papel (EINSPAHN et al., 1964).

Segundo ZOBEL (1972), a densidade específica da madeira varia com idade, posição transversal e longitudinal do fuste, além das variações relacionadas a localizações geográficas, condições edafo-climáticas locais e práticas silviculturais. Segundo esse autor, a densidade específica está sob forte controle genético. Ao longo das idades, ZOBEL (1972) relatou densidades específicas de 0,385 g.cm⁻³ aos 10 anos, 0,409 g.cm⁻³ aos 15 anos e 0,425 g.cm⁻³ aos 20 anos e 0,438 g.cm⁻³ aos 25 anos em *P. taeda* da região de Piedmont, na Carolina do Sul (Estados Unidos). No Brasil, os valores da densidade básica da madeira com casca em *P. taeda*, obtidos por MARCOLIN (1990), variaram de 0,336 g.cm⁻³ aos 4 anos até 0,415 g.cm⁻³ aos 20

anos de idade. MENDES (1993) estimou para a mesma espécie, densidades de $0,322 \text{ g.cm}^{-3}$ aos 8 anos e de $0,383 \text{ g.cm}^{-3}$ aos 20 anos de idade.

Os aumentos crescentes nos percentuais de lenho juvenil em madeira de reflorestamentos de *P. taeda* foram extensivamente analisados por BENDTSEN (1978), HARRIS (1981) e SENFT et al. (1985). A variação da densidade básica em madeira juvenil e adulta tem sido reportada entre $0,36$ a $0,45 \text{ g.cm}^{-3}$ e $0,42$ a $0,64 \text{ g.cm}^{-3}$, respectivamente. A variação da densidade específica em madeira juvenil encontrada em plantios de 18 e 30 anos foi de $0,44$ a $0,46 \text{ g.cm}^{-3}$, respectivamente e de $0,55$ e $0,59 \text{ g.cm}^{-3}$ em madeira adulta (MATOS, 1997). Quanto à distribuição da densidade específica básica da madeira no sentido base-topo, KLOCK e MOORE (2000) reportaram variações de $0,47$ a $0,36 \text{ g.cm}^{-3}$ em *P. taeda*, em plantios com 11 anos de idade. TOMASELLI (1979) observou que a densidade específica média em *P. taeda* atinge $0,48 \text{ g.cm}^{-3}$ aos 18 anos em contraste com $0,40 \text{ g.cm}^{-3}$ em *Araucaria angustifolia* na mesma idade. MUÑIZ (1993), trabalhando com *P. taeda* de plantios com 30 anos de idade, obteve valores de densidade específica básica compreendidos entre $0,46$ e $0,57 \text{ g.cm}^{-3}$.

Apesar de vários métodos utilizados na determinação da densidade da madeira, o mais utilizado se baseia no cálculo da proporção entre o peso seco e o peso verde da madeira. Essa mensuração é, portanto, chamada de densidade básica da madeira (KLOCK e MOORE, 2000). A densidade básica da madeira é a terminologia utilizada para expressar o quanto de madeira seca (peso seco em estufa) está presente em um determinado volume, geralmente expresso em kg.m^{-3} ou g.cm^{-3} (ZOBEL e VAN BUIJTENEN, 1989). Aspectos relacionados à descrição da densidade básica da madeira foram revisados por LARSON et al. (2001). A densidade básica da madeira indica a quantidade da madeira presente por unidade de volume quanto, geralmente expressa em g.cm^{-3} . Essa é afetada pela espessura da parede celular, diâmetro da célula, proporção de madeira outonal/primaveril e conteúdo químico da madeira (CAVE e WALKER, 1994).

O melhoramento genético objetivando mudanças na densidade básica da madeira tem se mostrado mais efetivo em coníferas do que em espécies folhosas (ZOBEL e JETT, 1995). Mesmo assim, não é uma característica de fácil manipulação, devido à combinação de propriedades da madeira que influenciam na densidade. As características como porcentagem de lenho adulto, espessura da

parede celular, diâmetro das fibras, tamanho das células e ângulo de microfibrilas são controladas geneticamente, de maneira independente uma das outras. Apesar disso, seus efeitos combinados, expressos na forma de densidade básica, apresentam maior herdabilidade do que as características de crescimento. Segundo ZOBEL e JETT (1995), herdabilidades no sentido restrito podem variar de 0,18 a 0,50 em *P. taeda*.

As características da madeira têm sido pouco alteradas, geneticamente, em programas de melhoramento no século 20, apesar de apresentarem um forte controle genético. O foco tem sido maior em características de crescimento, pois um ganho relativamente pequeno em crescimento pode gerar ganhos significativos em peso de madeira por unidade de área do que um grande incremento na densidade básica da madeira. Assim, se faz necessário avaliar as contribuições relativas do melhoramento no crescimento e na densidade básica da madeira. Não se deve presumir que, ao se concentrar em uma característica com alta herdabilidade, necessariamente serão obtidos incrementos em produtividade ou em ganhos econômicos (ZOBEL e JETT, 1995).

Uma prática comum em programas de melhoramento florestal é o de características de crescimento como o principal critério de seleção. Tem sido evidente que seleções restritas as características de crescimento (altura do fuste, volume e DAP) ou à densidade básica da madeiras são insuficientes para se estimar ganhos que reflitam impacto direto no setor florestal, como a quantificação de peso seco ou peso verde (BANNISTER e VINE, 1981). Ênfase deve ser colocada, também, nas propriedades da madeira que possam influenciar diretamente no rendimento de derivados na fabricação de celulose ou de produtos sólidos. Características como espessura de traqueídeos e ângulo de microfibrilas podem contribuir como critério adicional de seleção em programas de melhoramento. Portanto, ao invés de somente assegurar que o material genético selecionado tenha rápido crescimento e propriedades desejáveis da madeira, programas de melhoramento devem combinar tais características a estratégias que mensurem valores econômicos reais de ganho.

Seleções para densidade básica da madeira têm sido realizadas precocemente em várias espécies florestais. Em *Pseudotsuga menziesii* (Douglas-fir), 88% das seleções corretas para 15 anos de idade foram obtidas com seleções

precoces, realizadas aos 8 anos (ZOBEL e JETT, 1995). Apesar desse resultado não poder ser extrapolado para seleções em idades mais juvenis, seleções precoces podem ser utilizadas para eliminar famílias com valores de densidade extremamente indesejáveis. De acordo com STONECYPHER et al. (1973), a seleção para densidade básica da madeira de *P. taeda*, em idade de rotação, pôde ser realizada aos 4 anos de idade. Frequentemente, as densidades básicas da madeira juvenil e da madeira adulta, numa mesma árvore, são altamente correlacionadas (GLADSTONE, 1982). Assim, uma árvore com alta densidade básica na madeira juvenil, tende a apresentar também alta densidade básica na madeira adulta (ZOBEL e JETT, 1985).

O teor de umidade da madeira, apesar de ser altamente correlacionada com a densidade básica da madeira (ZOBEL e JETT, 1995), pode ser uma característica adicional na seleção de árvores. Apesar de não ser comum a sua avaliação em programas de melhoramento florestal, ela pode ser facilmente mensurada durante a determinação da densidade básica. De acordo com ZOBEL (1970), árvores de *P. taeda* com maior densidade básica apresentam menor teor de umidade. Como observado pelo autor, a madeira com $0,42 \text{ g.cm}^{-3}$ conteve 18% a mais de umidade em relação a madeiras com densidade básica de $0,45 \text{ g.cm}^{-3}$ e 37% a mais em relação às de $0,47 \text{ g.cm}^{-3}$.

MCKINLEY et al. (1982) reportaram decréscimo na densidade básica da madeira como resultado de seleções pelo volume em *P. taeda* no Texas. Contudo, apesar da redução de densidade, houve aumento no peso total seco devido ao incremento total em volume. DORMAN et al. (1973) relataram que características da madeira e de crescimento em idades adultas não são altamente correlacionadas, nem correlacionadas negativamente. Vários autores demonstraram que as características de crescimento e de qualidade da madeira podem ser selecionadas simultaneamente para se obter ganhos genéticos em peso seco (ZOBEL e JETT, 1995).

2.3.3 Retidão do Fuste e Características da Copa

O melhoramento genético para forma de árvore é relativamente rápido e contribui diretamente para o aumento da produtividade, aumentando a eficiência da

colheita e do transporte da madeira. A melhoria dessa característica resulta, também, em outros benefícios às propriedades da madeira. A redução na sinuosidade da árvore, geralmente está associada à redução quantidade de madeira de reação e compressão. Isto afeta positivamente a qualidade dos produtos sólidos da madeira (ZOBEL e VAN BUIJTENEN, 1989). Segundo TALBERT et al. (1982), o baixo de rendimento (em torno de 20%) de toras de *P. taeda* em serrarias no sudeste dos Estados Unidos estava relacionado aos defeitos relativos à forma das toras. Na fabricação de celulose e papel, fustes retos de *P. taeda* propiciam maior produtividade e resistência à tração do papel do que fustes sinuosos (STONECYPHER et al., 1974).

Vários autores reportaram que as características de forma do fuste podem ser facilmente manipuladas em programas de melhoramento genético, devido ao seu forte controle genético. SHELBORNE (1969) estimou herdabilidades no sentido restrito de 0,39 para retidão do fuste em *P. taeda*. O sucesso das seleções para retidão do fuste foi comprovado pela Cooperativa de Melhoramento Industrial da Universidade Estadual da Carolina do Norte. Em uma geração de seleção intensiva, foram obtidos ganhos suficientes, tornando desnecessárias novas seleções em gerações avançadas (ZOBEL e JETT, 1995). O ganho obtido em decorrência de seleções dentro da ampla variação entre procedências foram superiores aos de seleções dentro de procedências. Variações da ordem de 60% em retidão do fuste, normalmente são observadas entre procedências da Geórgia e Piedmont. Contudo, somente 4% de variação têm sido observado entre progênies de matrizes dessas procedências (LAFARGE, 1974). Seleções para retidão do fuste em florestas nativas de *P. taeda*, mostraram-se eficientes para a melhoria dessa característica no início dos programas de melhoramento genético (TALBERT et al., 1982).

Outras características de copa como a espessura e o ângulo de inserção de galhos afetam diretamente as atividades silviculturais como a desrama e podem prejudicar as propriedades da madeira em plantios não manejados. Apesar dessas características apresentarem herança apenas moderada (ZOBEL e VAN BUIJTENEN, 1989), vários programas de melhoramento as incluem como critério de seleção de árvores. Nesse processo, essas características são utilizadas como auxiliares na seleção final de famílias e indivíduos.

2.3.4 Conteúdo de Casca

Como as toras de *P. taeda* são comercializadas por volume ou peso verde com casca, a quantidade desta influencia no valor real da madeira para celulose ou desdobro.

A porcentagem de casca varia muito com a idade e volume do fuste. Mas, apesar disso, ZOBEL e JETT (1995) relataram que a espessura da casca apresenta forte herança genética em árvores com mais de 10 anos ($h^2=0,65$). PEDERICK (1970) estimou correlações genéticas positivas ($r=0,51$) entre tamanho de árvores e espessura de casca. No mesmo estudo, foram detectadas grandes variações entre famílias e indivíduos do mesmo porte. Diferenças entre procedências foram também reportadas, indicando que sementes oriundas de regiões como Piedmont, nos Estados Unidos, geram plantios com maior espessura de casca do que as da Planície Costeira (PEDERICK, 1970). Como a espessura de casca está associada ao diâmetro da árvore (MATZIRIS e ZOBEL, 1973), comparações devem ser feitas entre árvores de diâmetros similares.

2.3.5 Características para Uso Múltiplo da Madeira

Em termos gerais, o uso múltiplo destina a madeira a mais de uma aplicação ou à obtenção de mais de um produto. A multiplicidade ou versatilidade de uso pode ser determinada através do conhecimento das características da floresta e da madeira, suas influências no processo produtivo e as correlações com as propriedades dos produtos a serem obtidos.

O setor florestal vem focando a agregação de valor através da segregação de produtos da madeira. Frequentemente, porções da árvore com maior diâmetro podem variar em classes e preços, de acordo com a finalidade da tora (laminação, desdobro e outros produtos). O restante da árvore, geralmente a porção com diâmetro inferior a 18 cm, é destinado à fabricação de celulose e papel ou de aglomerados e afins, como o OSB (painel de tiras de madeira orientadas, *Oriented Strand Board*). Dessa forma, maior valor é agregado à árvore como um todo.

Objetivando à maximização do retorno financeiro do material melhorado, o uso múltiplo da madeira tem se tornado um dos focos em programas de

melhoramento. Além das características físicas, químicas e morfológicas da madeira, características externas como ângulo de inserção e diâmetro de galhos, forma, presença de bifurcação e copa quebrada, proporção de casca, assim como desrama natural, são exemplos de variáveis que podem ser observadas na seleção para uso múltiplo da madeira.

2.3.6 Características no Contexto Econômico

As vantagens competitivas de empresas florestais estão na maximização do retorno financeiro de seus diversos produtos. Retorno esse, que se fundamenta na diferença entre receitas descontadas e custos fixos/operacionais, normalmente dependentes de inúmeras variáveis econômicas e de produção. O aumento do volume de madeira produzido e múltiplos produtos gerados, certamente são os principais componentes na redução do custo unitário de produção e aumento de receitas. Por isso, devem ser avaliados em conjunto como características que expresse retorno financeiro, em adição a avaliações isoladas de características de crescimento e de forma, foco principal da maioria dos programas de melhoramento florestal (APIOLAZA e GARRICK, 2001). Portanto, os resultados e discussões apresentados nesse estudo focam aspectos de avaliação comercial, que quantifiquem ganhos genéticos financeiros no retorno econômico advindo de programas de melhoramento florestal.

A produtividade da indústria de celulose e papel depende, principalmente, de três fatores: volume de toras, densidade básica da madeira e rendimento em celulose. A combinação da produtividade florestal com a produtividade da fábrica de celulose e papel pode ser expressa como produção de celulose ou papel por hectare ano. Na prática, essas variáveis indicam a importância econômica dos fatores que afetam o custo de produção da celulose e papel. ZOBEL e JETT (1995) estimaram que 1% de aumento em produtividade volumétrica de madeira para celulose resultaria em um aumento de mais de US\$1.000.000 por ano em uma fábrica com capacidade de produção de 1.200 t/dia. Esses resultados ilustram que mesmo incrementos marginais resultantes do melhoramento genético, podem promover um impacto significativo na rentabilidade de empreendimentos vinculados ao setor florestal. HODGES e WHITE (1992) reportaram que o aumento de 4% na densidade

básica da madeira ($0,50 \text{ g.cm}^{-3}$ para $0,52 \text{ g.cm}^{-3}$), com conseqüentemente aumento na qualidade de madeira seca por volume é equivalente ao mesmo incremento em volume de celulose por m^3 de madeira. Isso implica em menos consumo de madeira e uma economia expressiva na fabricação de celulose e papel.

Apesar da qualidade da madeira ter sido beneficiada pelo melhoramento genético em forma do fuste, redução de defeitos da copa (bifurcações, rabo-de-raposa e copa quebrada) e espessura de galhos, o manejo silvicultural (espaçamento, desrama e desbaste) é que tem afetado diretamente nessa compensação de preços. Isso está relacionado, principalmente, ao diâmetro das toras e à ausência de nós. Propriedades da madeira como módulo de resistência (MOR) e módulo de elasticidade (MOE) são importantes para a indústria madeireira. Elas indicam qualidade das fibras como: diâmetro, espessura da parede celular, comprimento, e ângulo de micro-fibrilas. As características das fibras são também importantes na indústria de celulose e papel. Estas, juntamente com as características químicas, afetam diretamente no rendimento do processo de produção de celulose e papel. O aumento no rendimento em celulose e a redução no teor de lignina são as principais características visadas pela indústria de celulose e papel. Contudo, melhorias nessas características não têm sido compensadas pelo preço da madeira nesse segmento do mercado (APIOLAZA e GARRICK, 2001). Isso se deve, provavelmente ao custo de avaliação rotineira da madeira entregue à fábrica, assim como a falta de conhecimento fundamental sobre a forma como as propriedades da madeira e das fibras influenciam na redução do custo de produção de celulose, na fabricação do papel e no aumento do valor do produto.

A densidade básica da madeira, geralmente apresenta uma alta correlação com as propriedades como MOR e MOE, bem como com o rendimento em celulose (ZOBEL e JETT, 1995). Portanto, além das características de crescimento que influenciam no volume individual de árvores e no aumento do valor agregado da madeira para produtos sólidos (maior diâmetro), maiores compensações financeiras podem ser obtidas com o aumento da densidade básica. Para a indústria de celulose e papel, a densidade básica da madeira está diretamente relacionada com o rendimento em celulose no processo. Como, em ambos os casos, a madeira é comercializada por peso verde, as características mensuradas em testes genéticos

devem ser convertidas para essa unidade. Isso vale, também, para a determinação de valores comerciais de produtos múltiplos.

O digestor de cavaco é um dos maiores investimentos em uma fábrica de celulose e a sua capacidade volumétrica é o fator limitante na produção. Sem aumentar a capacidade do digestor, uma maior densidade básica da madeira resultará em maior peso de celulose produzido por unidade de tempo e, conseqüentemente, maior retorno econômico por unidade de tempo. Na fabricação de celulose e papel, a densidade básica da madeira ideal está entre 0,40 e 0,60 g.cm^{-3} (APIOLAZA et al., 2000). Densidades básicas maiores que essa faixa propiciam maior produtividade de celulose, mas, a rigidez das fibras e a sua resistência ao colapso resultam em uma fraca ligação interfibrilar, produzindo um papel fraco e susceptível à ruptura. Fibras de madeira com baixa densidade básica, apresentam melhores características de colapso e ligação, formando uma superfície mais lisa, com maior resistência à tensão e à ruptura. Contudo, isso compromete o rendimento em celulose e a produção de papel. Portanto, a indústria de papel e celulose trabalha com faixas de densidade básica da madeira que otimizem a produtividade de celulose, sem comprometer a qualidade do papel produzido.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 TESTES GENÉTICOS

3.1.1 Material Genético e Delineamento de Cruzamentos Dialélicos

As progênes de irmãos-completos de *Pinus taeda* nos testes genéticos foram obtidas mediante um delineamento de cruzamentos dialélicos parcial desconectado do segundo ciclo de melhoramento, do programa a Cooperativa de Melhoramento Florestal da Universidade Estadual da Carolina do Norte, nos Estados Unidos (NCSU-ICTIP) (TALBERT, 1979; LI et al., 1996). Dois conjuntos de dialelos com seis genitores cada geraram 30 famílias de irmãos-completos que foram introduzidas em testes genéticos em quatro locais (Quadro 3.1).

QUADRO 3.1 - DELINEAMENTO DOS CRUZAMENTOS DO CONJUNTO DE DIALELOS DESCONECTADOS 1 E 2 DE *Pinus taeda* E SEUS RESPECTIVOS CÓDIGOS DE TRATAMENTOS.

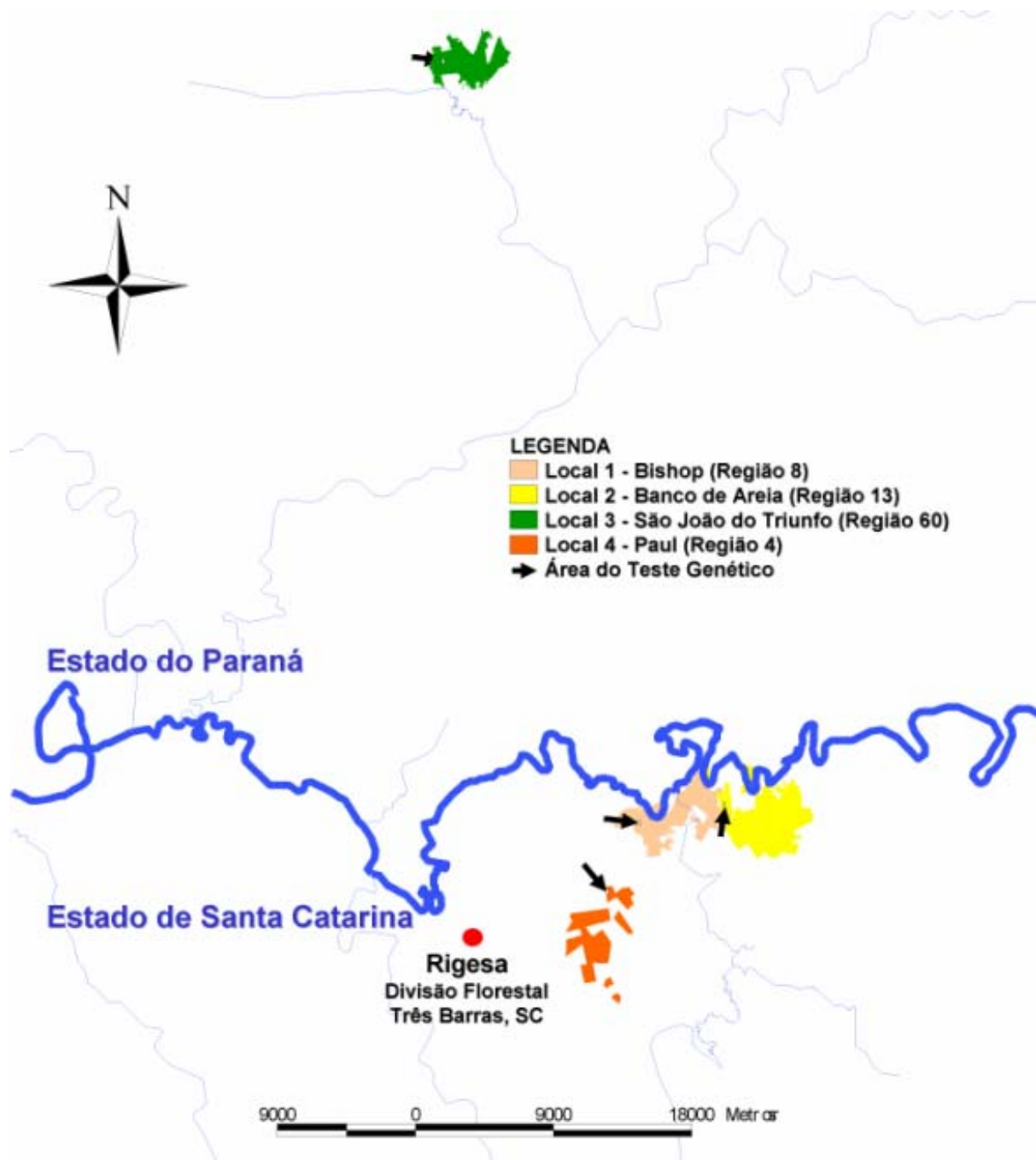
		Progenitor Masculino											
		Dialelo 1						Dialelo 2					
		08-1105	10-1019	11-1051	07-1029	11-1027	08-1048	08-1097	11-1031	11-1021	11-1050	11-1066	10-1030
Progenitor Feminino	Dialelo 1	08-1105											
		10-1019	304										
		11-1051	315	316									
		07-1029	296	297	298								
		11-1027	309	310	311	308							
		08-1048	300	301	303	299	302						
Dialelo 2	08-1097												
	11-1031						312						
	11-1021						328	307					
	11-1050						329	314	313				
	11-1066						317	319	318	320			
	10-1030						305	326	325	327	306		

3.1.2 Localização da Área Experimental e Características Edafo-Climáticas

Esse estudo foi realizado em quatro locais, plantios estabelecidos em junho de 1986, no Planalto Norte Catarinense e no Sudeste do Paraná. A caracterização climática dessas áreas segue a classificação Cfb de Köppen. Essas áreas

localizam-se em uma região com temperatura média anual de 19 °C e precipitação média anual de 1.375-1.400 mm, com chuvas uniformemente distribuídas ao longo do ano. Uma exceção é a área localizada no município de São João do Triunfo (PR), que apresenta temperatura média anual de 21 °C (Figura 3.1).

FIGURA 3.1 - LOCALIZAÇÃO DOS TESTES GENÉTICOS DE *Pinus taeda* DOS DIALELOS 1 e 2 DE 2ª GERAÇÃO.



O Local 1 é a Fazenda Bishop (Região 8, Talhão 76) no município de Três Barras (SC) com coordenadas UTM X 580935 e UTM Y 7115105, com altitude 780 m. O solo é caracterizado como Latossolo Vermelho Ácrico Argissólico, textura argilosa/muito argilosa, Horizonte A proeminente, Caulinítico-Oxídico, Hipoférrico, horizonte A com profundidade até 98 cm e horizonte B de 98-166 cm. Ele está localizado em um topo aplanado em um relevo suave ondulado com boa drenagem. Nesse local, raízes finas e grossas são abundantes na superfície, poucas no horizonte A2 e comuns no A3, poucas e grossas no Bw. De forma geral, essa área é classificada como unidade de manejo LVw4.

O Local 2 é a Fazenda Banco de Areia (Região 13, Talhão 73) no município de Mafra (SC) com coordenadas UTM X 586615 e UTM Y 7115565, com altitude 805 m. O solo é caracterizado como Cambissolo Húmico Distrófico Típico, textura média, horizonte A Húmico, Álico, Caulinítico, Mesoférrico, com profundidade até 90cm e horizonte B de 90-130cm. Essa fazenda está localizada no meio de encosta em um relevo ondulado com drenagem moderada. Raízes finas e médias são abundantes em todo o perfil. A unidade de manejo para essa área é CHd3.

O Local 3 é a Fazenda Taió (Região 60, Talhão 25) no município de São João do Triunfo (PR) com coordenadas UTM X 567980 e UTM Y 7164575, com altitude 850 m. O solo é caracterizado como Argissolo Vermelho Amarelo, Distrófico Típico, horizonte A proeminente, textura arenosa/média, Álico, Caulinítico e Hipoférrico, com profundidade até 80 cm e horizonte B de 80-140 cm. Essa fazenda está localizada no meio de encosta em um relevo suave ondulado, com erosão laminar e boa drenagem. Raízes finas a grossas são abundantes em todo perfil. Essa área é classificada como unidade de manejo PVAd5.

O Local 4 é a Fazenda Paul (Região 4, Talhão 88) no município de Canoinhas (SC) com coordenadas UTM X 578830 e UTM Y 7110410, com altitude 780 m. O solo é caracterizado como Alissolo Crômico Argilúvico Típico, textura argilosa, horizonte A proeminente, Álico, Caulinítico, Hipoférrico, com profundidade até 37 cm e horizonte B com 37-110 cm, em um relevo suave ondulado. Ele está localizado no topo de interflúvio estreito e aplanado com drenagem moderada. Poucas raízes finas e médias são encontradas no perfil. Com essas características, incluiu-se essa área na unidade de manejo ACt 2.

O preparo do solo foi realizado com subsolagem, seguido do controle pré-emergente de ervas daninhas. As mudas produzidas em tubetes foram plantadas em junho de 1986, seis meses após a semeadura no viveiro. Não foi efetuada adubação no plantio. As progênies foram distribuídas de acordo com o mapa de delineamento em blocos casualizados, no espaçamento de 2,5m x 2,5m, com bordadura dupla ao redor da área experimental.

3.2 MENSURAÇÕES E AVALIAÇÕES DENDROMÉTRICAS

Todos os indivíduos foram avaliados, anualmente, até a idade de 17 anos (Quadro 3.3). Mensurações de DAP não foram efetuadas nas idades 1 e 2. Nas idades 5 e 6, foi mensurado somente o DAP.

As variáveis mensuradas foram altura total da árvore (ALT) e diâmetro à altura do peito (DAP) a 1,30 m. Essa altura corresponde à altura de a 4,5 pés, normalmente empregada nos Estados Unidos. A altura total da árvore foi mensurada com um hipsômetro SuuntoTM e o DAP com uma fita diamétrica. As avaliações de características qualitativas como retidão do fuste (RET), copa quebrada (COQ), bifurcação do fuste (BIF) e rabo-de-raposa ou “foxtail” (FOX) foram baseadas na presença ou não das mesmas. Para retidão do fuste, cada árvore avaliada recebeu nota “1” (sim) para fuste reto ou “0” (não) quando apresentasse qualquer sinuosidade no fuste. Para avaliação de rabo-de-raposa, a nota “1” se referiu a árvores com presença de internódios com comprimento maiores que 2 m e “0” para intermediários inferiores a 2 m. As avaliações de copa quebrada e bifurcação se basearam na presença (nota “1”), ou ausência dessas características (nota “0”).

QUADRO 3.3 - LISTAGEM DAS VARIÁVEIS AVALIADAS ANUALMENTE ATÉ 17 ANOS DE IDADE NOS QUATRO TESTES GENÉTICOS DE *Pinus taeda* DOS DIALELOS 1 E 2 DE 2ª GERAÇÃO.

Local	Caract.	Idade e Ano de Medição																
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
		1987	1988	1989	1990	1991	1992	1993	1994	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003
Local 1 Bishop (R8)	ALT	X	X	X	X			X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
	DAP			X	X		X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
	BIF																	X
	COQ																	X
	FOX																	X
	RET																	X
	DEN					X				X				X				X
	DSC																	X
	ESC																	X
	Local 2 Banco de Areia (R13)	ALT	X	X	X	X				X	X	X	X	X	X	X	X	X
DAP				X	X		X		X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
BIF																		X
COQ																		X
FOX																		X
RET																		X
DEN						X				X				X				X
DSC																		X
ESC																		X
Local 3 São João do Triunfo (R60)		ALT	X	X	X	X				X	X	X	X	X	X	X	X	X
	DAP			X	X		X		X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
	BIF																	X
	COQ																	X
	FOX																	X
	RET																	X
	DEN					X				X				X				X
	DSC																	X
	ESC																	X
	Local 4 Paul (R4)	ALT	X	X	X	X				X	X	X	X	X	X	X	X	X
DAP				X	X	X			X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
BIF																		X
COQ																		X
FOX																		X
RET																		X
DEN						X				X				X				X
DSC																		X
ESC																		X

3.3 DETERMINAÇÃO DA DENSIDADE BÁSICA DA MADEIRA E DO TEOR DE CASCA

3.3.1 Coleta de Amostras e Determinação da Densidade Básica da Bagueta

As densidades foram determinadas em amostras de madeira na forma de baguetas retiradas dos troncos a 1,37 cm de altura aos 16 anos. Altura do peito é indicada por vários autores como a melhor localização da amostragem para a

predição da densidade básica média da árvore (GWAZE et al., 2001; ZOBEL e BUIJTENEN, 1989). Essas amostras foram retiradas com um trado de incremento perfurando até a inclusão da medula da árvore na bagueta. As mesmas baguetas extraídas para a determinação de densidade básica (DEN) foram utilizadas para a determinação da espessura da casca (ESC) e diâmetro sem casca a altura do peito (DSC).

Após a retirada das amostras de madeira, as baguetas foram umedecidas e mantidas em sacos plásticos até o início das mensurações em laboratório. Após a medição da bagueta com e sem casca, foram cortados segmentos no 4º, 8º e 12º anel e seus comprimentos foram medidos. Os volumes desses segmentos foram determinados pelo método de pesagem ou deslocamento de água em balança analítica, seguindo-se a metodologia descrita por VITAL (1984). Para se determinar o peso seco, os segmentos das baguetas foram colocados em estufa à temperatura de $103 \pm 2^\circ\text{C}$. Após atingirem peso constante, foram pesados em balança analítica. A densidade básica de cada segmento de bagueta foi calculada utilizando-se a relação:

$$\rho_b = Ms / Vu$$

onde: ρ_b é a densidade básica ou massa específica básica em g.cm^{-3} ;

Ms é a massa da bagueta seca em estufa a $103 \pm 2^\circ\text{C}$ em g;

Vu é o volume da bagueta saturada em cm^3 .

Com o uso da fórmula para ρ_b , foram obtidas as seguintes variáveis:

- a) Densidade básica do segmento de bagueta da medula ao 4º anel na altura do peito (DSB04 ou DAB04 ou DAS04) em g.cm^{-3} .
- b) Densidade básica do segmento de bagueta do 4º ao 8º anel na altura do peito (DSB08) em g.cm^{-3} ;
- c) Densidade básica do segmento de bagueta do 8º ao 12º anel na altura do peito (DSB12) em g.cm^{-3} ;
- d) Densidade básica da bagueta após o 12º anel na altura do peito (DSB16) em g.cm^{-3} .

Com a média ponderada da densidade básica de cada segmento de bagueta em relação ao seu comprimento, obteve-se:

- a) Densidade básica ponderada pelo comprimento de cada segmento de bagueta da medula até o 8º anel (DAB08) em g.cm^{-3} ;
- b) Densidade básica ponderada pelo comprimento de cada segmento de bagueta da medula até o 12º anel (DAB12) em g.cm^{-3} ;
- c) Densidade básica total da bagueta ponderada pelo comprimento de cada segmento de bagueta (DENS B) em g.cm^{-3} .

3.3.2 Determinação da Densidade Básica da Seção Cilíndrica ou Radial na Altura do Peito

Um conjunto de mensurações realizadas nas baguetas foi empregado na determinação da densidade básica da seção cilíndrica ou radial da árvore na altura do peito. Para isso, a média das densidades básicas de cada segmento de bagueta foram ponderadas pela área de cada seção transversal correspondente. Essas áreas foram determinadas a partir dos comprimentos de baguetas da medula ao 4º anel (CB_4), 8º anel (CB_8), 12º anel (CB_{12}), e Total (CB_{Total}):

- a) Área da medula ao 4º anel (AS_{0-4}): (πCB_4^2)
- b) Área do 4º anel ao 8º anel (AS_{4-8}): $(\pi CB_8^2) - (\pi CB_4^2)$
- c) Área do 8º anel ao 12º anel (AS_{8-12}): $(\pi CB_{12}^2) - (\pi CB_8^2) - (\pi CB_4^2)$
- d) Área a partir do 12º anel ($AS_{>12}$): $(\pi CB_{\text{Total}}^2) - (\pi CB_{12}^2) - (\pi CB_8^2) - (\pi CB_4^2)$

Assim, foram obtidas as seguintes densidades ponderadas:

- a) Densidade básica ponderada pela área de cada segmento de bagueta da medula até o 8º anel (DAS08) em g.cm^{-3} :

$$DAS08 = \frac{DSB4 \cdot AS_{0-4} + DSB8 \cdot AS_{4-8}}{AS_{0-4} + AS_{4-8}}$$

- b) Densidade básica ponderada pela área de cada segmento de bagueta da medula até o 12º anel (DAS12) em g.cm^{-3} :

$$DAS12 = \frac{DSB4 \cdot AS_{0-4} + DSB8 \cdot AS_{4-8} + DSB12 \cdot AS_{8-12}}{AS_{0-4} + AS_{4-8} + AS_{8-12}}$$

- c) Densidade básica total da seção ponderada pela área de cada segmento de bagueta (DENS S) em g.cm^{-3} :

$$\text{DENSS} = \frac{\text{DSB4} \cdot \text{AS}_{0-4} + \text{DSB8} \cdot \text{AS}_{4-8} + \text{DSB12} \cdot \text{AS}_{8-12} + \text{DSB16} \cdot \text{AS}_{>12}}{\text{AS}_{0-4} + \text{AS}_{4-8} + \text{AS}_{8-12} + \text{AS}_{>12}}$$

3.3.3 Determinação do Conteúdo de Casca

Além das mensurações de densidade básica, as seguintes variáveis foram avaliadas com as mesmas amostras de baguetas:

- a) Espessura da casca na altura do peito (CES) em (cm)
- b) Proporção da espessura de casca na altura do peito (CPE), a qual foi obtida por:
CPE = CES / DAP
- c) Diâmetro (cm) sem casca na altura do peito (DAPS), a qual foi obtida por:
DAPS = DAP – CES
- d) Área da seção (cm²) na altura do peito (AAP), a qual foi obtida por:
AAP = π DAP² / 400
- e) Área da seção (cm²) sem casca na altura do peito (AAPS), a qual foi obtida por:
AAPS
- f) Área (cm²) da casca na altura do peito (CAR), a qual foi obtida por:
CAR = AAP – AAPS
- g) Proporção da área de casca na altura do peito (CPA), a qual foi obtida por:
CPA = CAR / AAP

3.4 DETERMINAÇÃO DE EQUAÇÕES PARA ESTIMATIVA DE CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO, DENSIDADE BÁSICA E TEOR DE CASCA

3.4.1 Amostragem e Obtenção de Dados Básicos da Cubagem de Árvores

Este estudo foi realizado com dados de povoamentos com 7 a 18 anos de idade. Esses plantios foram estabelecidos no espaçamento 2,5 m x 2,5 m com sementes de pomar. Foram abatidas 360 árvores-amostra em diversos talhões, localizados em diversas áreas nos estados do Paraná e Santa Catarina. Para a localização das árvores-amostra no campo, contou-se com a seleção de talhões através do sistema de informações geográficas e cadastro de áreas, com o emprego

de dupla aleatorização na seleção das áreas. Primeiramente, sorteou-se um ponto correspondente à abscissa, seguido pelo sorteio de um ponto na ordenada. O encontro dos pontos sorteados foi tomado como centro da área da amostra, onde foram abatidas as árvores para cubagem e coleta de dados. A área de cada parcela foi de 25 m por 20 m, correspondendo a 500 m² de área de amostragem. No interior das parcelas, as árvores foram selecionadas pela distribuição de classes de diâmetro, em intervalos de 2 cm a partir do DAP mínimo de 5 cm. Durante a escolha das árvores-amostra, foram descartadas as portadoras de defeitos como bifurcação, presença de nós e deformações na altura do peito, ou qualquer outra condição que pudesse dificultar a determinação de suas alturas totais. Seguindo as recomendações descritas por SCHNEIDER (1978), as variáveis dependentes foram obtidas aleatoriamente e as variáveis independentes foram obtidas sistematicamente dentro de cada classe diamétrica. Esse procedimento permitiu obter uma melhor estimativa dos parâmetros da regressão.

As árvores foram abatidas e cubadas pela fórmula de Smalian (ANDRADE, 1999) com e sem casca, até chegar ao diâmetro com casca igual a 7 cm (limite comercial de madeira para celulose). O diâmetro sem casca foi medido após a retirada de um pequeno “anel” de casca.

O volume total das seções foi estimado com a expressão:

$$V = (S_1 + S_2)/2 \cdot L_1 + (S_2 + S_3)/2 \cdot L_2 + \dots + (S_n \cdot L_n) \cdot 1/n$$

onde: V é o volume total das seções;

S é a área transversal da seção;

L é o comprimento das seções;

n é o último valor da área transversal e comprimento medido.

Imediatamente após a cubagem de cada árvore, realizou-se a pesagem das toras com uma balança com precisão de 0,1 kg. Em seguida, foram coletados seis discos com aproximadamente 3 cm de espessura: na base, na altura do peito e a 25%, 50%, 75% e 100% da altura comercial, com diâmetro mínimo de 7 cm. Esses discos foram utilizados na determinação da densidade básica da madeira pelo método de imersão em água, segundo o procedimento descrito por VITAL (1984). Os mesmos discos foram utilizados para a determinação do peso verde da casca. Os discos de madeira de cada árvore foram identificados e acondicionados em sacos plásticos para prevenir a perda da umidade inicial. As amostras foram

armazenadas em câmara fria até o início das análises. Uma fração de cada disco, na forma de cunha com aproximadamente 60°, com corte no sentido radial passando na medula, foi retirada para análise. Os volumes das cunhas de madeira foram determinados pelo método de imersão com uma balança com precisão de 0,01 g. Em seguida, estas foram secas em estufa a $103 \pm 2^\circ\text{C}$, até que atingissem peso constante para a medição do peso seco.

A densidade básica média da árvore foi estimada considerando-se o volume da secção compreendido entre discos sucessivos como fator de ponderação. O peso seco total da madeira do fuste foi obtido multiplicando-se o volume sem casca de cada seção da árvore por sua densidade básica média, seguindo o método de Smalian (ANDRADE, 1999).

3.4.2 Equações de Crescimento para Volume, Peso Verde e Peso Seco

O modelo de PIENAAR et al. (1988) foi empregado para a obtenção das equações para volume, peso verde e peso seco individual de árvores. Para a determinação do volume comercial com casca (VOLCG), volume comercial sem casca (VOLSG) e peso verde comercial com casca (PVCG), utilizou-se a seguinte equação:

$$Y = \beta_0 \cdot \text{DAP}^{\beta_1} \cdot \text{ALT}^{\beta_2} - \beta_3 \left(\left(\frac{d^{\beta_4}}{\text{DAP}^{\beta_4-2}} \right) \cdot (\text{ALT} - 1,37) \right) \quad \text{Equação 1}$$

onde: Y se refere às variáveis VOLCG ou VOLSG ou PVCG total;

DAP e ALT, conforme definidos anteriormente para medições dendrométricas;
d é o diâmetro mínimo superior ou comercial;

β_0 , β_1 , β_2 , β_3 e β_4 são parâmetros da equação determinados para as variáveis VOLCG ou VOLSG ou PVCG.

O último termo do modelo corresponde à da altura total do fuste menos 1,37 m. Essa subtração se refere ao DAP medido a 1,37 m acima do nível do solo.

A equação empregada para estimar o peso seco comercial sem casca (PSSG) com qualquer diâmetro foi:

$$\text{PSSG} = \beta_0 \cdot \text{DAP}^{\beta_1} \cdot \text{ALT}^{\beta_2} \cdot \exp^{(\beta_3)} - \beta_4 \left(\left(\frac{d^{\beta_5}}{\text{DAP}^{\beta_6}} \right) \cdot (\text{ALT} - 1,37) \right) \quad \text{Equação 2}$$

onde: I é a idade da árvore em anos;

DAP, ALT e d, conforme definidos anteriormente;

β_0 , β_1 , β_2 , β_3 , β_4 , β_5 e β_6 são os parâmetros estimados da equação para PSSG; exp é a base do logaritmo neperiano (2,718281828).

Os critérios utilizados na definição desse modelo e nos parâmetros estimados dessas equações foram: a) distribuição uniforme dos valores residuais; b) coeficiente de determinação (R^2); c) erro padrão da estimativa ($Sy.x$). O coeficiente de determinação R^2 não foi usado para comparação dos modelos de diferentes naturezas. Para isso utilizou-se o erro padrão da estimativa ($Sy.x$) em porcentagem, seguindo-se a recomendação de FRAYER (1971).

3.4.3 Determinação do Peso Verde de Toras Comerciais

O peso verde comercial de toras foi determinado usando-se uma função de forma derivada das equações de volume ou dos pesos verdes com e sem casca. Utilizando-se o modelo de PIENAAR et al. (1988), obteve-se uma função de afilamento ou “Tapper” implícita pelo compartilhamento do parâmetro β_4 . Neste estudo, as equações foram empregadas somente para a determinação do peso verde com casca (PVCG). Essa escolha se baseou no fato de que essa variável é uma das principais formas de quantificação de madeira na comercialização de toras. Portanto, o cálculo de valores econômicos incluindo remuneração por toras inteiras por classe de diâmetro foi obtido com valores de PVCG para as toras inteiras de cada árvore. As equações de afilamento desenvolvidas por Clutter, na década de 80 (PIENAAR et al., 1988), empregadas nesse estudo, foram:

$$d = DAP \cdot \left[\frac{ALT - h}{ALT - 1.37} \right]^{\left(\frac{1}{\beta_4 - 2} \right)}$$

$$h = ALT - \left[(ALT - 1.37) \cdot \left(\frac{d}{DAP} \right)^{\beta_4 - 2} \right]$$

Onde: h se refere a altura desejada ao longo do fuste da árvore;

d, DAP, ALT e β_4 , conforme descritas anteriormente.

O procedimento para o cálculo do peso verde de toras comerciais, utilizando essas equações, se baseou em uma seqüência específica de cálculos. Primeiramente, determinou-se a altura (h) do diâmetro mínimo desejado da tora (d) pela equação acima. Três classes de diâmetro comercial foram utilizadas, de forma seqüencial, nesse estudo: 30 cm, 25 cm e 20 cm para última tora. O restante do volume da árvore foi considerado como material para celulose ou energia. Em seguida, a altura (h) referente à primeira tora (30 cm) foi dividida pelo comprimento comercial de cada tora que, neste estudo, foi de 2,5 m. O número de toras inteiras até o primeiro diâmetro mínimo foi multiplicado pelo seu comprimento. Com o valor de h para toras inteiras, obteve-se, com a equação de PIENAAR et al. (1988), o valor do diâmetro superior da tora (d), referente ao comprimento das toras inteiras. Com os valores de h e d referentes as toras inteiras ou comerciáveis, obteve-se o peso verde comercial do segmento da árvore, usando-se a equação ajustada para PVCG, conforme descrita por ANDRADE (1999). Os pesos verdes das toras referentes às demais classes de diâmetro foram obtidos da mesma forma, subtraindo-se o peso verde das toras das classes de maior diâmetro.

3.4.4 Estimativa da Densidade Básica Média da Árvore e Teor de Casca

A densidade básica média da árvore (DENSEA), em g.cm^{-3} , foi estimada em função da densidade básica da seção na altura do peito (DENSEP), através da equação de regressão obtida com os dados de cubagem segundo o procedimento descrito em no tópico 3.4.1. Essa equação foi determinada com valores reais de densidades básicas de árvores na altura do peito e densidade básica média das árvores cubadas. O cálculo da densidade básica média da árvore se baseou na ponderação da densidade básica de cada seção, cubada em relação ao volume ao longo do fuste, onde a média das áreas transversais de cada seção foi multiplicada pela sua altura ou comprimento do fuste. Cada volume relativo foi multiplicado pela média da densidade básica dessas seções. Com esses valores, a fórmula para DENSEA foi obtida por uma equação linear simples ($Y=\beta_0X+\beta_1$), resultante dos valores da densidade média das árvores cubadas e suas densidades básicas à altura do peito.

Na determinação da equação para a estimativa do volume estimado de casca da árvore (CVOLE), expresso em m^3 , foram empregados também os mesmos dados de cubagem. Contudo, diversas variáveis de crescimento e variáveis combinadas ou transformadas de mensuração de casca, foram avaliadas em relação ao volume real de casca, das árvores cubadas, para a obtenção da equação que melhor expressasse essa característica.

Todas as equações de regressão geradas e avaliadas na estimativa da DENSA e do CVOLE foram obtidas com o uso do programa MINITAB (Minitab Inc.). As precisões dessas estimativas foram avaliadas com base na distribuição dos valores residuais, coeficiente de determinação (R^2) e erro padrão da estimativa ($Sy.x$).

3.5 DETERMINAÇÃO DOS VALORES COMERCIAIS DAS ÁRVORES

Além das análises genéticas das variáveis de crescimento, da qualidade da madeira e das características auxiliares (forma, copa quebrada, etc.), análises dos valores comerciais, com base em múltiplos produtos da madeira, foram, também, abordadas nesse estudo. Os valores dos produtos para a indústria madeireira e de celulose foram estimados com base no: a) peso verde comercial com casca da árvore (PVCG); b) peso verde comercial com casca e prêmio para incremento da densidade básica; c) peso verde comercial com casca e prêmio para menor volume de casca; d) peso verde comercial com casca e prêmio para densidade básica e volume de casca. Três classes de valor foram empregadas no cálculo dos valores comerciais, sendo as partes de maior diâmetro da árvore comercializada como toras para desdobro. Para a 1ª classe, compondo toras com diâmetro mínimo de 30 cm, o valor de venda da tonelada de madeira verde com casca foi de R\$ 90,00. Para a 2ª classe, com diâmetro mínimo maior que 25 cm, excluindo o volume de toras da 1ª classe, o valor foi de R\$ 70,00/t. A 3ª classe de toras, com diâmetro maior que 20 cm, cujo volume não inclui o das classes anteriores, foi de R\$ 60,00/t. O restante do volume do fuste foi destinado à indústria de celulose, obtendo-se R\$ 40,00/t. Assim, o valor econômico da árvore foi calculado com base no peso verde (tonelada) de cada porção e seus respectivos preços.

O valor financeiro da tora com base no peso verde comercial com casca (VF) foi calculado para o peso de toras inteiras para cada classe, com os seus

respectivos preços. No caso do valor financeiro da tora com base no peso verde comercial com casca e prêmio para densidade básica (VFD), primeiramente, obtiveram-se os mesmos valores para cada classe. Em seguida, adicionou-se ou se subtraiu um valor prêmio da árvore com base na densidade básica relativa da madeira. Para densidades maiores ou menores que um desvio padrão (dp) da média de DENSA das árvores no teste, considerou-se a porcentagem do desvio da média no preço da madeira. Para se determinar o valor financeiro da tora com base no peso verde comercial com casca e prêmios para volume de casca (VFC), utilizou-se o mesmo princípio. O prêmio consistiu na redução do volume de casca da árvore. Para volumes de casca maior ou menor que 1 dp da média dos CVOLE, dividiu-se a porcentagem de ajuste do preço da madeira (diferença da média em relação à média \pm 1 dp) por um fator de correção 2. Esse fator é a relação do peso da casca para o seu volume aos 14 e 16 anos, que correspondem a 16% e 8% respectivamente. Outra característica financeira avaliada foi o valor financeiro da tora com base no peso verde comercial com casca e por prêmios para densidade básica e volume de casca (VFDC). Essa variável foi obtida com a combinação dos prêmios para densidade básica e volume de casca no preço da tonelada da madeira por classes.

3.6 ANÁLISE GENÉTICA DE CRUZAMENTOS DIALÉLICOS PELO BLUP INDIVIDUAL

Delineamentos dialélicos apresentam dois níveis do mesmo efeito principal para cada observação e sua complexidade de análise aumenta com a ocorrência de parcelas e cruzamentos perdidos (DEAN E CORRELL, 1988; HUBER, 1992). Neste estudo, análises combinadas para o efeito do dialelo e interações entre locais foram inclusas na análise de modelos mistos. Apesar da existência de alguns programas para análise de testes de dialelos utilizando modelos mistos, várias limitações ainda existem quanto a sua aplicação. Uma delas é a não obtenção de valores genéticos individuais e análises conjuntas. Além do emprego de modelos mistos para a análise dos testes genéticos de cruzamentos dialélicos desconectados, esse trabalho utilizou procedimentos de programação em SAS e modelos do programa Selegen REML/BLUP.

3.6.1 BLUP para Predição de Efeitos Aditivos e de Dominância

Para a análise dos testes de cruzamentos dialélicos, adotou-se o modelo linear misto (modelo aditivo univariado), empregando-se o procedimento de melhor preditor linear não viciado (*Best Linear Unbiased Prediction* ou BLUP) para predição dos efeitos aditivos e de dominância (RESENDE e FERNANDES, 1999). Todos os efeitos, com exceção da média geral do teste e do bloco, foram considerados efeitos aleatórios e independentemente distribuídos. O modelo linear misto para análise genotípica univariada, de experimentos de cruzamentos dialélicos em delineamentos em blocos casualizados (DBC), foi expresso como:

$$Y = X\beta + Za + Zd + Wc + e$$

Onde: Y é o vetor de dados das observações;

X, Z e W são as matrizes de incidência para β , a/d e c respectivamente com delineamento conhecido;

β é o vetor desconhecido para os efeitos fixos da média geral e de blocos;

a é o vetor desconhecido para os efeitos genéticos aditivos dos indivíduos (efeitos aleatórios), incluindo efeitos CGC e CEC;

d é o vetor desconhecido para os efeitos aleatórios de dominância

c é o vetor desconhecido para os efeitos aleatórios de parcelas;

e é o vetor não observado para o efeito aleatório de erros.

Com base nesse modelo, o BLUP utilizou um sistema de equações onde a matriz A se refere a matriz de parentesco e a D, a matriz de correlação genética de dominância entre indivíduos, obtendo-se:

$$\begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{a} \\ \hat{d} \\ \hat{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha_1 & Z'Z & Z'W \\ Z'X & Z'Z & Z'Z + D^{-1}\alpha_2 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'Z & W'W + I\alpha_3 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}$$

onde:

$$\alpha_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1 - h_g^2 - c^2}{h_a^2}; \quad \alpha_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_d^2} = \frac{1 - h_g^2 - c^2}{h_g^2 - h_a^2}; \quad \alpha_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_p^2} = \frac{1 - h_g^2 - c^2}{c^2}$$

Esse sistema prediz, isoladamente, os efeitos aditivos (\hat{a}) e de dominância (\hat{d}).

Os valores genotípicos dados por $\hat{g} = \hat{a} + \hat{d}$, foram preditos diretamente pelas equações de modelo misto:

$$\begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{g} \\ \hat{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + G^{-1}\sigma_{ad}^2 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\alpha_3 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}$$

em que:

$$G = A\sigma_a^2 + D\sigma_d^2$$

3.6.2 REML para Estimativas dos Componentes de Variância Genéticas e Herdabilidades

As máximas verossimilhanças restritas (*Restricted Maximum Likelihood* ou REML) foram estimadas a partir de um valor inicial de σ_e^2 e σ_a^2 onde, pela equações do modelo misto se estimou \hat{b} e \hat{a} . Esses foram utilizados para obtenção de novas estimativas σ_e^2 e σ_a^2 e, de forma repetitiva, continuou-se com esse procedimento até a convergência para valores estáveis. Os estimadores iterativos por REML via algoritmo EM foram:

a) Variância residual estimada:

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

b) Variância genética aditiva estimada

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

c) Variância genética dominância estimada:

$$\hat{\sigma}_d^2 = [\hat{d}'D^{-1}\hat{d} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(D^{-1}C^{33})] / q$$

d) Variância entre parcelas estimada:

$$\hat{\sigma}_p^2 = (\hat{c}'c + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr } C^{44}) / s$$

Onde: A é a matriz de parentesco genético aditivo;

tr é o operador traço matricial, dado pela soma dos elementos da diagonal da matriz;

N, q e s representam o número total de dados, o número de indivíduos e o número de parcelas, respectivamente;

r(x) é o posto ou número de colunas linearmente independentes da matriz X;

C é a matriz dos coeficientes das equações do modelo misto.

Dessa forma, a partir das estimativas de σ_e^2 , σ_a^2 , σ_d^2 e σ_p^2 obteve-se o restante dos parâmetros genéticos pelas seguintes equivalências: $\sigma_a^2 = 4\sigma_g^2 = h_a^2\sigma_y^2$; $\sigma_d^2 = 4\sigma_s^2 = (h_g^2 h_a^2)\sigma_y^2$; $\sigma_p^2 = (1 - \sigma_g^2 - c^2)\sigma_y^2$. Resultando em:

e) Variância fenotípica

$$\sigma_y^2 = 2\sigma_a^2 + \sigma_d^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2$$

f) Correlação entre os indivíduos na parcela, devido ao ambiente comum da parcela

$$c^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_y^2}$$

g) Herdabilidade individual no sentido restrito

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_y^2}$$

h) Herdabilidade individual no sentido amplo

$$h_g^2 = \frac{\sigma_a^2 + \sigma_d^2}{\sigma_y^2}$$

3.6.3 Modelo Estatístico para Análise por Local

O modelo estatístico para avaliação de delineamentos em blocos casualizados de progênie de irmãos-completos obtidas mediante cruzamentos dialélicos é descrito com:

$$Y_{ijkl} = \mu + a_i + a_j + b_k + d_{ij} + c_{ijk} + e_{ijkl}$$

Onde: Y_{ijklm} é a observação l do bloco k para o cruzamento ij ;

μ é o efeito fixo da média geral, onde $E(\mu) = \mu$ e $E(\mu^2) = \mu^2$;

a_i ou a_j é o efeito aleatório para a progênie da interação para Capacidade Geral de Combinação (CGC) dos genitores i e j ($i \neq j$), sendo $i, j = 1$ a 8. Com distribuição $\sim NID(0, \sigma_g^2)$;

b_k é o efeito fixo do bloco k , sendo $k = 1$ a 6 onde $E(b_k) = b_k$ e $E(b_k^2) = V_b$;

d_{ij} é o efeito aleatório para a progênie da interação para Capacidade Específica de Combinação (CEC) ou cruzamentos entre os genitores i e j ($i \neq j$).

Com distribuição $\sim NID(0, \sigma_s^2)$;

c_{ijk} é o efeito aleatório da parcela no cruzamento ij no bloco k . Com distribuição $\sim \text{NID}(0, \sigma_p^2)$.

e_{ijkl} é o efeito aleatório do indivíduo l dentro da parcela ijk , referente ao erro dentro da parcela. Com distribuição $\sim \text{NID}(0, \sigma_e^2)$.

3.6.4 Modelo Estatístico para Análise Conjunta de Vários Locais

O modelo linear misto utilizado para análise estatística de medições individuais de árvores geradas em cruzamentos dialélicos em testes em blocos casualizados em vários locais foi:

$$Y_{ijklm} = \mu + t_i + b_{j(i)} + a_k + a_l + d_{kl} + ta_{ik} + ta_{il} + td_{ikl} + e_{ijklm}$$

Onde: Y_{ijklm} é a observação m do bloco j entre o teste i para o cruzamento kl ;

μ é o efeito fixo da média geral, onde $E(\mu) = \mu$ e $E(\mu^2) = \mu^2$;

t_i é o efeito fixo para o teste i , sendo $i=1$ a 4 onde $E(t_i) = t_i$ e $E(t_i^2) = V_t$;

$b_{j(i)}$ é o efeito fixo do bloco j dentro do teste i , sendo $j=1$ a 6 onde $E(b_{j(i)}) = b_{j(i)}$ e $E(b_{j(i)}^2) = V_b$

a_k ou a_l é o efeito aleatório da progênie da interação para Capacidade Geral de Combinação (CGC) dos genitores k e l ($k \neq l$), sendo $k, l=1$ a 8. Com distribuição $\sim \text{NID}(0, \sigma_g^2)$;

d_{kl} é o efeito aleatório da progênie da interação para Capacidade Específica de Combinação (CEC) ou cruzamentos entre os genitores k e l ($k \neq l$). Com distribuição $\sim \text{NID}(0, \sigma_s^2)$;

ta_{ik} ou ta_{il} é o efeito aleatório da progênie do teste i pela interação CGC dos genitores k e l . Com distribuição $\sim \text{NID}(0, \sigma_{gt}^2)$;

td_{ikl} é o efeito aleatório da progênie do teste i ou cruzamento entre os genitores k e l . Com distribuição $\sim \text{NID}(0, \sigma_{st}^2)$;

e_{ijklm} é o efeito aleatório do indivíduo m dentro da parcela $ijkl$, referente ao erro dentro da parcela. Com distribuição $\sim \text{NID}(0, \sigma_e^2)$.

3.6.5 Análise de Testes de Progênie de Cruzamentos Dialélicos Utilizando o Programa Selegen REML/BLUP

As análises genéticas desenvolvidas com o programa Selegen REML/BLUP (RESENDE, 1999) se basearam na metodologia dos modelos mistos (MM), estimando-se as variâncias com o algoritmo EM pelo procedimento REML. O modelo utilizado incorporou a análise de cruzamentos dialélicos pela metodologia BLUP e REML (Modelo 33). Com esse modelo, valores genéticos individuais e de genitores foram preditos pelo método BLUP, após a estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos pelo método REML.

Este programa, através de seus algoritmos que maximizam a eficiência do processo seletivo em função de diferentes modelos experimentais, disponibilizou valores genéticos e genotípicos preditos, acurácia seletiva, ganho genético, tamanho efetivo populacional, variância de ganhos genéticos e outras informações essenciais na seleção genética. As seleções utilizando o Selegen REML/BLUP foram realizadas com base em valores genéticos preditos para propagação sexuada e valores genotípicos preditos para propagação clonal ou seleção de cruzamentos controlados.

Foram estimados os parâmetros genéticos e geradas predições de valores genéticos e genotípicos pelos métodos de melhor preditor linear não viciado (*Best Linear Unbiased Prediction* ou BLUP) e o de máxima verossimilhança restrita (*Restricted Maximum Likelihood* ou REML). Como a metodologia de análise BLUP exige estimativas dos parâmetros genéticos a priori, o programa Selegen REML/BLUP possibilitou essas estimativas pelo procedimento REML. Essas estimativas, foram obtidas a partir de valores iniciais aproximados de correlação genética inter-classe, herdabilidade individual no sentido restrito, herdabilidade individual no sentido amplo, repetibilidade individual e correlação devida ao ambiente comum da parcela. Após a estimativa dos parâmetros genéticos pelo procedimento REML, o método BLUP gerou pesos específicos para cada indivíduo com base no número de blocos, número de plantas por parcela e de plantas por progênie, os quais foram usados na predição dos valores genotípicos e valores genéticos. Os efeitos aditivos (a), de dominância (d), ambiental de parcela (c) e

ambiental dentro de parcela (e), foram estimados a partir da decomposição dos valores fenotípicos (RESENDE, 2002).

A análise dos testes dialélicos desconectados com o modelo 33 do programa Selegen REML/BLUP se baseou na metodologia de modelos mistos ao nível individual com o uso do modelo individual reduzido (MIR), inicialmente proposto por QUAAS e POLLAK (1980). Nesse modelo foram construídas apenas equações para os genitores, sendo os indivíduos não genitores considerados desvios genético em relação à média dos valores genéticos aditivos dos genitores (a_d) incorporados ao resíduo (e). Este, incluiu os efeitos aleatórios da dominância alélica, epistáticos e ambiental. A predição de valores genéticos aditivos individuais foi decomposta em dois componentes: a metade do valor genético aditivo da mãe ($a_m/2$) e a metade do valor genético aditivo do pai ($a_p/2$). Nesse modelo, a matriz de incidência X representou os efeitos fixos (b) e a matriz Z os valores genéticos aditivos individuais, pela equação:

$$y = Xb + Z(a_p/2 + a_m/2) + e(a_d + e)$$

A resolução das equações lineares por esse modelo computacional foi semelhante ao do modelo individual (MI).

3.6.6 Análise de Testes de Progênie de Cruzamentos Dialélicos em Vários Locais Utilizando o Programa SAS MIXED/IML

Embora a versão do programa Selegen REML/BLUP disponível na época do desenvolvimento deste estudo, permitir a execução plena das análises genéticas de cruzamentos dialélicos, não existiam módulos disponíveis para análises conjuntas desses delineamentos em múltiplos locais. Essa limitação foi superada com metodologias computacionais alternativas utilizando-se o programa SAS. O programa SAS contribuiu na flexibilização e automação das análises de vários modelos mistos, incluindo análises conjuntas de vários locais.

Baseado no procedimento desenvolvido por XIANG (2001), o programa gerado incluiu a estrutura de análise de modelos mistos para obtenção de estimativas precisas dos componentes de variância e de todas as variáveis aleatórias do modelo. Incluiu também predições de CGC, CEC, predição de valores

genéticos individuais para progênes de irmãos-completos, assim como efeitos de interação genótipo-ambiente.

Os procedimentos Proc MIXED e Proc IML do programa SAS (SAS Institute, 1997) foi utilizado para análises genéticas de cruzamentos dialélicos em vários locais, incluindo estimativas de valores genéticos mediante seleção de famílias, indivíduos e cruzamentos na possível presença de interação genótipo-ambiente (GxA). O procedimento Proc MIXED foi utilizado para estimativa dos componentes de variância, obtendo-se BLUE de efeitos fixos e BLUP de efeitos genéticos aleatórios (CGC e CEC) simultaneamente, assim como empregando métodos de ajuste de modelos, como o REML (LITTELL et al., 1996).

O procedimento SAS Proc MIXED/IML considerou a CGC e a CEC como efeitos aleatórios e gerou as melhores predições lineares não viciadas com o uso da metodologia BLUP (HUBER, 1992). Previamente ao uso do BLUP, empregou-se a opção de análise “ODS Statement” (SAS versão 8) ou o “MAKE Statement” (SAS versão 6) no procedimento REML, para obter as estimativas de variâncias dos efeitos aleatórios e fixos dos dados desbalanceados.

Para as estimativas dos componentes de variância por REML, estimaram-se os erros padrões dessas estimativas usando o procedimento Proc MIXED, a partir da matriz das informações estimadas. Na análise BLUP, as soluções para os efeitos genéticos foram chamadas de preditores, por predizer seus efeitos aleatórios na expressão do fenótipo. O cálculo da equação incluiu a inversa de uma matriz simétrica de parentesco com informações sobre a relação genética entre todos os indivíduos da população. No programa SAS, tanto os efeitos aleatórios quanto os fixos foram especificados no “CLASS Statement” como nos procedimentos “Proc GLM”. Os efeitos fixos foram inseridos no “MODEL Statement” e os efeitos aleatórios no “RANDOM Statement”.

O método de análise de testes dialélicos incluiu procedimentos para o cálculo do CGC como efeito principal. A coluna Z, correspondente aos efeitos de CGC, não pôde ser construída automaticamente pelos procedimentos padrões no programa SAS (GLM, VARCOMP, MIXED). Portanto, os efeitos de CGC para os genitores não foram classificados no “CLASS Statement”. Assim, variáveis falsas (*Dummy*) tiveram que ser criadas para os efeitos CGC, além do uso do “RANDOM Statement” e “TYPE=TOEP(1)” para constrição da mesma variância para todas as variáveis. A

construção de variáveis falsas para CGC foi realizada com o procedimento SAS Proc IML. Para a obtenção das estimativas dos componentes de variância, utilizou-se o procedimento SAS Proc MIXED. Os efeitos fixos CGC e efeitos genéticos aleatórios CEC foram estimados através do método da melhor estimativa linear não-viciada (BLUE) e do melhor preditor linear não-viciado (BLUP), respectivamente. Valores genéticos foram preditos através da derivação das fórmulas da metodologia BLUP. As soluções BLUP para os genitores masculinos e femininos foram obtidas pelo procedimento SAS Proc MIXED. Em seguida, calcularam-se os valores genéticos individuais, utilizando-se o procedimento Proc IML.

O procedimento de análise com o programa SAS foi desenvolvido em várias etapas de programação. Primeiramente, utilizou-se o procedimento Proc IML para a construção de variáveis falsas e obtenção das estimativas. Nesse procedimento, as variáveis “pai” e “mãe” foram lidas na matriz PM para obtenção dos genitores P com o nome dos pais com os elementos da matriz. A matriz D de variáveis falsas foi gerada com colunas correspondentes aos genitores, onde cada linha relativa aos indivíduos foi construída com valores 1, correspondentes aos genitores da coluna PM. A matriz resultante D foi, então, combinada aos dados originais. Em seguida, o procedimento Proc MIXED foi utilizado para a estimativa dos componentes de variância. O LOCAL foi indicado como efeito fixo na opção “MODEL Statement” e as variáveis “dummy” para os genitores e os outros efeitos aleatórios, inseridos na opção múltipla “RANDOM Statement”. A opção “TYPE=TOEP(1)” foi usada para forçar a mesma variância para as variáveis falsas de P1-Px, como recomendado por Gary Hodges (Comunicação Pessoal). A fórmula para predição de valores genéticos individuais se baseou em uma derivação da metodologia BLUP desenvolvida por XIANG (2001) e JOHNSON e KING (1998). Com os resultados obtidos pelo procedimento Proc MIXED, os valores genéticos foram calculados pelo procedimento Proc IML para cada árvore no teste.

Entre as várias vantagens da utilização do procedimento SAS Proc MIXED, a sua flexibilidade no emprego de alternativas de ajuste de modelos (LITTELL et al., 1996) foi fundamental na análise do modelo misto adotado. Essa flexibilidade está relacionada com a alteração do ponto inicial de iteração, número máximo de iterações, entre outras. Devido ao uso desses estimadores como pontos iniciais de iteração e seus rígidos critérios de convergência, o procedimento SAS Proc MIXED

gera estimativas precisas com qualquer nível de desbalanceamento (LITTELL et al., 1996).

Uma outra vantagem do programa SAS utilizando o procedimento Proc MIXED foi a disponibilização dos resultados obtidos para futuras manipulações e cálculos. Os efeitos fixos, por exemplo, puderam ser incluídos novamente nas estimativas de CGC e CEC para cálculo de ganhos genéticos. Uma vez estimado, o efeito do dialelo foi, também, utilizado para ajustar as estimativas da CGC e CEC.

O procedimento SAS utilizado está descrito passo a passo para análise de testes de progênie de cruzamentos dialélicos desconectados em presença de desbalanceamento e em vários locais. O programa foi desenvolvido para análise BLUP de dados de cruzamentos dialélicos com no máximo 99 indivíduos para uma variável em vários locais. A primeira parte do programa se refere ao acesso aos dados, cálculos gerais e organização dos dados:

3.6.6.1 Acesso aos Dados

Entre as várias formas de importação de arquivos para análise em SAS, optou-se pela conveniência do uso de arquivos em Microsoft Excel. A importação dos dados do Excel foi realizada com a seguinte rotina:

```
PROC IMPORT datafile='c:\localdoarquivo\nomedoarquivo.xls';
out=DADOS replace;
sheet='nomedaplanilha';
```

Após a importação, o programa implementou a leitura dos dados. Como o conjunto de dados SAS (SAS data set) DADOS já deve estar presente no subdiretório PERM, essa opção cria uma cópia do conjunto de dados no subdiretório temporário SAS WORK e nomeia essa cópia como DIALELO. Esse conjunto de dados deve conter as seguintes variáveis: local, rep, mae, pai, VOL (e/ou outras características).

```
LIBNAME PERM 'c:\localdosdadosSAS'; run;
data DIALELO; set perm.DADOS;
```

3.6.6.2 Cálculos e Organização dos Dados

As médias e as covariâncias para as características de analisadas, assim como as variáveis Macro para as covariâncias foram obtidas pela seguinte rotina:

```
PROC SORT data=DIALELO; by local rep;
PROC MEANS data=DIALELO; by local;
var VOL;
output out=perm.TESTMNS
mean= VOL;
PROC MEANS data=DIALELO;
var VOL;
output out=perm.GRANDMNS
mean= VOL;
PROC MEANS noprint data=DIALELO; by local rep;
var &VOL;
output out=REPMNS
mean=&VOL std= sd&VOL;
data CV; set REPMNS;
cv&VOL = 100*sd&VOL/&VOL;
PROC MEANS data=CV;
var cv&VOL;
run;
data CV; set CV;
call symput('cv1', cv&VOL);
PROC PRINT data=CV; run;
```

Após essa etapa, implementou-se a padronização das variáveis de crescimento a serem analisadas. Essa padronização ocorreu com base no desvio padrão determinado pela média dos desvios padrões dos dados fenotípicos para a característica. O valor para 'std=xx' é a média dos CVs obtidos pelo procedimento descrito anteriormente.

```
PROC STANDARD data=DIALELO mean=100 std=&cv1 out=DIALELO; by
local rep; var VOL;
```

Em seguida, o programa executou a combinação da lista dos genitores MAE e PAI em um único conjunto de dados GENITORES:

```
PROC SORT data=DIALELO; by mae;
data MAES; set DIALELO; by mae;
if first.mae; genitor=mae; keep genitor;
PROC SORT data=DIALELO; by pai;
data PAIS; set DIALELO; by pai;
if first.pai; genitor=pai; keep genitor;
data GENITORES; set MAES PAIS;
PROC SORT; by genitor;
data GENITORES; set GENITORES; by genitor; if first.genitor;
PROC FREQ data=GENITORES;
tables genitor / all;
output out=NUMGEN n;
data NUMGEN; set NUMGEN;
NUMGEN=' ';
NUMGEN2='P'||n;
NUMGEN=compress(NUMGEN2, ' ');
call symput('numgen',NUMGEN);
```

3.6.6.3 Matriz de Genitores com Variáveis Falsas (Dummy)

Essa parte do programa contemplou o início da análise dos dialelos propriamente dita. A programação desenvolvida nessa etapa criou uma matriz com variáveis falsas (*Dummy*). Essa matriz foi gerada para os genitores e combinada com os dados originais, antes das estimativas dos componentes de variância para os vários locais dos testes. Primeiramente, colunas foram criadas para os genitores formando uma matriz de 0 e 1 para cada indivíduo:

```
PROC IML;
use GENITORES; read all var {genitor} into P;
ngenitores=nrow(P);
close GENITORES;
codes99='P1': 'P99';
```

```

codes=codes99[1:ngenitores];
codesxlocal99=' local*P1:' local*P99';
codesxlocal=codesxlocal99[1:ngenitores];
codesx = codesxlocal[1];
do i=2 to ngenitores;
codesx = concat(codesx,codesxlocal[i]);
end;
print codesx;
print codes codesxlocal P;
use DIALELO;
read all var {mae pai} into FM;
n=nrow(FM);

```

Nessa rotina de programação, o n se refere ao número de observações e FM é a lista de combinação de genitores.

Em seguida, o conjunto de dados DUMM para os efeitos aleatórios da matriz IML D foram gerados e combinados com o conjunto de dados DIALELO:

```

create DUMM from D [colname=codes];
append from D [colname=codes];
create CODESX from CODESX;
append from CODESX;
quit;
data CODESX; set CODESX;
call symput('codesxlocal',col1);
data DIALELO;
merge DIALELO DUMM;
run;

```

3.6.6.4 Estimativas dos Componentes de Variância para os Vários Locais

Essa parte do programa desenvolvido em SAS contempla a definição do modelo e a obtenção dos componentes de variância para os genitores. Nesse modelo, somente o local e as repetições (rep) foram considerados como efeitos fixos. O P1-&nungem correspondeu aos 12 genitores nos dialelos e a opção

TYPE=TOEP(1) foi utilizada na estimativa dos componentes de variância para todos os genitores.

```
PROC MIXED data=DIALELO covtest noitprint; class mae pai rep local;
model &VOL=local rep(local) / outpm=pm&VOL;
random P1-&numgen/type=toep(1)solution;
random mae*pai;
```

Os componentes de variância para o efeito da CGC ou genitores (efeitos aditivos) por local foram obtidos por:

```
random &codesxlocal / type=toep(1);
random P1*local P2*local P3*local P4*local P5*local P6*local P7*local
P8*local P9*local P10*local P11*local P12*local/type=toep(1);
```

Nesse caso a opção type=toep(1) restringiu a mesma variância para as variáveis *Dummy*. Já os componentes de variância para o efeito CEC ou cruzamentos por local foram obtidos por:

```
random mae*pai*local;
ODS output covparms=parms&var;
ODS output solutionR=BLUP&VOL;
run;
```

A opção ODS apresentou as estimativas dos componentes de variância (COVPARMS) dos quatro efeitos aleatórios mencionados (RANDOM), como um conjunto de dados SAS para CGC e CEC.

Antes da obtenção dos parâmetros genéticos pelo programa em SAS, foi inserida uma série de rotinas que deve ser executada para a limpeza e organização dos dados e resultados até aqui obtidos. Essas rotinas foram utilizadas para a limpeza dos conjuntos de dados Parm para os vários locais e a combinação dos conjuntos de dados de parâmetros (Parameter Datasets) de todas variáveis. Uma lista para os Resíduos, CGC, CGCxLocal, CEC, e CECxLocal também foram geradas por essa rotina (programa SAS em Anexo).

3.6.6.5 Estimativa dos Parâmetros Genéticos

Essa parte do programa, desenvolvido em SAS, se referiu à obtenção dos parâmetros genéticos: variância fenotípica (v_{Fen}), herdabilidade no sentido restrito

(h²), efeito de dominância (d²) e valores para CGC e CEC. Além desses parâmetros genéticos normalmente obtidos, esse procedimento gerou, também, estimativas do coeficiente de variação genética (gcv) pela divisão do desvio padrão aditivo pela média. Este indica quanto ganho é obtido por desvio padrão dos valores genéticos aditivos. A correlação genética para erro tipo B referente a CGC (rbg), foi obtida para se avaliar a consistência dos efeitos CGC para os vários locais. A correlação genética para o erro tipo B referente a CEC (rbd), para avaliação da consistência dos efeitos CEC também para os vários locais. Dessa forma:

```

data parms; merge CGC GxA CEC ExA Residual; by Character;
vFen = 2*vCGC + 2*vGxA + vCEC + vExA + verr;
h2 = 4*vCGC/vFen;
d2 = 4*vCEC/vFen;
rbg = vCGC/(vCGC+vGxA);
rbd = vCEC/(vCEC+vExA);
gcv = sqrt(4*vCGC);
proc print;
var Character h2 rbg d2 rbd gcv;
run;
data cgc; set cgc&VOL;
proc print;
data cec; set cec&VOL;
proc print;
run;

```

3.6.6.6 Obtenção dos Valores Genéticos Individuais

Os valores genéticos individuais foram obtidos, primeiramente, com a combinação dos valores de CGC, GxA, CEC e CECxAmbiente com o conjunto completo de dados:

Para valores de CGC:

```

data gcamae&VOL; set gca&VOL;
mae=genitor; gcamae&VOL=gca;
keep mae gcamae&VOL;

```

```

data gcapai&VOL; set gca&VOL;
pai=genitor; gcapai&VOL=gca;
keep pai gcapai&VOL;
data bv&VOL; set DIALELO;
proc sort data=bv&VOL; by mae;
proc sort data=gcamae&VOL; by mae;
data bv&VOL; merge bv&VOL (in=a) gcamae&VOL; by mae; if a;
proc sort data=bv&VOL; by pai;
proc sort data=gcapai&VOL; by pai;
data bv&VOL; merge bv&VOL (in=a) gcapai&VOL; by pai; if a;
drop p1-p12;

```

Para valores de GxA:

```

data gxemae&VOL; set gxe&VOL;
mae=genitor; gxemae&VOL=gxe;
keep mae local gxemae&VOL;
data gxepai&VOL; set gxe&VOL;
pai=genitor; gxepai&VOL=gxe;
keep pai local gxepai&VOL;
proc sort data=bv&VOL; by mae local;
proc sort data=gxemae&VOL; by mae local;
data bv&VOL; merge bv&VOL (in=a) gxemae&VOL; by mae local; if a;
proc sort data=bv&VOL; by pai local;
proc sort data=gxepai&VOL; by pai local;
data bv&VOL; merge bv&VOL (in=a) gxepai&VOL; by pai local; if a;

```

Para valores de CEC:

```

data sca&VOL; set sca&VOL; sca&VOL=sca; drop sca;
proc sort data=bv&VOL; by mae pai;
proc sort data=sca&VOL; by mae pai;
data bv&VOL; merge bv&VOL (in=a) sca&VOL; by mae pai; if a;

```

Para valores de CECxAmbiente:

```

data sxe&VOL; set sxe&VOL; sxe&VOL=sxe; drop sxe;
proc sort data=bv&VOL; by mae pai local;
proc sort data=sxe&VOL; by mae pai local;

```

```
data bv&VOL; merge bv&VOL (in=a) sxe&VOL; by mae pai local; if a;
```

No caso dos efeitos do local e repetições, onde as rep foram estimadas para Xb no procedimento SAS Proc Mixed, tem-se:

```
data pm&VOL; set pm&VOL;
xb&VOL=pred;
keep local rep mae pai tree xb&VOL;
proc sort data=bv&VOL; by local rep mae pai tree;
proc sort data=pm&VOL; by local rep mae pai tree;
data bv&VOL; merge bv&VOL pm&VOL; by local rep mae pai tree;
ymxb&VOL=&VOL-xb&VOL;
```

Em seguida se calculou o h2w e suas variáveis macro:

```
data h2w; set parms;
h2w = 2*vCGC / verr;
if character("&VOL" then h2w&VOL=h2w;
keep h2w&VOL;
proc means noprint;
var h2w&VOL;
output out=h2w mean=h2w&VOL;
data h2w; set h2w; keep h2w&VOL;
data h2w; set h2w;
call symput('h2w1',h2w&VOL);
proc print data=h2w;
run;
```

Dessa forma, o cálculo dos valores genéticos individuais (individual tree breeding values) com a criação de um arquivo permanente no conjunto de dados SAS (SAS data sets), se procedeu com:

```
data bv&VOL; set bv&VOL;
gw&VOL=&h2w1*(ymxb&VOL - gcamae&VOL - gcapai&VOL - sca&VOL -
gxemae&VOL - gxepai&VOL - sxe&VOL);
bv&VOL = gcamae&VOL + gcapai&VOL + gw&VOL;
proc print;
var local rep mae pai tree gcamae&VOL gcapai&VOL gw&VOL bv&VOL;
run;
```

```

data perm.bv&VOL; set bv&VOL;
keep local rep mae pai tree ht dbh vol gcamae&VOL gcapai&VOL gw&VOL
bv&VOL;
data perm.gca&VOL; set gca&VOL;
data perm.sca&VOL; set sca&VOL;
run;
proc means data=bv&VOL;
run;

```

3.7 CORRELAÇÕES GENÉTICAS E REGRESSÃO DE LAMBETH

3.7.1 Correlação Genética entre Idades

O valor presente líquido de retorno, decorrente do programa de melhoramento genético, depende principalmente do total de ganho genético (GG), do tempo necessário para disponibilização do material genético e do custo (C) envolvido em todo o processo (NEWMAN et al., 1991). Portanto, estratégias que visem a maximização do diferencial de seleção e da acurácia de predição, ao mesmo tempo mantendo o tamanho efetivo populacional, contribuirão para o aumento de retorno econômico advindo de programas de melhoramento florestal.

Com o objetivo de se determinar níveis de precisão de seleções precoces para várias idades em *P. taeda* na região sul do Brasil, esse estudo incluiu avaliações de eficiência de seleção para genitores, cruzamentos e indivíduos. Parâmetros genéticos e suas tendências temporais, também foram empregados na avaliação da eficiência de seleções precoce. Trinta famílias de irmãos-completos avaliadas quanto às características de crescimento até a idade de rotação, em quatro locais, foram utilizadas para avaliação da eficiência da seleção e estimativa de parâmetros genéticos e suas tendências temporais. Parâmetros genéticos como, variâncias genéticas aditiva e de dominância, herdabilidades e correlações genéticas de idades foram estimadas para volume, DAP e altura até a idade de rotação de 17 anos.

A relação entre idades foi determinada através de correlações genéticas e descrições dos erros tipo I e II, referentes a falhas na seleção com o uso do

programa SAS. A correlação genética tipo B descrita por KING e BURDON (1991) foi a principal ferramenta utilizada nessas comparações. Contudo, para melhor avaliar o impacto das relações entre idades na seleção precoce, empregou-se, também, a metodologia em que o erro tipo I se refere às chances de se descartar um indivíduo ou genitor que seria superior na idade adulta por ter apresentado desempenho inferior em uma idade precoce. O oposto, em que se escolhe um indivíduo ou genitor de desempenho inferior na idade adulta, devido ao seu desempenho superior na idade precoce, se refere ao erro tipo II (LOWE e BUIJTENEN, 1986). Essas análises geram recomendações para a seleção de árvores e famílias superiores em testes genéticos em idades juvenis.

Para cada idade e característica de crescimento, foram estimadas também, herdabilidades (h^2) e proporções de dominância (d^2). Essas foram definidas como correlações genéticas aditivas do tipo B (r_{Bg}) e correlações genéticas de dominância do tipo B (r_{Bd}), que são expressas como:

$$r_{Bg} = \sigma_y^2 / (\sigma_y^2 + \sigma_a^2)$$

$$r_{Bd} = \sigma_y^2 / (\sigma_y^2 + \sigma_d^2)$$

3.7.2 Regressão de Lambeth e Eficiência Indireta de Seleção Precoce

O outro método empregado na determinação de correlações genéticas aditivas entre idades foi baseado no ajuste da razão de Lambeth (LAMBETH, 1980; LAMBETH et al., 1983). O autor determinou um modelo em que correlações entre características de crescimento, em diferentes idades, poderiam ser previstas com base no logaritmo das proporções de idades juvenis e adultas (LAR). Essa razão descreve as relações entre idades por uma equação linear do logaritmo natural da proporção da idade precoce em relação a idade de comparação:

$$r_g = a + b \ln(i_p/i_a) \text{ ou}$$

$$r_g = a + b (\text{LAR})$$

onde: a e b correspondem à inclinação e à interseção da regressão linear;

i_p se refere à idade precoce de seleção;

i_a se refere à idade adulta ou de rotação.

Como sugerido por LAMBETH e DILL (2001), as correlações genéticas entre idades foram utilizadas para a determinação dos coeficientes de equação linear.

Esses coeficientes foram empregados no modelo para a obtenção das correlações genéticas aditivas entre idades, ajustadas pela razão de Lambeth.

Utilizando-se esse modelo com as estimativas de herdabilidade, foi calculada a eficiência indireta de seleção (Q) para cada idade, com o objetivo de se determinar uma idade ótima para seleção precoce:

$$Q = h_{ap}^2 r_g / h_{aa}^2$$

Onde: h_{ap} é a herdabilidade da característica na idade precoce;

h_{aa} é a herdabilidade da característica na idade adulta ou de rotação;

r_g é a correlação genética LAR entre as duas idades.

3.7.3 Correlações Genéticas entre Características

As estimativas da correlação entre características foram derivadas da estimativa das variâncias de cada par e seus somatórios (VENCOVSKY, 1978; FALCONER, 1989). Dessa forma, o coeficiente de correlação genética aditiva entre os caracteres x e y (r_{Axy}) foi estimada com a equação:

$$r_{Axy} = \frac{COV_A(X, Y)}{(\sigma_{Ax}^2 \sigma_{Ay}^2)^{1/2}}$$

onde: σ_{Ax}^2 é a variância genética aditiva do caráter x;

σ_{Ay}^2 é a variância genética aditiva do caráter y;

$COV_A(X, Y)$ é a covariância genética aditiva entre os caracteres x e y.

O desvio padrão do coeficiente de correlação genética aditiva (FALCONER, 1989) é dado por:

$$S(r_{Axy}) = \frac{1 - (R_{Axy})^2}{\sqrt{2}} \left[\frac{S(\hat{h}_{fx}^2) + (\hat{h}_{fy}^2)}{\hat{h}_{fx}^2 \cdot \hat{h}_{fy}^2} \right]^{1/2}$$

onde: $S(r_{Axy})$ é o desvio padrão do coeficiente de correlação genética aditiva dos caracteres x e y;

r_{Axy} é o coeficiente de correlação genética aditiva entre x e y;

$s(\hat{h}_{fx}^2)$ é o desvio padrão do coeficiente de herdabilidade em famílias, referente ao caráter x;

$s(\hat{h}_{fy}^2)$ é o desvio padrão do coeficiente de herdabilidade em famílias, referente ao caráter y;

$\hat{h}_{\bar{x}}^2$ é o coeficiente de herdabilidade do caráter x médio das famílias;

$\hat{h}_{\bar{y}}^2$ é o coeficiente de herdabilidade do caráter y médio das famílias.

3.7.4 Correlações Genéticas para Efeito Genótipo-Ambiente

A interação genótipo-ambiente (GxA) e a expressão das características em diferentes locais impõem dificuldades na seleção genética, influenciando a sua precisão e representatividade. Como a avaliação em apenas um ambiente pode resultar em uma superestimativa de ganhos genéticos com a seleção em programas de melhoramento, normalmente empregam-se avaliações em múltiplos locais. Essas avaliações devem indicar de forma precisa, famílias ou genótipos que representem os vários ambientes testados.

Portanto, além da determinação de correlações genéticas entre locais, avaliou-se o comportamento das 16 principais características com base nos parâmetros genéticos obtidos para cada local. Com o emprego da análise de componentes principais utilizando-se os valores genéticos dessas características, foram também verificados padrões de agrupamento entre locais. A análise de componentes principais também permitiu a determinação das melhores famílias com performance estável em todos os locais.

A Correlação genética tipo B (r_{Bg}) para mensuração do efeito genótipo-ambiente (YAMADA, 1962; BURDON, 1977) utilizando o programa SAS foi dada por:

$$r_{Bg} = \sigma_g^2 / (\sigma_g^2 + \sigma_{gt}^2)$$

e a correlação genética entre as progênies por local foi estimada por:

$$r_{ii'} = \text{Cov}_{ij} / \sigma_{pi} + \sigma_{pi'}$$

Onde: Cov_{ij} é a covariância genética entre as médias das progênies nos locais i e i';

σ_{pi}^2 ; $\sigma_{pi'}^2$ são as variâncias genéticas das progênies nos locais i e i'.

3.8 ANÁLISE MULTIVARIADA COM COMPONENTES PRINCIPAIS

A análise de componentes principais sumariza um conjunto de dados multivariados, da forma mais precisa possível, utilizando dois ou três componentes ou coordenadas para disposição gráfica da inter-relação entre variáveis. Essa

análise foi realizada para avaliação de famílias e locais com o programa MINITAB (Minitab Inc.). A análise de componentes principais foi empregada na avaliação da estabilidade de performance de famílias nos testes genéticos. Nessa análise, utilizaram-se os valores genéticos de cada família em cada local para as 16 características selecionadas. Os ambientes testados foram, também, representados pela análise de componentes principais com uso dos valores genéticos de famílias.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 DETERMINAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS PARA AVALIAÇÃO DE ÁRVORES

4.1.1 Estimativa de Características de Crescimento

Os resultados obtidos com o emprego do DAP e altura do fuste em equações biométricas geraram estimativas para quantificação de volume com ou sem casca, peso seco sem casca e peso verde com casca.

Os valores de R^2 ajustado, maiores que 0,96, caracterizaram a alta precisão das equações lineares múltiplas na obtenção das estimativas das características de crescimento (Tabela 4.1). Além do R^2 ajustado, outro indicador da robustez das equações e estimativas geradas foi a distribuição uniforme dos valores residuais.

Quando se quantificam valores comerciais para seleção de árvores, a característica de crescimento a ser considerada deverá ser, de preferência, o peso verde com casca, normalmente utilizado na comercialização de toras de madeira. Portanto, na ausência de equações apropriadas (Tabela 4.1) para a estimativa do peso verde com casca, devem ser empregados fatores de conversão a partir do volume com casca. Para definir esses fatores, deve-se considerar a idade em que se faz seleção para minimizar os erros de conversão. A proporção do volume comercial com casca (VOLC) em relação ao peso verde comercial com casca (PVC) declinou com a idade (Figura 4.1). Aos 6 anos, o volume com casca representou uma proporção de quase 1,16 em relação ao peso verde com casca. Essa, no entanto, foi reduzida para menos de 1,08 aos 18 anos. Isso mostrou que existe uma diferença de cerca de 7% nas proporções obtidas entre 6 e 18 anos. Portanto, corre-se o risco de se superestimar o peso verde com casca em idades precoces, quando se adota fatores de conversão estimados em idade de rotação, normalmente disponibilizados na área de comercialização de madeira. Os valores de proporções entre PVCG e VOLC apresentados pela Figura 4.1, podem ser empregados com o objetivo de se quantificar valores comerciais para seleção de árvores.

TABELA 4.1 - ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS DE EQUAÇÕES INDIVIDUAIS DE VOLUME, PESO SECO E PESO VERDE E SUAS RESPECTIVAS PRECISÕES ESTATÍSTICAS. OS VALORES OBTIDOS PARA ESSES PARÂMETROS FORAM UTILIZADOS NAS EQUAÇÕES 1 E 2, DESCRITAS EM MATERIAIS E MÉTODOS *.

Parâmetros para as Equações	Volume Sem Casca (m ³)	Volume Com Casca (m ³)	Peso Verde Com Casca (kg)	Peso Seco Sem Casca (kg)
β_0	0,000026	0,00004	0,028	0,005
β_1	2,03	2,03	2,045	2,12
β_2	1,007	0,92	0,997	1,20
β_3	0,00003	0,00003	0,018	-0,003
β_4	2,95	3,34	2,94	0,004
β_5	---	---	0,78	3,09
β_6	---	---	---	0,77
R ² Ajustado	0,9713	0,976	0,9717	0,9621
Quadrado Médio do Resíduo (QMR)	7,98E-05	9,06E-05	0,0954	0,0173
Raiz Quadrada de QMR	0,000282	0,000301	0,3089	0,1317

* Os valores obtidos para esses parâmetros foram utilizados nas equações 1 e 2, descritas em materiais e métodos.

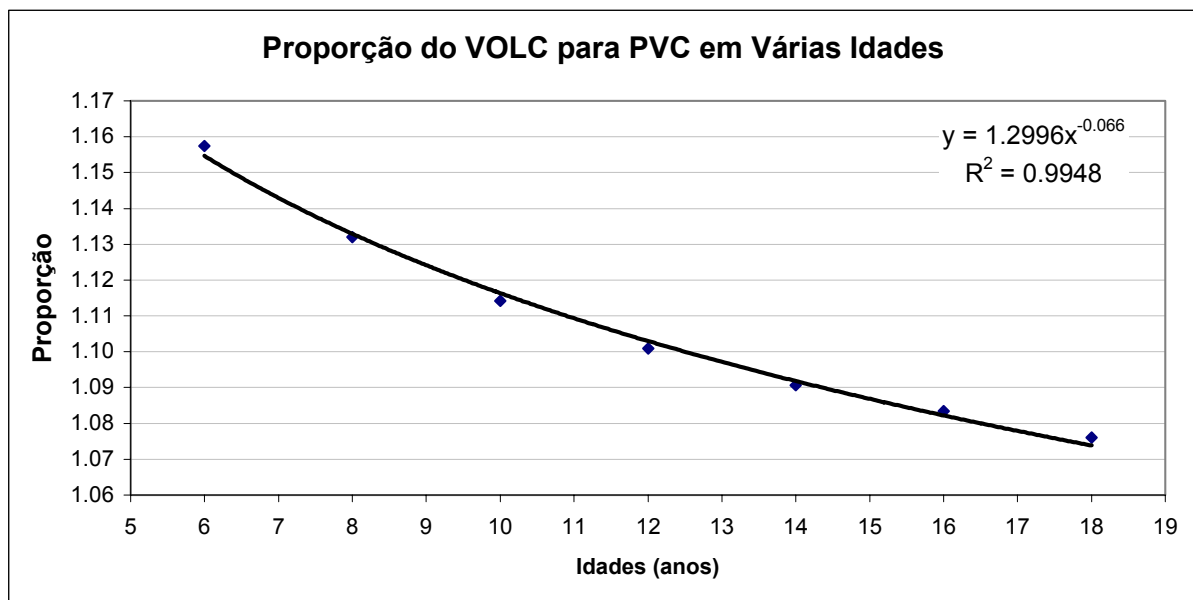
4.1.2 Estimativa da Densidade Básica da Árvore com Amostras de Bagueta

Os resultados mostraram que a metodologia desenvolvida, utilizando-se amostras não destrutivas e modelos biométricos (Material e Métodos, item 3.3.2.), facilitará a implementação de estratégias que foquem características de qualidade da madeira em programas de melhoramento florestal. Através desse estudo, possibilitou-se a minimização das limitações na estimativa precisa da densidade básica da árvore a partir de amostras de baguetas coletadas com trados de incremento.

As determinações da densidade básica nas amostras em bagueta foram menores que as determinadas nas seções transversais à altura do peito. Isso porque, proporcionalmente, a bagueta representa mais madeira juvenil do que a quantidade realmente existente na árvore ou seção amostrada (0,429 g.cm⁻³).

Contudo, através da ponderação das densidades básicas de quatro segmentos (anéis de 0-4, 4-8, 8-12, 12-16) pela área da seção transversal até os mesmos, foi possível obter valores aproximados (média de $0,426 \text{ g.cm}^{-3}$) de densidade básica da seção transversal à altura do peito (Tabela 4.2). Esses resultados indicaram que, através da subdivisão da bagueta em quatro segmentos e da aplicação de ponderações apropriadas, é possível determinar a densidade básica da madeira à altura do peito.

FIGURA 4.1 - PROPORÇÃO DO VOLUME COMERCIAL COM CASCA (VOLC) PARA PÊSO VERDE COM CASCA (PVC) AO LONGO DAS IDADES E SEUS FATORES DE CONVERSÃO.



Idade (anos)	VOLC (m ³ /ha)	PVC (Ton/ha)	Proporção
6	168.3	145.4	1.1575
8	290.8	256.9	1.1320
10	410.9	368.8	1.1142
12	520.4	472.7	1.1009
14	617	565.7	1.0907
16	701	647	1.0835
18	773.5	718.8	1.0761

Uma vez determinada a densidade básica da madeira à altura do peito, foi possível estimar a densidade média da árvore através da seguinte equação gerada com os dados da cubagem rigorosa:

$$\text{DENSA} = 0,772813 \cdot \text{DBS} + 0,071124$$

com R^2 ajustado de 0,8949 e coeficiente de variação de 3,06683.

TABELA 4.2 - COMPARAÇÃO ENTRE OS EFEITOS DA PONDERAÇÃO NA DETERMINAÇÃO DA DENSIDADE BÁSICA DA MADEIRA À ALTURA DO PEITO. PONDERAÇÃO COM BASE NA AVALIAÇÃO DE SEGMENTOS A CADA ANEL DE CRESCIMENTO OU GRUPOS DE ANÉIS.

	Anéis	1	2	3	4	5	6	7	8
Cada segmento da bagueta	Comprimento (cm)	2,50	1,52	1,29	1,07	0,88	0,71	0,56	0,43
	Densidade básica (g.cm ⁻³)	0,35	0,37	0,38	0,40	0,41	0,42	0,44	0,46
Segmento até o Anel	Comprimento (cm)	2,50	4,02	5,31	6,38	7,26	7,97	8,53	8,96
	Densidade básica ponderada pelo comprimento (g.cm ⁻³)	0,353	0,359	0,364	0,370	0,374	0,379	0,383	0,386
		0,370				0,388			
Seção cilíndrica até o Anel	Área (cm ²)	19,6	50,8	88,5	127,8	165,5	199,3	228,3	252,2
	Densidade básica ponderada pela área (g.cm ⁻³)	0,353	0,363	0,371	0,378	0,385	0,392	0,398	0,404
		0,370				0,401			
	Anéis	9	10	11	12	13	14	15	16
Cada segmento da bagueta	Comprimento (cm)	0,33	0,25	0,19	0,15	0,14	0,13	0,12	0,11
	Densidade básica (g.cm ⁻³)	0,48	0,50	0,52	0,52	0,52	0,52	0,53	0,53
Segmento até o Anel	Comprimento (cm)	9,29	9,54	9,73	9,88	10,02	10,15	10,26	10,37
	Densidade básica ponderada pelo comprimento (g.cm ⁻³)	0,390	0,392	0,395	0,397	0,398	0,400	0,400	0,401
		0,398				0,404			
Seção cilíndrica até o Anel	Área (cm ²)	271,2	285,9	297,4	306,8	315,5	323,5	330,8	337,8
	Densidade básica ponderada pela área (g.cm ⁻³)	0,409	0,413	0,417	0,420	0,423	0,425	0,426	0,426
		0,419				0,429			

4.1.3 Estimativa do Volume de Casca de Árvores

Os resultados obtidos nesse estudo estão relacionados com as variações do volume de casca nos custos da madeira útil para processamento. Como as toras de *P. taeda* são comercializadas com casca, a quantidade desta influencia no valor real da madeira útil para desdobro ou produção de celulose e papel.

As variáveis independentes VOLCG, CAR e CVOLD foram selecionados pelo procedimento Stepwise como a melhor combinação para obtenção da equação de regressão linear múltipla para volume de casca (CVOL). A equação obtida para a estimativa do volume de casca (m³) foi:

$$CVOLE = 0,00130 + 0,153 CVOLD + 0,249 CAR + 0,0621 VOLCG \quad (\text{Tabela 4.3})$$

onde a proporção da variação de resposta explicada pelas variáveis independentes (R² ajustado) foi de 96,7% com mais de 99,99% de probabilidade. Esse resultado mostrou que a equação pode ser empregada para uma estimativa precisa do volume

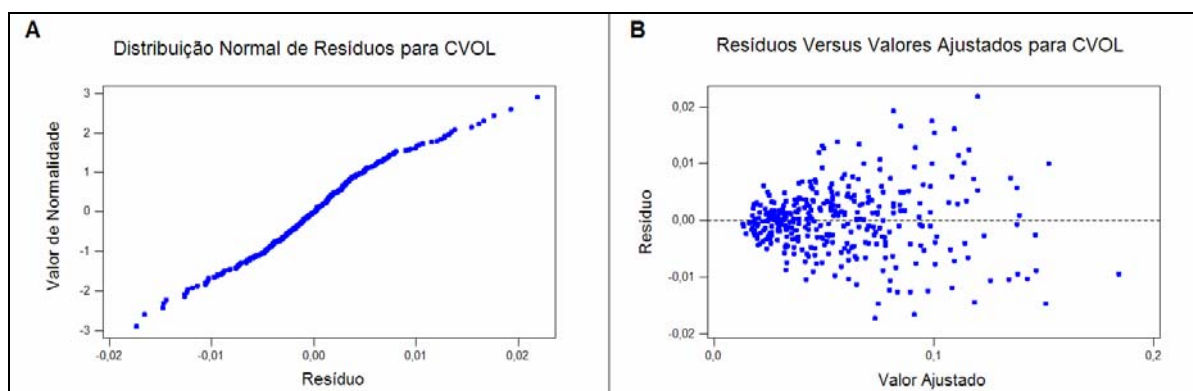
de casca em *P. taeda*, para seleção genética de indivíduos com menores teores de casca.

TABELA 4.3 - ANÁLISE DE REGRESSÃO LINEAR MÚLTIPLA PARA ESTIMATIVA DE VOLUME DE CASCA DA ÁRVORE (CVOLE).

Variáveis	Coefficiente	Coef. do Erro Padrão	T	Valor p
Variável Dependente	0,0012993	0,0008835	1,47	0,1420
CVOLD	0,1526100	0,0345800	4,41	<0,0001
CAR	0,2492800	0,0257500	9,68	<0,0001
VOLCG	0,0620580	0,0049440	12,55	<0,0001

A distribuição normal de probabilidades dos resíduos (Figura 4.2a) apresentou uma disposição em uma linha aproximadamente reta, confirmando a normalidade dos dados utilizados na regressão. Os resíduos em relação aos dados de ajuste (Figura 4.2b) apresentaram-se aleatoriamente distribuídos em torno do zero e mais dispersos com aumento do valor ajustado. Esse gráfico foi utilizado para se verificar a ocorrência de dados não usuais, como relações não lineares, variâncias não constantes e dados discrepantes ou *outliers*.

FIGURA 4.2 - DISTRIBUIÇÃO NORMAL DE PROBABILIDADES DOS RESÍDUOS (A) E COMPARATIVO COM VALORES AJUSTADOS OU FITTED VALUES (B) PARA VOLUME DE CASCA (CVOLE).



4.1.4 Estimativa de Valores Comerciais de Árvores

Os resultados apresentados mostram as correlações entre as características comerciais, com as várias características mensuradas e estimadas descritas em Material e Métodos.

As correlações entre as características de valor comercial com as variáveis mensuradas (Tabela 4.4) possibilitaram a definição de metodologias para a estimativa de valores comerciais na seleção de árvores. As características de valor comercial indicaram a ordem de importância econômica dos fatores que controlam o custo de produção de papel e rendimento de produtos sólidos.

TABELA 4.4 - COEFICIENTE DE CORRELAÇÃO DAS VARIÁVEIS INDEPENDENTES COM AS CARACTERÍSTICAS QUANTIFICADAS PELA CUBAGEM RIGOROSA DE 358 ÁRVORES DE *PINUS TAEDA*.

	VOLC	VOLS	PVC	PSS	CVOL
ALT	0.632	0.637	0.639	0.644	0.529
DAP	0.857	0.838	0.838	0.789	0.878
DAPS	0.862	0.851	0.848	0.797	0.844
DENSA	0.156	0.151	0.159	0.242	0.166
DENSS	0.183	0.180	0.189	0.267	0.179
AAP	0.900	0.883	0.881	0.835	0.901
AAPS	0.905	0.896	0.892	0.844	0.861
VCC	0.987	0.982	0.980	0.957	0.904
VOLCG	0.992	0.980	0.978	0.953	0.910
VCS	0.986	0.986	0.983	0.957	0.871
VOLSG	0.987	0.981	0.980	0.956	0.905
VOLSD	0.985	0.990	0.982	0.953	0.876
CES	0.372	0.335	0.340	0.335	0.589
CAR	0.708	0.672	0.675	0.651	0.862
CVOLG	0.961	0.948	0.947	0.910	0.926
CVOLD	0.864	0.840	0.842	0.832	0.916
CVOLE	0.904	0.881	0.882	0.860	0.983
PSC	0.973	0.975	0.977	0.986	0.847
PSSG	0.987	0.983	0.982	0.961	0.893
PSSAA	0.971	0.967	0.969	0.983	0.886
PSSAS	0.970	0.967	0.970	0.981	0.876
PSSDA	0.976	0.976	0.977	0.981	0.863
PSSDS	0.975	0.976	0.978	0.991	0.854
PVCG	0.987	0.981	0.980	0.956	0.905
PVCT	0.989	0.987	0.996	0.978	0.895
PVCTG	0.986	0.980	0.979	0.956	0.907

A Tabela 4.4 descreve em negrito os valores de R^2 ajustado para as variáveis independentes, cuja proporção da variância melhor explica as características de valor comerciais desejadas. As características escolhidas para as análises genéticas subseqüentes foram selecionadas com base no R^2 ajustado e na sua praticidade de mensuração ou estimação.

A variável que melhor estimou o volume comercial com casca foi o volume comercial estimado com casca generalizado (VOLCG) com R^2 ajustado de 99,2% (Tabela 4.4). Para o volume comercial sem casca, a variável escolhida foi o volume comercial estimado sem casca descontado (VOLSD), com R^2 ajustado de 99,0%. Essa variável foi obtida ao se descontar a espessura da casca à altura do peito. O peso verde com casca foi melhor estimado pelo peso verde comercial com casca em função da idade (PVCT), com R^2 ajustado de 99,6%. Para o peso seco sem casca, a melhor correlação foi com o peso seco comercial sem casca descontado (PSSD). Isso foi calculado com o DAPS e com a densidade da seção à altura do peito (DENSS). O R^2 ajustado para o PSSD foi 98,9%. O volume de casca da árvore pode ser precisamente estimado pela equação linear múltipla CVOLE, com R^2 ajustado de 97,3%.

Embora o coeficiente de determinação tenha sido o principal critério empregado para a avaliação do ajuste das equações, a análise gráfica da distribuição dos resíduos foi, também, utilizada para avaliar as precisões das equações para as variáveis selecionadas. Assim, foram selecionadas as variáveis que apresentaram uma distribuição mais homogênea dos resíduos. Todas as distribuições normais de probabilidades dos resíduos ficaram dispostas em uma linha aproximadamente reta (Figura 4.3), confirmando a presença de normalidade dos dados utilizados na correlação. Os resíduos em relação aos dados de ajuste apresentaram-se aleatoriamente distribuídos em torno do zero, com uma tendência de maior dispersão com o aumento do valor ajustado. Esses gráficos foram utilizados para verificação da ocorrência de dados não usuais, como relações não lineares, variâncias não constantes e dados discrepantes.

FIGURA 4.3 - DISTRIBUIÇÃO NORMAL DE PROBABILIDADES DOS RESÍDUOS E COMPARATIVO COM VALORES AJUSTADOS (FITTED VALUES) PARA AS VARIÁVEIS SELECIONADAS COMO MELHORES ESTIMADORAS DE CARACTERÍSTICAS COMERCIAIS:

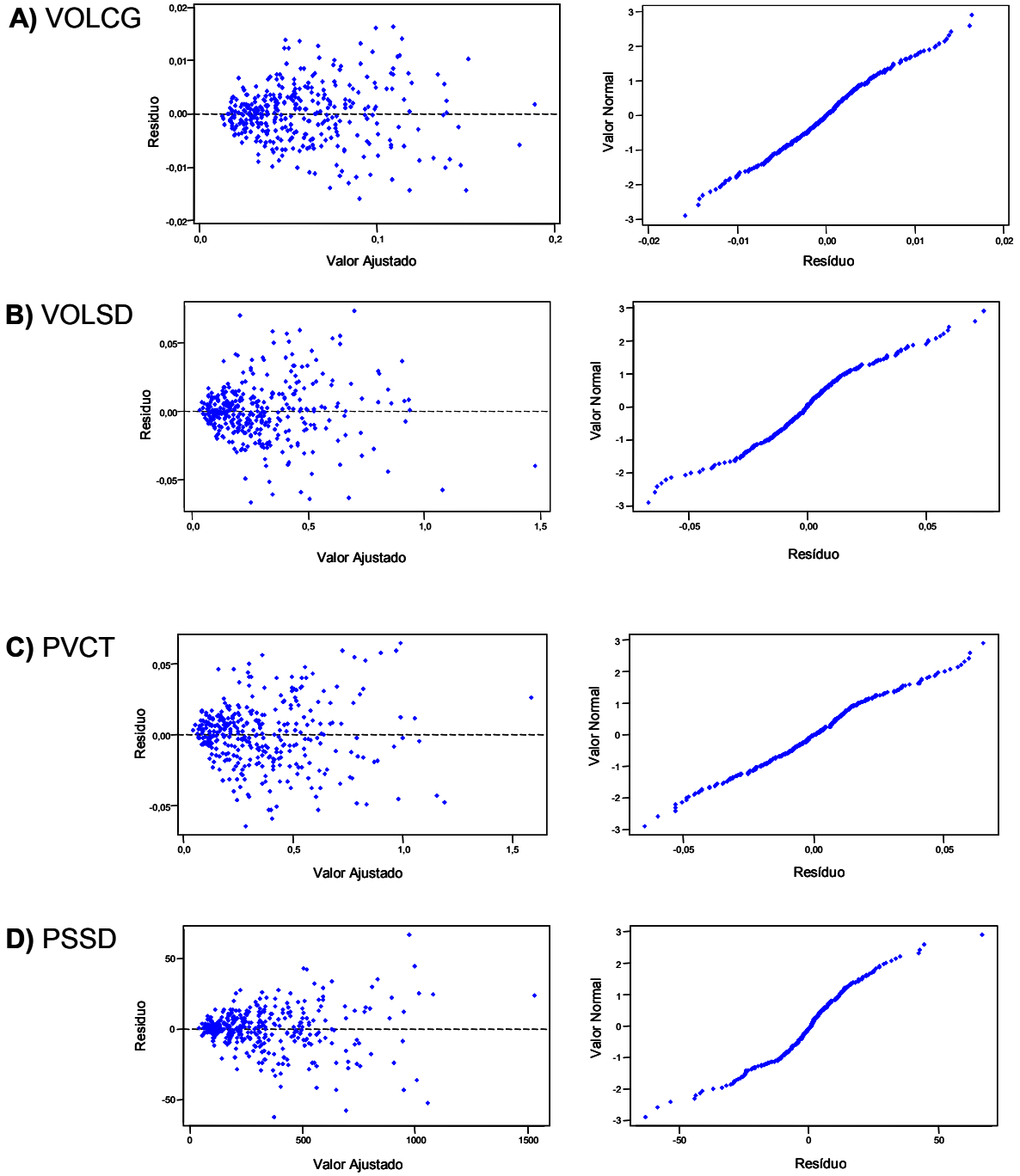
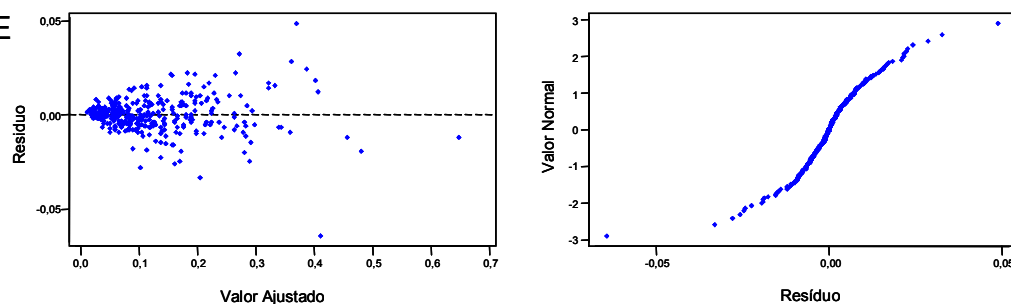


FIGURA 4.3 - CONTINUAÇÃO

E) CVOLE



4.2 AVALIAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS PARA SELEÇÃO GENÉTICA

Quarenta e três características foram selecionadas com base nos resultados das análises de correlações das mensurações realizadas nos testes de progênie de cruzamentos dialélicos com idade de 17 anos. Além de quantificarem valores econômicos, essas características apresentam alta eficiência no processo seletivo e praticidade de mensuração em programas de melhoramento.

4.2.1 Seleção de Variáveis para Seleção Genética

As variáveis compostas empregadas nesse estudo foram geradas com o objetivo de se obter uma melhor estimativa de características reais e expressão de valores econômicos. Até então, a seleção de várias variáveis, simultaneamente, era realizada com a eliminação independente sugerida por ZOBEL e TALBERT (1984) ou Índices de Seleção (BAKER, 1986; ADAMS e JOYCE, 1990; ADAMS e MORGENSTERN, 1991). Na eliminação independente, limites mínimos são delimitados para cada característica, onde indivíduos e famílias são descartados independente das outras características. O Índice de Seleção é uma função linear de valores fenotípicos para diferentes características onde cada uma recebe um peso como coeficiente. Nesse estudo, as variáveis compostas para os valores econômicos contemplaram uma modelagem biométrica de cada árvore e a quantificação e qualidade de seus produtos. Dessa forma, englobaram várias características simultaneamente, mas com suas contribuições econômicas reais.

Como a herdabilidade tem influência direta no potencial de ganho a ser alcançado para uma determinada característica, esse foi um dos principais

parâmetros genéticos observados na comparação dos resultados obtidos (Tabela 4.5). As variáveis com herdabilidades no sentido restrito (h_a^2) maiores que 0,35 foram, preferencialmente recomendadas para uso na seleção genética. A maioria das características apresentou herdabilidades no sentido restrito (h_a^2) maiores que 0,20, com exceção da maioria das de natureza binárias (COQ, BIF e RET) e das características da casca: CES, CAR, CPE e, CPA. Todas as variáveis envolvendo as características de crescimento e os valores econômicos apresentaram herdabilidades no sentido restrito maiores que 0,40.

Na maioria das variáveis estudadas, os parâmetros genéticos estimados indicaram a viabilidade de uma utilização eficiente na seleção de árvores (Tabela 4.5). A exceção foi a copa quebrada (COQ), que não apresentou indicação de herança genética. Portanto, essa variável não deve ser incorporada como critério de seleção genética mas, somente como auxiliar na seleção de árvores sadias em campo.

Para representar as características de crescimento, densidade básica, conteúdo de casca e valor econômico da árvore, 16 das 43 variáveis estudadas foram escolhidas pela praticidade de mensuração, precisão de estimativa genética, valores desejáveis de parâmetros genéticos e peso econômico. As variáveis de crescimento mensuradas em campo, selecionadas para os estudos subsequentes foram: ALT, DAP e DAPS. Entre as variáveis estimadas por conversões simples ou equações, foram selecionadas VCC e VOLCG para volume com casca; VCS e VOLSE para volume sem casca; PSC e PSSE para peso seco. A densidade básica da madeira foi representada pela variável DENSA e o volume de casca da árvore pela variável CVOLE. Para a determinação dos valores comerciais das árvores, foram selecionadas as variáveis VF, VFD, VFC e VFDC. Os principais critérios para a escolha dessas variáveis como base para seleção de progênies e genitores foram as herdabilidades individuais no sentido restrito (h_a^2) maiores que 0,40 e acurácias maiores que 0,65. As herdabilidades estimadas nesses experimentos foram maiores que os relatados nos Estados Unidos (FOSTER, 1986, BALOCCHI et al., 1993) para diâmetro e altura. Isso está associado ao controle local e ao rápido crescimento da espécie nas condições edafo-climáticas das regiões testadas no Brasil.

TABELA 4.5 - PARÂMETROS GENÉTICOS MÉDIO PARA TODOS OS LOCAIS DAS CARACTERÍSTICAS LEVANTADAS EM TESTES DE PROGÊNIE DE *PINUS TAEDA* AOS 17 ANOS DE IDADE.

Caráter	Média	Coefficiente de Variação Genética (%)	σ^2_A Variância Genética aditiva	h_a^2 Herdabilidade Individual no Sentido Restrito	h_g^2 Herdabilidade no Sentido Amplo	Acurácia para Seleção de Indivíduos
RET	0,5108	0,4168	0,0178	0,07	0,54	0,51
BIF	0,2052	0,8201	0,0290	0,18	0,75	0,60
COQ	0,0116	---	0,0000	0,00	0,00	0,00
FOX	0,0618	0,4997	0,0161	0,28	0,85	0,64
ALT	24,70 m	0,0340	1,9870	0,52	0,89	0,66
DAP	24,40 cm	0,0727	10,0235	0,56	0,90	0,66
DAPS	22,80 cm	0,0736	9,5015	0,56	0,91	0,66
AAP	0,4848 cm ²	0,1443	0,0147	0,46	0,90	0,66
AAPS	0,4239 cm ²	0,1459	0,0121	0,45	0,90	0,66
DSB04	0,3698 g.cm ⁻³	0,0322	0,0004	0,48	0,89	0,66
DSB08	0,4430 g.cm ⁻³	0,0491	0,0009	0,39	0,84	0,64
DSB12	0,5283 g.cm ⁻³	0,0549	0,0012	0,27	0,81	0,63
DSB16	0,5600 g.cm ⁻³	0,0499	0,0010	0,23	0,79	0,62
DAB08	0,3889 g.cm ⁻³	0,0311	0,0004	0,51	0,89	0,66
DAB12	0,4023 g.cm ⁻³	0,0295	0,0004	0,49	0,89	0,66
DENSB	0,4104 g.cm ⁻³	0,0296	0,0004	0,55	0,89	0,66
DAS08	0,3825 g.cm ⁻³	0,0309	0,0004	0,52	0,89	0,66
DAS12	0,3916 g.cm ⁻³	0,0299	0,0004	0,47	0,89	0,66
DENSS	0,4363 g.cm ⁻³	0,0296	0,0005	0,55	0,89	0,66
DENSA	0,4083 g.cm⁻³	0,0244	0,0003	0,55	0,89	0,66
CES	1,6199 cm	0,1367	0,0357	0,17	0,69	0,58
CAR	0,0609 cm ²	0,1831	0,0357	0,17	0,69	0,58
CPE	0,0676	0,1215	0,0001	0,18	0,76	0,6
CPA	0,1303	0,1170	0,0002	0,19	0,76	0,61
CPV	0,1337	0,0527	0,0001	0,29	0,85	0,64
CVOLD	0,1288 m ³	0,1605	0,0010	0,50	0,87	0,65
CVOLE	0,0671 m³	0,1594	0,0003	0,50	0,88	0,65
VCC	12,23 m³	0,1616	12,4638	0,52	0,91	0,66
VOLCG	0,5191 m³	0,1652	0,0233	0,52	0,9	0,66
VCS	10,70 m³	0,1632	10,2252	0,52	0,91	0,66
VOLSG	0,4491 m ³	0,1683	0,0182	0,53	0,91	0,66
VOLSD	0,3903 m ³	0,1710	0,0149	0,53	0,91	0,66
VOLSE	0,452 m³	0,1672	0,0185	0,52	0,91	0,66
PSC	4,6981 m³	0,1703	1,8348	0,45	0,90	0,66
PSSG	0,1918 m ³	0,1763	0,0036	0,46	0,91	0,66
PSSA	0,1842 m ³	0,1735	0,0029	0,42	0,89	0,66
PSSE	0,1601 m³	0,1763	0,0024	0,42	0,90	0,66
PVCG	0,5011 m ³	0,1693	0,0228	0,53	0,90	0,66
PVCT	0,4797 m³	0,1652	0,0199	0,52	0,90	0,66
VF	25,5626 t	0,2328	98,8452	0,47	0,89	0,66
VFD	25,6337 t	0,2352	96,1650	0,46	0,89	0,66
VFC	26,8180 t	0,2748	132,7876	0,44	0,88	0,65
VFDC	26,8892 t	0,2768	129,7678	0,43	0,88	0,65

4.2.2 Correlações Genéticas entre as Variáveis Compostas Seleccionadas

A existência de correlações genéticas entre caracteres é fundamental na escolha de estratégias de seleção, quando são envolvidos vários caracteres simultaneamente. No caso de fortes correlações negativas entre caracteres, o programa de melhoramento pode ser mais demorado ou ter que comprometer o potencial de ganho em um dos caracteres em foco. Nesse caso, o valor econômico dos caracteres em questão é o principal critério de peso. Contudo, antes de avaliar o impacto econômico de cada caracter, é importante verificar como eles se correlacionam geneticamente.

A análise das correlações genéticas entre as principais variáveis compostas seleccionadas possibilitou avaliar o nível de inter-relação entre elas. As correlações, ALT, DAP, DAPS, DENSA, CVOLE, VCC, VOLCG, VCS, VOLSE, PSC, PSSE, PVCT, VF, VFD, VFC e VFDC descrevem mais de 95% das variações entre as variáveis com probabilidade maior que 99,99% (Tabela 4.6). As correlações genéticas entre as variáveis de crescimento (VOLCG, VOLSE, PSSE e PVCT) foram maiores que 95%. As correlações dos valores comerciais da árvore (VF e VFDC) indicaram que as características de crescimento têm maior impacto econômico que a densidade básica da madeira.

As correlações genéticas entre a densidade média da árvore (DENSA) e as características de crescimento foram próximas a zero. Esse fato reitera a posição de ZOBEL e TALBERT (1984) de que correlações genéticas entre as características de crescimento e a densidade básica da madeira podem ser fracas, positivas ou negativas, dependendo da população em foco. Portanto, seleções focando o incremento de características de crescimento não necessariamente implicam redução da densidade básica média da árvore. Existe uma ampla variação na densidade básica média da árvore ao longo de todas as classes de crescimento encontradas, incluindo árvores com crescimento maior que a média (Figura 4.8).

TABELA 4.6 - COEFICIENTES DE CORRELAÇÃO GENÉTICA (R_g) ENTRE AS PRINCIPAIS VARIÁVEIS COMPOSTAS EM *PINUS TAEDA*. OS VALORES EM NEGRITO INDICAM GRAUS DE ASSOCIAÇÃO MAIORES QUE 95% DAS VARIAÇÕES GENÉTICAS ENTRE VARIÁVEIS.

	DENSA	CVOLE	VOLCG	VOLSE	PSSE	PVCT	VF
CVOLE	0,019						
VOLCG	0,018	0,844					
VOLSE	0,018	0,849	0,999				
PSSE	0,066	0,836	0,980	0,981			
PVCT	0,018	0,875	1,000	0,999	0,980		
VF	0,013	0,853	0,980	0,979	0,958	0,980	
VFDC	0,020	0,850	0,948	0,945	0,934	0,948	0,984

O volume de casca da árvore, expresso em CVOLE, aumentou com o volume da árvore. Contudo, a sua correlação com as características de crescimento foi moderada (0,85). Portanto, assim como a densidade básica da madeira, a seleção para o menor volume de casca da árvore deve ser com base em níveis independentes ou com índices de seleção. Contudo, como o interesse comercial está no menor volume de casca na árvore e o CVOLE tende a aumentar com o crescimento volumétrico, essa característica deve ser preferencialmente avaliada em variáveis compostas no contexto do valor comercial da árvore (VFC E VFDC). Isto porque o impacto econômico da redução do volume de casca pode não ser tão expressivo quanto o aumento de crescimento volumétrico da árvore.

Correlações genéticas foram estimadas, também, entre as principais variáveis compostas e as demais variáveis selecionadas, para avaliar o nível de suas inter-relações (Tabela 4.7). As características binárias (RET, BIF, COQ e FOX) apresentaram correlações genéticas baixas ou nulas (menor que 0,02) em relação à densidade básica (DENSA), ao conteúdo de casca (CVOLE), ao valor econômico (VF e VFDC) e às variáveis de crescimento (VOLCG, VOLSE, PSSE e PVCT). Contudo, as correlações genéticas entre as variáveis compostas de crescimento e o valor econômico apresentaram valores 0,95 para DAP e DAPS e menores que 0,60 para ALT. Assim, o DAP e o DAPS são variáveis primárias (mensuradas em campo) que podem ser utilizadas para inferência sobre as características compostas de crescimento e valor comercial da árvore utilizadas nesse estudo. Resultados

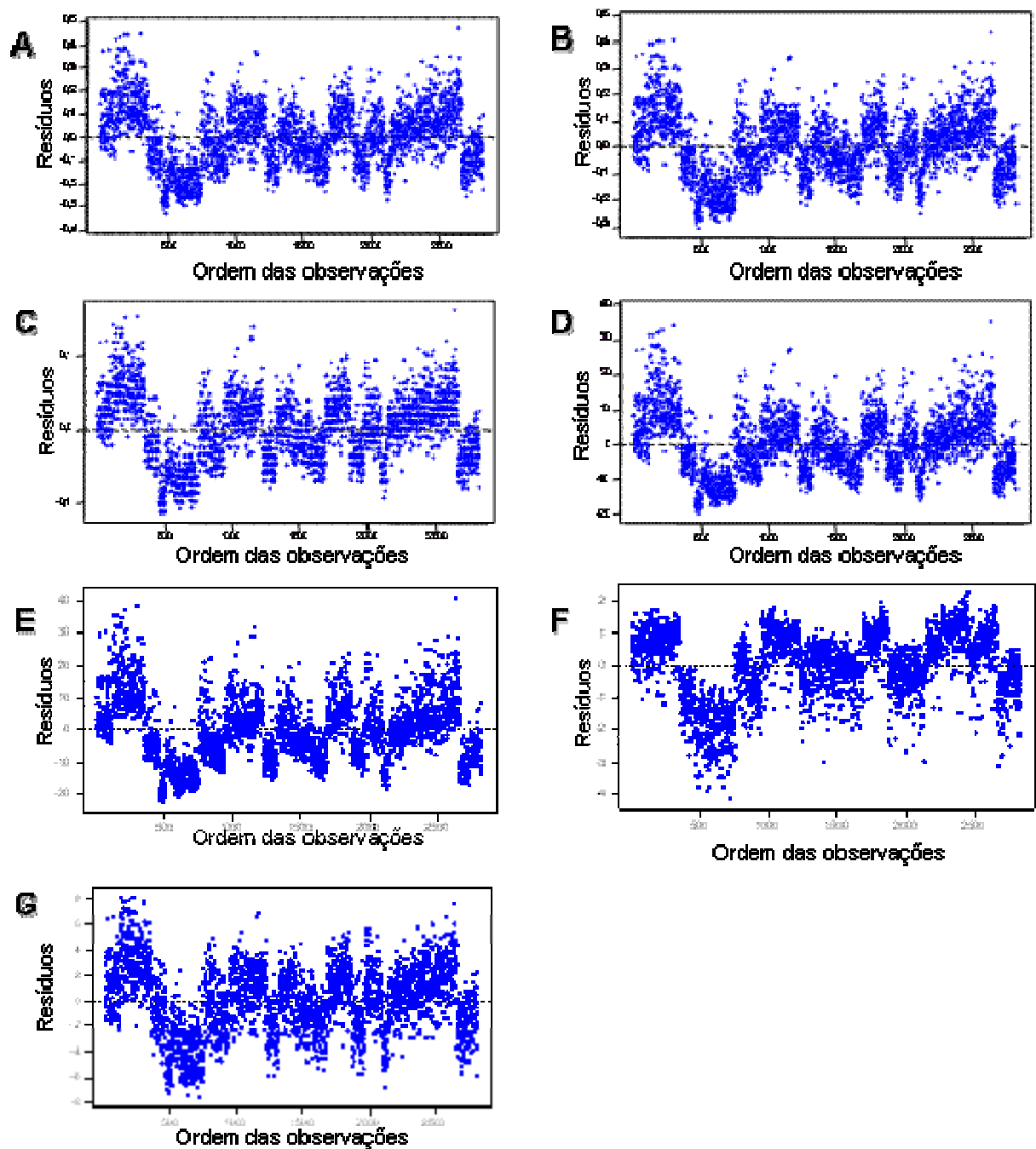
similares foram observados para variáveis derivadas de fórmulas simples para volume e peso (VCC, VSC e PSC). Todas as correlações genéticas entre essas variáveis e as compostas apresentaram valores maiores que 0,95 (Tabela 4.7). Contudo, apesar das correlações genéticas, a precisão da seleção genética para crescimento e valores comerciais, com o uso dessas variáveis, poderá ser determinada, somente mediante comparação com os resultados da seleção de indivíduos, famílias e cruzamentos.

TABELA 4.7 - COEFICIENTES DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS (R_g) ENTRE AS PRINCIPAIS VARIÁVEIS SELECIONADAS PARA AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES DE *PINUS TAEDA*. OS VALORES EM NEGRITO INDICAM O GRAU DE CORRELAÇÕES SUPERIORES A 95% DAS VARIAÇÕES GENÉTICAS ENTRE VARIÁVEIS.

	DENSA	CVOLE	VOLCG	VOLSE	PSSE	PVCT	VF	VFDC
VCC	0,019	0,875	1,000	0,999	0,980	1,000	0,979	0,947
VCS	0,017	0,807	0,991	0,997	0,978	0,991	0,972	0,934
PSC	0,079	0,789	0,965	0,970	0,996	0,965	0,942	0,918
ALT	0,063	0,469	0,549	0,550	0,559	0,549	0,459	0,425
DAP	0,017	0,866	0,972	0,969	0,950	0,972	0,926	0,882
DAPS	0,016	0,792	0,963	0,968	0,948	0,963	0,918	0,867
RET	0,001	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
BIF	0,000	0,002	0,007	0,007	0,008	0,007	0,007	0,007
COQ	0,004	0,000	0,000	0,000	0,001	0,000	0,000	0,000
FOX	0,004	0,008	0,014	0,015	0,016	0,014	0,011	0,010

A variável DENSA não está correlacionada, geneticamente com nenhuma das variáveis de crescimento, nem com as variáveis comerciais avaliadas (Tabela 4.7). A dispersão dos resíduos não foi uniforme em torno da linha de valores zero ao longo das observações (Figura 4.4), confirmando a falta de correlação entre essas variáveis e a DENSA.

FIGURA 4.4 - PLOTAGEM DOS RESÍDUOS DE RESPOSTA DA DENSIDADE BÁSICA DA ÁRVORE (DENSE) PARA: A) ALTURA (ALT); B) DIÂMETRO A ALTURA DO PEITO (DAP); C) VOLUME COMERCIAL ESTIMADO COM CASCA GENERALIZADO (VOLCG); D) PESO VERDE COMERCIAL COM CASCA EM FUNÇÃO DA IDADE (PVCT); E) PESO SECO COMERCIAL SEM CASCA ESTIMADO (PSSE); F) VALOR FINANCEIRO DA ÁRVORE; G) VALOR FINANCEIRO DA ÁRVORE COM PRÊMIOS PARA DENSIDADE BÁSICA E VOLUME DE CASCA (VFDC).



Esses resultados, também, confirmam que seleções genéticas para crescimento não implicam em comprometimento da densidade básica média da árvore. Assim, seleções para densidade básica podem ser feitas independentemente de seleções para crescimento. Contudo, para se otimizar os ganhos com seleção, a relevância econômica da densidade básica deve ser embutida em variáveis que reflitam o valor comercial das árvores, como o VFD e o VFDC.

4.2.3 Correlações Genéticas entre as Variáveis Utilizadas para Estimativa da Densidade Básica da Madeira

Os resultados desse estudo indicaram a possibilidade do emprego da densidade básica da madeira, como critério seletivo em seleções precoces. Isso foi possível com a identificação de variáveis de mensuração da densidade básica de madeira de amostras de baguetas, que se correlacionaram com a densidade média da árvore em idade de rotação (DENSA).

Das 10 variáveis relacionadas à densidade da madeira avaliadas, as densidades básicas de segmentos da bagueta (DSB04, DSB08, DSB12 e DSB16) apresentaram correlações baixas com a densidade média da árvore (Tabela 4.8). O segmento DSB04 apresentou correlação moderada com a DENSA (76%). Esse resultado foi consistente com os encontrados por outros autores em estudos com *P. taeda* (GWAZE et al., 2001; TALBERT et al., 1983). O segmento do 4º ao 8º anel (DSB08) apresentou correlação de 0,36, enquanto que os do 8º ao 12º anel (DSB12) e dos 12 aos 16 (DSB16) apresentaram correlação 0,18 e 0,3, respectivamente. Contudo, correlações genéticas da DENSA com as variáveis de densidade básica para segmentos acumulados da bagueta (veja Material e Métodos), foram significativamente altas. Correlação de 0,915, foi estimada entre DENSA e a densidade básica da bagueta acumulada até o 8º anel de crescimento (DAB08). Quando a densidade básica de cada segmento acumulado de bagueta foi ponderada pela área que o mesmo representa na seção da árvore (DAS08), a correlação aumentou para 0,937. O mesmo ocorreu entre DENSA e a densidade básica da bagueta até o 12º anel de crescimento (DAB12), com correlações de 0,981 e de 0,988 quando ponderada (DAS12). No caso da densidade básica total da bagueta (DENSB), a sua correlação genética com a densidade básica estimada

da árvore (DENSA) foi de 0,966, mas alcançando 100% quando a densidade básica estimada da bagueta foi ponderada (DENSS). Esses resultados indicaram que, na falta de equações para estimativa da densidade média da árvore, determinações de densidades básicas nas amostras de bagueta, ponderadas pela área da seção, podem ser utilizadas para avaliar a densidade da madeira de árvores com precisão. Apesar da densidade básica da bagueta acumulada até 8 anéis, ponderada (DAS08) ou não (DAB08), não apresentarem correlações maiores que 0,95 com a DENSA, seleções genéticas para densidade básica de madeira juvenil podem ser empregadas em estratégias de seleção precoce.

TABELA 4.8 - COEFICIENTES DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS (R_g) ENTRE DENSIDADE MÉDIA DA ÁRVORE EM IDADE DE ROTAÇÃO (DENSA) DE PROGÊNIES DE *PINUS TAEDA*.

Variáveis	Densidade Básica da Árvore DENSA			
	$R_g(xy)$	S_{xy}	Probabilidade para Falta de Ajuste (p)	Probabilidade para Falta de Ajuste (p) da Regressão
DSB04	0,761	11,920	0,354	< 0,001
DSB08	0,360	19,530	< 0,001	< 0,001
DSB12	0,184	22,050	< 0,001	< 0,001
DSB16	0,030	24,040	< 0,001	< 0,001
DAB08	0,915	6,124	0,224	< 0,001
DAB12	0,988	2,727	0,100	< 0,001
DENSB	0,966	4,523	0,380	< 0,001
DAS08	0,937	7,126	0,550	< 0,001
DAS12	0,981	3,361	0,815	< 0,001
DENSS	1,000	0,004	0,015	< 0,001

4.2.4 Correlações Genéticas entre Variáveis Utilizadas para Quantificação de Volume de Casca

Com o intuito de verificar as inter-relações entre vários métodos de quantificação de casca de árvores, correlações genéticas foram estimadas com o CVOLE. Entre as seis variáveis relacionadas à quantificação de casca (CES, CAR,

CPE, CPA, CPV e CVOLD), o CVOLD foi a única que apresentou alta correlação com o volume estimado de casca da árvore (CVOLE), com R_g igual a 0,989. O volume de casca estimado pelo CVOLD é a diferença do volume total da árvore subtraído do volume da árvore sem casca, estimados pelas equações VOLCG e VOLSD, respectivamente.

4.3 CARACTERÍSTICAS DE VALOR COMERCIAL PARA SELEÇÃO GENÉTICA

4.3.1 Valor Comercial na Seleção Genética de Genitores e Cruzamentos

O emprego do valor econômico na seleção de árvores foi avaliado comparativamente, para seleção de genitores (CGC), de cruzamentos e indivíduos. A variável VFDC contempla tanto a segregação de toras para múltiplos produtos, como benefícios advindos de ganhos em densidade básica e redução do conteúdo de casca. Isso, devido ao valor financeiro da tora ser expresso como peso verde comercial com casca, embutindo-se prêmios para densidade básica e volume de casca (VFDC). Os resultados obtidos para VFDC mostram que além de expressar o valor comercial da árvore, essa variável apresenta valores robustos para os parâmetros genéticos avaliados (Tabela 4.5).

As Figuras 4.5 a 4.19 apresentam os resultados de comparação obtidos para variável VFDC em relação às 15 variáveis selecionadas anteriormente. Essa comparação na seleção de genitores e cruzamentos foi realizada observando-se o ordenamento (Ordem) dos valores genéticos (VG) e a seus valores relativos (Rank), para cada variável em relação ao VFDC. Um terço dos melhores genitores e cruzamentos foram utilizados para comparação de ganho genético com VFDC.

O ordenamento de genitores e cruzamentos com base em valores genéticos para altura do fuste (ALT) não proporcionou as mesmas seleções do VFDC (Figura 4.5). Apenas dois dos quatro melhores genitores foram selecionados pela ALT. Houve redução de ganho genético comercial de R\$13,45 para R\$11,48 (15%) em relação as seleções de genitores com VFDC. No caso de seleção de cruzamentos, sete dos 10 selecionados pelo VFDC foram, também, selecionados pela ALT. O erro na seleção de três cruzamentos causou uma queda de R\$33,96 para R\$33, 01 no valor genotípico médio em VFDC.

As seleções com base no peso seco (PSC e PSSE) incluíram três dos quatro genitores selecionados pelo VFDC (Figuras 4.14 e 4.15). A inclusão de um outro genitor no grupo selecionado causou cerca de 4% de redução no ganho genético comercial (R\$13,45 para R\$12,93). A seleção de cruzamentos com base nessas variáveis produz os mesmos resultados da seleção pelo VFDC.

Nenhum genitor selecionado com base no VFDC foi selecionado quando a variável considerada foi a densidade básica média da árvore (DENSE). Contudo, quatro dos 10 cruzamentos selecionados com base em VFDC (Figura 4.8) foram também, selecionados com base em DENSE. Os melhores genitores selecionados com base em DENSE não propiciaram nenhuma perda ou ganho em VFDC. A dispersão dos valores genéticos entre as características DENSE e o VFDC confirmam que variações em densidade não estão associadas às variações genéticas nas características de crescimento ou afins. Indivíduos ou famílias com altos valores genéticos para VFDC não necessariamente possuem valores inferiores de DENSE.

No caso do CVOLE, os ordenamentos dos genitores e cruzamentos foram completamente inversos à seqüência do ordenamento pelo VFDC (Figura 4.9). Isso porque o CVOLE está positivamente correlacionado com as características de crescimento e com os valores comerciais. Ou seja, maior crescimento, maior quantidade de casca. Isso foi observado para a seleção de genitores, onde a média de redução no ganho genético em VFDC foi de R\$24,69 para aqueles com os menores valores genéticos em quantidade de casca (CVOLE). Em referência ao valor genotípico médio de R\$35,01 para os 10 cruzamentos selecionados com base em VFDC, os cruzamentos selecionados para redução de casca (CVOLE) apresentaram uma redução de R\$14,82 no VFDC.

As variáveis DAP, DAPS, VCC, VCS, apesar das pequenas modificações de ordenamento, possibilitaram a seleção dos mesmos genitores e cruzamentos selecionados com base em VFDC (Figuras 4.6, 4.7, 4.10, 4.12). Isso indicou que, mesmo com o DAP (a variável mais simples de medir), é possível selecionar precisamente genitores e cruzamentos que correspondem às seleções pelos valores comerciais (VFDC). Contudo, essas variáveis não geraram as mesmas estimativas de ganho em valores comerciais proporcionados pelo VFDC e proporções relativas de ganho. Precauções devem ser tomadas ao se extrapolar essa generalização para outros cenários, em que o impacto da densidade básica média da árvore

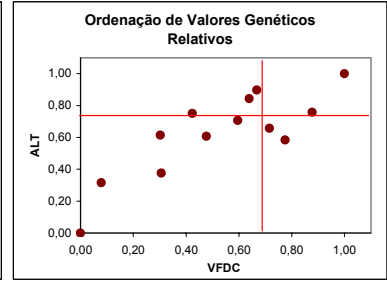
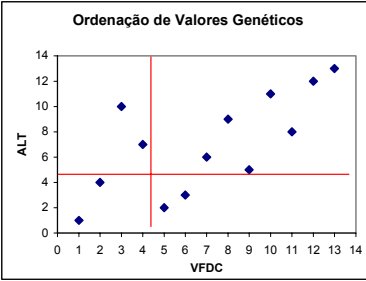
(DENSE), embutido no VFDC, possa ter maior relevância. O maior impacto da DENSE pode ocorrer onde existir maior variabilidade na população, correlações negativas com as variáveis de crescimento e maior retorno econômico vinculado ao aumento da densidade básica da madeira.

Seleções com base em VOLCG, VOLSE e PVCT resultaram em seleções semelhantes às obtidas com base em VFDC, com algumas alterações no ordenamento e nas proporções relativas dos valores genéticos (Figuras 4.11, 4.13 e 4.16). Contudo, isso mostra que essas características de crescimento propiciarão os mesmos ganhos genéticos conseguidos nas seleções com base em VFDC, apesar de gerarem estimativas distintas. Para os demais valores comerciais da árvore (VF, VFD e VFC), não houve diferenças na seleção de genitores e cruzamentos ou no seu ordenamento em relação a variável VFDC (Figuras 4.17, 4.18 e 4.19).

FIGURA 4.5 - RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DE ALTURA DO FUSTE (ALT) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).

A) Genitores

Genitor	VFDC			ALT		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
71029	1	20,20	1,00	1	2,00	1,00
101019	2	14,98	0,88	4	0,71	0,76
81019	3	10,57	0,77	10	-0,21	0,58
101030	4	8,04	0,72	7	0,18	0,66
111031	5	5,98	0,67	2	1,46	0,90
111050	6	4,77	0,64	3	1,16	0,84
111021	7	2,89	0,60	6	0,44	0,71
111051	8	-2,17	0,48	9	-0,09	0,61
111066	9	-4,43	0,42	5	0,67	0,75
81105	10	-9,46	0,31	11	-1,32	0,38
111027	11	-9,63	0,30	8	-0,05	0,61
81097	12	-19,19	0,08	12	-1,64	0,32
81048	13	-22,55	0,00	13	-3,32	0,00



B) Cruzamentos

Cruzamentos	VFDC			ALT		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
297	1	45,74	1,00	1	26,08	1,00
298	2	37,13	0,75	4	25,74	0,91
326	3	34,89	0,68	9	25,53	0,85
327	4	34,27	0,66	10	25,42	0,82
325	5	33,70	0,64	15	25,06	0,72
314	6	33,46	0,64	2	26,06	0,99
296	7	33,35	0,63	14	25,10	0,73
308	8	32,98	0,62	5	25,72	0,90
307	9	32,33	0,60	6	25,71	0,90
316	10	32,28	0,60	18	24,60	0,59
313	11	31,67	0,58	8	25,57	0,86
310	12	30,81	0,56	13	25,11	0,73
304	13	30,79	0,56	20	24,43	0,55
306	14	29,69	0,53	12	25,19	0,76
319	15	28,96	0,50	3	25,86	0,94
320	16	28,20	0,48	7	25,64	0,88
318	17	27,09	0,45	11	25,32	0,79
299	18	26,88	0,44	23	24,10	0,46
301	19	23,89	0,36	27	23,46	0,28
305	20	22,43	0,31	26	24,03	0,44
311	21	22,11	0,30	17	24,68	0,62
315	22	21,93	0,30	25	24,04	0,44
312	23	21,19	0,28	16	24,68	0,62
329	24	20,81	0,26	19	24,54	0,58
328	25	19,83	0,24	22	24,12	0,46
309	26	18,34	0,19	24	24,06	0,45
317	27	15,95	0,12	21	24,22	0,49
303	28	15,45	0,11	29	23,02	0,16
300	29	12,03	0,01	30	22,43	0,00
302	30	11,85	0,00	28	23,04	0,17

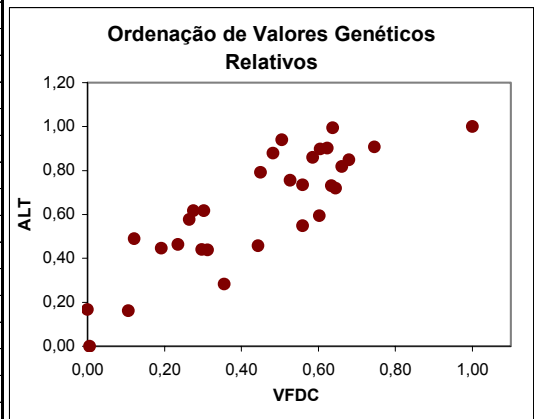
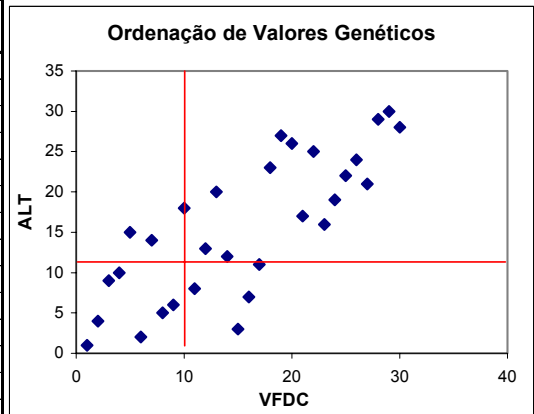
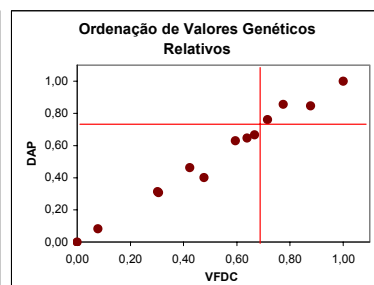
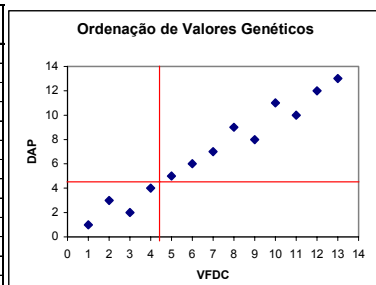


FIGURA 4.6 - RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DO DIÂMETRO A ALTURA DO PEITO (DAP) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).

A) Genitores

Genitor	VFDC			DAP		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
71029	1	20,20	1,00	1	5,39	1,00
101019	2	14,98	0,88	3	3,62	0,85
81019	3	10,57	0,77	2	3,73	0,86
101030	4	8,04	0,72	4	2,60	0,76
111031	5	5,98	0,67	5	1,52	0,67
111050	6	4,77	0,64	6	1,28	0,65
111021	7	2,89	0,60	7	1,08	0,63
111051	8	-2,17	0,48	9	-1,58	0,40
111066	9	-4,43	0,42	8	-0,85	0,46
81105	10	-9,46	0,31	11	-2,66	0,31
111027	11	-9,63	0,30	10	-2,61	0,31
81097	12	-19,19	0,08	12	-5,29	0,08
81048	13	-22,55	0,00	13	-6,24	0,00



B) Cruzamentos

Cruzamentos	VFDC			DAP		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
297	1	45,74	1,00	1	29,25	1,00
298	2	37,13	0,75	4	26,68	0,71
326	3	34,89	0,68	2	26,82	0,73
327	4	34,27	0,66	3	26,68	0,71
325	5	33,70	0,64	5	26,61	0,71
314	6	33,46	0,64	6	26,16	0,65
296	7	33,35	0,63	8	26,12	0,65
308	8	32,98	0,62	7	26,12	0,65
307	9	32,33	0,60	9	26,06	0,64
316	10	32,28	0,60	11	25,85	0,62
313	11	31,67	0,58	10	25,90	0,63
310	12	30,81	0,56	13	25,31	0,56
304	13	30,79	0,56	14	25,24	0,55
306	14	29,69	0,53	12	25,62	0,59
319	15	28,96	0,50	15	25,13	0,54
320	16	28,20	0,48	16	24,99	0,52
318	17	27,09	0,45	17	24,87	0,51
299	18	26,88	0,44	18	24,37	0,45
301	19	23,89	0,36	20	23,42	0,35
305	20	22,43	0,31	19	23,42	0,35
311	21	22,11	0,30	23	22,67	0,26
315	22	21,93	0,30	25	22,61	0,26
312	23	21,19	0,28	21	22,83	0,28
329	24	20,81	0,26	22	22,78	0,28
328	25	19,83	0,24	24	22,67	0,26
309	26	18,34	0,19	26	22,10	0,20
317	27	15,95	0,12	27	21,63	0,15
303	28	15,45	0,11	28	20,80	0,06
300	29	12,03	0,01	29	20,31	0,00
302	30	11,85	0,00	30	20,30	0,00

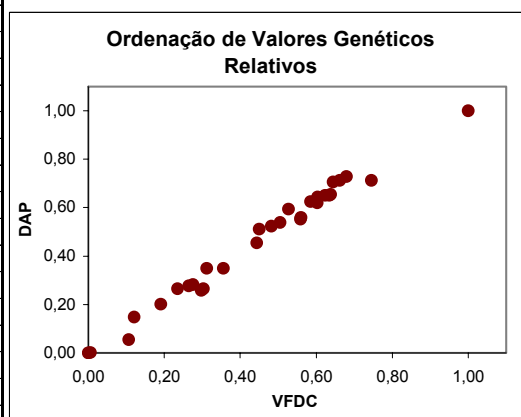
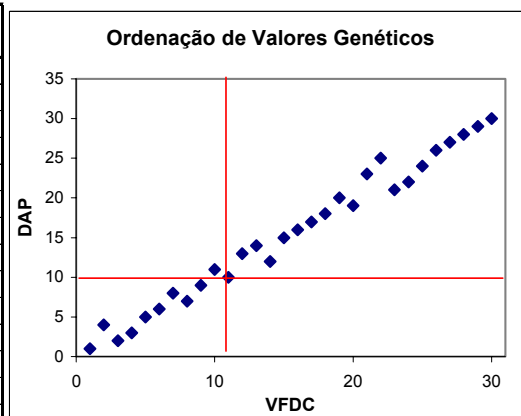
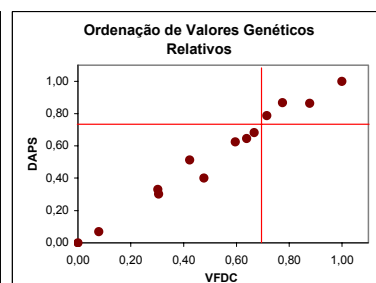
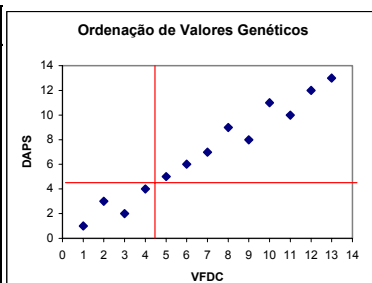


FIGURA 4.7 - RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DO DIÂMETRO SEM CASTA NA ALTURA DO PEITO (DAPS) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).

A) Genitores

Genitor	VFDC			DAPS		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
71029	1	20,20	1,00	1	5,05	1,00
101019	2	14,98	0,88	3	3,53	0,86
81019	3	10,57	0,77	2	3,58	0,87
101030	4	8,04	0,72	4	2,69	0,79
111031	5	5,98	0,67	5	1,53	0,68
111050	6	4,77	0,64	6	1,11	0,65
111021	7	2,89	0,60	7	0,88	0,62
111051	8	-2,17	0,48	9	-1,60	0,40
111066	9	-4,43	0,42	8	-0,35	0,51
81105	10	-9,46	0,31	11	-2,70	0,30
111027	11	-9,63	0,30	10	-2,39	0,33
81097	12	-19,19	0,08	12	-5,29	0,07
81048	13	-22,55	0,00	13	-6,05	0,00



B) Cruzamentos

Cruzamentos	VFDC			DAPS		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
297	1	45,74	1,00	1	27,39	1,00
298	2	37,13	0,75	5	24,87	0,71
326	3	34,89	0,68	2	25,21	0,75
327	4	34,27	0,66	3	25,01	0,72
325	5	33,70	0,64	4	24,92	0,71
314	6	33,46	0,64	6	24,44	0,66
296	7	33,35	0,63	9	24,29	0,64
308	8	32,98	0,62	7	24,42	0,66
307	9	32,33	0,60	8	24,33	0,65
316	10	32,28	0,60	11	24,13	0,62
313	11	31,67	0,58	12	24,07	0,62
310	12	30,81	0,56	14	23,74	0,58
304	13	30,79	0,56	15	23,54	0,55
306	14	29,69	0,53	10	24,28	0,64
319	15	28,96	0,50	13	23,75	0,58
320	16	28,20	0,48	16	23,51	0,55
318	17	27,09	0,45	17	23,38	0,54
299	18	26,88	0,44	18	22,66	0,45
301	19	23,89	0,36	19	21,83	0,36
305	20	22,43	0,31	20	21,82	0,35
311	21	22,11	0,30	22	21,14	0,28
315	22	21,93	0,30	24	20,94	0,25
312	23	21,19	0,28	21	21,20	0,28
329	24	20,81	0,26	23	21,06	0,27
328	25	19,83	0,24	25	20,93	0,25
309	26	18,34	0,19	26	20,56	0,21
317	27	15,95	0,12	27	20,23	0,17
303	28	15,45	0,11	28	19,25	0,06
300	29	12,03	0,01	30	18,76	0,00
302	30	11,85	0,00	29	18,86	0,01

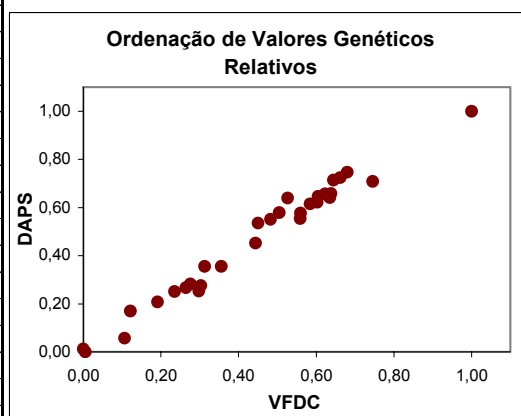
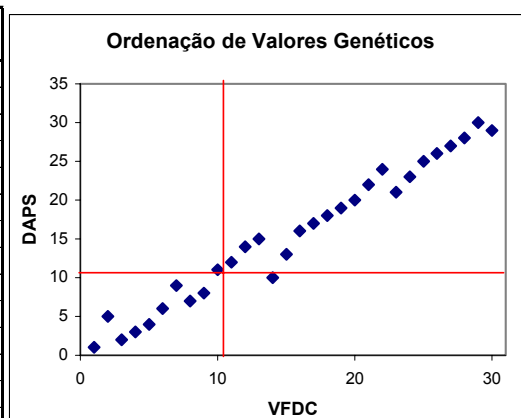
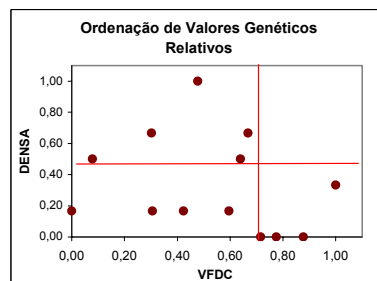
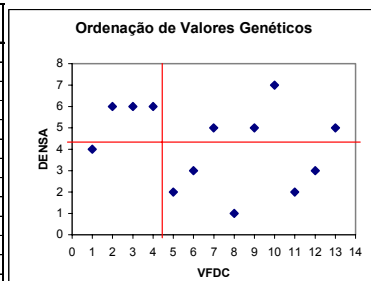


FIGURA 4.8 - RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DA DENSIDADE BÁSICA ESTIMADA DA ÁRVORE (DENSE) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).

A) Genitores

Genitor	VFDC			DENSE		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
71029	1	20,20	1,00	4	0,00	0,33
101019	2	14,98	0,88	6	-0,02	0,00
81019	3	10,57	0,77	6	-0,02	0,00
101030	4	8,04	0,72	6	-0,02	0,00
111031	5	5,98	0,67	2	0,02	0,67
111050	6	4,77	0,64	3	0,01	0,50
111021	7	2,89	0,60	5	-0,01	0,17
111051	8	-2,17	0,48	1	0,04	1,00
111066	9	-4,43	0,42	5	-0,01	0,17
81105	10	-9,46	0,31	7	-0,01	0,17
111027	11	-9,63	0,30	2	0,02	0,67
81097	12	-19,19	0,08	3	0,01	0,50
81048	13	-22,55	0,00	5	-0,01	0,17



B) Cruzamentos

Cruzamentos	VFDC			DENSE		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
297	1	45,74	1,00	4	0,40	0,20
298	2	37,13	0,75	2	0,42	0,60
326	3	34,89	0,68	4	0,40	0,20
327	4	34,27	0,66	4	0,40	0,20
325	5	33,70	0,64	5	0,39	0,00
314	6	33,46	0,64	2	0,42	0,60
296	7	33,35	0,63	4	0,40	0,20
308	8	32,98	0,62	2	0,42	0,60
307	9	32,33	0,60	3	0,41	0,40
316	10	32,28	0,60	2	0,42	0,60
313	11	31,67	0,58	3	0,41	0,40
310	12	30,81	0,56	3	0,41	0,40
304	13	30,79	0,56	4	0,40	0,20
306	14	29,69	0,53	5	0,39	0,00
319	15	28,96	0,50	3	0,41	0,40
320	16	28,20	0,48	4	0,40	0,20
318	17	27,09	0,45	4	0,40	0,20
299	18	26,88	0,44	4	0,40	0,20
301	19	23,89	0,36	5	0,39	0,00
305	20	22,43	0,31	4	0,40	0,20
311	21	22,11	0,30	1	0,44	1,00
315	22	21,93	0,30	2	0,42	0,60
312	23	21,19	0,28	2	0,42	0,60
329	24	20,81	0,26	2	0,42	0,60
328	25	19,83	0,24	3	0,41	0,40
309	26	18,34	0,19	2	0,42	0,60
317	27	15,95	0,12	3	0,41	0,40
303	28	15,45	0,11	2	0,42	0,60
300	29	12,03	0,01	4	0,40	0,20
302	30	11,85	0,00	3	0,41	0,40

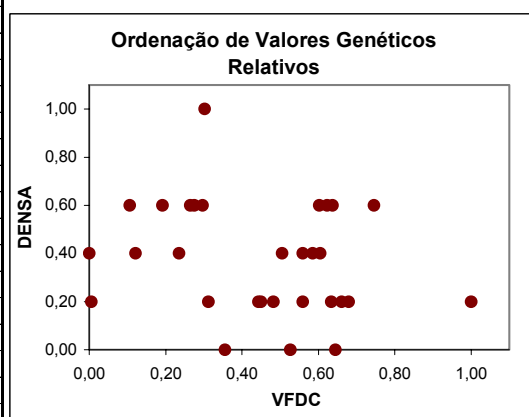
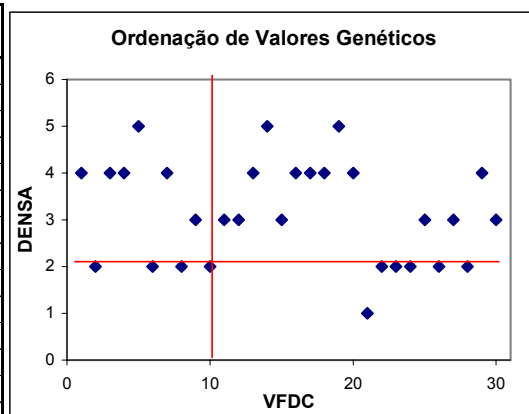
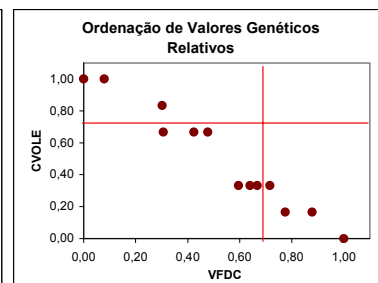
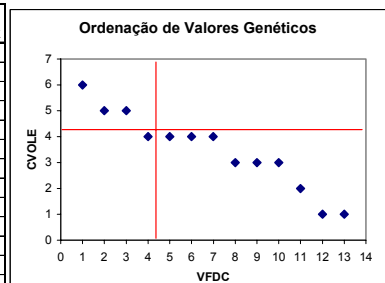


FIGURA 4.9 - RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DO VOLUME COMERCIAL ESTIMADO DE CASCA DA ÁRVORE (CVOLE) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).

A) Genitores

Genitor	VFDC			CVOLE		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
71029	1	20,20	1,00	6	0,03	0,00
101019	2	14,98	0,88	5	0,02	0,17
81019	3	10,57	0,77	5	0,02	0,17
101030	4	8,04	0,72	4	0,01	0,33
111031	5	5,98	0,67	4	0,01	0,33
111050	6	4,77	0,64	4	0,01	0,33
111021	7	2,89	0,60	4	0,01	0,33
111051	8	-2,17	0,48	3	-0,01	0,67
111066	9	-4,43	0,42	3	-0,01	0,67
81105	10	-9,46	0,31	3	-0,01	0,67
111027	11	-9,63	0,30	2	-0,02	0,83
81097	12	-19,19	0,08	1	-0,03	1,00
81048	13	-22,55	0,00	1	-0,03	1,00



B) Cruzamentos

Cruzamentos	VFDC			CVOLE		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
297	1	45,74	1,00	6	0,04	0,00
298	2	37,13	0,75	5	0,05	0,20
326	3	34,89	0,68	5	0,05	0,20
327	4	34,27	0,66	5	0,05	0,20
325	5	33,70	0,64	4	0,06	0,40
314	6	33,46	0,64	4	0,06	0,40
296	7	33,35	0,63	5	0,05	0,20
308	8	32,98	0,62	4	0,06	0,40
307	9	32,33	0,60	4	0,06	0,40
316	10	32,28	0,60	4	0,06	0,40
313	11	31,67	0,58	4	0,06	0,40
310	12	30,81	0,56	3	0,07	0,60
304	13	30,79	0,56	4	0,06	0,40
306	14	29,69	0,53	3	0,07	0,60
319	15	28,96	0,50	3	0,07	0,60
320	16	28,20	0,48	3	0,07	0,60
318	17	27,09	0,45	3	0,07	0,60
299	18	26,88	0,44	3	0,07	0,60
301	19	23,89	0,36	3	0,07	0,60
305	20	22,43	0,31	2	0,08	0,80
311	21	22,11	0,30	2	0,08	0,80
315	22	21,93	0,30	2	0,08	0,80
312	23	21,19	0,28	2	0,08	0,80
329	24	20,81	0,26	2	0,08	0,80
328	25	19,83	0,24	2	0,08	0,80
309	26	18,34	0,19	2	0,08	0,80
317	27	15,95	0,12	2	0,08	0,80
303	28	15,45	0,11	2	0,08	0,80
300	29	12,03	0,01	2	0,08	0,80
302	30	11,85	0,00	1	0,09	1,00

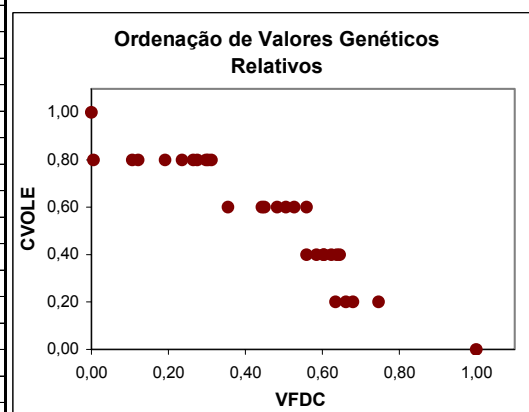
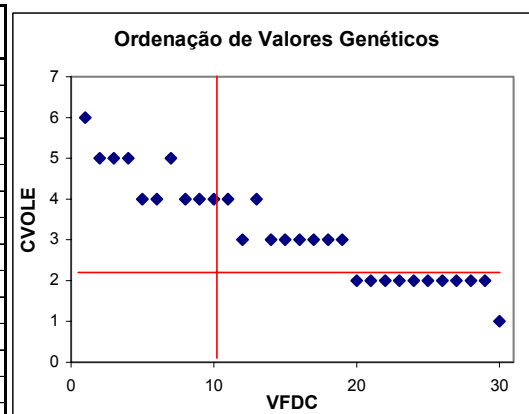
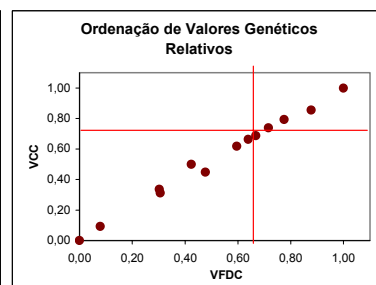
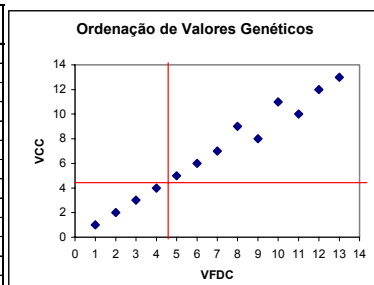


FIGURA 4.10 - RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DO VOLUME CILÍNDRICO COM CASCA (VCC) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).

A) Genitores

Genitor	VFDC			VCC		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
71029	1	20,20	1,00	1	6,06	1,00
101019	2	14,98	0,88	2	4,14	0,85
81019	3	10,57	0,77	3	3,33	0,79
101030	4	8,04	0,72	4	2,61	0,74
111031	5	5,98	0,67	5	1,91	0,69
111050	6	4,77	0,64	6	1,62	0,66
111021	7	2,89	0,60	7	1,02	0,62
111051	8	-2,17	0,48	9	-1,24	0,45
111066	9	-4,43	0,42	8	-0,56	0,50
81105	10	-9,46	0,31	11	-3,05	0,31
111027	11	-9,63	0,30	10	-2,72	0,34
81097	12	-19,19	0,08	12	-5,94	0,09
81048	13	-22,55	0,00	13	-7,17	0,00



B) Cruzamentos

Cruzamentos	VFDC			VCC		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
297	1	45,74	1,00	1	17,68	1,00
298	2	37,13	0,75	2	15,01	0,74
326	3	34,89	0,68	3	14,81	0,72
327	4	34,27	0,66	4	14,67	0,71
325	5	33,70	0,64	5	14,42	0,68
314	6	33,46	0,64	6	14,34	0,67
296	7	33,35	0,63	8	14,07	0,65
308	8	32,98	0,62	7	14,19	0,66
307	9	32,33	0,60	9	14,03	0,64
316	10	32,28	0,60	11	13,63	0,60
313	11	31,67	0,58	10	13,85	0,62
310	12	30,81	0,56	13	13,34	0,57
304	13	30,79	0,56	15	13,12	0,55
306	14	29,69	0,53	12	13,59	0,60
319	15	28,96	0,50	14	13,30	0,57
320	16	28,20	0,48	16	13,11	0,55
318	17	27,09	0,45	17	12,80	0,52
299	18	26,88	0,44	18	12,05	0,45
301	19	23,89	0,36	19	11,00	0,35
305	20	22,43	0,31	20	10,91	0,34
311	21	22,11	0,30	21	10,59	0,31
315	22	21,93	0,30	24	10,38	0,29
312	23	21,19	0,28	22	10,51	0,30
329	24	20,81	0,26	23	10,45	0,29
328	25	19,83	0,24	25	10,12	0,26
309	26	18,34	0,19	26	9,66	0,21
317	27	15,95	0,12	27	9,24	0,17
303	28	15,45	0,11	28	8,31	0,08
300	29	12,03	0,01	30	7,47	0,00
302	30	11,85	0,00	29	7,59	0,01

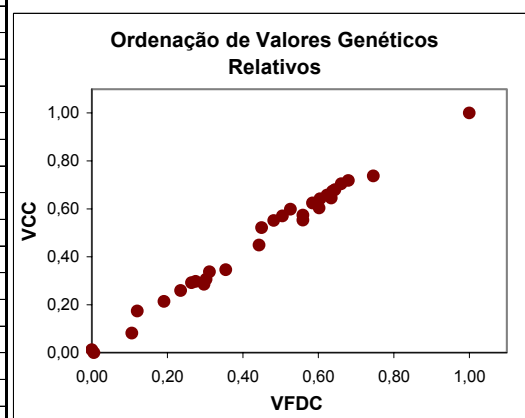
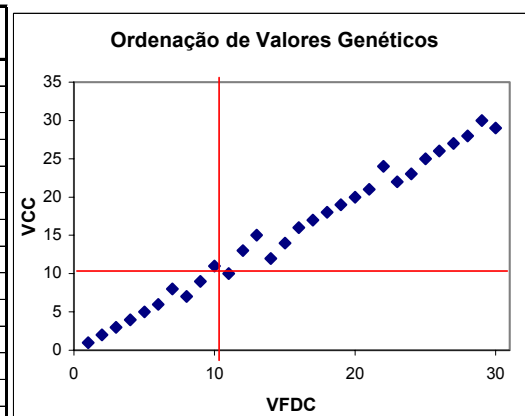
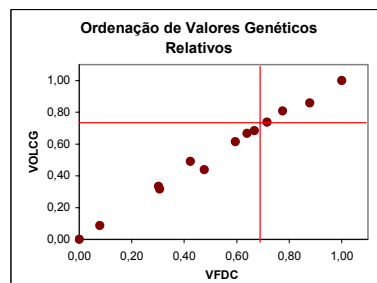
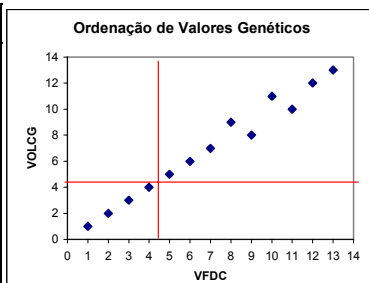


FIGURA 4.11 - RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DO VOLUME COMERCIAL ESTIMADO COM CASCA GENERALIZADO (VOLCG) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).

A) Genitores

Genitor	VFDC			VOLCG		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
71029	1	20,20	1,00	1	0,26	1,00
101019	2	14,98	0,88	2	0,18	0,86
81019	3	10,57	0,77	3	0,15	0,81
101030	4	8,04	0,72	4	0,11	0,74
111031	5	5,98	0,67	5	0,08	0,68
111050	6	4,77	0,64	6	0,07	0,67
111021	7	2,89	0,60	7	0,04	0,61
111051	8	-2,17	0,48	9	-0,06	0,44
111066	9	-4,43	0,42	8	-0,03	0,49
81105	10	-9,46	0,31	11	-0,13	0,32
111027	11	-9,63	0,30	10	-0,12	0,33
81097	12	-19,19	0,08	12	-0,26	0,09
81048	13	-22,55	0,00	13	-0,31	0,00



B) Cruzamentos

Cruzamentos	VFDC			VOLCG		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
297	1	45,74	1,00	1	0,76	1,00
298	2	37,13	0,75	2	0,64	0,73
326	3	34,89	0,68	3	0,63	0,71
327	4	34,27	0,66	4	0,62	0,69
325	5	33,70	0,64	5	0,61	0,67
314	6	33,46	0,64	6	0,61	0,67
296	7	33,35	0,63	8	0,60	0,64
308	8	32,98	0,62	7	0,60	0,64
307	9	32,33	0,60	9	0,60	0,64
316	10	32,28	0,60	11	0,58	0,60
313	11	31,67	0,58	10	0,59	0,62
310	12	30,81	0,56	13	0,57	0,58
304	13	30,79	0,56	15	0,56	0,56
306	14	29,69	0,53	12	0,58	0,60
319	15	28,96	0,50	14	0,56	0,56
320	16	28,20	0,48	16	0,56	0,56
318	17	27,09	0,45	17	0,54	0,51
299	18	26,88	0,44	18	0,51	0,44
301	19	23,89	0,36	19	0,47	0,36
305	20	22,43	0,31	20	0,46	0,33
311	21	22,11	0,30	21	0,45	0,31
315	22	21,93	0,30	22	0,44	0,29
312	23	21,19	0,28	22	0,44	0,29
329	24	20,81	0,26	23	0,44	0,29
328	25	19,83	0,24	25	0,43	0,27
309	26	18,34	0,19	26	0,41	0,22
317	27	15,95	0,12	27	0,39	0,18
303	28	15,45	0,11	28	0,35	0,09
300	29	12,03	0,01	30	0,31	0,00
302	30	11,85	0,00	29	0,32	0,02

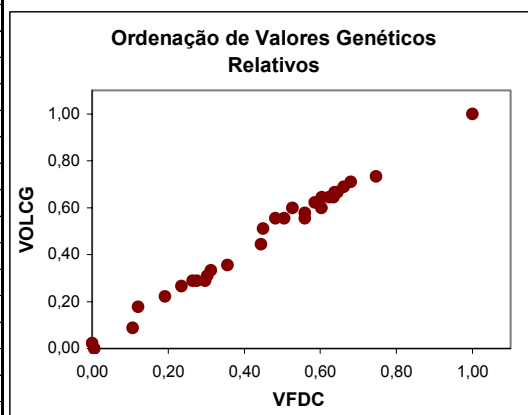
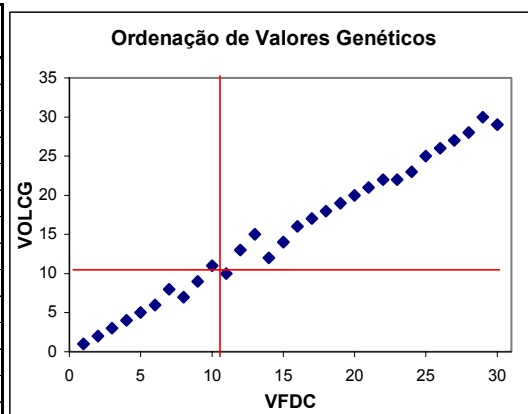
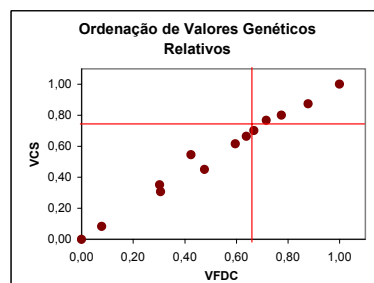
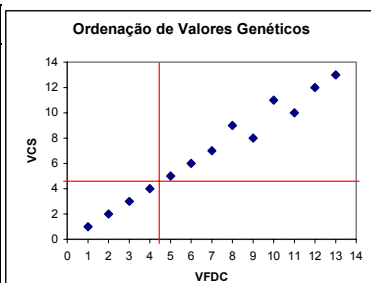


FIGURA 4.12 - RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DO VOLUME CILÍNDRICO SEM CASCA (VCS) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).

A) Genitores

Genitor	VFDC			VCS		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
71029	1	20,20	1,00	1	5,26	1,00
101019	2	14,98	0,88	2	3,79	0,87
81019	3	10,57	0,77	3	2,92	0,80
101030	4	8,04	0,72	4	2,54	0,77
111031	5	5,98	0,67	5	1,76	0,70
111050	6	4,77	0,64	6	1,33	0,66
111021	7	2,89	0,60	7	0,75	0,62
111051	8	-2,17	0,48	9	-1,18	0,45
111066	9	-4,43	0,42	8	-0,06	0,55
81105	10	-9,46	0,31	11	-2,85	0,31
111027	11	-9,63	0,30	10	-2,33	0,35
81097	12	-19,19	0,08	12	-5,47	0,08
81048	13	-22,55	0,00	13	-6,46	0,00



B) Cruzamentos

Cruzamentos	VFDC			VCS		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
297	1	45,74	1,00	1	15,53	1,00
298	2	37,13	0,75	3	13,07	0,73
326	3	34,89	0,68	2	13,12	0,74
327	4	34,27	0,66	4	12,92	0,72
325	5	33,70	0,64	5	12,69	0,69
314	6	33,46	0,64	6	12,55	0,67
296	7	33,35	0,63	10	12,21	0,64
308	8	32,98	0,62	7	12,42	0,66
307	9	32,33	0,60	8	12,26	0,64
316	10	32,28	0,60	13	11,89	0,60
313	11	31,67	0,58	11	11,99	0,61
310	12	30,81	0,56	14	11,79	0,59
304	13	30,79	0,56	16	11,47	0,56
306	14	29,69	0,53	9	12,24	0,64
319	15	28,96	0,50	12	11,91	0,60
320	16	28,20	0,48	15	11,63	0,57
318	17	27,09	0,45	17	11,34	0,54
299	18	26,88	0,44	18	10,44	0,44
301	19	23,89	0,36	19	9,62	0,35
305	20	22,43	0,31	20	9,54	0,35
311	21	22,11	0,30	21	9,25	0,31
315	22	21,93	0,30	24	8,95	0,28
312	23	21,19	0,28	22	9,10	0,30
329	24	20,81	0,26	23	8,97	0,28
328	25	19,83	0,24	25	8,65	0,25
309	26	18,34	0,19	26	8,39	0,22
317	27	15,95	0,12	27	8,16	0,20
303	28	15,45	0,11	28	7,13	0,08
300	29	12,03	0,01	30	6,37	0,00
302	30	11,85	0,00	29	6,58	0,02

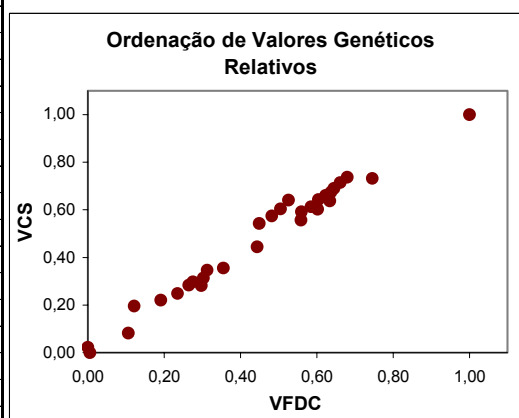
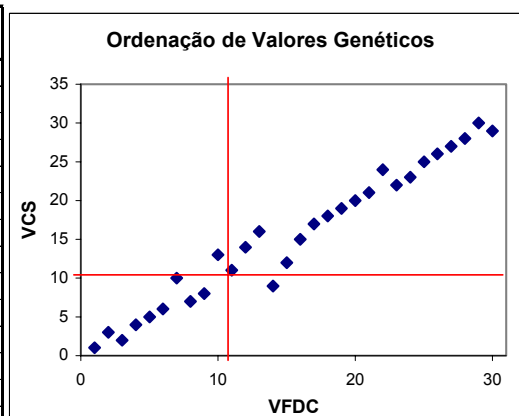
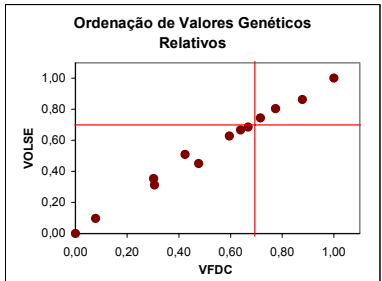
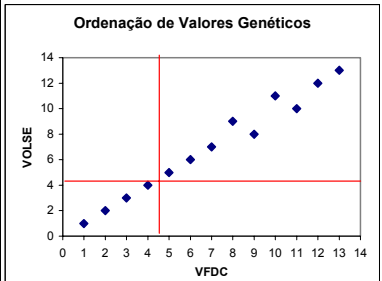


FIGURA 4.13 - RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DO VOLUME COMERCIAL ESTIMADO SEM CASCA ESTIMADO (VOLSE) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).

A) Genitores

Genitor	VFDC			VOLSE		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
71029	1	20,20	1,00	1	0,23	1,00
101019	2	14,98	0,88	2	0,16	0,86
81019	3	10,57	0,77	3	0,13	0,80
101030	4	8,04	0,72	4	0,10	0,75
111031	5	5,98	0,67	5	0,07	0,69
111050	6	4,77	0,64	6	0,06	0,67
111021	7	2,89	0,60	7	0,04	0,63
111051	8	-2,17	0,48	9	-0,05	0,45
111066	9	-4,43	0,42	8	-0,02	0,51
81105	10	-9,46	0,31	11	-0,12	0,31
111027	11	-9,63	0,30	10	-0,10	0,35
81097	12	-19,19	0,08	12	-0,23	0,10
81048	13	-22,55	0,00	13	-0,28	0,00



B) Cruzamentos

Cruzamentos	VFDC			VOLSE		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
297	1	45,74	1,00	1	0,66	1,00
298	2	37,13	0,75	2	0,56	0,74
326	3	34,89	0,68	3	0,55	0,72
327	4	34,27	0,66	4	0,55	0,72
325	5	33,70	0,64	5	0,54	0,69
314	6	33,46	0,64	6	0,53	0,67
296	7	33,35	0,63	8	0,52	0,64
308	8	32,98	0,62	7	0,53	0,67
307	9	32,33	0,60	9	0,52	0,64
316	10	32,28	0,60	12	0,51	0,62
313	11	31,67	0,58	10	0,51	0,62
310	12	30,81	0,56	14	0,50	0,59
304	13	30,79	0,56	16	0,49	0,56
306	14	29,69	0,53	11	0,51	0,62
319	15	28,96	0,50	13	0,50	0,59
320	16	28,20	0,48	15	0,49	0,56
318	17	27,09	0,45	17	0,48	0,54
299	18	26,88	0,44	18	0,44	0,44
301	19	23,89	0,36	19	0,41	0,36
305	20	22,43	0,31	20	0,40	0,33
311	21	22,11	0,30	21	0,39	0,31
315	22	21,93	0,30	24	0,38	0,28
312	23	21,19	0,28	22	0,38	0,28
329	24	20,81	0,26	23	0,38	0,28
328	25	19,83	0,24	25	0,37	0,26
309	26	18,34	0,19	26	0,35	0,21
317	27	15,95	0,12	27	0,34	0,18
303	28	15,45	0,11	28	0,30	0,08
300	29	12,03	0,01	30	0,27	0,00
302	30	11,85	0,00	29	0,27	0,00

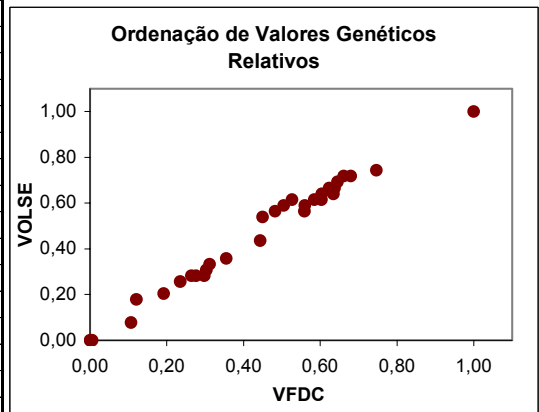
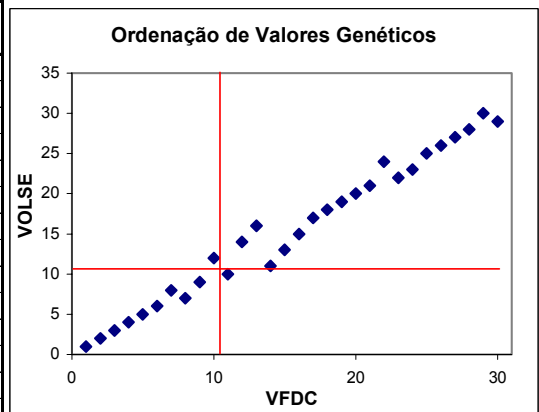
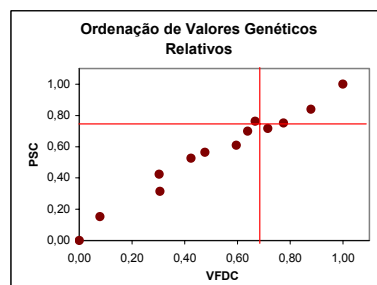
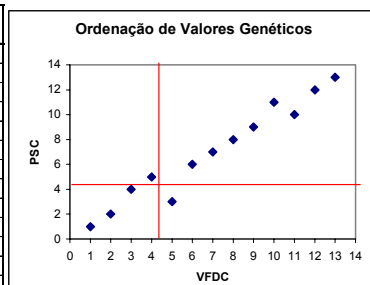


FIGURA 4.14 - RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DO PESO SECO CILÍNDRICO (PSC) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).

A) Genitores

Genitor	VFDC			PSC		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
71029	1	20,20	1,00	1	2,25	1,00
101019	2	14,98	0,88	2	1,42	0,84
81019	3	10,57	0,77	4	0,96	0,75
101030	4	8,04	0,72	5	0,78	0,72
111031	5	5,98	0,67	3	1,02	0,76
111050	6	4,77	0,64	6	0,69	0,70
111021	7	2,89	0,60	7	0,22	0,61
111051	8	-2,17	0,48	8	-0,01	0,56
111066	9	-4,43	0,42	9	-0,21	0,53
81105	10	-9,46	0,31	11	-1,31	0,31
111027	11	-9,63	0,30	10	-0,74	0,42
81097	12	-19,19	0,08	12	-2,15	0,15
81048	13	-22,55	0,00	13	-2,94	0,00



B) Cruzamentos

Cruzamentos	VFDC			PSC		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
297	1	45,74	1,00	1	6,63	1,00
298	2	37,13	0,75	2	5,96	0,83
326	3	34,89	0,68	3	5,68	0,76
327	4	34,27	0,66	5	5,53	0,72
325	5	33,70	0,64	8	5,33	0,67
314	6	33,46	0,64	4	5,66	0,75
296	7	33,35	0,63	10	5,28	0,66
308	8	32,98	0,62	6	5,53	0,72
307	9	32,33	0,60	7	5,42	0,69
316	10	32,28	0,60	9	5,29	0,66
313	11	31,67	0,58	12	5,23	0,64
310	12	30,81	0,56	13	5,18	0,63
304	13	30,79	0,56	16	4,86	0,55
306	14	29,69	0,53	14	5,08	0,61
319	15	28,96	0,50	11	5,25	0,65
320	16	28,20	0,48	15	5,04	0,60
318	17	27,09	0,45	17	4,80	0,54
299	18	26,88	0,44	18	4,47	0,45
301	19	23,89	0,36	24	4,02	0,34
305	20	22,43	0,31	21	4,12	0,36
311	21	22,11	0,30	19	4,43	0,44
315	22	21,93	0,30	22	4,12	0,36
312	23	21,19	0,28	20	4,22	0,39
329	24	20,81	0,26	23	4,09	0,36
328	25	19,83	0,24	25	3,83	0,29
309	26	18,34	0,19	26	3,77	0,27
317	27	15,95	0,12	27	3,57	0,22
303	28	15,45	0,11	28	3,29	0,15
300	29	12,03	0,01	30	2,69	0,00
302	30	11,85	0,00	29	2,95	0,07

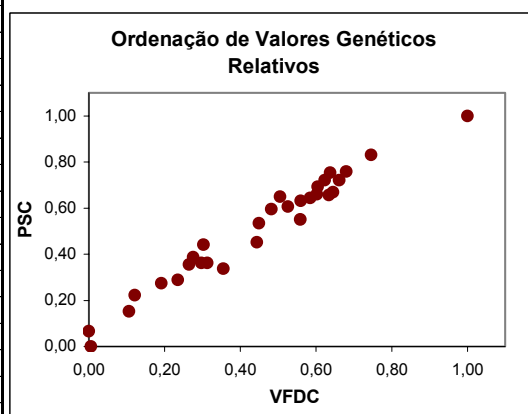
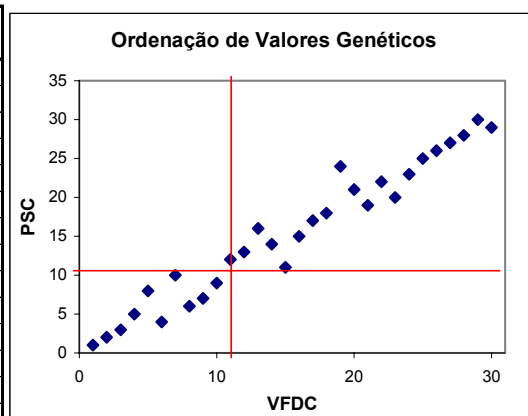
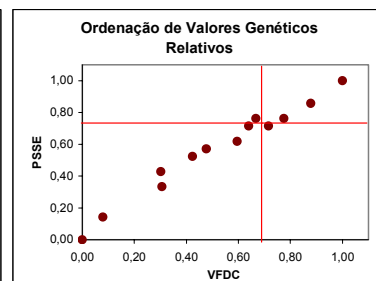
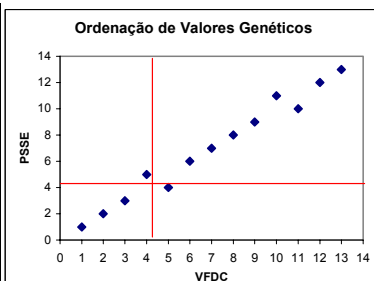


FIGURA 4.15 - RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DO PESO SECO COMERCIAL SEM CASCA ESTIMADO (PSSE) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).

A) Genitores

Genitor	VFDC			PSSE		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
71029	1	20,20	1,00	1	0,09	1,00
101019	2	14,98	0,88	2	0,06	0,86
81019	3	10,57	0,77	3	0,04	0,76
101030	4	8,04	0,72	5	0,03	0,71
111031	5	5,98	0,67	4	0,04	0,76
111050	6	4,77	0,64	6	0,03	0,71
111021	7	2,89	0,60	7	0,01	0,62
111051	8	-2,17	0,48	8	0,00	0,57
111066	9	-4,43	0,42	9	-0,01	0,52
81105	10	-9,46	0,31	11	-0,05	0,33
111027	11	-9,63	0,30	10	-0,03	0,43
81097	12	-19,19	0,08	12	-0,09	0,14
81048	13	-22,55	0,00	13	-0,12	0,00



B) Cruzamentos

Cruzamentos	VFDC			PSSE		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
297	1	45,74	1,00	1	0,26	1,00
298	2	37,13	0,75	2	0,24	0,87
326	3	34,89	0,68	3	0,22	0,73
327	4	34,27	0,66	5	0,22	0,73
325	5	33,70	0,64	8	0,21	0,67
314	6	33,46	0,64	4	0,22	0,73
296	7	33,35	0,63	9	0,21	0,67
308	8	32,98	0,62	6	0,22	0,73
307	9	32,33	0,60	7	0,21	0,67
316	10	32,28	0,60	10	0,21	0,67
313	11	31,67	0,58	11	0,21	0,67
310	12	30,81	0,56	13	0,20	0,60
304	13	30,79	0,56	16	0,19	0,53
306	14	29,69	0,53	14	0,20	0,60
319	15	28,96	0,50	12	0,20	0,60
320	16	28,20	0,48	15	0,20	0,60
318	17	27,09	0,45	17	0,19	0,53
299	18	26,88	0,44	18	0,18	0,47
301	19	23,89	0,36	24	0,16	0,33
305	20	22,43	0,31	21	0,16	0,33
311	21	22,11	0,30	19	0,17	0,40
315	22	21,93	0,30	22	0,16	0,33
312	23	21,19	0,28	20	0,16	0,33
329	24	20,81	0,26	23	0,16	0,33
328	25	19,83	0,24	25	0,15	0,27
309	26	18,34	0,19	26	0,15	0,27
317	27	15,95	0,12	27	0,14	0,20
303	28	15,45	0,11	28	0,13	0,13
300	29	12,03	0,01	30	0,11	0,00
302	30	11,85	0,00	29	0,11	0,00

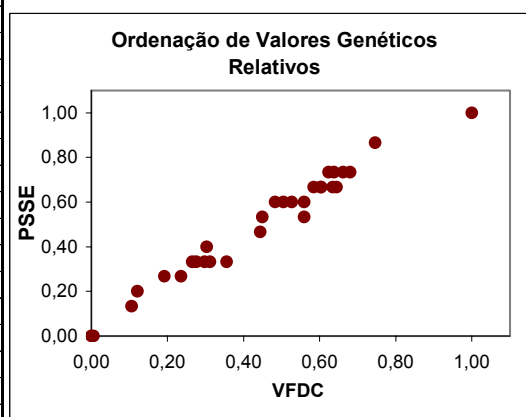
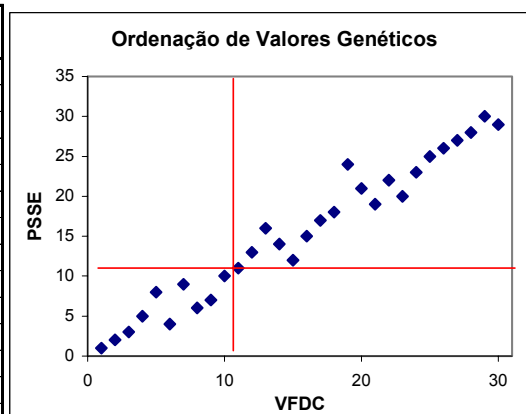
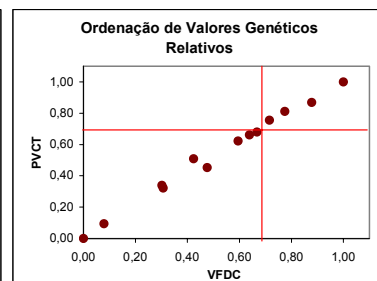
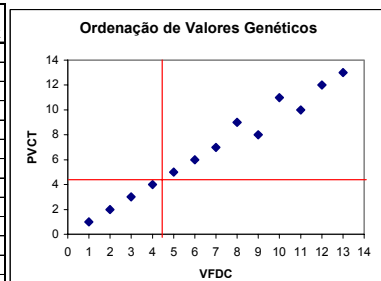


FIGURA 4.16 - RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DO PESO VERDE COMERCIAL COM CASCA (PVCT) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).

A) Genitores

Genitor	VFDC			PVCT		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
71029	1	20,20	1,00	1	0,24	1,00
101019	2	14,98	0,88	2	0,17	0,87
81019	3	10,57	0,77	3	0,14	0,81
101030	4	8,04	0,72	4	0,11	0,75
111031	5	5,98	0,67	5	0,07	0,68
111050	6	4,77	0,64	6	0,06	0,66
111021	7	2,89	0,60	7	0,04	0,62
111051	8	-2,17	0,48	9	-0,05	0,45
111066	9	-4,43	0,42	8	-0,02	0,51
81105	10	-9,46	0,31	11	-0,12	0,32
111027	11	-9,63	0,30	10	-0,11	0,34
81097	12	-19,19	0,08	12	-0,24	0,09
81048	13	-22,55	0,00	13	-0,29	0,00



B) Cruzamentos

Cruzamentos	VFDC			PVCT		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
297	1	45,74	1,00	1	0,70	1,00
298	2	37,13	0,75	2	0,59	0,73
326	3	34,89	0,68	3	0,58	0,71
327	4	34,27	0,66	4	0,58	0,71
325	5	33,70	0,64	5	0,57	0,68
314	6	33,46	0,64	6	0,56	0,66
296	7	33,35	0,63	8	0,55	0,63
308	8	32,98	0,62	7	0,56	0,66
307	9	32,33	0,60	9	0,55	0,63
316	10	32,28	0,60	11	0,54	0,61
313	11	31,67	0,58	10	0,54	0,61
310	12	30,81	0,56	13	0,52	0,56
304	13	30,79	0,56	15	0,52	0,56
306	14	29,69	0,53	12	0,53	0,59
319	15	28,96	0,50	14	0,52	0,56
320	16	28,20	0,48	16	0,51	0,54
318	17	27,09	0,45	17	0,50	0,51
299	18	26,88	0,44	18	0,47	0,44
301	19	23,89	0,36	19	0,43	0,34
305	20	22,43	0,31	20	0,43	0,34
311	21	22,11	0,30	21	0,41	0,29
315	22	21,93	0,30	24	0,41	0,29
312	23	21,19	0,28	22	0,41	0,29
329	24	20,81	0,26	23	0,41	0,29
328	25	19,83	0,24	25	0,40	0,27
309	26	18,34	0,19	26	0,38	0,22
317	27	15,95	0,12	27	0,36	0,17
303	28	15,45	0,11	28	0,32	0,07
300	29	12,03	0,01	30	0,29	0,00
302	30	11,85	0,00	29	0,29	0,00

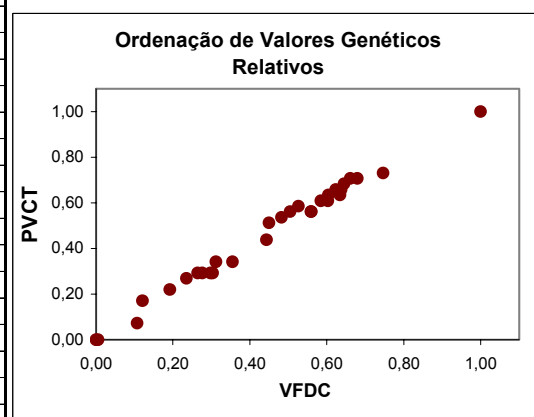
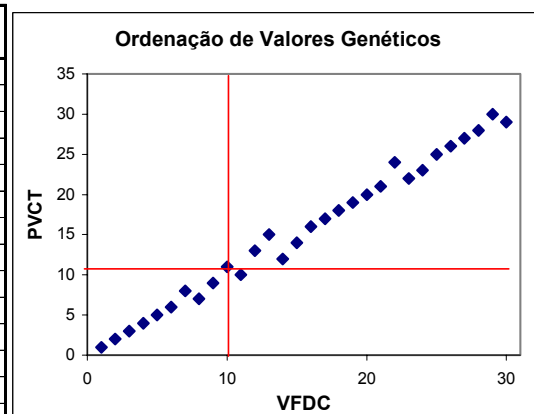
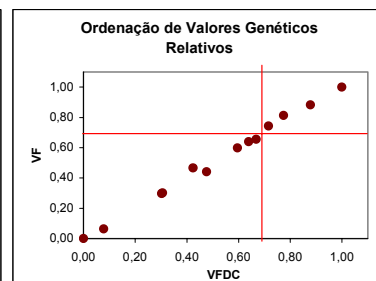
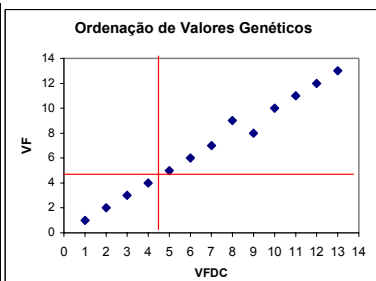


FIGURA 4.17 - RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DO VALOR FINACEIRO DA TORA COM BASE NO PESO VERDE COMERCIAL COM CASCA (VF) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).

A) Genitores

Genitor	VFDC			VF		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
71029	1	20,20	1,00	1	17,15	1,00
101019	2	14,98	0,88	2	12,89	0,88
81019	3	10,57	0,77	3	10,32	0,81
101030	4	8,04	0,72	4	7,78	0,74
111031	5	5,98	0,67	5	4,53	0,65
111050	6	4,77	0,64	6	3,98	0,64
111021	7	2,89	0,60	7	2,48	0,60
111051	8	-2,17	0,48	9	-3,31	0,44
111066	9	-4,43	0,42	8	-2,37	0,47
81105	10	-9,46	0,31	10	-8,42	0,30
111027	11	-9,63	0,30	11	-8,54	0,30
81097	12	-19,19	0,08	12	-17,07	0,06
81048	13	-22,55	0,00	13	-19,41	0,00



B) Cruzamentos

Cruzamentos	VFDC			VF		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
297	1	45,74	1,00	1	41,73	1,00
298	2	37,13	0,75	2	33,58	0,72
326	3	34,89	0,68	3	32,67	0,69
327	4	34,27	0,66	4	32,38	0,68
325	5	33,70	0,64	5	31,87	0,66
314	6	33,46	0,64	7	30,87	0,63
296	7	33,35	0,63	6	30,93	0,63
308	8	32,98	0,62	8	30,69	0,62
307	9	32,33	0,60	10	30,05	0,60
316	10	32,28	0,60	9	30,16	0,60
313	11	31,67	0,58	11	29,68	0,59
310	12	30,81	0,56	13	28,89	0,56
304	13	30,79	0,56	14	28,82	0,56
306	14	29,69	0,53	12	29,24	0,57
319	15	28,96	0,50	15	27,83	0,52
320	16	28,20	0,48	16	27,42	0,51
318	17	27,09	0,45	17	26,58	0,48
299	18	26,88	0,44	18	25,52	0,44
301	19	23,89	0,36	19	23,10	0,36
305	20	22,43	0,31	20	21,94	0,32
311	21	22,11	0,30	21	20,66	0,28
315	22	21,93	0,30	22	20,57	0,27
312	23	21,19	0,28	23	20,17	0,26
329	24	20,81	0,26	24	20,12	0,26
328	25	19,83	0,24	25	19,29	0,23
309	26	18,34	0,19	26	18,04	0,19
317	27	15,95	0,12	27	16,67	0,14
303	28	15,45	0,11	28	15,10	0,09
300	29	12,03	0,01	29	12,72	0,01
302	30	11,85	0,00	30	12,55	0,00

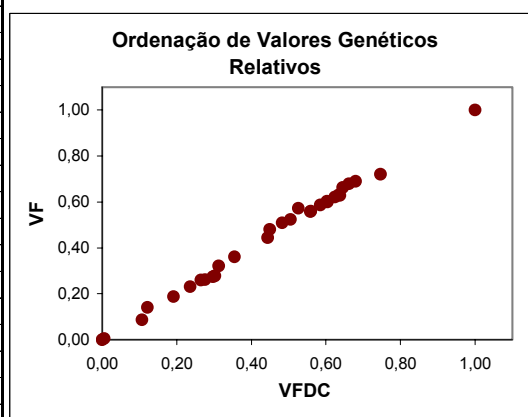
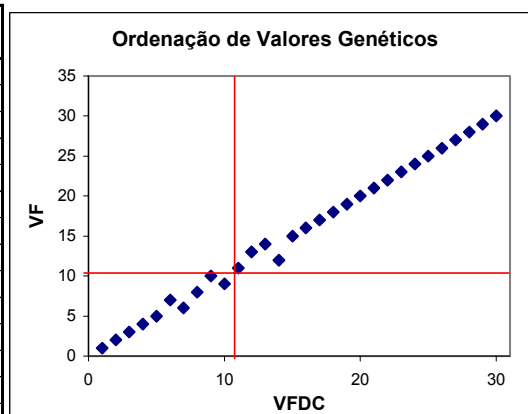
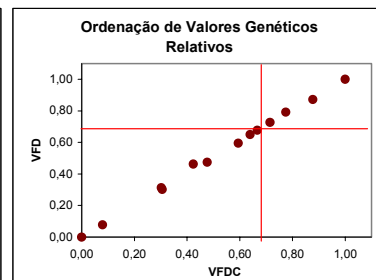
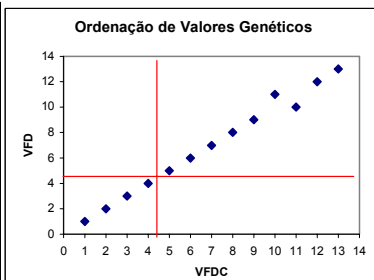


FIGURA 4.18 - RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DO VALOR FINANCEIRO DA TORA COM BASE NO PESO VERDE COMERCIAL COM CASCA E PRÊMIOS PARA DENSIDADE BÁSICA (VFD) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).

A) Genitores

Genitor	VFDC			VFD		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
71029	1	20,20	1,00	1	17,04	1,00
101019	2	14,98	0,88	2	12,39	0,87
81019	3	10,57	0,77	3	9,45	0,79
101030	4	8,04	0,72	4	7,04	0,73
111031	5	5,98	0,67	5	5,23	0,68
111050	6	4,77	0,64	6	4,22	0,65
111021	7	2,89	0,60	7	2,23	0,60
111051	8	-2,17	0,48	8	-2,20	0,47
111066	9	-4,43	0,42	9	-2,60	0,46
81105	10	-9,46	0,31	11	-8,52	0,30
111027	11	-9,63	0,30	10	-8,08	0,31
81097	12	-19,19	0,08	12	-16,65	0,08
81048	13	-22,55	0,00	13	-19,55	0,00



B) Cruzamentos

Cruzamentos	VFDC			VFD		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
297	1	45,74	1,00	1	41,42	1,00
298	2	37,13	0,75	2	34,13	0,75
326	3	34,89	0,68	3	32,64	0,70
327	4	34,27	0,66	4	32,15	0,68
325	5	33,70	0,64	5	31,41	0,65
314	6	33,46	0,64	6	31,36	0,65
296	7	33,35	0,63	8	30,83	0,63
308	8	32,98	0,62	7	30,85	0,63
307	9	32,33	0,60	10	30,29	0,61
316	10	32,28	0,60	9	30,29	0,61
313	11	31,67	0,58	11	29,67	0,59
310	12	30,81	0,56	12	28,89	0,56
304	13	30,79	0,56	14	28,53	0,55
306	14	29,69	0,53	13	28,74	0,56
319	15	28,96	0,50	15	28,10	0,54
320	16	28,20	0,48	16	27,43	0,51
318	17	27,09	0,45	17	26,33	0,48
299	18	26,88	0,44	18	25,40	0,44
301	19	23,89	0,36	19	22,78	0,35
305	20	22,43	0,31	20	21,81	0,32
311	21	22,11	0,30	21	21,46	0,31
315	22	21,93	0,30	22	21,06	0,29
312	23	21,19	0,28	23	20,73	0,28
329	24	20,81	0,26	24	20,46	0,27
328	25	19,83	0,24	25	19,37	0,23
309	26	18,34	0,19	26	18,22	0,19
317	27	15,95	0,12	27	16,75	0,14
303	28	15,45	0,11	28	15,56	0,10
300	29	12,03	0,01	30	12,62	0,00
302	30	11,85	0,00	29	12,73	0,00

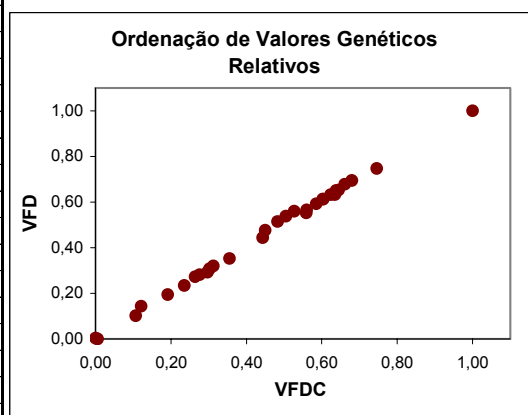
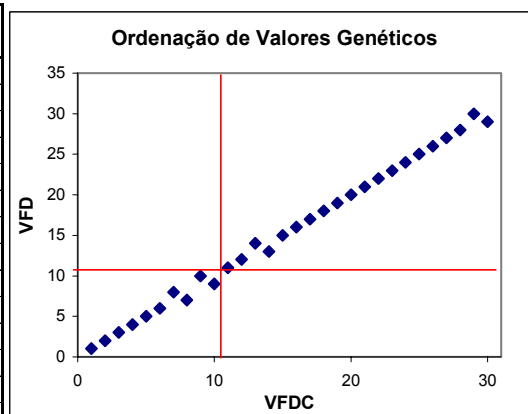
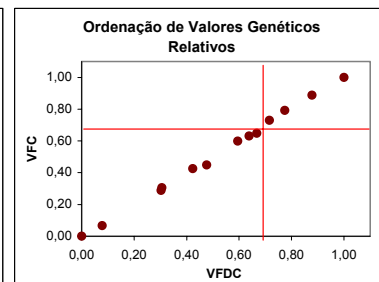
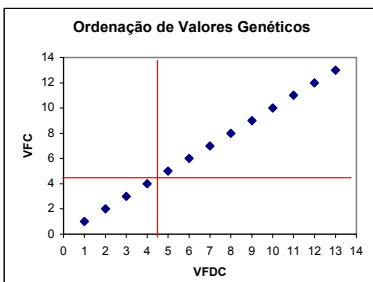


FIGURA 4.19 - RELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS (VG) DO VALOR FINANCEIRO DA TORA COM BASE NO PESO VERDE COMERCIAL COM CASCA E PRÊMIOS PARA VOLUME DE CASCA (VFC) EM RELAÇÃO E O VALOR COMERCIAL VFDC DE GENITORES (A) E CRUZAMENTOS (B).

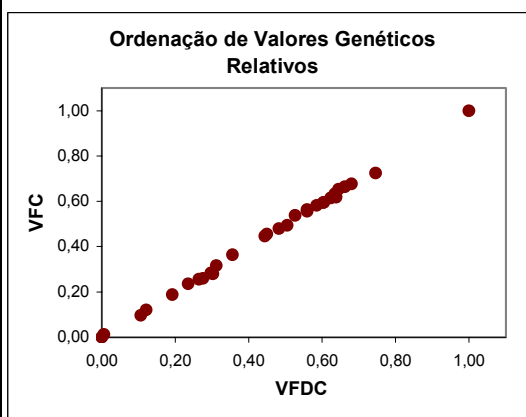
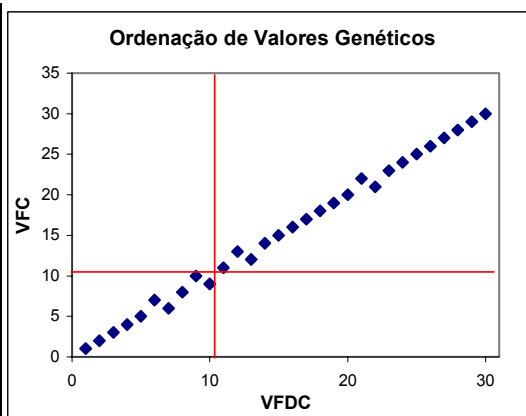
A) Genitores

Genitor	VFDC			VFC		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
71029	1	20,20	1,00	1	20,31	1,00
101019	2	14,98	0,88	2	15,49	0,89
81019	3	10,57	0,77	3	11,41	0,79
101030	4	8,04	0,72	4	8,78	0,73
111031	5	5,98	0,67	5	5,28	0,65
111050	6	4,77	0,64	6	4,53	0,63
111021	7	2,89	0,60	7	3,15	0,60
111051	8	-2,17	0,48	8	-3,26	0,45
111066	9	-4,43	0,42	9	-4,21	0,43
81105	10	-9,46	0,31	10	-9,35	0,31
111027	11	-9,63	0,30	11	-10,10	0,29
81097	12	-19,19	0,08	12	-19,61	0,07
81048	13	-22,55	0,00	13	-22,42	0,00



B) Cruzamentos

Cruzamentos	VFDC			VFC		
	Ordem	Vgc	Rank	Ordem	Vgc	Rank
297	1	45,74	1,00	1	46,06	1,00
298	2	37,13	0,75	2	36,59	0,72
326	3	34,89	0,68	3	34,93	0,68
327	4	34,27	0,66	4	34,51	0,66
325	5	33,70	0,64	5	34,16	0,65
314	6	33,46	0,64	7	32,96	0,62
296	7	33,35	0,63	6	33,45	0,63
308	8	32,98	0,62	8	32,82	0,62
307	9	32,33	0,60	10	32,10	0,59
316	10	32,28	0,60	9	32,14	0,60
313	11	31,67	0,58	11	31,67	0,58
310	12	30,81	0,56	13	30,81	0,56
304	13	30,79	0,56	12	31,08	0,56
306	14	29,69	0,53	14	30,18	0,54
319	15	28,96	0,50	15	28,69	0,49
320	16	28,20	0,48	16	28,18	0,48
318	17	27,09	0,45	17	27,33	0,46
299	18	26,88	0,44	18	27,00	0,45
301	19	23,89	0,36	19	24,20	0,36
305	20	22,43	0,31	20	22,56	0,32
311	21	22,11	0,30	22	21,31	0,28
315	22	21,93	0,30	21	21,45	0,28
312	23	21,19	0,28	23	20,63	0,26
329	24	20,81	0,26	24	20,48	0,26
328	25	19,83	0,24	25	19,76	0,24
309	26	18,34	0,19	26	18,16	0,19
317	27	15,95	0,12	27	15,85	0,12
303	28	15,45	0,11	28	14,99	0,10
300	29	12,03	0,01	29	12,13	0,01
302	30	11,85	0,00	30	11,67	0,00



4.3.2 Valor Comercial na Seleção Genética de Indivíduos

Os resultados apresentados são referentes às 15 principais variáveis, comparadas com a característica de valor econômico da árvore expressa em VFDC. As variáveis referentes às características de valor econômico, crescimento, densidade básica da madeira e teor de casca apresentaram magnitudes distintas de ganhos genéticos (Tabela 4.9). Esse resultado pode ser observado com 1% e 2% dos maiores valores genéticos nos testes.

A densidade média da árvore (DENSE) e a redução da quantidade de casca na árvore (CVOLE-Menor) foram as únicas que não apresentaram ganhos genéticos mediante seleção indireta, com base em VFDC. A DENSE foi reduzida em 2% quando 1% dos indivíduos com os maiores VFDC foram selecionados. Este resultado confirma a hipótese de que seleções para características de crescimento ou de valor comercial não implicam em reduções significativas da densidade básica da madeira. Outra observação sobre este resultado é que a densidade básica média da árvore não influenciou o valor comercial VFDC. A bonificação pela maior densidade da madeira ocorreu somente para indivíduos com valores genéticos maiores que um desvio padrão em torno da média. A pequena variação da DENSE nessa população, associada à proporção do seu impacto no valor da árvore, não permitiu que essa variável fosse efetiva na seleção genética para valores comerciais. A compensação proporcional do ganho em DENSE por aumentar a quantidade de matéria seca não é tão expressiva quanto o impacto da agregação de maior quantidade de madeira produzida.

Em relação às seleções pelo CVOLE-Menor, ao contrário da redução de 47% na quantidade de casca (indivíduos com 1% dos maiores VG) ou 41% (indivíduos com 2% dos maiores VG), as seleções com base em VFDC resultaram em ganho genético em redução no volume de casca de 52% e 36%, respectivamente. Apesar do CVOLE-Menor ser inversamente proporcional a produção de madeira, a incorporação de prêmios nos valores comerciais das árvores para indivíduos com menores quantidades de casca (VFC e VFDC) propiciou um aumento na magnitude dos ganhos genéticos. Isso demonstra que, indivíduos, mesmo com valores genéticos elevados nas características de crescimento, ainda poderão ser

compensados, economicamente, quando alcançarem prêmios pela redução na quantidade de casca.

TABELA 4.9 - GANHOS GENÉTICOS MÉDIOS NAS PRINCIPAIS CARACTERÍSTICAS COM SELEÇÃO DIRETA E COM SELEÇÃO PELO VFDC.

A) Referente à seleção de 1% dos indivíduos com os maiores valores genéticos (28 árvores)

Variáveis Selecionadas	Média geral	1% dos indivíduos selecionados (direta)		1% dos indivíduos selecionados pelo VFDC	
		Média	Ganho Genético (%)	Média	Ganho Genético (%)
VFDC	R\$ 30.99	R\$ 62.91	103.0	R\$ 62.91	103.0
VF	R\$ 29.21	R\$ 57.15	95.6	R\$ 57.05	95.3
VFC	R\$ 30.91	R\$ 63.83	106.5	R\$ 63.72	106.2
VFD	R\$ 29.30	R\$ 57.15	95.1	R\$ 56.23	91.9
VOLCG	0.57 m ³	0.95 m ³	66.4	0.95 m ³	66.4
VOLSE	0.51 m ³	0.85 m ³	67.1	0.85 m ³	67.1
PSSE	0.209 t	0.335 t	60.4	0.33 t	58.0
PVCT	0.53 t	0.88 t	66.8	0.88 t	66.8
VCC	1.34 m ³	2.22 m ³	65.2	2.22 m ³	64.8
VCS	1.24 m ³	2.06 m ³	65.9	2.06 m ³	65.6
PSC	0.546 t	0.861 t	57.8	0.86 t	57.5
CVOLE-Menor	0.062 m ³	0.033 m ³	47.0	0.03 m ³	51.8
DAPS	24.42 cm	31.30 cm	28.2	30.58 cm	25.2
DAP	25.44 cm	32.49 cm	27.7	32.41 cm	27.4
DENSA	0.409 g.cm ⁻³	0.450 g.cm ⁻³	10.0	0.40 g.cm ⁻³	-2.3
ALT	25.05 m	26.88 m	7.3	26.37 m	5.3

B) Referente à seleção de 2% dos indivíduos com os maiores valores genéticos (56 árvores)

Variáveis Selecionadas	Média geral	2% dos indivíduos selecionados (direta)		2% dos indivíduos selecionados pelo VFDC	
		Média	Ganho Genético (%)	Média	Ganho Genético (%)
VFDC	R\$ 30.99	R\$ 59.44	91.8	R\$ 59.44	91.8
VF	R\$ 29.21	R\$ 54.04	85.0	R\$ 54.00	84.8
VFC	R\$ 30.91	R\$ 60.28	95.0	R\$ 60.24	94.9
VFD	R\$ 29.30	R\$ 54.04	84.4	R\$ 53.18	81.5
VOLCG	0.57 m ³	0.91 m ³	59.4	0.91 m ³	59.4
VOLSE	0.51 m ³	0.82 m ³	61.2	0.82 m ³	61.2
PSSE	0.209 t	0.322 t	54.1	0.32 t	53.2
PVCT	0.53 t	0.84 t	59.2	0.84 t	59.2
VCC	1.34 m ³	2.13 m ³	58.5	2.13 m ³	58.3
VCS	1.24 m ³	1.98 m ³	59.2	1.97 m ³	58.9
PSC	0.546 t	0.830 t	52.1	0.83 t	51.2
CVOLE-Menor	0.062 m ³	0.037 m ³	40.6	0.04 m ³	35.8
DAPS	24.42 cm	30.64 cm	25.5	31.24 cm	28.0
DAP	25.44 cm	31.79 cm	25.0	31.73 cm	24.7
DENSA	0.409 g.cm ⁻³	0.446 g.cm ⁻³	9.0	0.40 g.cm ⁻³	-2.3
ALT	25.05 m	26.79 m	7.0	26.35 m	5.2

Os valores econômicos (VF, VFD, VFC e VFDC) foram as que expressaram as maiores magnitudes de ganhos genéticos. Estas estimativas foram maiores que

95% da seleção de 1% dos indivíduos com os maiores VG e maior que 84% na seleção de 2% dos maiores VG. Valores menores de ganhos genéticos foram estimados nas variáveis compostas usadas para a quantificação do crescimento (VOLCG, VOLSE, PSSE, PVCT, VCC, VCS e PSC). Com 1% dos indivíduos selecionados, foram estimados ganhos genéticos variando de 58% a 67% e entre 52% e 61% com a seleção de 2% dos indivíduos. Esses resultados mostram que o ganho genético obtido é normalmente subestimado, quando expresso apenas em crescimento volumétrico ou peso da árvore. Esse impacto é ainda mais subestimado quando variáveis simples como DAP e DAPS são as únicas utilizadas na quantificação de ganhos com seleção. Seleções com base nessas variáveis apresentaram estimativas de ganhos genéticos de 28% usando-se os melhores 1% e em torno de 25% com os melhores 2%. Como base nessas evidências, pode-se dizer que a seleção de 1% dos indivíduos, objetivando a composição de um pomar clonal de sementes, propiciará um ganho genético de 28% em DAP e 66% em volume (VOLCG) ou 103% em valor comercial da árvore expresso em VFDC na progênie. Portanto, os 28 indivíduos selecionados que comporão o grupo de 1% dos maiores VG gerarão progênies com ganhos adicionais de 8,37 cm no DAP (33%) ou 0,43 m³ no volume verde com casca por árvore (75%) ou R\$33,92 por árvore (109%). A variável VFDC, além de apresentar os mesmos indivíduos selecionados, mensura também o impacto real de ganho econômico no processo de seleção genética de árvores.

A variável VFDC foi a que descreveu mais completamente o valor comercial de uma árvore. Assim, ela foi utilizada como base de comparação na determinação da eficiência da seleção individual com base nas demais variáveis (Tabela 4.10). Desses indivíduos selecionados, os 28 com os maiores valores genéticos individuais representaram 1% e 56 representaram 2% de árvores vivas nos quatro testes avaliados (Tabela 4.11). Os primeiros 28 indivíduos poderão ser introduzidos em pomares clonais de sementes de 3^a geração para obtenção de ganhos genéticos maiores que 100% em valores comerciais de suas progênies. Com a inclusão do segundo grupo de 28 indivíduos, esse ganho ficaria em torno de 90% na implantação de um banco de melhoramento para composição da população de melhoramento.

TABELA 4.10 - GANHO GENÉTICO EM VFDC E DESVIOS DOS INDIVÍDUOS SELECIONADOS (1% E 2% DOS MAIORES VG) EM *PINUS TAEDA* PARA AS PRINCIPAIS CARACTERÍSTICAS ESTUDADAS.

Característica para Seleção	Referente a 1% dos indivíduos selecionados para cada característica			Referente a 2% dos indivíduos selecionados para cada característica		
	Média de VG em VFDC (R\$)	Ganho Genético em VFDC (%) ¹	Desvio dos Ganhos (%)	Média de VG em VFDC (R\$)	Ganho Genético em VFDC (%) ¹	Desvio dos Ganhos (%)
VFDC	62.91	103.0	0.0	59.44	91.8	0.0
VF	62.74	102.4	-0.5	59.34	91.5	-0.3
VFC	62.88	102.9	-0.1	59.40	91.7	-0.1
VFD	62.87	102.9	-0.1	59.39	91.6	-0.2
VOLCG	62.81	102.7	-0.3	59.41	91.7	-0.1
VOLSE	62.87	102.9	-0.1	59.37	91.6	-0.2
PSSE	62.79	102.6	-0.4	59.20	91.0	-0.8
PVCT	62.81	102.7	-0.3	59.41	91.7	-0.1
VCC	62.84	102.8	-0.2	59.41	91.7	-0.1
VCS	62.68	102.2	-0.7	59.33	91.4	-0.4
PSC	62.36	101.2	-1.8	59.05	90.5	-1.3
CVOLE-Menor	14.44	-53.4	-156.4	16.18	-47.8	-139.6
DAPS	62.54	101.8	-1.2	59.16	90.9	-0.9
DAP	62.65	102.1	-0.8	59.26	91.2	-0.6
DENSA	26.60	-14.2	-117.2	27.72	-10.6	-102.3
ALT	45.48	46.7	-56.2	45.24	46.0	-45.8

¹ Em relação à média geral de R\$ 30.99

Os indivíduos selecionados (1% e 2% dos maiores VG) para DENSA e CVOLE-Menor não proporcionaram ganhos genéticos em VFCD. A seleção pela DENSA resultou em perda em VFDC da ordem de 14,2% e 10,6% nos grupos de indivíduos selecionados a 1% e 2% dos maiores valores genéticos, respectivamente. A seleção pela CVOLE-Menor resultou em perdas em VFDC de 53,4% e 47,8% nos grupos de 1% e 2% dos indivíduos com maiores VG, respectivamente. Apesar de haver redução de ganhos genéticos em VFDC com seleções pelo CVOLE-Menor e DENSA, somente CVOLE-Menor está negativamente correlacionado com VFDC. A DENSA implica em reduções menores em ganho genético, pois não apresentou padrão de dispersão aleatório quando correlacionada com VFDC. Esses resultados mostram que o ganho genético em valor comercial de uma árvore, expresso em VFDC, ficaria comprometido ao se utilizar a DENSA ou o CVOLE-Menor como principais critérios de seleção. Contudo, alguns indivíduos selecionados a 1% e 2% dos maiores valores genéticos em VFDC apresentaram ganhos genéticos em DENSA e na redução do teor de casca (CVOLE-Menor). Portanto, DENSA e CVOLE-Menor poderiam ser utilizados como segundo critério de seleção, caso exista interesse comercial na melhoria dessas características.

TABELA 4.11 - VALORES GENÉTICOS INDIVIDUAIS DAS ÁRVORES SELECIONADAS, REPRESENTANDO 1% E 2% DE TODAS AS ÁRVORES VIVAS NO TESTE.

Indivíduo	Posição	VFDC	ALT	DAP	DAPS	VCC	VCS	PSC	DENSA	VOLCG	VOLSE	CVOLE	PSSE	PVCT	VF	VFD	VFC
327343	1%	71,93	26,79	33,06	31,83	24,22	22,47	9,51	0,41	1,04	0,93	0,11	0,37	0,96	63,86	64,65	71,26
297116	1%	68,83	26,73	33,87	32,58	24,02	22,00	8,91	0,39	1,03	0,92	0,11	0,35	0,95	62,75	61,70	69,84
297321	1%	68,51	26,26	33,98	32,89	24,12	22,63	9,02	0,39	1,04	0,93	0,10	0,35	0,96	63,36	60,39	71,31
297366	1%	68,04	26,27	33,57	32,60	23,46	22,19	9,32	0,41	1,01	0,91	0,10	0,36	0,93	61,35	60,32	69,06
298312	1%	67,95	26,41	32,75	31,51	23,33	21,63	9,19	0,42	1,00	0,90	0,10	0,36	0,92	61,69	60,84	68,71
297312	1%	66,52	26,30	33,19	32,02	22,99	21,42	8,64	0,39	0,99	0,88	0,10	0,34	0,91	60,04	59,05	67,49
297111	1%	65,95	26,37	33,41	31,94	23,08	20,91	8,91	0,41	0,99	0,88	0,11	0,35	0,92	59,98	58,95	66,95
297265	1%	65,62	26,72	32,73	31,66	22,89	21,47	8,70	0,39	0,98	0,88	0,10	0,34	0,91	59,54	58,60	66,53
297313	1%	65,06	26,40	32,80	31,63	22,53	20,97	8,78	0,40	0,97	0,87	0,10	0,34	0,89	58,65	57,73	65,97
297114	1%	64,54	26,59	33,01	31,72	22,58	20,67	8,56	0,40	0,97	0,86	0,10	0,34	0,89	58,63	57,77	65,38
297233	1%	64,17	26,16	32,81	31,61	22,33	20,74	8,56	0,40	0,96	0,86	0,10	0,33	0,89	58,17	57,32	65,00
297414	1%	64,00	26,15	33,07	31,89	22,63	21,05	8,44	0,39	0,97	0,87	0,10	0,33	0,90	59,03	56,51	66,39
297442	1%	63,28	25,93	32,60	31,54	21,80	20,41	8,39	0,40	0,94	0,84	0,09	0,33	0,87	56,97	56,09	64,15
296115	1%	61,81	26,62	32,08	31,08	22,43	20,91	8,50	0,40	0,96	0,86	0,10	0,33	0,89	57,13	56,00	62,87
297111	1%	61,81	26,27	32,55	31,10	21,87	19,83	8,24	0,40	0,94	0,83	0,10	0,33	0,87	55,87	55,16	62,52
296314	1%	61,62	26,42	31,89	30,79	22,12	20,70	8,62	0,41	0,95	0,85	0,09	0,33	0,88	56,26	55,17	62,66
325313	1%	61,58	26,42	32,00	31,06	22,17	20,96	8,22	0,39	0,95	0,86	0,09	0,32	0,88	56,74	55,48	62,81
297115	1%	61,04	26,60	32,33	31,23	21,80	20,22	8,38	0,40	0,93	0,84	0,10	0,33	0,86	55,28	54,51	61,81
327365	1%	60,96	26,68	31,74	30,54	21,65	20,08	8,34	0,40	0,93	0,83	0,10	0,32	0,86	55,29	54,38	61,86
326334	1%	60,10	25,84	31,99	30,95	21,33	19,95	8,51	0,41	0,92	0,82	0,09	0,33	0,85	55,05	54,18	60,94
297424	1%	59,54	25,58	32,33	31,15	20,90	19,40	8,35	0,41	0,90	0,80	0,09	0,32	0,83	53,47	52,77	60,26
297112	1%	59,37	26,52	32,12	30,59	21,27	19,17	8,09	0,40	0,91	0,81	0,10	0,32	0,84	53,67	53,03	60,00
307425	1%	58,67	26,33	31,66	30,37	21,47	19,73	8,50	0,42	0,92	0,82	0,10	0,33	0,85	54,29	53,36	59,54
297333	1%	58,29	26,21	31,67	30,33	20,74	19,02	8,16	0,41	0,89	0,79	0,10	0,32	0,82	52,18	51,59	58,91
307443	1%	58,28	26,01	31,21	30,11	20,63	19,21	8,84	0,44	0,88	0,79	0,09	0,34	0,82	52,25	53,28	57,35
298323	1%	58,19	26,46	31,03	29,95	20,64	19,26	8,34	0,42	0,88	0,79	0,09	0,32	0,82	52,31	51,92	58,55
297341	1%	57,88	26,50	31,17	30,06	20,49	19,08	8,09	0,40	0,88	0,79	0,09	0,31	0,81	51,83	51,13	58,59
306363	1%	57,84	26,82	30,84	30,03	20,78	19,77	8,48	0,41	0,89	0,80	0,08	0,32	0,82	51,88	52,49	57,36
298316	2%	57,82	26,03	31,19	30,03	20,44	18,97	8,16	0,42	0,88	0,78	0,09	0,32	0,81	52,10	51,71	58,18
298431	2%	57,76	26,50	30,84	29,71	20,66	19,20	8,13	0,41	0,88	0,79	0,09	0,32	0,82	52,21	51,78	58,14
297311	2%	57,75	26,44	31,48	30,19	20,67	19,03	8,02	0,40	0,88	0,79	0,09	0,31	0,82	51,74	51,14	58,38
297316	2%	57,58	26,37	31,63	30,50	20,82	19,37	7,80	0,39	0,89	0,80	0,09	0,31	0,82	52,70	50,76	59,43
320235	2%	57,50	26,62	31,11	29,75	21,10	19,29	8,23	0,41	0,90	0,80	0,10	0,32	0,83	53,35	52,50	58,30
296366	2%	57,41	26,65	30,89	29,59	20,76	19,09	7,85	0,40	0,89	0,79	0,09	0,31	0,82	52,27	51,35	58,30
297244	2%	56,66	26,17	31,48	30,55	20,54	19,37	7,89	0,39	0,88	0,79	0,09	0,31	0,81	51,95	50,30	58,23
297113	2%	56,56	26,48	31,73	30,43	20,73	18,95	7,57	0,38	0,89	0,79	0,10	0,30	0,82	51,94	50,28	58,13
327334	2%	56,33	26,39	31,08	30,08	20,48	19,22	8,03	0,40	0,88	0,79	0,09	0,31	0,81	51,00	50,30	57,04
325446	2%	56,33	25,92	31,14	29,96	20,45	18,93	7,65	0,39	0,88	0,78	0,09	0,30	0,81	51,87	50,77	57,41
297421	2%	56,32	26,14	31,28	30,29	20,11	18,86	8,24	0,41	0,86	0,77	0,09	0,32	0,80	49,41	50,03	55,82
297346	2%	56,20	25,83	31,25	30,22	19,99	18,71	7,67	0,39	0,86	0,77	0,09	0,30	0,79	50,24	49,62	56,85
327113	2%	55,84	26,55	31,00	29,66	20,34	18,51	7,74	0,40	0,87	0,77	0,10	0,30	0,80	50,86	50,22	56,46
297115	2%	55,76	26,02	31,70	30,30	20,37	18,54	7,83	0,40	0,87	0,78	0,10	0,31	0,81	50,18	49,61	56,35
320446	2%	55,75	27,33	30,23	29,21	20,67	19,32	8,12	0,41	0,88	0,79	0,09	0,31	0,81	51,35	50,50	56,56
298116	2%	55,72	26,57	30,99	29,76	20,49	18,75	8,03	0,42	0,88	0,78	0,09	0,31	0,81	50,67	50,26	56,07
298114	2%	55,62	26,56	30,91	29,98	20,39	19,07	8,24	0,42	0,87	0,78	0,09	0,32	0,81	50,48	50,13	55,92
298425	2%	55,48	26,38	30,39	29,25	19,63	18,20	8,44	0,44	0,84	0,75	0,09	0,32	0,78	48,70	49,86	54,41
306335	2%	55,22	26,65	30,60	29,69	20,37	19,20	8,00	0,40	0,87	0,78	0,08	0,31	0,80	50,92	49,95	56,18
304334	2%	55,20	25,38	31,07	29,88	20,53	19,01	7,32	0,39	0,88	0,79	0,09	0,29	0,81	52,51	49,37	58,15
297112	2%	55,16	26,36	31,57	30,35	20,55	18,88	7,80	0,39	0,88	0,78	0,09	0,31	0,81	50,49	48,98	56,61
326326	2%	55,11	25,96	31,07	30,04	20,04	18,73	7,82	0,40	0,86	0,77	0,09	0,30	0,79	50,11	49,46	55,77
325116	2%	54,94	25,51	31,39	30,21	19,98	18,37	7,85	0,41	0,86	0,76	0,09	0,31	0,79	49,70	50,17	54,56
327344	2%	54,78	26,86	30,37	29,26	20,05	18,64	7,81	0,40	0,86	0,77	0,09	0,30	0,79	49,55	48,79	55,54
297336	2%	54,69	26,67	31,09	29,97	20,36	18,95	7,76	0,39	0,87	0,78	0,09	0,30	0,80	49,74	48,15	56,23
327331	2%	54,66	26,64	30,54	29,46	19,95	18,60	7,88	0,41	0,85	0,76	0,09	0,30	0,79	49,42	48,79	55,30
304236	2%	54,64	25,56	30,51	29,46	19,95	18,67	7,28	0,39	0,85	0,77	0,09	0,29	0,79	50,88	49,60	55,87
314225	2%	54,53	26,73	30,88	29,82	20,32	18,96	8,01	0,41	0,87	0,78	0,09	0,31	0,80	49,98	49,55	54,92

Os melhores indivíduos selecionados para altura do fuste (ALT) resultaram em perda de 56,2% (1% dos maiores VG) e 45,8% (2% dos maiores VG) em relação ao ganho genético obtido com os indivíduos selecionados com base em VFDC (103%).

Com exceção de seleções com base em DENSA, CVOLE-Menor e ALT, as reduções em ganhos genéticos com a seleção de 1% ou 2% dos indivíduos com os maiores VG nos testes foram, em sua maioria, inferiores a 1% em relação as seleções feitas em VFDC. Esses resultados mostram que, mesmo seleções com base em variáveis simples como DAP propiciarão os mesmos ganhos genéticos nas

características de valor comercial como o VFDC. Contudo, ganhos econômicos somente não serão subestimados quando, além do DAP, houver informações sobre ALT, DENSA CVOLE e equações que possibilitem a simulação da produtividade de múltiplos produtos de árvores no teste.

4.4 INTERAÇÃO GENÉTICA E ESTABILIDADE DE PERFORMANCE ENTRE LOCAIS PARA AS CARACTERÍSTICAS DE INTERESSE

4.4.1 Correlações Genéticas e Grupamentos Entre Locais

De forma geral, houve uma alta correlação genética aditiva (r_{Bg}) nas principais características estudadas (Tabela 4.12). Coeficientes de correlação entre locais, maiores que 0,90, foram estimadas para a maioria das características entre os locais 1 (Bishop), 2 (Banco de Areia) e 3 (São João do Triunfo).

TABELA 4.12 - CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE LOCAIS PARA AS 16 CARACTERÍSTICAS ESTUDADAS EM PROGÊNIES DE *PINUS TAEDA*.

Característica	Locais 1-2	Locais 1-3	Locais 1-4	Locais 2-3	Locais 2-4	Locais 3-4
ALT	0,89	0,91	0,73	0,97	0,72	0,83
DAP	0,96	0,95	0,89	0,95	0,86	0,86
DAPS	0,97	0,95	0,89	0,96	0,86	0,86
VCC	0,94	0,94	0,89	0,96	0,85	0,86
VCS	0,95	0,94	0,89	0,96	0,85	0,86
PSC	0,95	0,93	0,87	0,95	0,82	0,80
DENSA	0,88	0,92	0,87	0,90	0,84	0,81
VOLCG	0,88	0,92	0,87	0,90	0,84	0,81
VOLSE	0,95	0,94	0,89	0,96	0,84	0,85
CVOLE	0,90	0,86	0,77	0,90	0,81	0,79
PSSE	0,95	0,92	0,86	0,94	0,79	0,80
PVCT	0,94	0,94	0,88	0,95	0,85	0,87
VF	0,94	0,93	0,88	0,95	0,85	0,86
VFD	0,94	0,93	0,87	0,95	0,84	0,85
VFC	0,93	0,92	0,87	0,94	0,84	0,86
VFDC	0,93	0,92	0,87	0,93	0,84	0,85

Local 1: Bishop

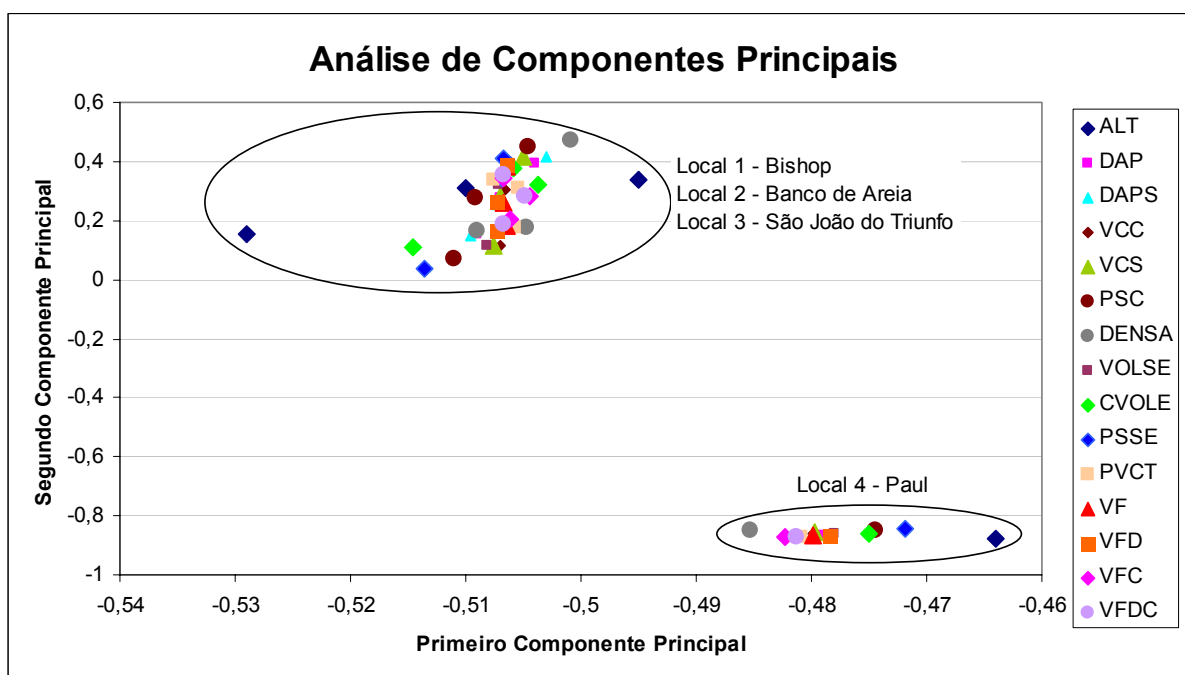
Local 2: Banco de Areia

Local 3: São João do Triunfo

Local 4: Paul

Correlações entre esses e o local 4 (Paul) foram menores que 0,90, com médias em torno de 0,85 (Figura 4.20). Os valores genéticos de famílias em todos os locais puderam ser divididos em dois grupos de similaridade. Essa distinção está relacionada às diferenças edafo-climáticas e não à falta de representação de algumas progênies no local 4 (Paul), visto que a análise de componentes principais é realizada com dados balanceados. Portanto, recomenda-se a implantação de testes para seleção de genótipos e famílias em apenas duas regiões que representem esses quatro locais. Devido à estabilidade de performance das melhores famílias nos locais 1, 2 e 3, apenas um teste genético seria implantado na região abrangendo esses locais.

FIGURA 4.20 - ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS DOS QUATRO LOCAIS UTILIZANDO VALORES GENÉTICOS EM NÍVEL DE CRUZAMENTOS DAS 16 PRINCIPAIS CARACTERÍSTICAS AVALIADAS EM PROGÊNIES DE *PINUS TAEDA*.

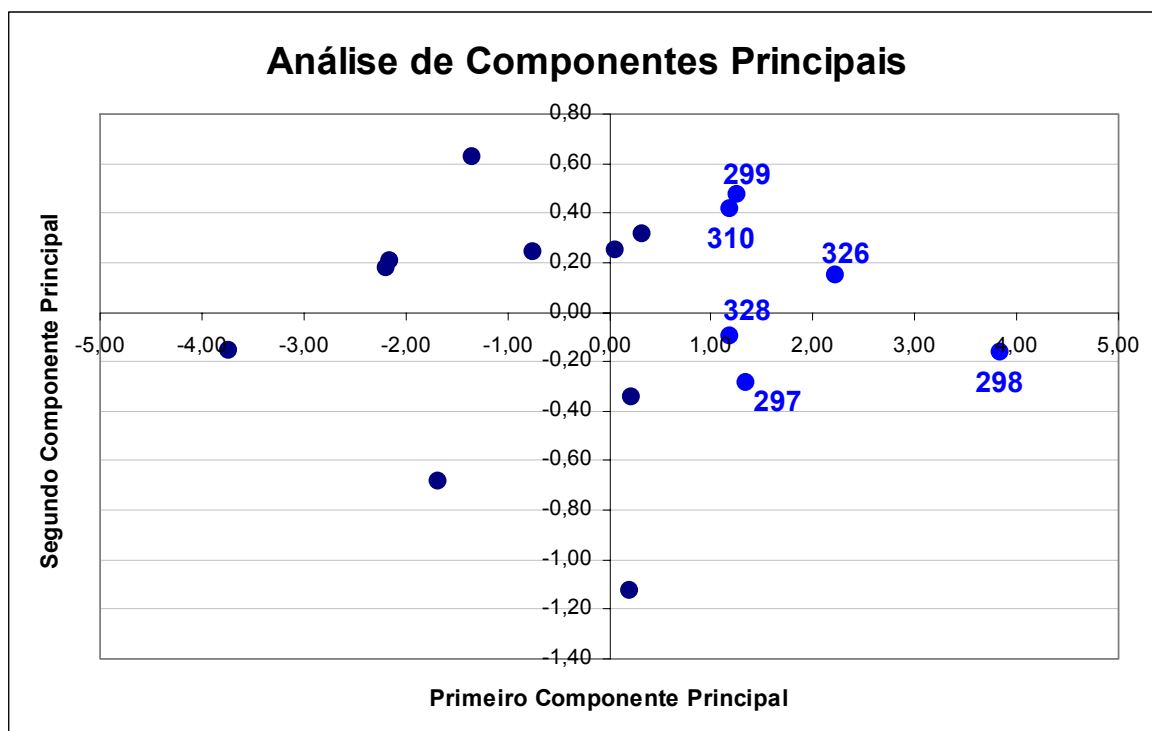


4.4.2 Performance e Estabilidade de Famílias Entre Locais

A avaliação da estabilidade de performance das nos 4 locais foi realizada somente das famílias representadas em toda a rede experimental. Essa estabilidade foi estimada quanto à característica de valor comercial (VFDC) que melhor

representa o impacto econômico da seleção genética. A análise de componentes principais (Figura 4.21) mostrou pela dispersão de estabilidade, que as famílias com as melhores performances em todos os locais resultaram dos cruzamentos 298 (07-1029x11-1051) e 326 (10-1030x11-1031). As famílias resultantes desses cruzamentos apresentaram os maiores valores para o primeiro componente principal nessa análise de múltiplos locais. A análise de componentes principais indicou também as famílias 297, 299, 310 e 328 como tendo estabilidade de performance superior nos 4 locais. Desses cruzamentos, três dos melhores foram obtidos com a matriz 07-1026, indicando-a como o melhor genitor na geração de progênes com alta performance em VFDC, por apresentar, também, estabilidade nos quatro locais.

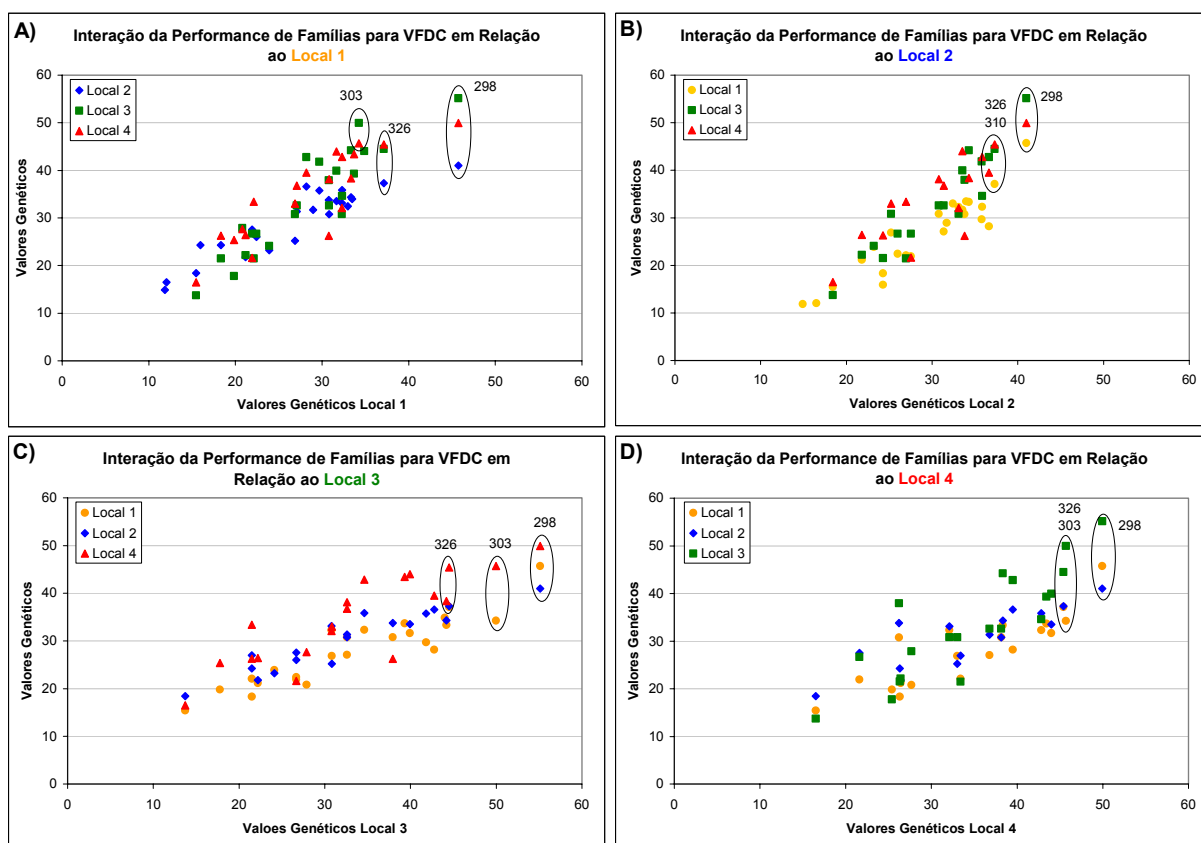
FIGURA 4.21 - ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS UTILIZANDO VALORES GENÉTICOS DE VFDC NA AVALIAÇÃO DE PERFORMANCE E ESTABILIDADE DE FAMÍLIAS DE IRMÃOS-COMPLETOS DE *PINUS TAEDA* PRESENTES EM QUATRO LOCAIS. APENAS OS CRUZAMENTOS COM PERFORMANCE SUPERIOR ESTÁVEIS ESTÃO INDICADOS.



Apesar da família 303 não ter sido incluída na análise de componentes principais, por não estar presente em todos os locais, a média de seus valores genéticos aditivos em VFDC nos locais testados foi ligeiramente maiores que os

observados na família 326 (R\$43,31 e R\$42,35). Essas famílias alcançaram 86% da performance obtida pelo melhor cruzamento (família 298), com valor genético aditivo médio de R\$47,96. Além da alta performance e estabilidade em três locais a família 303 foi a superior às progênies advindas dos cruzamentos 298 e 326 (Figura 4.22). As famílias com as melhores performances subseqüentes no ordenamento geral (famílias 317, 309, 297, 299, 328, 310, 313 e 301) revelaram valores genéticos aditivos em VFDC maiores que R\$40,00. Isso é aproximadamente 77% do valor genético médio obtido pela família 298 em todos os locais.

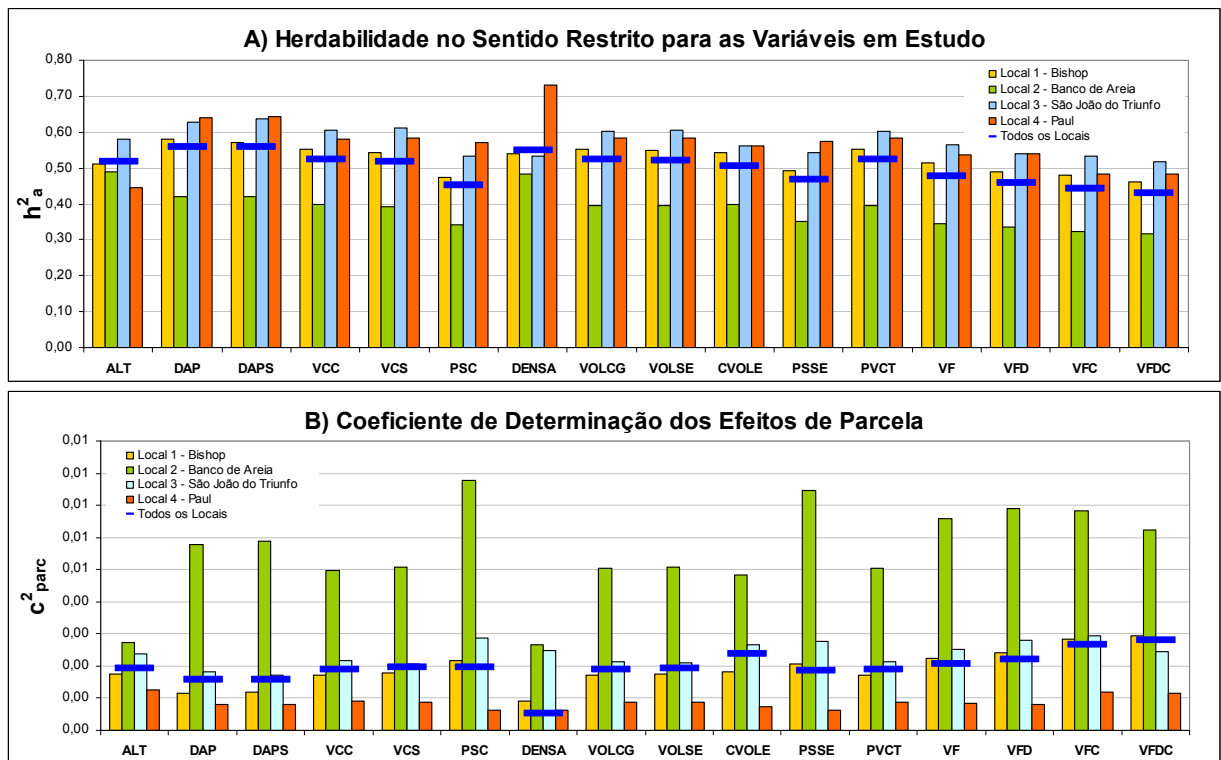
FIGURA 4.22 - INTERAÇÃO ENTRE LOCAIS NA PERFORMANCE DE FAMÍLIAS DE *PINUS TAEDA* PELOS VALORES GENÉTICOS DO VFDC EM RELAÇÃO: A) LOCAL 1 OU BISHOP; B) LOCAL 2 OU BANCO DE AREIA; C) LOCAL 3 OU SÃO JOÃO DO TRIUNFO; D) LOCAL 4 OU PAUL. OS PONTOS INDICADOS PELO CONTOURO ENGLOBALAM AS FAMÍLIAS QUE PROPICIARAM OS MAIORES GANHOS E ESTABILIDADE ENTRE LOCAIS.



4.4.3 Variação dos Parâmetros Genéticos Entre Locais

No local 3, São João do Triunfo, foram observados os menores valores de herdabilidade e os maiores coeficientes de determinação dos efeitos de parcela as 16 características selecionadas (Figura 4.23). Os demais locais apresentaram variações semelhantes nos parâmetros genéticos avaliados.

FIGURA 4.23 - VARIACAO ENTRE LOCAIS DAS PRINCIPAIS CARACTERÍSTICAS ESTUDADAS NOS TESTES GENÉTICOS DE *PINUS TAEDA*.

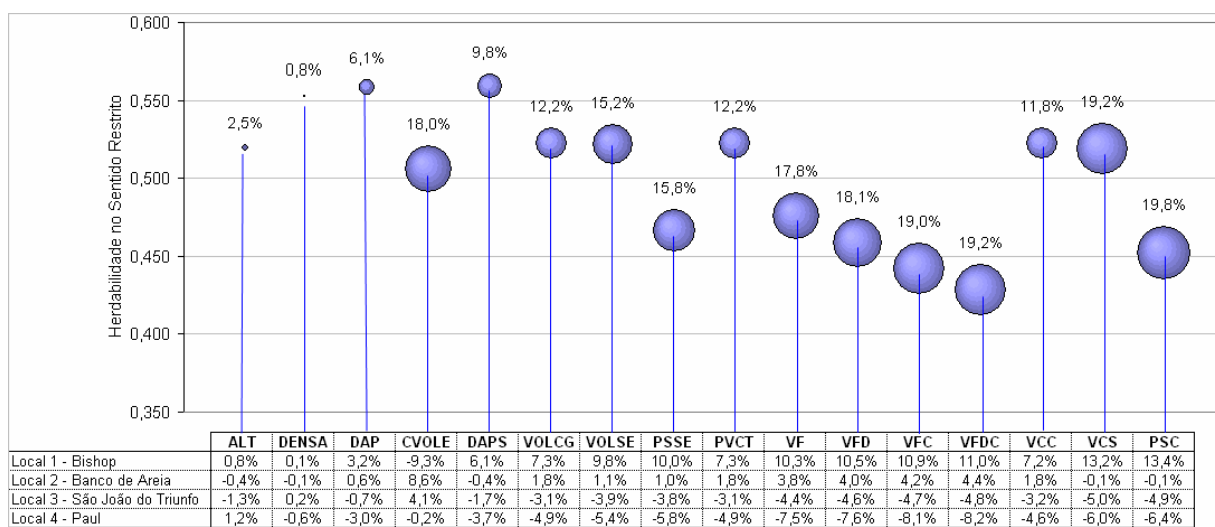


Os padrões de variação dos valores fenotípicos variaram entre as característica avaliada (Figura 4.24). A altura do fuste apresentou uma variação de aproximadamente 1%, com amplitude 2% em torno da média. Esse resultado indica que não houve heterogeneidade significativa no crescimento em altura entre os locais (Figura 4.24). No caso do DAP, essa variação foi de 3% em torno da média com uma amplitude de 6%. Isso indicou uma maior heterogeneidade com diferenças significativas de crescimento em diâmetro nos diferentes locais. A variação no DAPS foi maior que no DAP, alcançando 6% em alguns locais e uma variação total

de 10% em torno da média. Esse resultado implica que a variação na espessura da casca, embutida no DAPS, ampliou a variação previamente observada no DAP. No caso de variáveis compostas como o VCC, o VCS e o PSC, observou-se também uma alta variação entre locais (Figura 4.24).

A variação em DENSA foi menor que 1%, demonstrando que não houve heterogeneidade significativa na densidade básica entre locais. Contudo, o conteúdo de casca, expresso pelo CVOLE variou em torno de 10%, com máxima de 18%. Isso demonstra uma grande heterogeneidade em teores de casca entre locais, o que não está, necessariamente, associado à taxa de crescimento em diâmetro das árvores.

FIGURA 4.24 - MAGNITUDE DE VARIAÇÃO DAS PRINCIPAIS CARACTERÍSTICAS AVALIADAS NOS TESTES GENÉTICOS DE *PINUS TAEDA* E SUAS RESPECTIVAS HERDABILIDADES NO SENTIDO RESTRITO (h_a^2) EM TODOS OS LOCAIS.



As variáveis VOLCG, VOLSE, PSSE e PVCT, que expressam as características de crescimento, mostraram que a seleção de genótipos e famílias poderá maximizar os ganhos genéticos em crescimento por local. Isso trará benefícios tangíveis através da seleção de material genético para sítios específicos. Todas as variáveis apresentaram amplitude de variação de cerca de 15% entre locais, com variações significativas em crescimento volumétrico e em peso de árvores. Bishop foi o local que propiciou o maior crescimento, com cerca de 10%

acima da média; Paul proporcionou crescimento relativo de cerca de 5% menor que a média.

A variação nas características de valor econômico VF, VFD, VFC e VFDC foi maior que nas características de crescimento e peso da madeira. Isso indica que o impacto financeiro da seleção genética poderá ficar subestimado se for feito somente através do crescimento .

4.5 SELEÇÃO PRECOCE EM TESTES GENÉTICOS

4.5.1 Crescimento das Árvores nos Testes Genéticos

A sobrevivência inicial e final em todos os testes genéticos foram altas (Figura 4.25). Em três dos quatro testes, a sobrevivência foi maior que 98% no primeiro ano e permaneceu em torno de 90% até os 17 anos. Em um dos testes, a sobrevivência no primeiro ano foi de 92% e maior que 80% aos 17 anos. O crescimento das árvores em todos os testes foi rápido, com médias de 6m, 17m, 24m, e 26m de altura aos 4,10,15 e 17 anos de idade, respectivamente (4.26).

4.5.2 Tendência Temporal dos Parâmetros Genéticos das Características de Crescimento Até a Idade de Rotação

As estimativas das herdabilidades no sentido restrito (h_a^2) foram elevadas, com valores em torno de 0,60 (Tabela 4.13, 4.14 e 4.15). Para a maioria das espécies florestais, as estimativas de herdabilidades no sentido restrito estão por volta de 0,10 a 0,25 nas características de crescimento. Estimativas de herdabilidade para espécies de pinus no sul do Brasil estão, normalmente, na porção superior desse intervalo, mas não atingem valores tão altos quanto os observados neste estudo. Isto está relacionado, provavelmente, com a alta taxa de crescimento observada na região, assim como o controle ambiental local decorrente da homogeneidade dos blocos dos testes genéticos.

FIGURA 4.25 - SOBREVIVÊNCIA MÉDIA DE ÁRVORES NOS QUATRO TESTES GENÉTICOS DE *PINUS TAEDA* EM SANTA CATARINA.

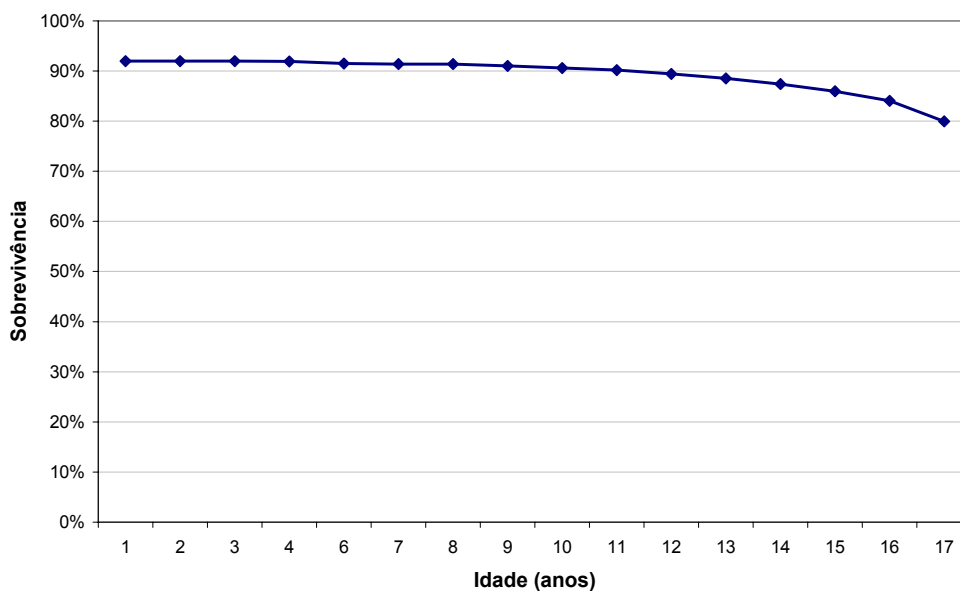


FIGURA 4.26 - CRESCIMENTO MÉDIO EM ALTURA E DAP DAS ÁRVORES NOS QUATRO TESTES GENÉTICOS DE *PINUS TAEDA* EM SANTA CATARINA.

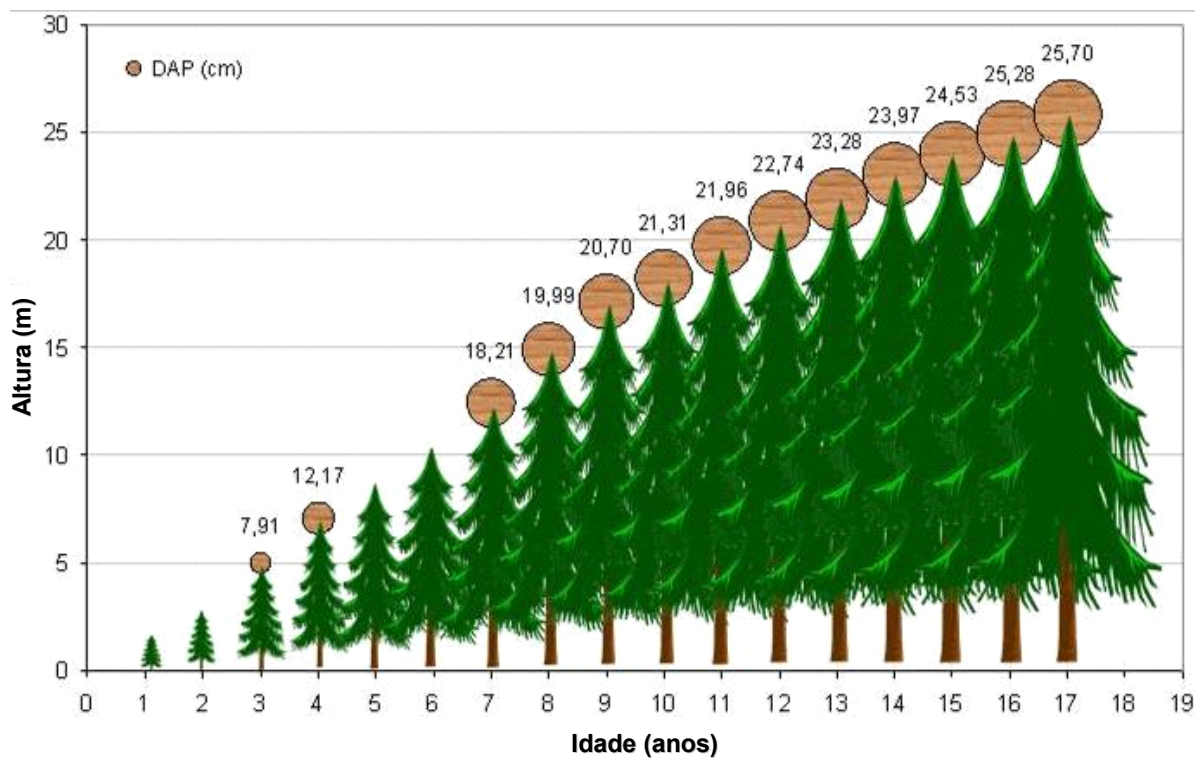


TABELA 4.13 - ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS GENÉTICOS DO DIÂMETRO A ALTURA DO PEITO (DAP) EM TESTES GENÉTICOS DE *PINUS TAEDA* EM SANTA CATARINA, EM TODAS AS IDADES AVALIADAS.

Idade	h_a^2	d^2	r_{bg}	r_{bd}	cv_g (%)
3	0,58	0,03	1,00	0,25	12,04
4	0,61	0,05	1,00	0,52	12,26
5	0,53	0,08	.	.	11,47
6	0,53	0,08	1,00	0,84	11,44
7	0,58	0,06	.	.	11,88
8	0,60	0,07	0,99	0,81	12,14
9	0,61	0,07	0,99	0,86	14,82
10	0,63	0,06	0,99	0,87	15,05
11	0,63	0,06	0,99	0,92	15,01
12	0,64	0,06	0,99	0,94	15,17
13	0,63	0,05	0,98	0,91	15,08
14	0,63	0,04	0,99	0,78	14,96
15	0,62	0,04	0,98	0,88	14,92
16	0,62	0,05	0,99	0,84	14,85
17	0,63	0,00	0,98	0,85	14,82
Média	0,61	0,05	0,99	0,79	13,73

TABELA 4.14 - ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS GENÉTICOS DA ALTURA DO FUSTE (ALT) EM TESTES GENÉTICOS DE *PINUS TAEDA* EM SANTA CATARINA, EM TODAS AS IDADES AVALIADAS.

Idade	h_a^2	d^2	r_{bg}	r_{bd}	cv_g (%)
1	0,33	0,05	1,00	0,26	10,70
2	0,61	0,03	1,00	0,24	13,16
3	0,83	0,03	1,00	0,44	12,68
4	0,77	0,05	1,00	0,59	11,26
7	0,52	0,12	.	.	6,68
8	0,59	0,04	1,00	0,31	7,20
9	0,60	0,05	0,98	1,00	7,26
10	0,61	0,08	0,98	1,00	7,29
11	0,59	0,07	0,97	1,00	7,15
12	0,59	0,06	0,95	1,00	7,17
13	0,59	0,06	0,96	1,00	7,16
14	0,57	0,04	0,97	1,00	7,04
15	0,52	0,02	0,97	0,68	6,75
16	0,54	0,02	0,97	0,95	6,52
17	0,52	0,03	0,96	0,98	6,37
Média	0,58	0,05	0,98	0,75	8,29

TABELA 4.15 - ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS GENÉTICOS DO VOLUME (VOL) EM TESTES GENÉTICOS DE *PINUS TAEDA* EM SANTA CATARINA, EM TODAS AS IDADES AVALIADAS.

Idade	h_a^2	d^2	r_{bg}	r_{bd}	cv_g (%)
3	0,69	0,01	1,00	0,14	35,28
4	0,71	0,04	1,00	0,43	29,53
7	0,62	0,05	.	.	27,02
8	0,63	0,05	1,00	0,66	29,28
9	0,63	0,06	0,99	0,92	30,89
10	0,64	0,05	1,00	0,95	31,85
11	0,62	0,05	0,99	1,00	32,28
12	0,63	0,05	0,99	1,00	33,29
13	0,62	0,05	0,99	1,00	33,80
14	0,61	0,04	0,99	0,98	34,32
15	0,61	0,03	0,98	1,00	35,15
16	0,62	0,03	0,98	1,00	36,23
17	0,61	0,04	0,98	0,99	37,02
Média	0,63	0,04	0,99	0,84	32,76

Em se tratando de progênies de irmãos-completos, a estrutura da população pode ter contribuído para os altos valores de herdabilidade. Outro parâmetro genético destacado nesse estudo foi a variância da dominância (d^2), que foi moderadamente baixa em relação à variância aditiva (V_a). Este resultado é consistente com as estimativas para *P. taeda* na região sudeste dos Estados Unidos (BALOCCHI et al., 1993). Para todas as idades avaliadas, a interação genética aditiva e ambiental (r_{Bg}) foi insignificante ($r_{Bg} \sim 1,00$). O mesmo foi observado quanto à interação da dominância genotípica e ambiental.

A contribuição da variância genética aditiva e da variância da dominância, ao longo do crescimento do *P. taeda* foi, também, demonstrada por BALOCCHI (1990). Neste estudo, foi constatado que os valores da variância da dominância foram similares à variância genética aditiva nos primeiros anos do teste. Porém após a idade 12, somente a variância genética aditiva figurava como a principal fonte de variância genética como um todo. A variância da dominância não foi expressiva pois os desvios de dominância não indicaram nenhuma contribuição advinda de heterose. Assim, demonstrando que a variância genética aditiva foi a que mais contribuiu para a variância genética total.

Normalmente, presume-se que a herdabilidade dos caracteres de crescimento aumenta com a idade e que pode ser inflacionada com o aumento da competição no povoamento (FOSTER, 1989). Essa tendência pode estar relacionada ao fato de que as melhores famílias, ao se sobressaírem em relação as piores, podem amplificar essa diferença com a idade do povoamento. Contudo, GWAZE et al. (1997) demonstrou que essa tendência não afeta significativamente a determinação da idade ótima para a seleção precoce.

Neste estudo, os valores de herdabilidade aumentaram rapidamente até atingirem 0,71 na idade 4 e se estabilizaram em 0,63 a partir da idade 7 (Figura 4.27). Isto mostra que não houve inflação dos valores de herdabilidade com o aumento da idade até os 17 anos. Esse padrão pode estar relacionado ao rápido crescimento e fechamento das copas do *P. taeda* na região sul do Brasil, em relação aos locais dos estudos reportados por FOSTER (1989) e GWAZE et al. (1997). Tanto o efeito de dominância (d^2) quanto a interação genótipo-ambiente (r_{Bg}) mantiveram-se consistentes ao longo das idades (Figura 4.28).

FIGURA 4.27 - EVOLUÇÃO DA HERDABILIDADE NO SENTIDO RESTRITO (h_a^2) DAS CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE *PINUS TAEDA* ATÉ 17 ANOS DE IDADE EM SANTA CATARINA.

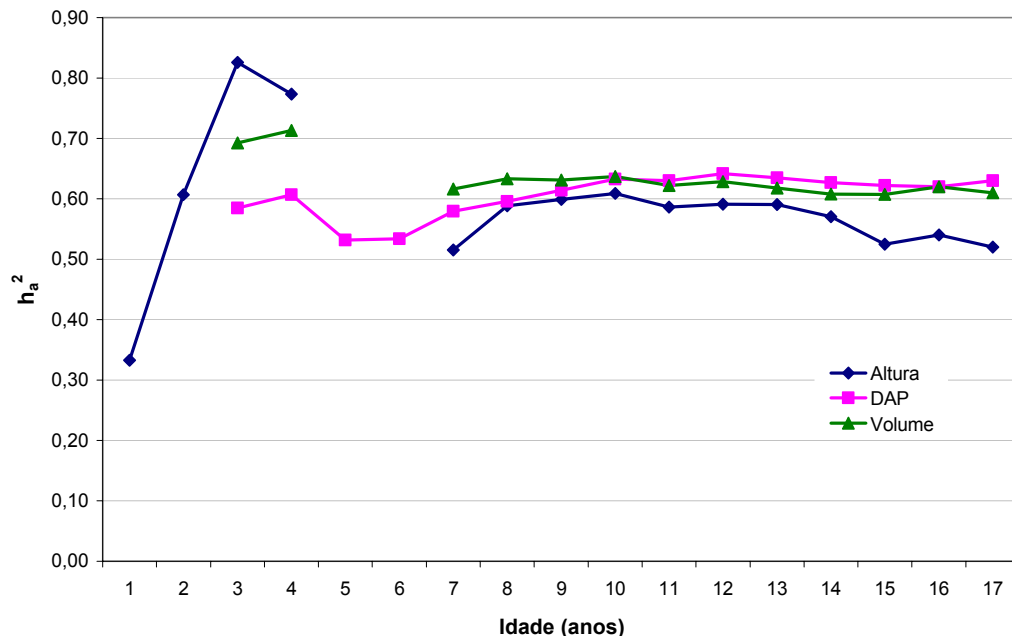
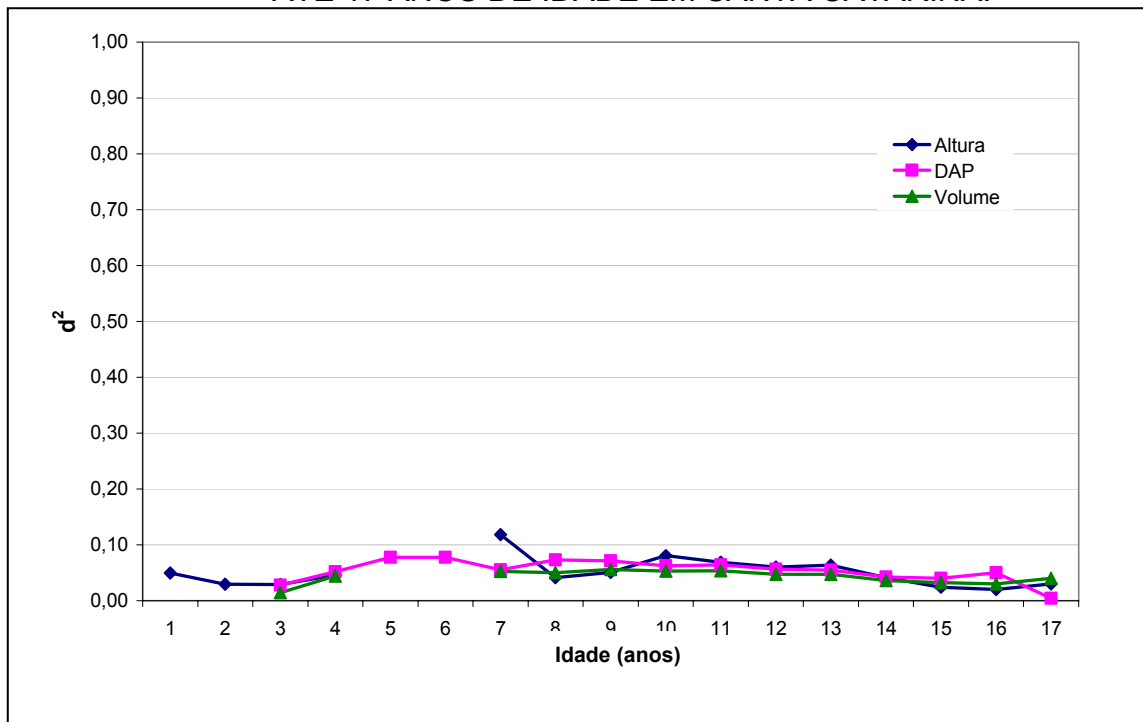


FIGURA 4.28 - EVOLUÇÃO DO EFEITO DE DOMINÂNCIA (d^2) DAS CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE *PINUS TAEDA* ATÉ 17 ANOS DE IDADE EM SANTA CATARINA.



4.5.3 Eficiência da Seleção pela Função de Lambeth

A equação de Lambeth (LAMBETH e DILL, 2001) foi obtida com os coeficientes da regressão linear gerada pelas correlações genéticas aditivas entre idades (Figura 4.29). A equação para o cálculo das correlações genéticas aditivas entre idades ajustadas, com R^2 igual a 0,81 foi:

$$r_g = 0,088x + 0,9972 \ln(i_p/i_a)$$

Com essa equação, foram obtidos os valores de correlações genéticas de Lambeth para todas as comparações entre idades (Tabela 4.16), assim como a herdabilidade em cada idade e a eficiência indireta da seleção (Q).

Os resultados indicaram que a seleção indireta na idade 4 proporcionou 94% de eficiência em relação a seleção à 17 anos. A seleção efetuada na idade 3 resultou em uma eficiência de 92%. Resultados de eficiência da seleção reportados por BALOCCHI et al. (1993) demonstraram que a idade ideal para seleção de genitores com base nos componentes genéticos totais é semelhante às indicadas por eficiência indireta de seleção (Q). Contudo, essa mensuração de eficiência é

generalizada e pode ser considerada como um indicador de precisão para seleção de genitores e cruzamentos.

FIGURA 4.29 - DISTRIBUIÇÃO DA FUNÇÃO DE LAMBETH (LAR) EM RELAÇÃO AS CORRELAÇÕES GENÉTICAS (r_g) EM TESTES GENÉTICOS DE *PINUS TAEDA*.

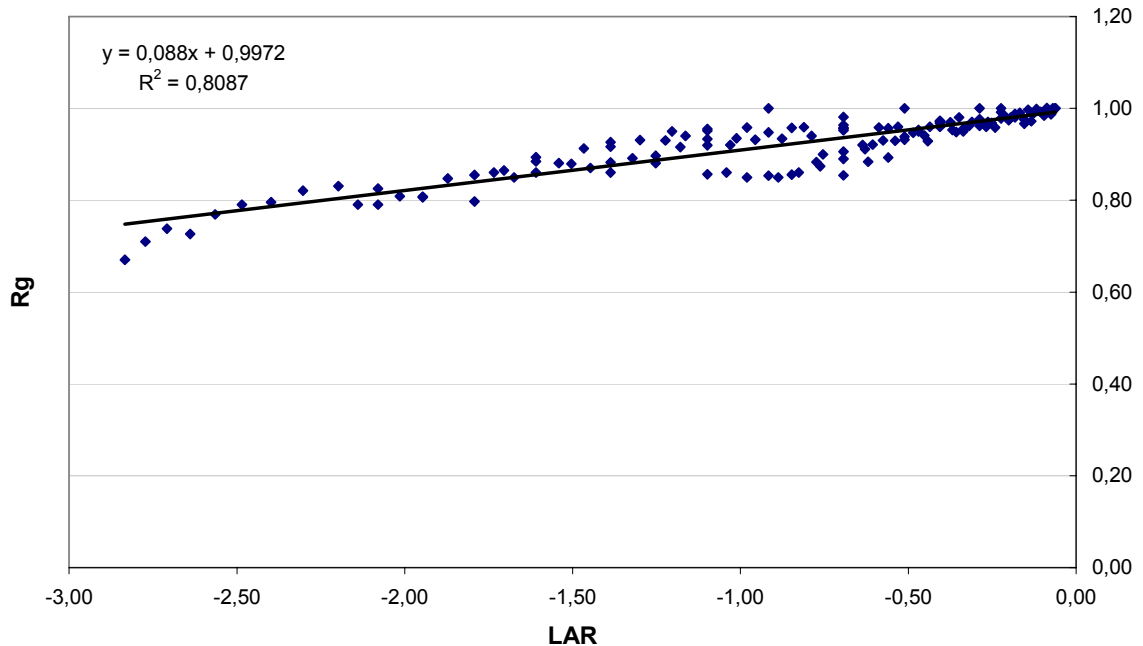


TABELA 4.16 - CORRELAÇÕES GENÉTICAS DE LAMBETH ENTRE IDADES (r_g) EM VOL E ALT OU DAP EM *PINUS TAEDA* EM IDADES EM QUE SOMENTE UMA DESSAS CARACTERÍSTICAS FORAM MENSURADAS.

Idades/Variáveis	ALT01	ALT02	VOL03	VOL04	DAP05	DAP06	VOL07	VOL08	VOL09
ALT02	0,98								
VOL03	0,93	0,97							
VOL04	0,92	0,96	1,00						
DAP05	0,86	1,00	1,00	1,00					
DAP06	0,80	0,86	0,95	0,97	0,98				
VOL07	0,81	0,90	0,96	0,96	0,95	0,97			
VOL08	0,83	0,88	0,96	0,96	0,95	0,96	0,97		
VOL09	0,83	0,88	0,96	0,96	0,96	0,97	0,97	1,00	
VOL10	0,82	0,88	0,95	0,95	0,96	0,94	0,95	0,99	0,99
VOL11	0,80	0,86	0,93	0,94	0,94	0,92	0,94	0,96	0,97
VOL12	0,79	0,85	0,93	0,92	0,93	0,91	0,93	0,97	0,98
VOL13	0,77	0,85	0,91	0,92	0,93	0,88	0,88	0,95	0,95
VOL14	0,73	0,81	0,88	0,88	0,92	0,86	0,85	0,89	0,93
VOL15	0,74	0,81	0,89	0,89	0,95	0,85	0,87	0,91	0,93
VOL16	0,71	0,79	0,85	0,86	0,94	0,85	0,86	0,89	0,93
VOL17	0,67	0,79	0,86	0,87	0,93	0,86	0,85	0,90	0,92
h_a^2	0,33	0,61	0,69	0,71	0,53	0,53	0,62	0,63	0,63
Q	0,50	0,79	0,92	0,94	0,87	0,81	0,86	0,92	0,94

TABELA 4.16 - CONTINUAÇÃO.

Idades/Variáveis	VOL10	VOL11	VOL12	VOL13	VOL14	VOL15	VOL16	VOL17
VOL11	0,98							
VOL12	0,99	1,00						
VOL13	0,97	0,99	0,99					
VOL14	0,96	0,96	0,98	0,99				
VOL15	0,96	0,97	0,98	1,00	1,00			
VOL16	0,95	0,97	0,97	0,98	0,99	1,00		
VOL17	0,96	0,96	0,98	0,96	0,98	0,99	1,00	
h_a^2	0,64	0,62	0,63	0,62	0,61	0,61	0,62	0,61
Q	0,98	0,97	1,00	0,97	0,98	0,99	1,00	1,00

A eficiência da seleção combina as informações quanto aos parâmetros genéticos com o fator tempo. Esses parâmetros são as correlações genéticas e as herdabilidades em idades para seleção indireta. O padrão temporal de um desses parâmetros genéticos afeta a eficiência da seleção. Como a herdabilidade, normalmente, mantém a mesma magnitude depois das idades iniciais de desenvolvimento do *P. taeda*, correlações genéticas constituem o maior peso na eficiência da seleção.

4.5.4 Seleção de Genitores pela Capacidade Geral de Combinação

O ordenamento dos genitores foi baseado em valores genéticos para capacidade geral de combinação (CGC). A captura dos melhores genitores na idade de rotação (17 anos), dependeu da consistência de sua performance relativa ao longo de todas as idades. Na Tabela 4.17 estão listados os genitores em ordem decrescente de VG na idade de 17 anos, assim como os seus valores genéticos em cada idade avaliada. Nessa tabela, é possível visualizar, também em todas, as idades precoces, a posição de cada genitor em um dos quatro grupos de VG para volume, DAP e altura. Esses genitores foram agrupados com base na performance relativa. Aqueles que apresentaram um desvio padrão maior que a média foram indicados em azul; maiores que 0,5 dp em verde; maiores que a média em vermelho; e menores que a da média em cinza.

TABELA 4.17 - ORDENAMENTO DE GENITORES DE *PINUS TAEDA* EM IDADE DE ROTAÇÃO E SEUS RESPECTIVOS VALORES GENÉTICOS EM IDADES PRECOSES. OS VALORES EM COR AZUL SÃO MAIORES QUE 1 DP DA MÉDIA DOS VG; VERDES MAIORES QUE 0,5; VERMELHOS MAIORES QUE A MÉDIA; E EM CINZA MENORES QUE A MÉDIA.

A) Valores Genético de Genitores para Volume

Genitor	VOL03	VOL04	VOL05	VOL06	VOL07	VOL08	VOL09	VOL10	VOL11	VOL12	VOL13	VOL14	VOL15	VOL16	VOL17
71029	4,7	15,3	29,4	60,1	68,2	96,9	126,1	142,9	166,8	192,5	212,7	241,2	260,2	278,3	276,7
101030	5,2	12,9	17,6	35,2	34,8	58,0	75,4	86,2	96,0	115,6	127,3	140,2	151,6	166,8	162,2
101019	2,7	8,6	16,8	34,6	39,1	56,1	71,8	83,2	94,5	104,9	112,5	118,7	137,7	152,9	145,5
111050	0,3	1,5	1,3	9,0	2,0	23,5	33,3	47,5	63,7	79,3	86,5	103,6	113,6	131,8	131,1
81019	2,4	7,6	18,7	32,1	46,2	42,7	52,2	59,3	64,6	80,0	81,2	95,6	91,3	89,7	107,0
111031	2,0	6,3	8,7	17,5	17,8	28,3	35,7	41,2	50,0	60,4	68,2	66,7	70,1	76,7	69,3
111021	2,1	3,7	2,0	3,6	0,1	7,1	10,1	16,6	20,7	23,9	30,3	33,6	41,3	38,6	36,7
111066	0,4	1,9	-3,3	-5,7	-12,2	-6,8	-11,8	-13,1	-11,5	-10,9	-5,9	5,5	13,4	23,0	25,0
111051	-2,1	-7,6	-10,0	-18,2	-20,3	-26,7	-30,9	-32,7	-37,6	-43,5	-50,1	-55,2	-58,6	-62,6	-66,0
111027	-0,3	0,1	-4,4	-11,6	-13,1	-21,7	-31,7	-39,3	-48,6	-63,4	-72,7	-82,7	-96,6	-107,6	-112,5
81105	-3,3	-10,8	-16,5	-31,0	-35,4	-46,7	-60,0	-68,8	-80,4	-95,4	-102,3	-111,4	-116,0	-124,0	-114,2
81097	-8,2	-21,1	-28,5	-57,3	-56,2	-94,5	-119,9	-144,0	-169,8	-200,3	-222,9	-251,7	-273,9	-301,5	-293,7
81048	-6,0	-18,4	-31,7	-68,5	-70,9	-116,1	-150,2	-178,9	-208,5	-243,0	-264,7	-304,1	-334,3	-362,1	-367,1

B) Valores Genético de Genitores para DAP

Genitor	DAP03	DAP04	DAP05	DAP06	DAP07	DAP08	DAP09	DAP10	DAP11	DAP12	DAP13	DAP14	DAP15	DAP16	DAP17
71029	1,13	1,65	2,10	2,54	3,28	3,68	4,14	4,47	4,76	5,05	5,30	5,56	5,69	5,68	5,48
101030	1,20	1,60	1,94	2,27	2,11	2,55	2,76	2,84	2,95	3,16	3,19	3,25	3,36	3,47	3,27
101019	0,60	1,09	1,52	1,95	2,10	2,43	2,68	2,91	3,06	3,10	3,08	2,98	3,18	3,26	3,05
81019	0,70	1,04	1,34	1,63	2,59	2,12	2,39	2,53	2,58	2,90	2,82	2,92	2,82	2,69	2,86
111050	0,03	-0,03	-0,03	-0,03	-0,29	0,55	0,75	1,04	1,35	1,63	1,77	2,07	2,17	2,39	2,31
111031	0,46	0,49	0,63	0,77	0,81	0,89	0,98	1,05	1,17	1,28	1,43	1,38	1,35	1,37	1,16
111021	0,53	0,43	0,28	0,12	-0,12	0,34	0,43	0,53	0,66	0,73	0,87	0,91	1,08	1,02	0,95
111066	0,05	0,19	0,03	-0,14	-0,71	-0,52	-0,66	-0,72	-0,73	-0,70	-0,55	-0,23	-0,16	-0,02	0,01
111051	-0,53	-1,07	-1,19	-1,30	-1,30	-1,38	-1,40	-1,42	-1,46	-1,52	-1,61	-1,61	-1,67	-1,71	-1,67
111027	-0,07	-0,12	-0,34	-0,55	-0,85	-1,00	-1,17	-1,33	-1,49	-1,69	-1,84	-1,98	-2,18	-2,31	-2,31
81105	-0,77	-1,25	-1,42	-1,58	-1,81	-1,98	-2,26	-2,38	-2,55	-2,80	-2,84	-2,91	-2,90	-2,82	-2,55
81097	-1,98	-2,17	-2,43	-2,68	-2,58	-3,39	-3,79	-4,17	-4,53	-4,94	-5,22	-5,51	-5,67	-5,89	-5,53
81048	-1,36	-1,85	-2,42	-2,98	-3,23	-4,29	-4,86	-5,36	-5,77	-6,20	-6,39	-6,85	-7,08	-7,15	-7,03

C) Valores Genético de Genitores para ALT

Genitor	ALT03	ALT04	ALT05	ALT06	ALT07	ALT08	ALT09	ALT10	ALT11	ALT12	ALT13	ALT14	ALT15	ALT16	ALT17
71029	0,06	0,31	0,66	0,94	0,99	1,25	1,36	1,44	1,67	1,52	1,56	1,65	1,72	1,78	1,84
111050	-0,03	0,02	0,15	0,37	0,44	0,72	0,79	1,01	1,19	1,42	1,59	1,67	1,48	1,46	1,41
111031	0,07	0,34	0,67	0,79	0,73	0,82	0,73	0,94	1,08	1,24	1,39	1,60	1,54	1,29	1,27
111066	0,00	-0,02	0,02	0,05	-0,01	0,12	-0,10	0,41	0,38	0,48	0,67	0,71	0,86	0,88	1,11
101030	0,11	0,30	0,40	0,31	0,28	0,19	0,13	0,13	0,28	0,35	0,18	0,36	0,45	0,50	0,52
111021	0,05	0,19	0,28	0,35	0,29	0,26	0,24	0,19	0,19	0,39	0,35	0,34	0,35	0,35	0,39
111051	-0,02	-0,08	-0,14	-0,17	-0,08	0,00	0,08	0,09	0,18	0,32	0,26	0,22	0,16	0,08	0,19
111027	0,05	0,21	0,37	0,44	0,34	0,32	0,22	0,29	0,22	0,16	0,29	0,12	0,14	0,25	0,10
101019	0,05	0,09	0,19	0,09	0,17	0,09	0,22	-0,04	-0,11	-0,16	-0,31	-0,29	-0,31	-0,32	-0,03
81105	-0,08	-0,26	-0,51	-0,58	-0,62	-0,62	-0,78	-0,51	-0,54	-0,54	-0,59	-0,70	-0,71	-0,67	-0,56
81019	0,06	0,19	0,27	0,34	0,35	0,24	0,44	-0,06	-0,20	-0,36	-0,50	-0,34	-0,36	-0,15	-0,50
81097	-0,20	-0,73	-1,23	-1,56	-1,43	-1,56	-1,49	-1,62	-1,71	-1,87	-1,88	-2,03	-2,00	-2,02	-2,07
81048	-0,11	-0,56	-1,13	-1,37	-1,45	-1,82	-1,84	-2,26	-2,64	-2,95	-3,01	-3,30	-3,32	-3,43	-3,68

Dos 13 genitores utilizados para geração dos 30 cruzamentos dialélicos (Tabela 4.17), o genitor 7-1029 foi o único que manteve VG em volume e DAP maiores que um desvio padrão em torno da média ao longo de todas as idades avaliadas. A determinação do VG desse genitor foi possível mesmo na idade 3. A

matrizes 10-1030, 10-1019 e 8-1019 também se mantiveram entre as de maior VG (maiores que 0,5 dp) até a idade de 17 anos, em volume e DAP. Em geral, todos os genitores com VG 0,5 dp maiores que a média, aos 17 anos, foram detectados na idade 10 em volume e na idade 13 em DAP e altura. Todos os genitores com VG positivos aos 17 anos, apresentaram VG positivos na idade 3 em volume e DAP. Em altura, 88% dos genitores com VG positivo aos 3 anos foram, também, positivos aos 17 anos. Somente na idade 8 se observou a presença dos mesmos genitores com VG positivos aos 17 anos. Para genitores com VG maiores que 0,5 dp da média aos 3 anos, 80% foram selecionados pelo volume e DAP aos 17 anos e 50% pela altura. Os genitores não presentes nesse grupo, aos 17 anos apresentavam pelo menos VG positivos.

Os maiores VG aumentaram a sua proporcionalidade com a idade (Figuras 4.30 e 4.31). O mesmo aconteceu, de ordem inversa, com os menores VG. Alguns genitores apresentaram inversão para VG positivos ou negativos entre as idades 3 e 17. Contudo, a maioria das flutuações observadas se manteve em torno da média ao longo do crescimento do povoamento (Figura 4.31).

Em todos os locais avaliados, os resultados foram obtidos sob condições de alta herdabilidade. Esse nível de herança garantiu a alta precisão da seleção em idades precoces, mantendo uma alta correlação genética com a idade de rotação. Isso permitiu que a seleção dos melhores genitores seja realizada na idade 3, em altura, volume e DAP. Apesar de um dos melhores genitores com VG 0,5 dp maior que a média em volume aos 17 anos (11-1050) não estar presente no mesmo grupo aos 3 anos, a sua detecção ocorreu aos 10 anos (Tabela 4.16a). A seleção de um genitor aos 3 anos, que não estava presente no mesmo grupo na idade 17 (11-1021), causou perda de 13% (164,5 para 143,5) no ganho genético aditivo para famílias. Contudo, qualquer material que se apresente com valores genéticos menores que os esperados em idades próximas a idade de rotação podem ser eliminados dos pomares. Portanto, recomenda-se a implantação do pomar com o grupo de genitores com VG positivos detectados aos 3 anos, para não se perder nenhuma matriz que venha a se ressaltar posteriormente, principalmente matriz de crescimento inicial menos acentuado, como no caso da 11-1050. Graficamente, seleções precoces para a maioria dos genitores foram realizadas na idade 8 (Figura 4.32).

FIGURA 4.30 - EVOLUÇÃO DOS VALORES GENÉTICOS EM VOLUME (A), DAP (B) E ALTURA (C) DOS GENITORES DE *PINUS TAEDA* ATÉ A IDADE 17 EM SANTA CATARINA.

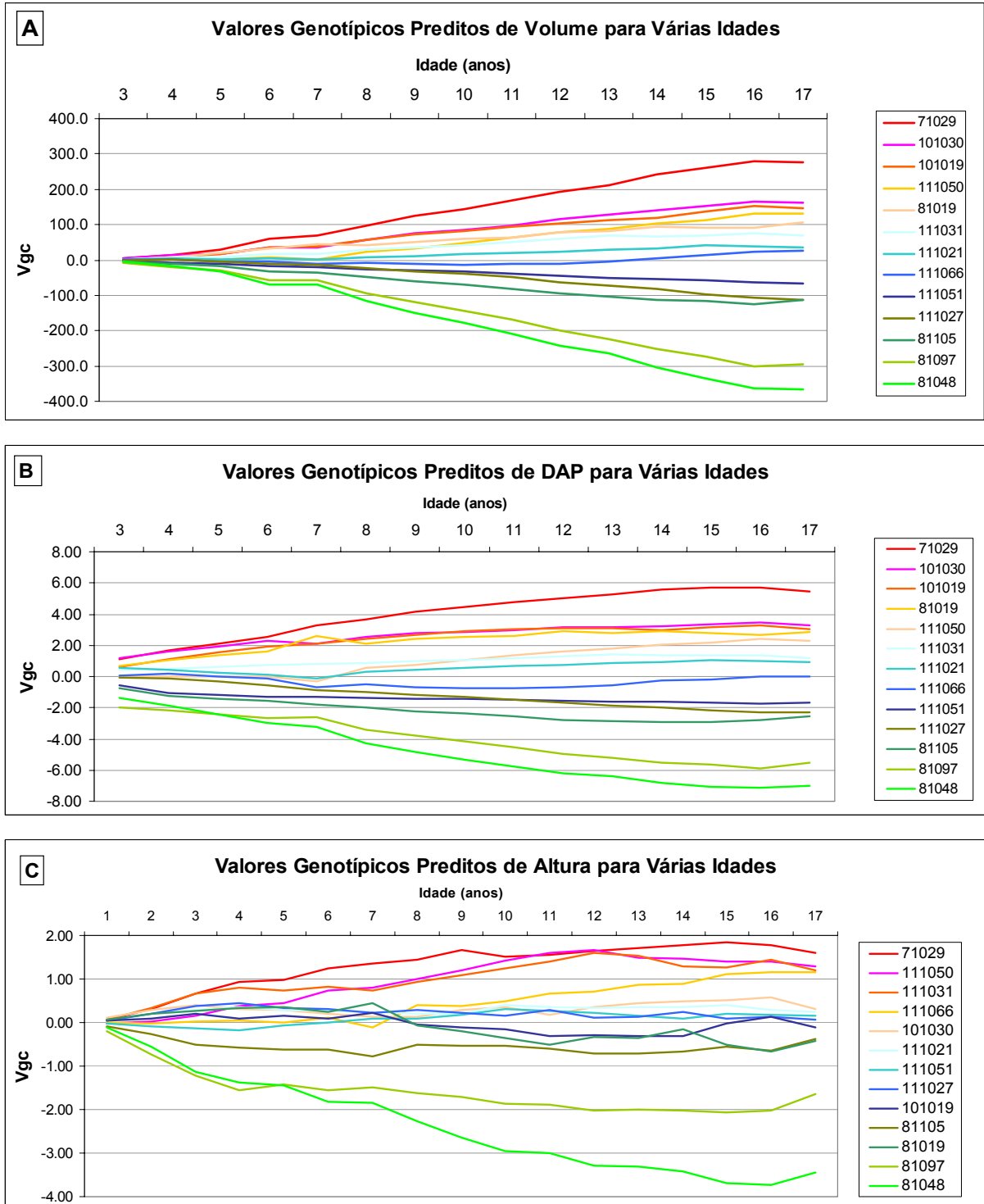


FIGURA 4.31 - POSIÇÃO RELATIVA DOS VALORES GENÉTICOS EM VOLUME (A), DAP (B) E ALTURA (C) DOS GENITORES DE *PINUS TAEDA* ATÉ A IDADE 17.

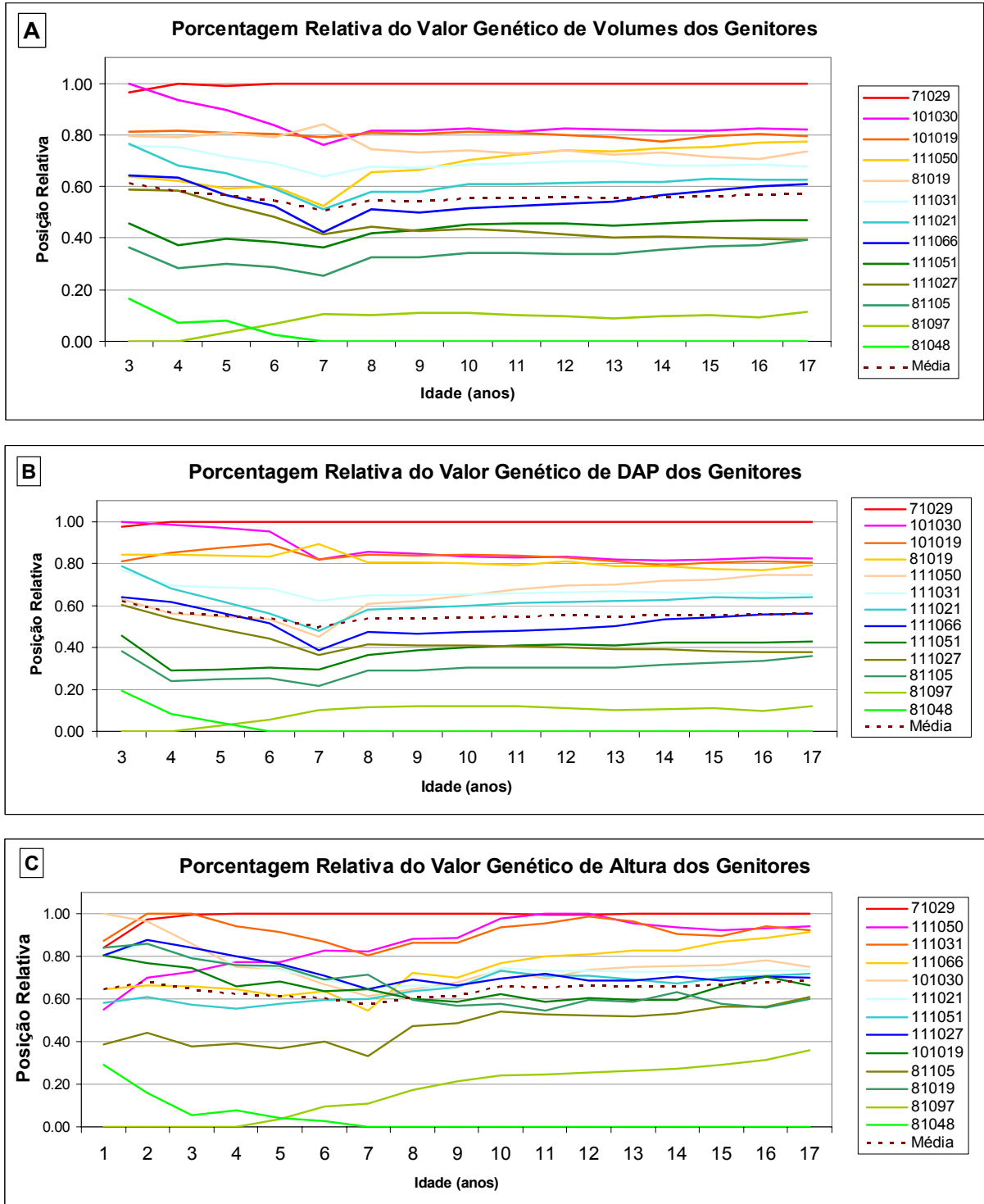
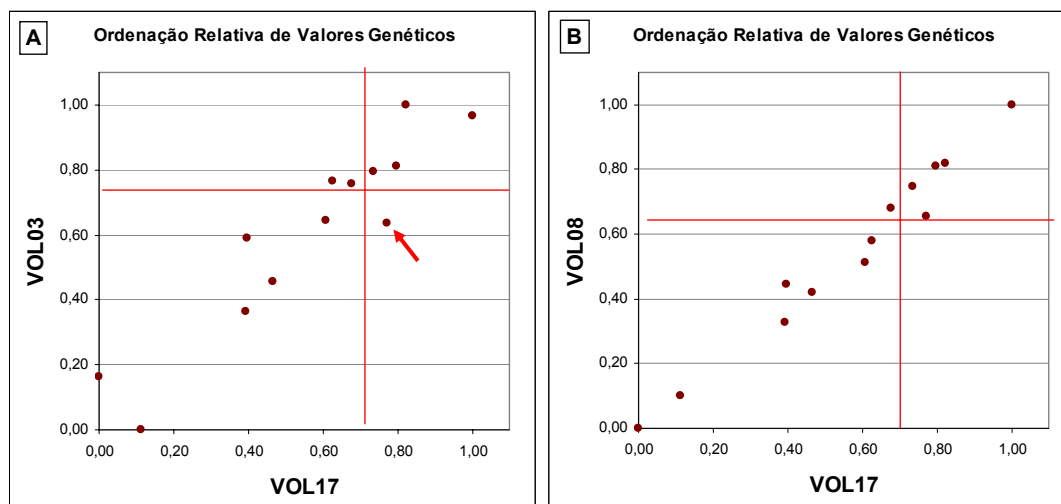


FIGURA 4.32 - ORDENAÇÃO RELATIVA DE GENITORES DE PINUS TAEDA PELOS VALORES GENÉTICOS EM VOLUME NAS IDADES 3 E 8 EM RELAÇÃO A IDADE DE ROTAÇÃO (17 ANOS).



4.5.5 Seleção de Cruzamentos pela Capacidade Específica de Combinação

No melhoramento genético, ganhos adicionais podem ser capturados pela seleção pelos de valores genéticos de famílias de irmãos-completos, o qual inclui os efeitos da Capacidade Específica de Combinação (CEC). A determinação precisa de idades precoces para a seleção das melhores combinações específicas entre genitores contribuirá para a antecipação do uso de sementes de famílias de irmãos-completos e, conseqüentemente, influenciará no retorno econômico advindo do seu uso.

No ordenamento dos cruzamentos classificados por grupos de valores genéticos em volume (Tabela 4.18) verificou-se uma semelhança entre o ordenamento na idade 17 pelo volume e DAP (Tabela 4.18a e 4.18b), com apenas algumas mudanças de posição dos cruzamentos. A única diferença básica foi que o volume não incluiu o cruzamento 325 no grupo com VG maior que 1 dp na idade 17, como mostra o ordenamento pelo DAP. O ordenamento com base nos valores genéticos em altura (Tabela 4.18c) gerou resultados distintos do ordenamento para volume e DAP. Somente o cruzamento 298 foi comum para as três variáveis estudadas. Estes resultados indicam que mensurações de volume podem contribuir com maior precisão na seleção de cruzamentos visando à produção de sementes de famílias de irmãos-completos.

TABELA 4.18 - ORDENAMENTO DE CRUZAMENTOS DE *PINUS TAEDA* EM IDADE DE ROTAÇÃO E SEUS RESPECTIVOS VALORES GENÉTICOS EM IDADES PRECOSES. OS VALORES DE VG EM COR AZUL SÃO MAIORES QUE 1 DP DA MÉDIA; VERDES MAIORES QUE 0,5; VERMELHOS MAIORES QUE A MÉDIA; E EM CINZA MENORES QUE A MÉDIA.

A) Valores Genético de Cruzamentos em Volume

Cruzamentos	Idade (anos)														
	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
297	12,0	48,8	91,8	151,9	203,4	291,0	361,9	409,6	470,1	534,5	584,5	651,0	710,1	777,2	808,6
327	11,0	43,9	78,4	126,7	168,1	256,3	320,3	365,6	423,1	487,9	536,7	599,7	650,5	717,2	751,0
326	12,0	47,0	83,1	133,6	176,9	258,5	319,9	361,1	413,8	475,5	522,9	578,0	625,3	686,9	718,2
298	9,7	41,2	78,3	130,3	174,8	252,6	316,1	356,8	412,0	468,1	516,4	575,4	622,8	682,4	714,7
325	12,1	45,4	79,6	127,4	168,4	248,4	306,8	350,3	400,7	458,5	505,1	561,0	612,2	670,3	703,4
314	9,3	40,4	73,6	120,2	160,2	238,5	295,5	339,9	395,7	455,6	499,1	556,5	603,9	667,0	699,4
306	10,7	43,2	75,9	121,7	160,9	238,0	292,2	332,3	381,4	438,1	483,2	546,0	595,2	658,9	693,3
320	8,8	39,4	68,9	110,0	145,4	226,4	278,4	318,5	371,5	426,0	471,1	533,5	582,7	648,0	685,2
296	9,1	39,4	74,9	124,7	167,4	241,5	298,5	336,2	386,3	438,7	483,4	542,0	588,5	643,0	684,1
313	9,5	39,4	70,5	114,1	151,4	228,9	283,5	327,7	381,1	436,3	478,5	538,4	588,7	646,5	679,8
308	10,1	43,5	80,5	132,3	176,8	247,0	304,1	344,0	394,0	445,9	485,2	546,5	591,0	645,5	678,7
307	10,5	42,1	74,2	119,3	157,9	232,9	288,7	328,7	379,3	432,2	477,7	527,7	573,1	625,7	657,1
319	9,5	41,3	72,8	116,8	154,5	228,4	279,0	314,2	364,1	415,9	460,2	512,3	558,9	617,2	651,4
318	9,4	39,5	68,6	109,3	144,2	213,5	261,4	297,0	343,5	392,7	435,8	492,7	539,8	593,9	630,9
310	9,7	42,2	76,4	124,4	165,5	237,8	291,0	325,0	370,4	414,2	453,5	498,7	541,5	593,7	624,2
316	8,5	37,0	72,2	121,5	163,7	223,4	275,3	311,6	355,7	407,0	442,0	495,5	531,8	579,7	623,2
304	8,0	36,1	68,3	113,3	152,0	222,0	273,0	307,8	352,7	397,0	437,9	483,7	531,1	585,7	622,6
299	7,8	35,9	67,5	111,7	149,7	208,2	255,3	282,4	323,4	365,3	403,5	445,2	480,0	525,7	560,0
305	6,6	32,6	62,4	104,1	139,9	196,3	241,1	268,6	304,7	345,5	376,8	418,1	453,5	496,9	535,1
329	4,3	26,8	53,6	91,1	123,3	179,1	220,0	249,4	288,4	327,6	357,5	400,8	434,4	481,1	522,3
311	7,1	33,3	61,1	100,0	133,3	191,9	234,3	263,0	299,8	336,4	366,4	406,8	438,3	480,4	513,6
315	5,3	26,7	53,0	89,7	121,3	173,1	211,7	241,5	275,7	312,2	339,1	383,0	421,2	465,1	505,7
312	5,3	29,8	57,7	96,9	130,5	181,9	221,6	245,7	280,5	316,7	346,5	380,2	411,3	452,1	486,5
301	6,3	30,9	59,3	99,0	133,0	177,8	216,4	243,5	277,4	312,4	338,8	374,3	409,6	454,7	485,4
309	6,4	31,6	57,6	94,1	125,4	178,7	215,5	241,8	274,5	305,6	333,3	373,6	403,9	447,2	485,0
328	5,4	28,8	54,9	91,3	122,6	173,7	212,8	236,4	270,0	303,0	333,0	368,5	400,7	436,1	476,0
317	4,3	26,6	51,1	85,4	114,8	160,5	193,6	216,3	247,0	278,9	306,1	347,6	382,2	423,6	464,6
303	4,2	23,9	46,3	77,7	104,6	143,4	172,4	191,3	216,8	242,6	264,2	292,2	315,2	350,2	381,1
300	3,7	22,5	43,4	72,6	97,6	135,5	162,1	176,1	199,6	220,8	245,2	269,3	292,6	325,2	363,6
302	5,1	27,7	49,9	80,9	107,6	146,0	173,0	188,8	214,0	236,7	260,0	283,5	301,7	332,4	362,7

B) Valores Genético de Cruzamentos em DAP

Cruzamentos	Idade (anos)														
	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
297	8,8	13,6	16,6	19,6	21,1	23,2	24,2	25,1	25,9	26,9	27,5	28,3	29,0	29,7	29,9
327	8,6	13,0	15,8	18,5	19,3	21,8	22,7	23,5	24,4	25,4	26,0	26,9	27,5	28,4	28,6
326	8,8	13,4	16,2	19,0	19,9	22,0	22,8	23,5	24,2	25,2	25,8	26,5	27,1	27,8	28,0
325	8,9	13,3	15,9	18,5	19,4	21,6	22,4	23,2	23,9	24,9	25,5	26,2	26,9	27,6	27,9
298	8,3	12,6	15,3	18,0	19,4	21,4	22,4	23,2	24,0	24,9	25,6	26,4	26,9	27,6	27,9
314	8,2	12,4	15,0	17,5	18,7	20,7	21,6	22,4	23,3	24,3	25,0	25,8	26,4	27,2	27,5
306	8,5	13,1	15,7	18,3	19,1	21,0	21,8	22,5	23,2	24,1	24,7	25,6	26,2	27,0	27,4
296	8,2	12,5	15,2	17,9	19,2	21,1	21,9	22,6	23,3	24,2	24,8	25,6	26,1	26,8	27,3
313	8,3	12,5	14,9	17,3	18,2	20,5	21,3	22,2	23,0	24,0	24,6	25,5	26,2	26,9	27,2
308	8,4	12,9	15,5	18,1	19,6	21,2	22,1	22,8	23,5	24,4	24,9	25,7	26,3	26,9	27,2
320	8,1	12,5	15,0	17,5	18,0	20,4	21,2	21,8	22,7	23,6	24,2	25,2	25,8	26,7	27,1
307	8,5	12,7	15,2	17,7	18,7	20,8	21,6	22,4	23,1	24,0	24,7	25,4	26,0	26,7	26,9
319	8,2	12,6	15,2	17,8	18,5	20,5	21,2	21,8	22,5	23,4	24,0	24,8	25,4	26,1	26,5
316	8,1	12,3	14,9	17,6	19,1	20,6	21,4	22,1	22,8	23,7	24,1	24,8	25,3	25,9	26,4
310	8,3	12,9	15,5	18,2	19,1	21,2	22,0	22,5	23,2	23,9	24,3	24,9	25,4	26,0	26,4
318	8,2	12,6	14,9	17,3	18,0	20,1	20,8	21,4	22,1	22,9	23,6	24,5	25,1	25,9	26,3
304	7,9	12,2	14,9	17,7	18,6	20,5	21,3	21,9	22,6	23,3	23,8	24,3	25,0	25,8	26,2
299	7,9	12,3	14,8	17,3	18,5	20,1	20,8	21,3	21,8	22,6	23,1	23,7	24,1	24,8	25,2
305	7,6	12,0	14,6	17,2	18,2	19,8	20,4	20,9	21,4	22,1	22,5	23,0	23,6	24,2	24,7
329	6,9	11,1	13,5	15,9	17,0	18,7	19,4	20,0	20,6	21,3	21,8	22,5	22,9	23,7	24,3
311	7,7	11,7	14,1	16,5	17,3	19,1	19,7	20,2	20,8	21,4	21,8	22,4	22,8	23,4	23,9
301	7,5	11,8	14,2	16,5	17,8	18,9	19,5	20,0	20,6	21,2	21,6	22,1	22,6	23,3	23,7
328	7,3	11,5	13,9	16,3	17,1	18,9	19,5	19,8	20,4	21,0	21,5	22,0	22,5	23,0	23,6
315	7,2	11,0	13,3	15,7	16,8	18,2	18,8	19,4	19,9	20,6	21,0	21,7	22,3	23,0	23,6
312	7,3	11,5	13,9	16,4	17,5	18,9	19,5	19,9	20,4	21,0	21,5	22,0	22,5	23,1	23,5
309	7,6	11,6	13,9	16,2	17,1	18,6	19,0	19,6	20,0	20,6	21,0	21,6	22,0	22,7	23,3
317	6,9	11,1	13,4	15,7	16,7	17,9	18,3	18,8	19,3	19,9	20,4	21,1	21,7	22,3	22,9
303	7,0	10,8	13,0	15,2	16,2	17,3	17,7	18,0	18,4	19,0	19,3	19,8	20,2	20,8	21,3
302	7,2	11,3	13,4	15,5	16,4	17,5	17,8	18,1	18,5	19,0	19,4	19,8	20,1	20,6	21,1
300	6,9	10,7	12,9	15,1	15,9	17,1	17,4	17,7	18,1	18,5	18,9	19,3	19,8	20,5	21,1

TABELA 4.18 - CONTINUAÇÃO.

C) Valores Genético de Cruzamentos em Altura

Cruzamentos	Idade (anos)														
	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
314	1,1	3,0	5,4	7,7	9,3	11,4	13,3	15,9	18,3	19,6	21,2	22,5	23,4	24,4	25,3
320	1,0	2,8	5,1	7,3	8,8	10,9	12,8	15,6	17,9	19,2	20,8	22,1	23,0	24,2	25,2
319	1,1	3,0	5,4	7,6	9,0	11,1	12,9	15,7	17,9	19,2	20,8	22,1	23,1	24,1	25,2
298	1,1	3,0	5,3	7,5	9,1	11,3	13,3	15,8	18,2	19,3	20,7	21,9	22,9	24,0	25,0
308	1,1	3,1	5,5	7,8	9,3	11,4	13,3	15,7	18,0	19,0	20,6	21,7	22,7	24,0	24,9
327	1,0	3,0	5,3	7,5	9,0	11,1	12,9	15,4	17,9	19,0	20,6	21,9	22,8	24,0	24,9
313	1,1	3,0	5,3	7,5	9,1	11,2	13,1	15,7	17,9	19,3	20,7	21,9	22,8	23,9	24,9
306	1,1	2,9	5,2	7,3	8,7	10,8	12,5	15,2	17,4	18,6	20,1	21,4	22,5	23,7	24,7
307	1,2	3,1	5,6	7,7	9,1	11,2	12,9	15,6	17,9	19,1	20,6	21,9	22,8	23,9	24,8
326	1,2	3,2	5,6	7,7	9,1	11,1	12,9	15,3	17,7	18,9	20,4	21,8	22,8	23,9	24,8
318	1,1	2,9	5,2	7,3	8,8	10,8	12,6	15,1	17,4	18,6	20,2	21,4	22,5	23,6	24,7
297	1,1	3,0	5,4	7,6	9,2	11,3	13,2	15,5	17,8	18,8	20,2	21,5	22,4	23,6	24,8
296	1,1	2,9	5,1	7,3	8,8	11,0	12,8	15,4	17,7	18,8	20,2	21,4	22,4	23,6	24,6
325	1,1	3,1	5,4	7,4	8,9	10,9	12,7	15,1	17,4	18,7	20,0	21,3	22,3	23,4	24,4
311	1,1	2,9	5,1	7,3	8,7	10,8	12,6	15,1	17,4	18,5	20,0	21,1	22,1	23,2	24,1
310	1,1	3,0	5,4	7,4	8,9	11,0	12,8	15,2	17,3	18,4	19,8	20,8	21,9	23,0	24,0
315	1,0	2,6	4,7	6,7	8,2	10,3	12,1	14,6	16,8	18,0	19,5	20,6	21,5	22,6	23,7
316	1,1	2,9	5,1	7,2	8,7	10,9	12,8	14,9	17,1	18,2	19,6	20,8	21,8	23,0	23,8
329	0,9	2,5	4,5	6,5	8,1	10,2	12,1	14,6	16,8	17,9	19,5	20,7	21,6	22,7	23,6
304	1,0	2,7	4,9	6,9	8,4	10,4	12,2	14,7	16,9	17,9	19,3	20,4	21,5	22,6	23,7
309	1,1	2,8	5,0	7,0	8,5	10,5	12,2	14,7	16,9	18,0	19,5	20,5	21,5	22,7	23,6
312	1,0	2,7	4,8	6,7	8,2	10,3	12,1	14,7	16,9	18,0	19,5	20,7	21,7	22,7	23,5
317	0,9	2,4	4,4	6,4	7,8	9,9	11,6	14,3	16,4	17,5	19,0	20,1	21,2	22,4	23,4
305	1,0	2,6	4,6	6,5	8,0	10,1	11,9	14,2	16,4	17,5	18,9	20,1	21,1	22,3	23,2
328	1,0	2,6	4,6	6,5	8,0	10,0	11,8	14,1	16,3	17,4	18,9	20,0	21,0	22,1	23,1
299	1,0	2,7	4,8	6,9	8,4	10,5	12,3	14,6	16,7	17,6	19,1	20,1	21,2	22,2	23,0
303	1,0	2,5	4,4	6,4	7,8	9,8	11,6	13,8	15,9	16,9	18,3	19,3	20,2	21,3	22,2
302	1,0	2,6	4,6	6,6	8,0	10,0	11,6	14,0	15,9	16,8	18,3	19,3	20,3	21,4	22,1
301	1,0	2,6	4,5	6,5	7,9	9,9	11,7	13,6	15,7	16,6	18,0	19,0	19,9	21,1	22,0
300	0,9	2,4	4,2	6,2	7,5	9,5	11,2	13,6	15,6	16,5	17,9	18,8	19,8	20,9	21,8

Em relação ao volume, os cruzamentos com VG maiores que 1 dp da média aos três anos, estavam acima da média aos 17 anos. Contudo, três dos quatro cruzamentos com VG maior que 1 dp da média aos 17 anos teriam sido detectados apenas na idade 4. Na idade 8, foi possível detectar os quatro cruzamentos de maior VG aos 17 anos (297, 327, 326 e 298). Em geral, todos os cruzamentos com valores genéticos maiores que a média, aos 3 e 4 anos, eram, também, maiores que a média aos 17 anos (Figura 4.33).

Três dos quatro cruzamentos com VG maiores que 1 dp da média em volume (297, 327 e 326) foram, também os de maior VG em DAP na idade 3 (Tabela 4.18b). Apesar do cruzamento 325 ter sido incluso na avaliação pelo DAP na idade 3, ele não permaneceu entre os quatro na idade 17. Contudo, foi uma pequena diferença entre os valores genéticos em DAP dos cruzamentos 298 (selecionado para DAP) e 325 (selecionado para volume) que culminou na seleção de um em detrimento do outro ou na permanência dos dois no mesmo grupo. Assim, o DAP também possibilitou a seleção dos quatro cruzamentos selecionados pelo volume a partir da idade de 8 anos. Estes resultados mostraram que seleções de *P. taeda* pela maior CEC podem ser iniciadas aos 3 anos e concluídas aos 8 anos (Figura 4.34). Isso

devido a presença de alguns cruzamentos inicialmente selecionados (325 e 306) que não se mantiveram no mesmo grupo na idade 8. A primeira seleção aos 3 anos não influenciou, expressivamente, na redução do ganho genético, pois esses cruzamentos ainda apresentaram VG maiores que 0,5 dp da média.

FIGURA 4.33 - POSIÇÃO RELATIVA DOS CRUZAMENTOS DE *PINUS TAEDA* EM RELAÇÃO AO VALOR GENÉTICO DO CRUZAMENTO DE MAIOR VOLUME AO LONGO DAS IDADES.

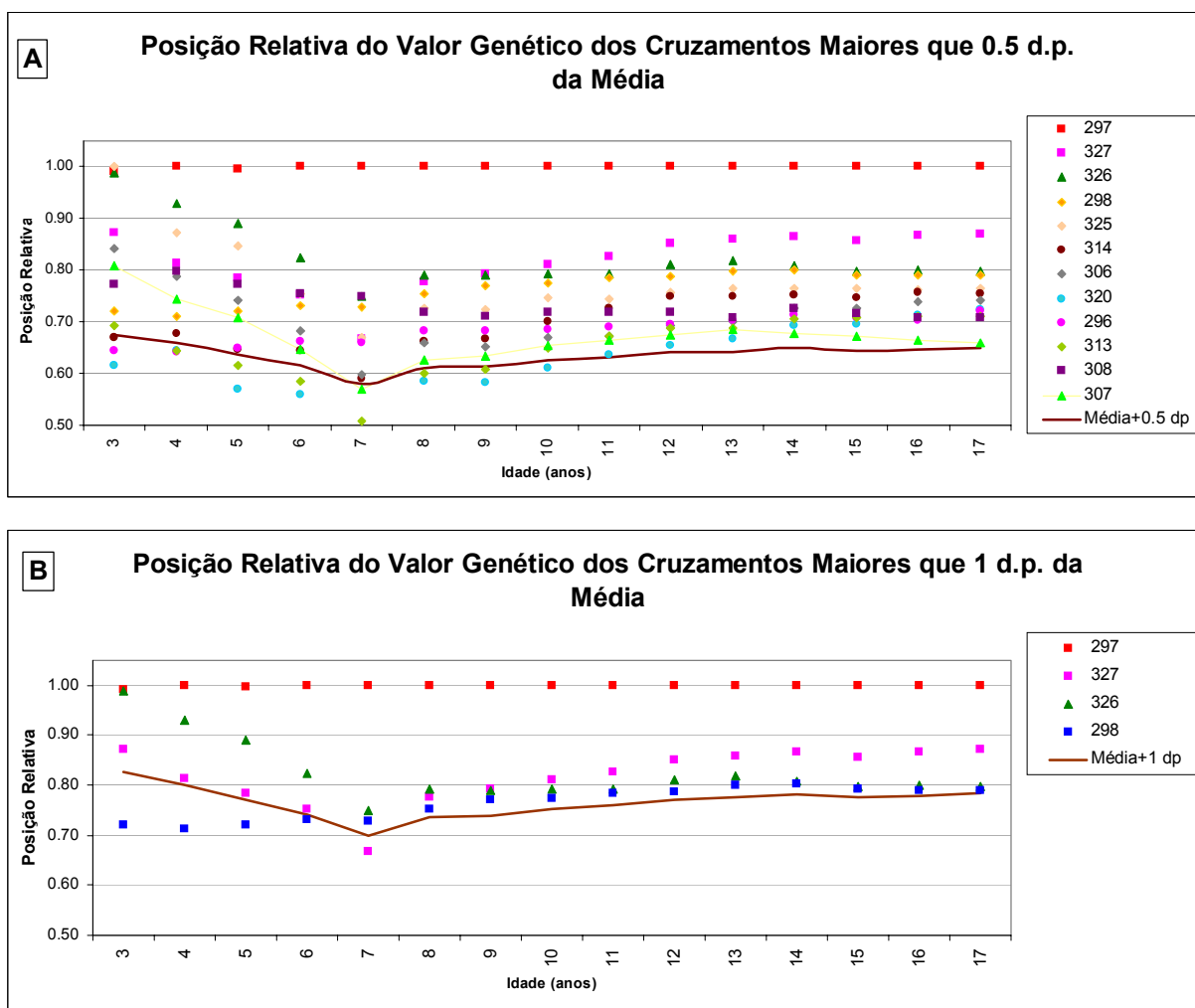
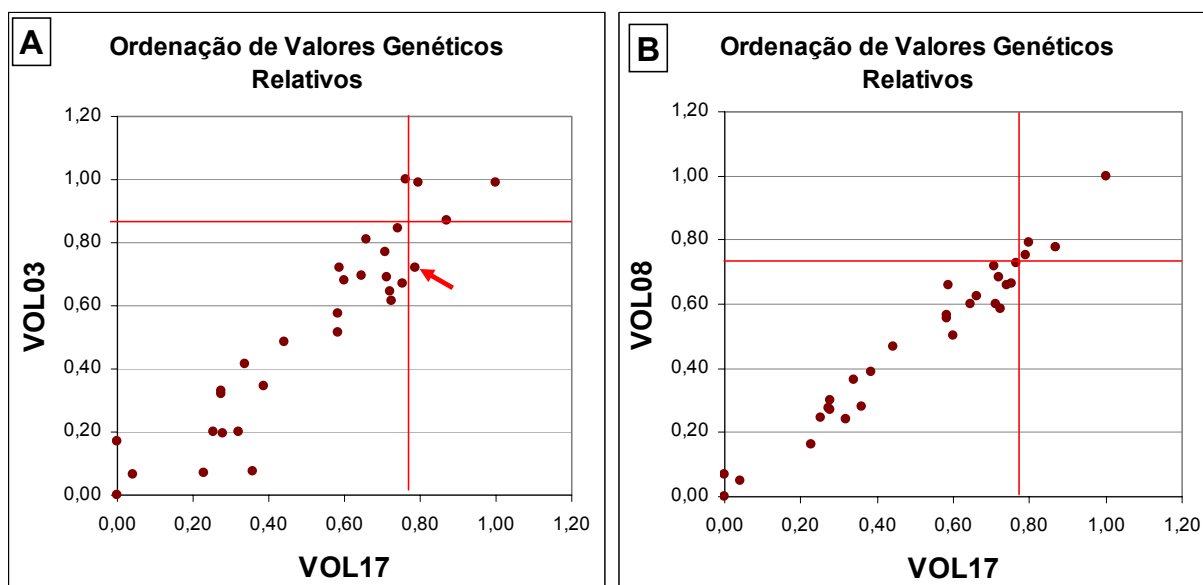


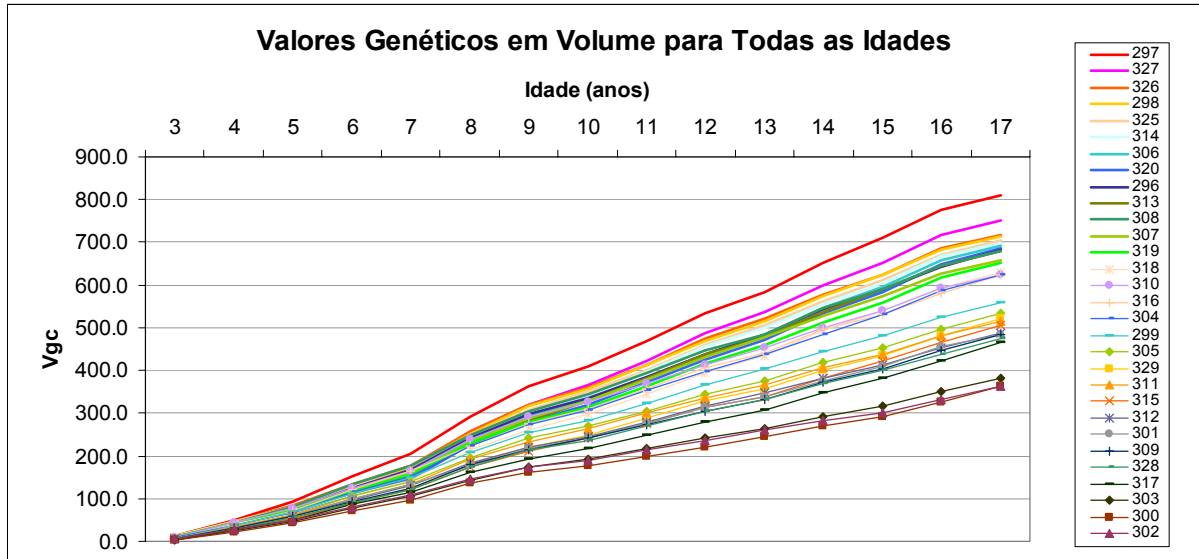
FIGURA 4.34 - POSIÇÃO RELATIVA DOS CRUZAMENTOS DE *PINUS TAEDA* PELOS VALORES GENÉTICOS EM VOLUME NAS IDADES 3 E 8 EM RELAÇÃO A IDADE DE ROTAÇÃO (17 ANOS).



Uma das vantagens na indicação de cruzamentos para produção sementes de famílias de irmãos-completos por polinização massal controlada ou clonagem de famílias está na flexibilidade da mudança de recomendações. Novas recomendações indicarão os melhores cruzamentos à medida que informações mais precisas forem obtidas com o crescimento das progênes nos testes. Mesmo ocorrendo mudanças no grupo de cruzamentos, as reduções nos ganhos genéticos na população gerada não serão expressivas. Isto porque, apesar de eliminados do grupo de cruzamentos, esses ainda mantêm uma alta performance nas características de crescimento avaliadas.

As diferenças entre os VG nas fases iniciais não foram tão grandes quanto em idades próximas a 17 anos (Figura 4.35). Algumas mudanças no ordenamento das seleções em idades precoces ocorreram nos grupos de cruzamentos ao longo das idades. Contudo, os ganhos genéticos permaneceram similares. Os cruzamentos que se despontaram no início (ex. 297), ampliaram em magnitude e diferença em relação aos demais com a idade (Figuras 4.33 e 4.35).

FIGURA 4.35 - EVOLUÇÃO AO LONGO DAS IDADES DOS VALORES GENOTÍPICOS EM VOLUME PARA CADA CRUZAMENTO EM *PINUS TAEDA* AO LONGO DAS IDADES EM SANTA CATARINA.

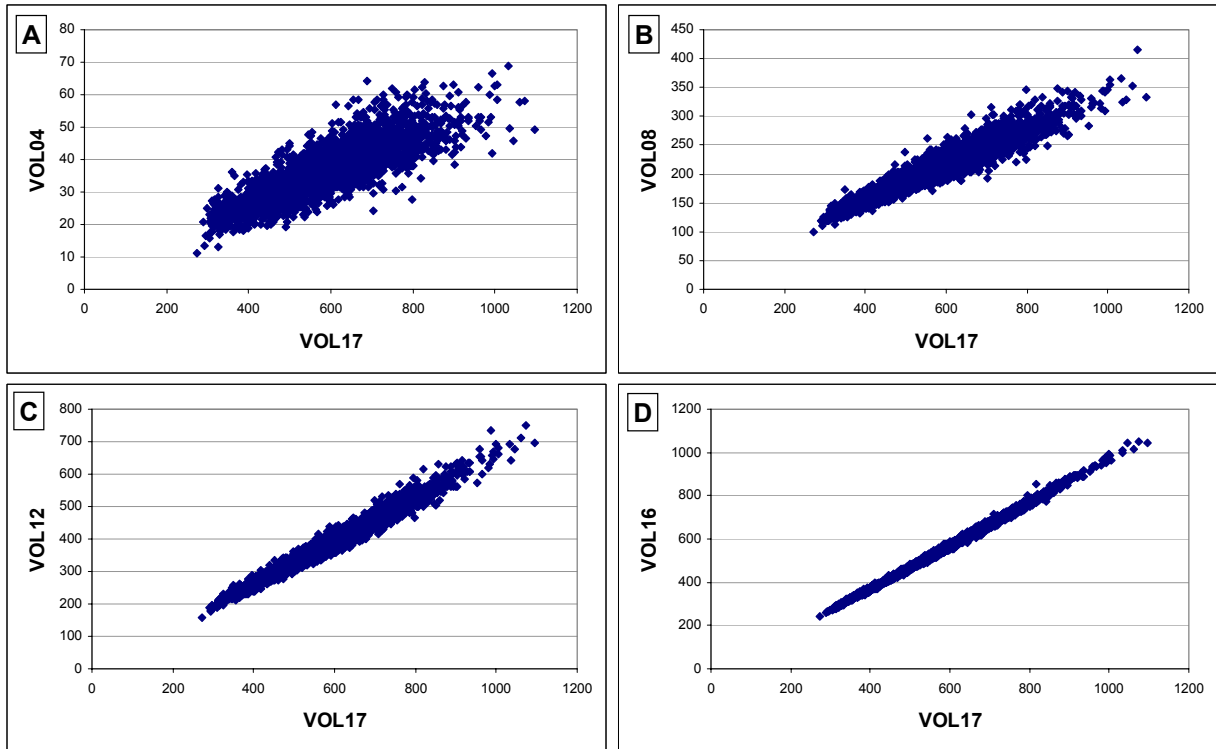


4.5.6 Seleção Individual

A dispersão da performance dos indivíduos nos testes quanto aos valores genéticos aditivos de volume nas idades 4, 8, 12 e 16 comparadas com a idade 17 (Figura 4.36), mostrou uma tendência natural de convergência desses pontos a uma linha reta, com a aproximação da idade de rotação. Isso ilustra a dificuldade na seleção de indivíduos em idades precoces, quando pequenas diferenças podem ter um grande impacto no ordenamento.

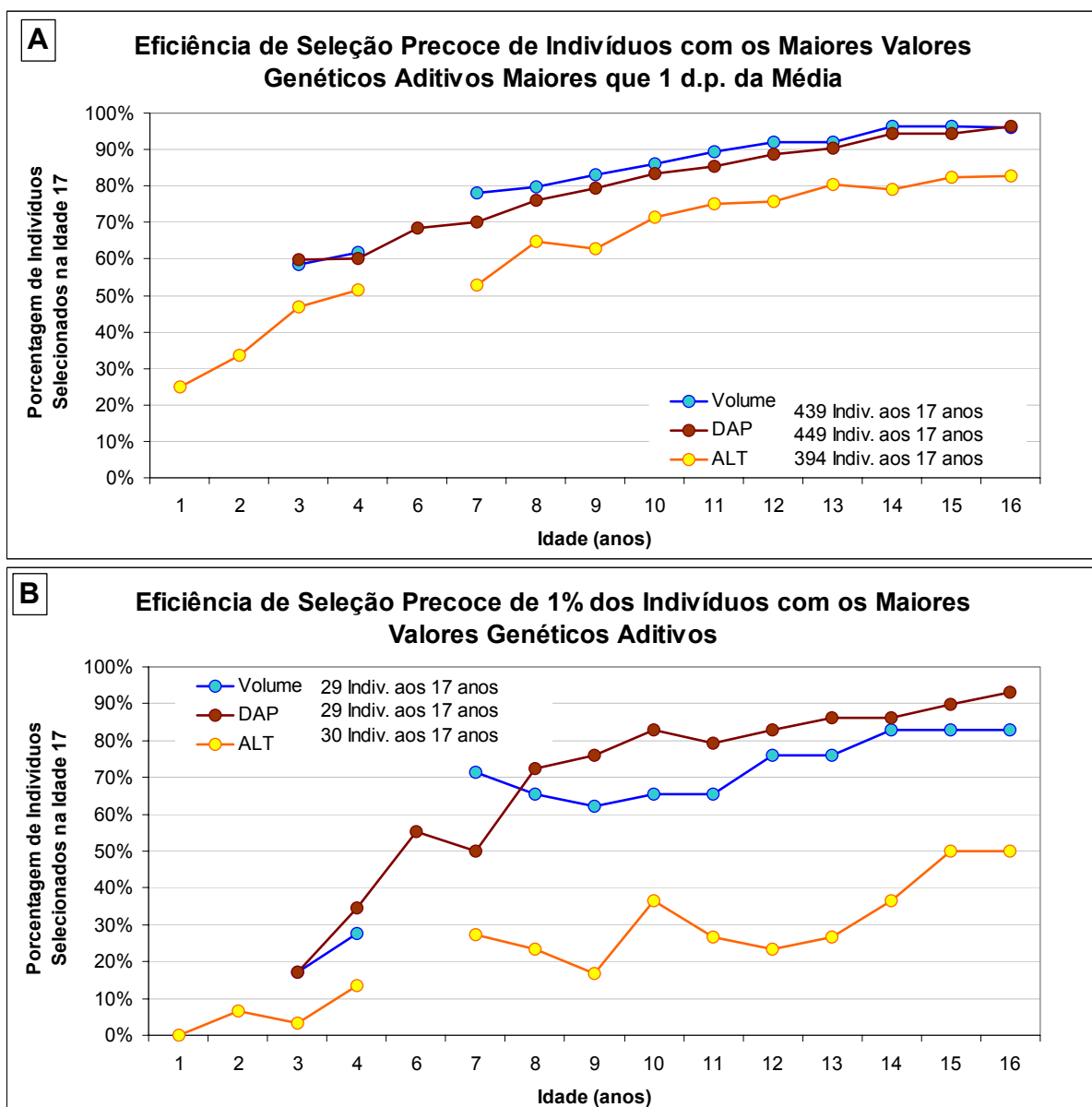
Seleções de indivíduos podem ser realizadas com várias intensidades e utilizando-se diferentes critérios na avaliação de campo. Quando se seleciona um pequeno número de indivíduos, a intensidade de seleção pode ser de 1% dos melhores indivíduos ou daqueles com valores genéticos maiores que 2 dp da média. Para avaliações complementares em campo após a seleção genética, geralmente se obtém um maior número de árvores resultantes da análise genética. Esse número pode ser de 2% da população a indivíduos com VG maiores que 1 dp da média. Mesmo após as análises genéticas para seleção individual, a ocorrência de parentesco entre os indivíduos selecionados em campo tem reduzido consideravelmente o número de genótipos seletos.

FIGURA 4.36 - ORDENAMENTO DE INDIVÍDUOS PELOS VALORES GENÉTICOS EM VOLUME ENTRE A IDADE DE ROTAÇÃO (VOL17) E SELEÇÕES PRECOSES NAS IDADES: 4 (VOL04), 8 (VOL08), 12 (VOL12) E 16 (VOL16) *PINUS TAEDA*.



Na seleção de indivíduos com valores genéticos maiores que 1 dp da média (menor intensidade de seleção), constatou-se que 60% dos indivíduos selecionados na idade 3 se mantiveram no mesmo grupo aos 17 anos, em contraste com 80% na idade 8 e 98% na idade 16. Essas porcentagens foram estimadas entre 439 indivíduos selecionados pelo volume aos 17 anos de idade e entre 449 selecionados pelo DAP. Para altura, a eficiência nessa intensidade de seleção foi de 48% para 81% dos 394 indivíduos selecionados aos 17 anos de idade (Figura 4.37a) Com base nesses resultados, recomendam-se seleções precoces de indivíduos com valores genéticos maiores que 1 dp da média aos 8 anos em volume e DAP. Uma vez selecionados, esses indivíduos serão avaliados com base no parentesco e em critérios auxiliares de avaliação em campo.

FIGURA 4.37 - EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO INDIVIDUAL PRECOCE EM VOLUME, DAP E ALTURA EM RELAÇÃO À IDADE DE 17 ANOS EM *PINUS TAEDA*, INCLUINDO INDIVÍDUOS COM PERFORMANCE MAIOR QUE 1 DP EM TORNO DA MÉDIA (A) E PARA SELEÇÃO DE 1% DOS INDIVÍDUOS (B).



Aos 3 anos somente 19% dos 29 indivíduos selecionados aos 17 anos (1% da população), foram detectados. Essa porcentagem aumentou para 82%, quando a característica avaliada foi volume e 92% para DAP na idade 16 (Figura 4.37b). Para altura, somente de 2% dos indivíduos selecionados aos 17 anos foram detectados aos 3 anos e 50% aos 16 anos. Observou-se também, que mesmo aos 4 anos, somente 29% dos indivíduos selecionados aos 17 anos foram detectados para

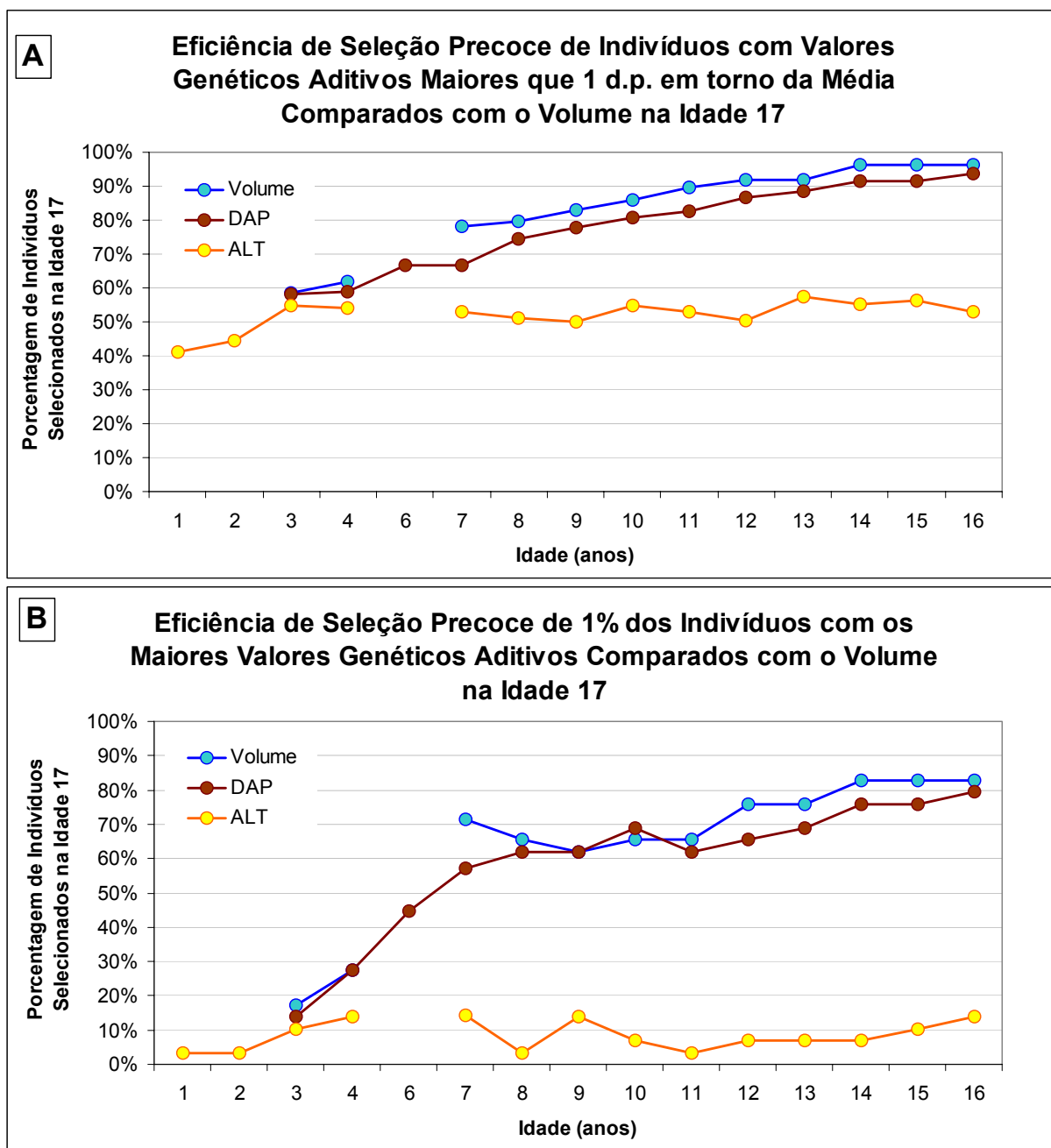
Volume e 35% para DAP. Aos 8 anos, essas eficiências aumentaram para 66% para volume e 72% para DAP, apesar de Altura ter apresentado um aumento moderado para 30%.

Esses resultados indicaram que seleções de indivíduos para composição da população do próximo ciclo de melhoramento, mesmo que com baixa eficiência, podem ser realizados aos 3 ou 4 anos de idade utilizando Volume e DAP. Contudo, o material genético selecionado deve ser destinado, preferencialmente, aos bancos ou pomares de melhoramento. Nesses pomares, a continuidade do programa não é comprometida, mesmo com a presença de indivíduos que não mantiverem a mesma performance em idades posteriores. Informações de performance desses indivíduos aos 8 anos permitiriam a captura de novos genótipos não detectados previamente e a eliminação daqueles que não mantiverem seus valores genéticos acima do esperado.

Caso a utilização dos indivíduos selecionados seja a constituição de um pomar clonal de sementes, seleções realizadas na idade 8 resultarão em uma eficiência de 65%. Essa eficiência somente alcançará níveis superiores a 80% na idade 14. Portanto, esse pomar deve ter um menor espaçamento, antecipando desbastes genéticos a serem realizados tão logo se detectem genótipos com valores genéticos indesejáveis, revelados em por análises genéticas próximas a idade de rotação. Esse desbaste não elimina a necessidade de desbastes futuros, que ocorrerão após a obtenção de resultados de testes de progênie das matrizes presentes no pomar.

Além do próprio volume, as eficiências da seleção pelo DAP e altura, em várias idades, foram comparadas às seleções obtidas pelo volume aos 17 anos (Figura 4.38). A eficiência da seleção precoce pela altura na idade 3 não superou a eficiência de 15% com seleção de 1% nem a eficiência de 60% na seleção de indivíduos com VG maior que 1dp da média. O DAP apresentou o mesmo comportamento padrão do volume ao longo das idades. Aos 3 anos de idade, precisões de quase 60% foram alcançadas com menor intensidade de seleção. Mas, somente 16% dos indivíduos selecionados na idade 3, com valores genéticos maiores que 2 dp da média, estavam presentes na idade de rotação.

FIGURA 4.38 - EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO INDIVIDUAL PRECOZE PELO VOLUME, DAP E ALTURA EM RELAÇÃO AO VOLUME NA IDADE DE 17 ANOS, DE INDIVÍDUOS COM VG MAIOR QUE 1 DP DA MÉDIA (A) E SELEÇÃO DE 1% DOS INDIVÍDUOS (B) EM *PINUS TAEDA*.



As eficiências da seleção aumentaram significativamente somente na idade 8, alcançando valores de 65% e 80% com baixa e alta intensidades de seleção, respectivamente. Mesmo aos 16 anos, não foi possível detectar mais do que 82% dos indivíduos selecionados pelo volume aos 17 anos, numa alta intensidade de

seleção. Em consenso com os resultados anteriores, recomenda-se a implementação de seleções individuais precoces em volume na idade 8, mesmo que se esperem eficiências menores que 80%. Com essa recomendação e com a adoção de estratégias de monitoramento do progresso dos valores genéticos individuais, poderá ocorrer aumento no ganho genético por unidade de tempo, com a antecipação da implantação de pomares e a constituição de populações para o próximo ciclo de melhoramento.

5 CONCLUSÕES

- Equações baseadas no modelo de PIENAAR et al. (1988) geraram estimativas precisas para as características de crescimento, como volume comercial com casca, volume comercial sem casca, peso verde comercial com casca e peso seco sem casca em *P. taeda*.
- Metodologias específicas de mensuração da densidade básica com amostras de bagueta foram obtidas com o uso de equações precisas estimando a densidade básica média da árvore (DENSA).
- Mensurações de espessura de casca à altura do peito e volume da árvore foram obtidas com o uso de procedimentos e equações precisas para estimativa do volume de casca da árvore (CVOL).
- A proporção do volume comercial com casca (VOLC) em relação ao peso verde com casca (PVC) diminui significativamente com a idade da árvore, de 1,157 aos 6 anos para 1,076 aos 18 anos.
- Características de crescimento volumétrico (VOLCG e VOLSE), peso verde (PVCT), peso seco (PSSDS ou PSSE) e volume de casca da árvore (CVOLE) foram obtidas com precisão, através do uso de variáveis compostas.
- Quarenta e três características utilizadas para avaliação de árvores apresentaram, em sua maioria, níveis de herdabilidade no sentido restrito superiores a 0.20.
- As seguintes características foram as mais indicadas para seleção genética de árvores: ALT, DAP, DAPS, DENSA, CVOLE, VCC, VOLCG, VCS, VOLSE, PSC, PSSE, PVCT, VF, VFD, VFC e VFDC.
- As correlações genéticas entre as variáveis compostas dos caracteres de crescimento (VOLCG, VOLSE, PVCT e PSSE) e as de valor comercial (VF e VFDC) foram altas, indicando que tanto VF como VFDC não comprometem a seleção para caracteres de crescimento.
- Seleções para densidade básica média (DENSA) e volume de casca (CVOLE) podem ser realizadas independentemente, devido a inexistência de correlação genética entre esses caracteres.

- As correlações das variáveis binárias (RET, BIF, COQ, FOX) e altura do fuste (ALT) com as variáveis compostas (DENSA, CVOLE, VOLCG, VOLSE, PSC, PSSE, PVCT, VF, VFD, VFC e VFDC) são baixas, indicando que seleções para essas características podem ser realizadas independentemente.
- Seleções genéticas para características de crescimento não implicaram em alterações significativas em densidade básica média da árvore de *P. taeda*.
- A espessura da casca (CES) não se correlacionou com volume de casca na árvore (CVOLE), indicando que seleção para redução de casca não deve ser inferida pelo CES.
- A densidade básica da bagueta (DENSB) permite a seleção indireta para densidade básica média da árvore (DENSA).
- A densidade básica acumulada até o 8º anel de crescimento na bagueta (DSB08) e a densidade básica média da árvore (DENSA) aos 17 anos são moderadamente correlacionadas, indicando que seleções juvenis da madeira poderão ser realizadas aos 8 anos de idade.
- O valor financeiro da árvore com base na segregação de múltiplos produtos e prêmios para maior densidade básica média da árvore e menor volume de casca (VFDC) é a variável que mais expressa, comercialmente, o valor da árvore.
- Não há redução no ganho genético nas seleções de genitores e cruzamentos pelo valor comercial VFDC, quando as seleções se realizam com base em DAP, DAPS, VCC, VCS, PSC, VOLCG, VOLSE, PVCT, VF, VFD e VFC.
- Seleções pela densidade básica média da árvore (DENSA), volume de casca da árvore (CVOLE) e altura do fuste (ALT) propiciam baixos ganhos genéticos em VFDC.
- Reduções nos ganhos genéticos para VFDC foram menores que 1%, quando indivíduos foram selecionados com base no DAP, DAPS, VCC, VCS, PSC, VOLCG, VOLSE, PVCT, VF, VFD e VFC. Contudo, seleções em DENSA, CVOLE-Menor e ALT implicaram em reduções de ganhos genéticos de 10%, 50% e 45% respectivamente.
- A análise de componentes principais possibilitou identificar, de forma global, as famílias 298, 326, 299, 310, 328 e 297 como sendo superiores e com performance estável em todos os locais.

- As famílias resultantes dos cruzamentos 298 (07-1029x11-1051) e 326 (10-1030x11-1031) apresentaram as melhores performances em todos os locais.
- As correlações genéticas entre 3 dos 4 locais foram elevadas, refletindo condições edafo-climáticas equivalentes entre sítios.
- Todas as características avaliadas nos diferentes locais apresentaram consideráveis variações em seus valores de herdabilidade, com exceção da DENSA, que apresentou menos de 1% de variação. Os valores de herdabilidade para altura variaram em quase 3%, o DAP de 6% e as demais características entre 10% a 20%.
- As estimativas das herdabilidades no sentido restrito (h_a^2) apresentaram valores elevados em torno de 0,60. Isso, possivelmente devido à alta taxa de crescimento local, controle ambiental, alta sobrevivência inicial (92%) e final (80%) em todos os locais.
- A interação entre as variâncias genética aditiva e ambiental (r_{Bg}) foi insignificante ($r_{Bg} \sim 1,00$) em todas as idades avaliadas, sendo o mesmo observado para a interação de dominância genotípica e ambiental.
- Apesar dos valores da variância da dominância e variância genética aditiva nos primeiros anos do teste terem sido similares, diferenças significativas foram detectadas após os 12 anos. Somente a variância genética aditiva contribuiu com a maior parte da variância genética após a idade 12. Isso possivelmente devido ao aumento da competição entre as árvores no teste.
- A variância da dominância não foi expressiva em nenhuma idade, demonstrando que variância genética aditiva foi a que mais contribuiu para a variância genética em volume, DAP e altura.
- Os valores de herdabilidade para volume, DAP e altura aumentaram rapidamente até a idade 4 e se estabilizam até a idade de 17 anos.
- A equação de Lambeth para cálculo das correlações genéticas aditivas entre idades foi definida como: $r_g = 0,088x + 0,9972 \ln(i_p/i_a)$;
- A alta herdabilidade, devido a menor influencia ambiental nas correlações entre idades nos vários locais, garantiu a alta precisão de seleção em idades precoces para volume, DAP e altura.

- Seleções precoces de genitores em volume, DAP e altura podem ser realizadas aos 3 ou 4 anos. Contudo, seleções precoces de genitores para formação de pomares ou para desbastes genéticos, podem ser confirmados na idade 8.
- A maioria dos genitores selecionados aos 3 e 4 anos, com valores genéticos maiores que a média, também estavam acima da média aos 17 anos.
- A partir da idade de 8 anos foi possível a seleção em DAP e volume dos cruzamentos que foram superiores aos 17 anos.
- Seleções para maiores CEC podem ser iniciadas aos 3 anos e concluídas aos 8 anos. Erros na seleção inicial não influenciam expressivamente no ganho genético aos 17 anos.
- Seleções individuais com base em valores preditos de cada progênie no teste têm eficiências moderadas aos 8 anos, alcançando níveis satisfatórios aos 14 anos.
- O programa Selegen REML/BLUP, desenvolvido por RESENDE (2002), se prestou plenamente para a análise dos cruzamentos dialélicos desconectados desse estudo.
- A alternativa computacional desenvolvida no programa SAS para a análise de cruzamentos dialélicos desconectados em vários locais, possibilitou a flexibilização e automação de análise de vários modelos mistos.

6 RECOMENDAÇÕES

- Emprego de equações biométricas utilizando altura e DAP para quantificação de crescimento de árvores para seleção genética.
- Adoção da equação de peso verde comercial com casca (PVCT) e da fórmula de PIENAAR et al. (1988), para segregação de produtos múltiplos visando a quantificação da árvore para comercialização.
- Utilizar a equação obtida para conversão de volume comercial com casca (VOLCG) para peso verde comercial com casca (PVCT) em diferentes idades, quando não existam equações específicas para essa característica.
- Utilizar as equações de crescimento individual para estimativa de volume comercial com casca (VOLCG), volume comercial sem casca (VOLSD ou VOLSE), peso verde comercial com casca (PVCT), peso verde comercial sem casca (PSSD ou PSSE).
- Utilizar métodos de quantificação de variáveis e empregar equações para estimativa de volume de casca da árvore (CVOLE) e densidade básica média da árvore.
- Dependendo do objetivo do programa, recomenda-se o emprego das seguintes variáveis na seleção genética: ALT, DAP, DAPS, DENSA, CVOLE, VCC, VOLCG, VCS, VOLSE, PSC, PSSE, PVCT, VF, VFD, VFC e VFDC.
- Empregar equações apropriadas para estimativas mais reais de ganhos genéticos em crescimento (VOLCG, VOLSE, PVCT e PSSE) ou expressem valores comerciais (VF, VFD, VFC e VFDC). Contudo, quando não for possível a utilização de equações de PIENAAR et al. (1988) ou outros modelos de crescimento não estiverem disponíveis para quantificação de variáveis expressem valores comerciais, utilizar a variável DAP para seleção de árvores. Pois essa, apesar de subestimar o ganho genético econômico, possibilita em sua grande parte semelhantes seleções para genitores, cruzamentos e indivíduos. Isso, no caso das características de crescimento contribuírem com a maior parte do ganho econômico e as proporções na composição preços forem semelhantes às desse estudo.

- Empregar seleções independentes ou índices de seleção para densidade básica da madeira e crescimento da árvore. Pois os grupos selecionados para características de crescimento ou valores comerciais também apresentam indivíduos com ganhos genéticos para DENSA.
- Seleções precoces para densidade básica da madeira podem ser realizadas com amostras de bagueta em idades juvenis, mesmo com menores precisões em avaliações que contenha menos que oito anéis de crescimento.
- Características binárias devem ser empregadas como critérios auxiliares de seleção, devido à sua baixa herdabilidade no sentido restrito e pesos econômicos ainda não definidos. Também se recomenda que as presenças de bifurcações (BIF), copa quebrada (COQ), rabo-de-raposa (FOX) e retidão do fuste (RET) sejam agrupadas como defeitos de copa e fuste, dependendo do foco do programa de melhoramento genético da empresa.
- A altura do fuste (ALT) não deve ser a única característica a ser utilizada para quantificação de crescimento.
- Empregar análise de componentes principais para a determinação das melhores famílias com performance estável em vários locais.
- Entre os cruzamentos avaliados nesse estudo, utilizar os cruzamentos 298 (07-1029x11-1051) e 326 (10-1030x11-1031) para a produção massal de sementes de irmãos-completos ou clonagem de famílias.
- Empregar a eficiência indireta de seleção (Q) como um indicador de precisão para seleção de genitores e cruzamentos.
- Selecionar precocemente para volume e DAP dos melhores genitores e cruzamentos na idade 3 e validação na idade 8.
- Selecionar precocemente indivíduos aos 8 anos em volume e DAP a partir de valores genéticos maiores que 1 dp da média.
- Seleções precoces de indivíduos nos testes para comporem a próxima geração de melhoramento podem ser realizadas com baixa eficiência aos 3 ou 4 anos, tanto para volume quanto para DAP. Contudo o material genético selecionado deve ser destinado, preferencialmente a bancos ou pomares de melhoramento.
- Para constituição de um pomar clonal de sementes predito através da seleção individual em idades precoces, recomenda-se realizá-la após 8 anos. Contudo,

esse pomar deve ter um menor espaçamento, antecipando um primeiro desbaste genético a ser realizado com informações obtidas do teste de origem, a partir de avaliações os 14 anos. Esse desbaste não elimina a necessidade de desbastes futuros, que certamente ocorrerão após a obtenção de resultados de testes de progênie das matrizes presentes nesse pomar.

- Empregar o programa Selegen REML/BLUP para implementação de análises de cruzamentos dialélicos e o programa SAS como uma alternativa computacional, principalmente quando se visar a uso de variações de metodologias no emprego de modelos mistos para análise genética.

7 REFERÊNCIAS

- ADAMS, W. T.; JOYCE, D. G. Comparison of selection methods for improving volume growth in young coastal Douglas-fir. **Silvae Genetica**, v. 39, p. 219-226, 1990.
- ADAMS, G. W.; MORGENSTERN, E. K. Multiple-trait selection in jack pine. **Canadian Journal for Forest Research**, v. 21, p. 439-444, 1991.
- ALLEN, H. L.; DOUGHERTY, P. M.; CAMPBELL, R. G. Manipulation of water and nutrients - practice and opportunity in southern U.S. pine forests. **Forest Ecology and Management**, v. 30 p. 437-453, 1990.
- ANDRADE, L. O. **Equações de crescimento de *Pinus taeda* na Rigesa. Rigesa Relatório Técnico**. Três Barras, 1999. 22p.
- APIOLAZA, L. A.; GILMOUR, A. R.; GARRICK, D. J. Variance modelling of longitudinal height data from a *Pinus radiata* progeny test. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 30, p. 645-654, 2000.
- APIOLAZA, L. A.; GARRICK, D. J. Breeding objectives for three silvicultural regimes of radiata pine. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 31, p. 654-662, 2001.
- BAKER, R. J. **Selection indices in plant breeding**. Boca Raton: CRC Press, 1986. 218 p.
- BAKER, J. B.; LANGDON, O. G. **Silvics of North America Vol. 1 Conifers: *Pinus taeda* L. Loblolly pine**. USA Department of Agriculture and Forest Service. 1990. p. 654.
- BALOCCHI, C. E. **Age trends of genetic parameters and selection efficiency for loblolly pine (*Pinus taeda* L.)**. 1990. Thesis (PhD in Forest Science) – Department of Forestry, North Carolina State University.
- BALOCCHI, C. E.; BRIDGWATER, F. E.; ZOBEL, B. J.; JAHROMI, S. Age trends in genetic parameters for tree height in a nonselected population of loblolly pine. **Forest Science**, v. 39 p. 231-251, 1993.
- BANNISTER, M. H.; VINE, M. H. An early progeny trial in *Pinus radiata*. Wood density. **New Zealand Journal of Forest Science**, v. 11, p. 221-243, 1981.
- BENDTSEN, B. A. Properties of wood from improved and intensively managed trees. **Forest Products Journal**, v. 28, n. 10, p. 61-72, 1978.
- BERGMAN, A. **Variation in flowering and its effect on seed cost**. Raleigh, North Carolina: North Carolina State University, School of Forest Resources, 1968. p. 62. Cooperative Programs, Technical Report.

BONGARTEN, B. C.; R. O. TESKEY. 1987. Dry weight partitioning and growth in loblolly pine seedlings from seven sources. **Forest Science** v. 33 p. 255-267. 1987.

BORRALHO, N. M. G. The impact of individual tree mixed models (BLUP) in tree breeding strategies. In: IMPROVING FIBER YIELD AND QUALITY OF EUCALYPTUS PLANTATIONS CONFERENCE, 1995, Hobart, Australia. **Proceedings...** Australia: CRCTHF-IUFRO, 1995, p. 141-145.

BUENO FILHO, J. S. de S. **Modelos mistos na predição de valores genéticos aditivos em testes de progênies florestais**. Piracicaba, 1997. 118 f. Tese (Doutorado em Engenharia Florestal) – Departamento de Engenharia Florestal, Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz".

BURDON, R. D. Genetic correlation as a concept for studying genotype-environment interaction in forest tree breeding. **Silvae Genetica**, v. 26, p. 168-175, 1977.

CASELLA, G.; BERGER, R. L. **Statistical Inference**. Belmont: Duxbury, 1990. 650.p.

CAVE, I. D.; WALKER, J. C. F. Stiffness of wood in fast grown plantation softwoods: the influence of microfibril angle. **Forest Products Journal**, v. 44, n. 5, p. 43–48, 1994.

CONKLE, M. T. **The determination of experimental plot size and shape in loblolly and slash pines**. Raleigh: NORTH CAROLINA STATE COLLEGE, SCHOOL OF FORESTRY, 1963. 51 p. Technical Report 17.

COTTERILL, P. P.; DEAN, C. A. Changes in the genetic control of growth of radiata pine to 16 years and efficiencies of early selection. **Silvae Genetica**, v. 37, p. 138-146, 1988.

CUBBAGE, F. W.; ARUNA, P. B. Southern forests and economic conditions. **Forest Landowners**, v. 55, n. 2, 1996.

DEAN, C. A.; CORRELL, R. L. Analysis of diallel matings with missing values. **Silvae Genetica**, v. 37, n. 5-6 p. 87-197, 1988.

DINWOODIE, J. M. The relationship between fiber morphology and paper properties: a review of literature. **TAPPI Journal**, Atlanta, v. 48, n. 8, p. 440 - 446, aug. 1965.

DORMAN L., KEITH W.; B. J., ZOBEL. Genetics of loblolly pine. **USDA Forest Service, Research Paper** n. WO-19. Washington, DC. 21 p. 1973.

EINSPAHR, D. W.; PECKHAM, J. R.; MATHES, M. C. Base lines for judging wood quality of loblolly pine. **Forest Science**, Washington, v. 10, n. 2, p. 165-173, 1964.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. New York, NY: Longman & Co, 1989.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Harlow: Longman, 1996, 464p.

FERREIRA, A. R. **Produtividade de plantios melhorados de *Pinus taeda* na Rigesa**. Rigesa Memorando Técnico, Três Barras, 2003.

FERREIRA, A. R. **Comparativo de produtividade de florestas plantadas de *Pinus spp* nos países de maior expressão no setor**. Rigesa Relatório Técnico, Três Barras, 2004.

FONSECA, S. M. Programa conjunto de melhoramento genético e produção de sementes de *P. taeda* na região sul do Brasil. **Boletim Informativo IPEF**, Piracicaba, n. 17, p. 61-73, 1978.

FOSTER, G. S. Trends in genetic parameters with stand development and their influence on early selection for volume growth in loblolly pine. **Forest Science**, v. 32 p. 944-959, 1986.

FOSTER, G. S. Inter-genotypic competition in forest trees and its impact on realized gain from family selection. In: SOUTHERN FOREST TREE IMPROVEMENT CONFERENCE, 1989, Charleston, South Carolina. **Proceedings...** Charleston, South Carolina, 1989, p. 21-35.

FOWELLS, H. A. Comparisons of silvics of forest trees of the United States. U.S. Department of Agriculture, **Agriculture Handbook**, n. 271, Washington, DC. p. 762, 1965.

FRAMPTON JUNIOR, L. J.; HUBER, D. A. Clonal variation in four-year-old loblolly pine in coastal North Carolina. In: 23rd Southern Forest Tree Improvement Conference, 1995, North Carolina. **Proceedings ...** North Carolina, 1995. p. 254-264.

FRANKLIN, E. C. Model relating levels of genetic variance to stand development of four North American conifers. **Silvae Genetica**, v. 28, p. 207-212, 1979.

FRAYER, E.; VANAKEN, C.; SULLIVAN, D. Notes: Application of Sampling with Partial Replacement to Timber Inventories, Central Rocky Mountains. **Forest Science**, v. 17, n. 2, p. 160-162. 1971.

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. **AMMI analysis of yield trials**. In: KANG, M.S.; GAUCH, H.G. (Ed). Genotype by environment interaction. Boca Raton: CRC Press, 1996. p. 85-122.

GILMOUR, A. R.; THOMPSON, R. Modelling variance parameters in ASREML for repeated measures. In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 1998, Armidale. **Proceedings...** Armidale: AGBU / University of New England, 1998. v. 27, p. 453-454.

GLADSTONE, W. T. Customize or compromise: an alternative for loblolly. In: 16TH SOUTHERN FOREST TREE IMPROVEMENT CONFERENCE, 1982, Blacksburg, Virginia. **Proceedings...** Blacksburg, Virginia: SFTI Committee, 1982. p. 200-202.

GILMOUR, A. R.; THOMPSON, R.; CULLIS, B. R. Average information REML: an efficient algorithm for parameter estimation in linear mixed models. **Biometrics**, v. 51 p. 1440-1450, 1995.

GRASER, H. U.; SMITH, S. P.; TIER, B. A derivative free approach for estimating variance components in animal models by restricted maximum likelihood. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 64, n. 5, p. 1362-1370, 1987.

GWAZE, D. P.; WOOLLIAMS, J. A.; KANOWSKI, P. J. Optimum selection age for height in *Pinus taeda* L. in Zimbabwe. **Silvae Genetica** v. 46, n. 6, p. 358-356, 1997.

GWAZE, D. P. ; BRIDGWATER, F.E.; BYRAM, T. D.; LOWE, W. J. Genetic parameter estimates for growth and wood density in loblolly pine (*Pinus taeda* L). **Forest Genetics**, v. 8, n. 47, p. 47-55, 2001

HARRIS, J. M. Wood quality of *radiata* pine. **Appita**, v. 35, p. 211–215, 1981.

HARTMAN, K. A. National register of big trees. **American Forests**, v. 88, n. 4 p.17-31/ 34-48, 1982.

HENDERSON, C. R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S. R.; VON KROSIGK, C. M. The estimation of environmental and genetic trends from records. **Biometrics**, Alexandria, v. 15, p. 192-218, 1959

HENDERSON, C. R. Selection index and expected genetic advance. In: STATISTICAL GENETICS AND PLANT BREEDING, HANSON W.D.; ROBINSON, H.F. (Eds.). **NAS-NRC Publication** n. 982. Washington, DC: NAS-NRC, 1963, p. 141-163.

HENDERSON, C. R. Sire evaluation and genetic trends. In: ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOR OF J. LUSH. Champaign, 1973. Champaign: American Society of Animal Science, 1973, p. 10-41.

HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, Alexandria, v. 31, n. 2, p. 423-448, 1975.

HENDERSON, C. R.; QUAAS, R. L. Multiple trait evaluation using relative's records. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 3, p. 1188-1197, 1976.

HENDERSON, C. R. Prediction of future records. In: POLLACK, E.; KEMPTHORNE, O.; BAILEY, T. (Eds.) INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS. Ames, Iowa. **Proceedings...** Ames, Iowa: Iowa State University Press, 1977. p. 615-638

HENDERSON, C. R. **Applications of linear models in animal breeding**. University of Guelph: Guelph, p. 462. 1984.

HODGE, G. R.; WHITE, T. L. Genetic parameter estimates for growth traits at different ages in slash pine and some implications for breeding. **Silvae Genetica**, v. 41, n. 4-5, p. 252-262, 1992.

HUBER, D. A. Ordinary least squares estimation of general and specific combining abilities from half-diallel mating designs. **Silvae Genetica**, v. 41, n. 4-5 p. 263-273, 1992.

HUBER, D. A. **Optimal mating designs and optimal techniques for analysis of quantitative traits in forest genetics**. Gainesville, Florida, 1993. p. 151. Thesis (Ph.D. in Forest Science) - Department of Forestry, University of Florida.

JACKSON, L. W. R.; STRICKLAND, R. K. **Geographic variation in tracheid length and wood density of loblolly pine**. Macon, Georgia: Georgia Forest Research Council, 1962. n. 8, p. 4. Georgia Forest Research Papers.

JOHNSON, D. L.; THOMPSON, R. Restricted maximum likelihood estimation of variance components for univariate animal models using sparse matrix techniques and average information. **Journal of Dairy Science**. v. 78, p. 449-456, 1995.

JOHNSON, G. R.; KING, J.N. **Turning a new generation - NZ radiata pine breeding philosophy**. New Zealand Radiata Pine Breeding Cooperative. Forest Research Institute. 1989. p.27.

KELLISON, R. C. Production forestry into the 21st century, a world view In: THE 24TH SOUTHERN FORESTRY TREE IMPROVEMENT CONFERENCE, 1997 Orlando, Florida. **Proceedings ...** Florida: June 9-12, 1997. p. 3-10

KENNEDY, B. W.; SORENSEN, D. A. Properties of mixed model methods for prediction of genetic merit under different genetic models in selected and unselected populations. In: WEIR, B.; GOODMAN, M. M.; NAMKOONG, G. (Ed.). **Second International Conference on Quantitative Genetics**, Raleigh, 1988. Raleigh: North Carolina State University, 1988. p. 91-103

KING, J. N.; BURDON, R. D. Time trends in inheritance and projected efficiencies of early selection in a large 17-year-old progeny test of *Pinus radiata*. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 21, p. 1200-1207, 1991.

KLOCK, U.; MOORE, H. E. **Qualidade da madeira juvenil de *Pinus maximinoi***. Curitiba, 2000. 347 f. Tese (Doutorado em Ciências Florestais) - Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná.

LAFARGE, T. Genetic variation among and within three loblolly pine stands in Georgia. **Forest Science**, v. 20, n. 3, p. 272-275. 1974.

LAMBETH, C. C. Juvenile-mature correlations in Pinaceae and implications for early selection. **Forest Science**, v. 26 p. 571-580, 1980.

LAMBETH, C. C.; VAN BUIJTENEN J. P., MCCALLOUGH, R. B., DUKE, S. D. Early selection is effective in 20-year-old genetic tests of loblolly pine. **Silvae Genetica**, v. 32 p. 210-215, 1983.

LAMBETH, C. C.; DILL, L. A. Prediction models for juvenile-mature correlations for loblolly pine growth traits within, between and across test sites. **Forest Genetics**, v. 8, n. 2, p. 101-108, 2001.

LARSON, P. R.; KRETSCHMANN, D. E.; CLARK, A.; ISEBRANDS, J. G. **Formation and properties of juvenile wood in southern pines: a synopsis 129**. Madison, Wisconsin: U.S. Department of Agriculture, Forest Service, Forest Products Laboratory, 2001. 42 p. Technical Report.

LI, B., MCKEAND, S. E.; WEIR, R. J. Genetic parameter estimates and selection efficiency for the loblolly pine breeding in the south-eastern US. In: PROCEEDINGS OF QFRI-IUFRO CONFERENCE, Caloundra, Australia. **Tree Improvement for sustainable tropical forestry**. 1996. p. 164-68.

LI, B.; MCKEAND, S. E.; HATCHER, A. V.; WEIR, R. J. Genetic gains of second generation selections from the NCSU-Industry Cooperative Tree Improvement Program. In: SOUTHERN FOREST TREE IMPROVEMENT CONFERENCE. Orlando, Florida. **Proceedings...** Orlando: ICTIP, 1997 v. 24, p. 234-238.

LI, B.; MCKEAND, S. E.; WEIR, R. J. Tree improvement and sustainable forestry-impact of two cycles of loblolly pine breeding in the US. **Forest Genetics**, v. 6, p. 229-234, 1999.

LINDGREN, D. How should breeders respond to breeding values? In: JOINT WORKSHOP OF IUFRO WORKING PARTIES. Williamsburg, Virginia. **Proceedings...** North Carolina State University, p. 361-372, 1986.

LITTELL, R. C.; MILLIKEN, G. A.; STROUP, W. W.; WOLFINGER, R. D. **SAS system for mixed models**. Cary: Statistical Analysis System Institute, p. 633, 1996.

LITTLE JUNIOR, L.; ELBERT, **Atlas of United States trees**. v. 1. Conifers and important hardwoods. Washington, D.C.: U.S. Department of Agriculture, 1971.

LITTLE, S.; TREW, I. F. Pitch x loblolly pine hybrids: loblollies for the north? **Journal of Forestry**, v. 77, n. 11, p. 709-716, 1979.

LOWE, W. J.; BUIJTENEN, J. P. van. The development of a sublining system in an operational tree improvement program. In: IUFRO CONFERENCE ON BREEDING THEORY, PROGENY TESTING AND SEED ORCHARDS. Williamsburg, 1986. Williamsburg: IUFRO, p. 98-106.

LUSH, J. L. Genetic aspects of the Danish system of progeny testing swine. **Iowa Research Bulletin**, n. 204, 1936. 17p.

MACHADO, S. A. Inventário florestal nacional de florestas plantadas nos estados do Paraná e Santa Catarina. **Instituto Brasileiro de Desenvolvimento Florestal**, Brasília, p. 284, 1984.

MAGNUSSEN, S. Minimum age-to-age correlations in early selections. **Forest Science**, v. 34, p. 928-938, 1988.

MARCOLIN, M. **Densidade básica de Araucaria, Pinus e Eucalyptus**. Relatório Técnico Interno. KFPC-AS 1990.

MATOS, J. L. M. **Estudos sobre a produção de painéis estruturais de lâminas paralelas de *Pinus taeda* L.** Curitiba – PR, 1997. 117 f. Tese (Doutorado em Engenharia Florestal) – Setor de Engenharia Florestal, Universidade Federal do Paraná.

MATZIRIS, D; ZOBEL, B. Inheritance and correlations of juvenile characteristics in loblolly pine (*Pinus taeda* L.). **Silvae Genetica**, v. 22 n.1-2 p. 38-44. 1973.

MCKEAND, S. E. Optimum age for family selection for growth in genetic tests of loblolly pine. **Forest Science**, Bethesda, v. 34, n. 2, p. 400-411, 1988.

MCKEAND, S. E.; SVENSSON, J. Sustainable management of genetic resources. **Journal of Forestry**, v. 3, p. 94, 1997.

MCKINLEY, C. R.; LOWE, W. J. VAN BUIJTENEN, J. P. Genetic improvement of wood specific gravity in loblolly pine (*Pinus taeda* L.) and its relation to other traits. In: TAPPI RESEARCH CONFERENCE, 1982, Ashville, North Carolina: **Proceedings...** North Carolina: TAPPI, 1982. 153-157.

MENDES, A.A.; GARCIA, E.A.; GONZALES, E. Efeito da linhagem e idade de abate sobre o rendimento de carcaça de frangos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 22, n. 3, p. 466-472, 1993.

MEYER, K. **DFREML - Version 3.0: User notes**. Armidale, Australia: Institute of Animal Genetics of Edinburgh-Scotland/Animal Genetics and Breeding Unit of the University of New England, 1998. p. 31. Technical report.

MITCHELL, H. L. Patterns of variation in specific gravity of southern pines and other coniferous species. **TAPPI Journal**, v. 47, p. 276–283, 1964

MUÑIZ, G. I. B. de. **Caracterização e desenvolvimento de modelos para estimar as propriedades e o comportamento na secagem de *Pinus elliottii* Engelm e *Pinus taeda* L.** Curitiba, 1993. 235 f. Tese (Doutorado em Engenharia Florestal) - Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná.

NELSON, T. C.; ZILLGITT, W. M. **A forest atlas of the south**. Asheville, North Carolina: Southern Forest Experiment Station, 1969. 27 p. Technical Report.

NEWMAN, D. H.; WILLIAMS, C. G. The incorporation of risk in optimum selection age determination. **Forest Science**, v. 37 p. 1350-1364, 1991.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, p. 545-554, 1971.

PAUL, A. D.; FOSTER, G. S., CALDWELL, T.; MCRAE, J. Trends in genetic and environmental parameters for height, diameter and volume in a multilocation clonal study with loblolly pine. **Forest Science**, Bethesda, v. 43, n. 1, p. 87-98, 1997.

PEDERICK, L. A. **Variation and inheritance of stem form and bark thickness in young loblolly pine**. Raleigh, North Carolina: North Carolina State University, School of Forest Resources, 1970. n. 31, p. 44. Technical Report.

PIENAAR, L. V.; HARRISON, W. M., BURGAN, T.; RHENEY, J. W. **Yield predictions for site-prepared slash pine plantations in the coastal plain**. Georgia: University of Georgia, 1988. 81 p. Pine Management Research Cooperative Technical Report.

PIMENTEL - GOMES, F. **Curso de Estatística Experimental**. 12. ed. Piracicaba: ESALQ, 1987. p. 467.

PRESTON JUNIOR, R. J.; BRAHAM, R. R. **North American Trees**. 5 ed. North Carolina State University: Iowa State Press, 2002.

QUAAS, R. L.; E. J. POLLAK, E.J. Mixed model methodology for farm and ranch beef cattle testing programs. **Journal of Animal Science**, v. 51 p. 1277-1287, 1980.

QUAAS, R. L.; HENDERSON, C. R.. **Restricted best linear unbiased prediction of breeding values**. Ithaca: Cornell University, 1979. p. 56.

RAMALHO, M. A. A.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Goiânia: Universidade Federal de Goiás, 1993. 271 p.

REHFELDT, G. E. Genetic gains in growth and simulated yield of *Pinus monticola*. **Forest Science**, v. 37, n. 1, p. 326-342. 1991.

RESENDE, M. D. V. de. Correções nas expressões do progresso genético com seleção em função da amostragem finita dentro de famílias e populações e implicações no melhoramento florestal. **Embrapa Florestas - Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, 1991. v. 22/23, p. 61-77, 1991.

RESENDE, M. D. V.; HIGA, A. R. Maximização da eficiência da seleção em testes de progênies de *Eucalyptus* através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. **Embrapa Florestas - Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, v. 28/29, p. 37-55, 1994.

RESENDE, M. D. V.; HIGA, A. R.; LAVORANTI, O. J. Regressão geno-fenotípica multivariada e maximização do progresso genético em programas de melhoramento de Eucalyptus. **Embrapa Florestas - Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, v. 28/29, p. 57-71, 1994.

RESENDE, M. D. V. DE; PRATES, D. F.; JESUS, A.; YAMADA, C.K. Melhor predição linear não viciada (BLUP) de valores genéticos no melhoramento de Pinus. **Embrapa Florestas - Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 32/33, p. 3-22, 1996a.

RESENDE, M. D. V. DE; PRATES, D. F.; JESUS, A.; YAMADA, C.K. Estimacão de componentes de variância e predição de valores genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor predição linear não viciada (BLUP) em Pinus. **Embrapa Florestas - Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, v. 32/33, p.18-45, 1996.

RESENDE, M. D. V.; OLIVEIRA, E. B. de. Sistema Selegen: Seleção genética computadorizada para o melhoramento de espécies perenes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 9, p. 931-939, 1997.

RESENDE, M. D. V. de. **Predição de valores genéticos, componentes de variância, delineamentos de cruzamento e estrutura de populações no melhoramento florestal**. Curitiba, 1999. 420 f. Tese, (Doutorado em Genética) – Departamento de Genética, Universidade Federal do Paraná.

RESENDE, M. D. V.; FERNANDES, J. S. C. Procedimento BLUP individual para delineamentos experimentais aplicados ao melhoramento florestal. **Revista de Matemática e Estatística**, São Paulo, v. 17, p. 89-107, 1999.

RESENDE, M. D. V. Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes. **Embrapa Informação Tecnológica**, Brasília, DF. p. 975, 2002.

RIEMENSCHNEIDER, D. E. Heritability, age-age correlations, and inferences regarding juvenile selection in jack pine. **Forest Science**, v. 34, p. 1076-1082, 1988.

ROBERTSON, A. Artificial selection with a large number of linked loci. In: POLLAK, E.; KEMPTHORN, A.; BAILEY, T. B. (Ed.) INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS 1977, Ames. **Proceedings...** Ames: Iowa State University Press, 1977. p. 307-322.

SANDERS, W. L. Analysis of diallel cross designs with empty diagonals using SAS PROC GLM and PROC REG. In: WORKSHOP OF GENETIC AND BREEDING OF SOUTHERN FOREST TREES REGIONAL INFORMATION EXCHANGE GROUP. 1986, Gainesville, Florida. **Florida Southern Cooperative Serial Bulletin** n. 324. Gainesville: University of Florida, 1987, p. 87-98

SBS – Sociedade Brasileira de Silvicultura. **Relatório anual do setor florestal**. São Paulo, 2002.

SCHAFFER, H. G; USANIS, R. A. **General least square analysis of diallel experiments. A computer program DIALL.** North Carolina: North Carolina State University, Genetics Department, 1969. Technical Report 1.

SCHMIDTLING, R. C. Fertilizer timing and formulation affect flowering in a loblolly pine seed orchard. In: 13TH SOUTHERN FOREST TREE IMPROVEMENT CONFERENCE, 1975, June 10-11, Raleigh, North Carolina. **Proceedings...** Macon, Georgia: USDA Forest Service, Eastern Tree Seed Laboratory, 1975. p. 153-160.

SCHMIDTLING, R. C. Genetic variation in fruitfulness in a loblolly pine (*Pinus taeda* L.) seed orchard. **Silvae Genetica**, v. 32, n. 3/4, p. 76-80, 1983.

SCHMIDTLING, R. C. **A minimum temperature model for describing racial variation in loblolly pine provenance tests.** Sault Ste. Marie, Canada: North American Forest Biology Workshop, August, 1992.

SCHNEIDER, P. R. **Modelos de equação e tabelas para avaliar o peso de casca de acácia negra, *Acacia mearnsii* de Wild.** Curitiba, 1978. 149 f. Tese (Mestrado em Engenharia Florestal) – Departamento de Engenharia Florestal, Universidade Federal do Paraná.

SCHULTZ, R. Loblolly Pine: The ecology and culture of Loblolly Pine (*Pinus taeda* L.). **Agriculture Handbook** n. 713. New Orleans, Louisiana, dec. 1997.

SEARLE, S. R.; CASELLA, G.; McCULLOCH, C. E. **Variance components.** New York: J. Wiley, 1992. p. 528.

SENF, J. F.; BENTSEN, B. A.; GALLIGAN, T. M. Weak wood: Fast-grown trees make problem lumber. **Journal of Forestry**, v. 83, p. 477–484, 1985.

SHELBOURNE, C. J. A. Breeding for stem straightness in conifers. In: SECOND WORLD CONSULT ON FOREST TREE BREEDING, Washington. **Proceedings...** FAO, 1969.

SHIMIZU, J. Y.; HIGA, A. R. Racial variation of *Pinus taeda* L. in Southern Brazil up to 6 years of age. **Boletim de Pesquisa Florestal**, v.2, p. 1-25, 1981.

SAS - Statistical Analysis System Institute. **SAS/STAT software: changes and enhancements through release 6.12.** Cary, North Carolina, 1997. p. 1167.

STONECYPHER, R. W.; ZOBEL, B. J.; BLAIR, R. Inheritance patterns of loblolly pine from a nonselected natural population. **North Carolina Agricultural Experimental Station, Technical Bulletin, No. 220**, p. 1-53, 1973.

TALBERT, J. T. An advanced-generation breeding plan for the N.C. State University-Industry Pine Tree Improvement cooperative. **Silvae Genetica**, p. 2872-75, 1979

TALBERT, J. T. In: POLLARD, D. F. W.; EDWARDS, D. G.; YEATMAN, C. W.; (Eds.). **18th Meeting of the Canadian Tree Improvement Association**, Part 2: One generation of loblolly pine tree improvement: results and challenges. Duncan, Canada, 1982. p. 106-120.

TALBERT, J. T.; JETT, J. B.; BRYANT, R. L. Inheritance of wood specific gravity in an unimproved loblolly pine population: 20 years of results. **Silvae Genetica**, v. 32, p. 33-37, 1983.

TALBERT, J. T.; WEIR, R. J.; ARNOLD, R. D. Costs and benefits of a mature first-generation loblolly pine tree improvement program. **Journal of Forestry** v. 83, n. 3, p.162-166, 1985.

TSEHAYE, A.; BUCHANAN A. H.; WALKER J. C. F. A comparison of density and stiffness for predicting wood quality or density: the lazy mans guide to wood quality. **Journal of Wood Science**, v. 13 n. 6 p. 539–543, 1995.

THOMPSON, R. Iterative estimation of variance components for non-orthogonal data. **Biometrics**, v. 25, p. 767-773, 1969.

TODD, D.; PAIT, J.; HODGES, J. The impact and value of tree improvement in the south. **Proceedings of the 23rd Southern Forest Tree Improvement Conference**: p. 7-15, 1995.

TOMASELLI, I. **Estudos da densidade básica e dimensões de traqueóides de povoamentos de *Pinus elliottii*, *Pinus taeda* e *Araucaria angustifolia***. Curitiba FUFEP- BRASKRAF, 1979. 70 p. Relatório Técnico.

VAN BUIJTENEN, J. P.; BURDON, R. D. Expected efficiencies of mating designs for advanced generation selection. **Canadian Journal of Forest Research**. v. 20, p. 1648-1663, 1990.

VAN VLECK, L. D.; POLLAK, E. J.; OLTENACU, E. A. B. **Genetics for the animal sciences**. New York: W.H. Freeman & Co, 1987.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Piracicaba: Fundação Cargill, 1978. p. 122-201.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. (Eds.). **Melhoramento e produção de milho**. (2 ed.) Campinas: Fundação Cargil, 1987. p. 137-214.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto : Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

VITAL, B. R. **Métodos de determinação da densidade da madeira**. Viçosa: SIF, 1984. n. 1, p.1 – 21 Relatório técnico.

WAKELEY, P. C.; BERCAW, T. E. Loblolly pine provenance test at age 35. **Journal of Forestry**, v. 63, n. 3, p.168-174, 1965.

WAKELEY, P. C. Relation of thirtieth-year to earlier dimensions of southern pines. **Forest Science**, v. 17 p. 200-209, 1971.

WEIR, R. J. The Impact of Genetics on Forest Productivity. **Alabama's Treasured Forests**, p. 19-21, 1996.

WELLS, O. O.; LAMBETH, C. C. Loblolly pine provenance test in Southern Arkansas. **Southern Journal of Applied Forestry**, v. 7, n. 2, p. 71-75, 1983.

WHITE, T. L. A. A conceptual framework for tree improvement programs. **New Forests**, n. 4, p. 325-342, 1987.

WHITE, T. L.; HODGE, G. R. Best linear prediction of breeding values in a forest tree improvement program. **Theoretical and Applied Genetics**. v. 76, p. 719-727, 1988.

WHITE, T. L.; HODGE, G. R. **Predicting breeding values with applications in forest tree improvement**. The Netherlands: Kluwer Academic, 1989. p. 376.

WILLIAMS, E. R.; MATHESON, A. C. **Experimental design and analysis for use in tree improvement**. CSIRO, Melbourne, 1995. p. 174.

WU, H. X.; MATHESON, A. C. Analysis of half-diallel mating design with missing crosses: theory and SAS program for testing and estimating GCA and SCA fixed effects. **Silvae Genetica**, v. 49, p. 130-137, 2000.

XIANG, B. **Genetic analysis of diallel tests of loblolly pine (*Pinus taeda* L.)** Raleigh, North Carolina, 2001, 143 p. Thesis (PhD in Forest Science) – North Carolina State University.

XIANG, B.; LI, B. A new mixed analytical method for genetic analysis of diallel data. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 31, p. 2252-2259, 2001.

YAMADA, Y. Genotype by environmental interaction and genetic correlation of the same trait under different environments. **Japanese Journal of Genetics**, v. 37, p. 498-509, 1962.

YANCHUK, A. D. General and specific combining ability from disconnected partial diallels of coastal douglas -fir. **Silvae Genetica**, v. 45, n. 1, p. 37-45, 1996.

ZHANG, Y. D.; KANG, M. S. Diallel-SAS: A SAS program for Griffing's diallel analyses. **Agronomy Journal**, v. 89, p. 176- 182, 1997.

ZOBEL, B. J. Developing trees in the southeastern United States with wood properties most desirable for paper. **TAPPI Journal**, v. 53, p. 2320–2325, 1970.

ZOBEL, B. J. Three rings-per-inch, dense southern pine: can it be developed? **Journal of Forestry**, v. 70, n. 6, p. 333-336, 1972.

ZOBEL, B.J.; J.R. SPRAGUE. 1993. **A Forestry Revolution: the history of tree improvement in the Southern United States**. Raleigh: Carolina Academic Press., 1993. p. 161

ZOBEL, B. J.; TALBERT, J. **Applied forest tree improvement**. New York, NY: John Wiley and Sons, 1984. p.505.

ZOBEL, B. J.; VAN BUIJTENEN, J. P. **Wood variation. Its causes and control**. Berlin: Springer- Verlag, 1989. p.89

ZOBEL, B. J.; JETT, J. B. **Genetics of wood production**. Berlin: Springer-Verlag, 1995. p. 304

APÊNDICES

APÊNDICE 1

ABREVIATURAS E UNIDADES DAS CARACTERÍSTICAS UTILIZADAS PARA AVALIAÇÃO DE ÁRVORES.

Abreviatura	Característica	Unidade
RET	Presença de retidão do fuste	Binária
BIF	Presença de bifurcação	Binária
COQ	Presença de copa quebrada	Binária
FOX	Presença de rabo-de-raposa ou foptail	Binária
ALT	Altura do fuste	m
DAP	Diâmetro a altura do peito	cm
DAPS	Diâmetro sem casta na altura do peito	cm
AAP	Área da seção na altura do peito	cm ²
AAPS	Área da seção sem casca na altura do peito	cm ²
DSB04	Densidade básica do segmento até o 4 ^o anel da bagueta na altura do peito	g.cm ⁻³
DSB08	Densidade básica do segmento do 4 ^o ao 8 ^o anel da bagueta na altura do peito	g.cm ⁻³
DSB12	Densidade básica do segmento do 8 ^o ao 12 ^o anel da bagueta na altura do peito	g.cm ⁻³
DSB16	Densidade básica após o 12 ^o anel da bagueta na altura do peito	g.cm ⁻³
DAB08	Densidade básica acumulada até o 8 ^o anel da bagueta na altura do peito	g.cm ⁻³
DAB12	Densidade básica acumulada até o 12 ^o anel da bagueta na altura do peito	g.cm ⁻³
DENSB	Densidade básica total da bagueta na altura do peito	g.cm ⁻³
DAS08	Densidade básica acumulada até o 8 ^o anel da seção na altura do peito	g.cm ⁻³
DAS12	Densidade básica acumulada até o 12 ^o anel da seção na altura do peito	g.cm ⁻³
DENSS	Densidade básica total da seção na altura do peito	g.cm ⁻³
DENSA	Densidade básica estimada da árvore	g.cm ⁻³
CES	Espessura da casca na altura do peito	cm
CAR	Área da casca na altura do peito	cm ²
CPE	Proporção da espessura de casca pelo diâmetro a altura do peito	
CPA	Proporção da área de casca pela área a altura do peito	
CPV	Proporção do volume de casca pelo volume total da árvore	
CVOLD	Volume comercial de casca da árvore obtido pela diferença entre o VOLCG e o VOLSD	m ³
CVOLE	Volume comercial estimado de casca da árvore	m ³
VCC	Volume cilíndrico <u>com</u> casca	m ³
VOLCG	Volume comercial estimado <u>com</u> casca generalizado	m ³
VCS	Volume cilíndrico <u>sem</u> casca	m ³
VOLSG	Volume comercial estimado <u>sem</u> casca generalizado	m ³
VOLSD	Volume comercial estimado <u>sem</u> casca obtido pelo VOLCG com DAPS	m ³
VOLSE	Volume comercial estimado <u>sem</u> casca obtido pela diferença entre VOLCG e o CVOLE	m ³

CONTINUAÇÃO		
Abreviatura	Característica	Unidade
PSC	Peso seco cilíndrico	t
PSSG	Peso seco comercial <u>sem</u> casca generalizado	t
PSSA	Peso seco comercial <u>sem</u> casca obtido pelo VOLCG e DENSA	t
PSSE	Peso seco comercial <u>sem</u> casca obtido pelo VOLSE e DENSA, previamente PSSDS	t
PVCG	Peso verde comercial com casca generalizado	t
PVCT	Peso verde comercial com casca obtido pelo VOLCG dividido pelo fator de idade de 17 anos (1,078)	t
VF	Valor financeiro da tora com base no peso verde comercial com casca	R\$
VFD	Valor financeiro da tora com base no peso verde comercial com casca e prêmios para densidade básica. Para densidades acima ou abaixo de 1 desvio padrão da densa média, embutir a % relativa do dp em relação a média, ao preço da madeira.	R\$
VFC	Valor financeiro da tora com base no peso verde comercial com casca e prêmios para volume de casca. Para volumes de casca acima ou abaixo de 1 desvio padrão da CVOLE médio, dividir por 2 (de 8% peso pelos 14-16% volume de casca aos 16 anos) a porcentagem	R\$
VFDC	Valor financeiro da tora com base no peso verde comercial com casca e prêmios para densidade básica e volume de casca	R\$

APÊNDICE 2

PROGRAMA SAS PARA ANÁLISE DE TESTES DIALÉICOS EM VÁRIOS LOCAIS

Programa desenvolvido para análise REML/BLUP de dados de cruzamentos dialéicos com no máximo 99 indivíduos para uma variável em vários locais.

/* ACESSO, CÁLCULOS GERAIS E ORGANIZAÇÃO DOS DADOS */

/* Acesso aos Dados */

/* Importação de dados do Excel */

```
PROC IMPORT datafile='c:\localdoarquivo\nomedoarquivo.xls';
out=DADOS replace;
sheet='nomedaplaninha';
```

/* Leitura dos dados */

```
LIBNAME PERM 'c:\localdosdadosSAS'; run;
```

/* PERM é o nome da localização do arquivo de dados */

```
data DIALELO; set perm.DADOS;
```

/ O conjunto de dados SAS (SAS data set) DADOS já existe no subdiretório PERM. Esse statement cria uma cópia do conjunto de dados no subdiretório temporário SAS WORK e nomeia essa cópia como DIALELO. O conjunto de dados deve conter as seguintes variáveis: local, rep, mae, pae, VOL (e/ou outras características)*/*

/* Cálculos e Organização de Dados */

/* Cálculo de Médias */

```
PROC SORT data=DIALELO; by local rep;
```

```
PROC MEANS data=DIALELO; by local;
```

```
var VOL;
```

```
output out=perm.TESTMNS
```

```
mean= VOL;
```

```
PROC MEANS data=DIALELO;
```

```
var VOL;
```

```
output out=perm.GRANDMNS
```

```
mean= VOL;
```

/* Cálculo das Covariâncias para Repetição e Média */

```
PROC MEANS noprint data=DIALELO; by local rep;
```

```
var &VOL;
```

```
output out=REPMNS
```

```
mean= &VOL std= sd&VOL;
```

```
data CV; set REPMNS;
```

```
cv&VOL = 100*sd&VOL/&VOL;
```

```
PROC MEANS data=CV;
```

```
var cv&VOL;
```

```
run;
```

/* Determinação das variáveis macro para Covariâncias */

```
data CV; set CV;
```

```
call symput('cv1', cv&VOL);
```

```
PROC PRINT data=CV; run;
```

/* Padronização das variáveis de crescimento */

```
PROC STANDARD data=DIALELO mean=100 std=&cv1 out=DIALELO; by local rep;
var VOL;
```

/ Desvio padrão determinado pela média dos desvios padrões dos dados fenotípicos para a característica. O valor para 'std=xx' é a media dos CVs do procedimento acima */*

/* Combinação da lista dos genitores em um único conjunto de dados */

```
PROC SORT data=DIALELO; by mae;
data MAES; set DIALELO; by mae;
if first.mae; genitor=mae; keep genitor;
PROC SORT data=DIALELO; by pai;
data PAIS; set DIALELO; by pai;
if first.pai; genitor=pai; keep genitor;
```

/* Combinação das listas de MAE e PAI em uma de GENITORES */

```
data GENITORES; set MAES PAIS;
PROC SORT; by genitor;
data GENITORES; set GENITORES; by genitor; if first.genitor;
PROC FREQ data=GENITORES;
tables genitor / all;
output out=NUMGEN n;
data NUMGEN; set NUMGEN;
NUMGEN=' ';
NUMGEN2='P'||n;
NUMGEN=compress(NUMGEN2, ' ');
call symput('numgen', NUMGEN);
```

/* ANÁLISE DE DIALELOS */

/* Design Matrix p/ Genitores com Variáveis Falsas (Dummy) */

/ Cria colunas p/ genitores formando uma matriz de 0 e 1 para cada indiv. */*

```
PROC IML;
use GENITORES; read all var {genitor} into P;
ngenitores=nrow(P);
close GENITORES;
codes99='P1':P99';
codes=codes99[1:ngenitores];
codesxlocal99=' local*P1': local*P99';
codesxlocal=codesxlocal99[1:ngenitores];
codesx = codesxlocal[1];
do i=2 to ngenitores;
codesx = concat(codesx,codesxlocal[i]);
end;
print codesx;
print codes codesxlocal P;
```

```
use DIALELO;
```

```
read all var {mae pai} into FM; /* FM é a lista de combinação de genitores */
n=nrow(FM); /* N = Número de observações */
```

/* Cria o conjunto de dados DUMM para efeitos aleatórios da matriz IML D */

```
create DUMM from D [colname=codes];
append from D [colname=codes];
create CODESX from CODESX;
```

```
append from CODESX;
quit;
```

```
data CODESX; set CODESX;
call symput('codesxlocal',col1);
```

```
/* Combina o conjunto de dados DUMM com o conjunto de dados DIALELO */
data DIALELO;
merge DIALELO DUMM;
run;
```

/* Estimativas dos Componentes de Variância para Vários Locais */

```
/* Definição do modelo e componentes de variância para genitores */
PROC MIXED data=DIALELO covtest noitprint; class mae pai rep local;
  model &VOL=local rep(local) / outpm=pm&VOL;
/* local e rep são efeitos fixos */
  random P1-&numgen/type=toep(1)solution;
  /* Componentes de variância para todos os genitores. Nesse caso de P1-P12
  correspondente a 12 genitores nos dialelos. A opção TYPE=TOEP(1) estima um componente de
  variância para todos os genitores. A opção S é utilizada a SOLUTION R a seguir*/
  random mae*pai;
```

/* Componentes de variância para o efeito CEC */

```
random &codesxlocal / type=toep(1);
random P1*local P2*local P3*local P4*local P5*local P6*local P7*local P8*local P9*local P10*local
P11*local P12*local/type=toep(1);
  /* Nesse caso a opção type=toep(1) restringe com a mesma variância as variáveis Dummy
  */
```

/* Componentes de variância para o efeito CGC ou genitores (efeitos aditivos) x locais */

```
  random mae*pai*local;
/* Componentes de variância para o efeito CEC ou cruzamentos x locais */
ODS output covparms=parms&var;
/* A opção ODS apresenta as estimativas dos componentes de variância (COVPARMS) dos quatro
efeitos aleatórios acima (RANDOM), como um conjunto de dados SAS */
ODS output solutionR=BLUP&VOL;
/* A opção ODS apresenta as estimativas dos componentes de variância R dos quatro efeitos
aleatórios acima (RANDOM) como um conjunto de dados SAS para CGC e CEC */
run;
```

/* LIMPEZA DOS DADOS */

/* Limpeza dos conjuntos de dados Parm para Vários Locais */

```
PROC SORT data=parms&VOL; by covparm;
data parms&VOL; set parms&VOL; by covparm;
  Character="&VOL"; /* Para definir uma característica em específico */
  if first.covparm and covparm='Variancia' then covparm='CGC';
  if last.covparm and covparm='Variancia' then covparm='CGC*local';
PROC PRINT;
run;
```

```
data gca&VOL sca&VOL gxe&VOL sxe&VOL; set blup&VOL;
  Character="&VOL"; /* Para definir uma característica em específico */
  if local= ' ' and mae= ' ' and pai= ' ' then output gca&VOL;
  if local= ' ' and mae ne ' ' and pai ne ' ' then output sca&VOL;
```



```

        if local ne ' ' and mae=' ' and pai=' ' then output gxe&VOL;
        if local ne ' ' and mae ne ' ' and pai ne ' ' then output sxe&VOL;
data gca&VOL; set gca&VOL;
    gca=estimate;
    keep effect gca character;
data gca&VOL; merge gca&VOL genitores;
proc print;
data sca&VOL; set sca&VOL;
    sca=estimate;
    keep mae pai sca character;
proc print;
data gxe&VOL; set gxe&VOL;
    gxe=estimate;
    parent=substr(effect,1,3); if substr(parent,3,1)='*' then substr(parent,3,1)=' ';
data genitores; set gca&VOL; parent=effect; keep parent genitor;
proc sort data=gxe&VOL; by parent;
proc sort data=genitores; by parent;
data gxe&VOL; merge gxe&VOL genitores; by parent;
    keep local parent genitor character gxe;
data sxe&VOL; set sxe&VOL;
    sxe=estimate;
    keep local mae pai character sxe;
run;

/* Combina conjunto de dados de parâmetros (parameter datasets) de todas variáveis */
data parms; set parms&VOL;
PROC SORT data=parms; by Caracter;
data Residual CGC GxA CEC ExA; set parms;

/* Lista os Resíduos */
if covparm='Residual' then output Residual;

/* Lista as interações CGC */
if covparm='CGC' then output CGC;

/* Lista as interações CGC com Local */
if covparm='CGC*local' then output GxA;

/* Lista as interações CEC */
if covparm='mae*pai' then output CEC;

/* Lista as interações CEC com Local */
if covparm='mae*pai*local' then output ExA;
;

/* Organização final*/
data Residuos; set Residuos;
    verr=estimate; keep Caracter verr;
data CGC; set CGC;
    vCGC=estimate; vvCGC=stderr*stderr; keep Caracter vCGC vvCGC;
data GxA; set GxA;
    vGxA=estimate; keep Caracter vGxA;
data CEC; set CEC;
    vCEC=estimate; vvCEC=stderr*stderr; keep Caracter vCEC vvCEC;
data ExA; set ExA;
    vExA=estimate; keep Caracter vExA;
run;

```

/* OBTENÇÃO DOS PARÂMETROS GENÉTICOS */

```
data parms; merge CGC GxA CEC ExA Residual; by Character;
```

```
/* Variância Fenotípica */
```

```
vFen = 2*vCGC + 2*vGxA + vCEC + vExA + verr;
```

```
/* Herdabilidade no Sentido Restrito */
```

```
h2 = 4*vCGC/vFen;
```

```
/* Efeito de Dominância */
```

```
d2 = 4*vCEC/vFen;
```

```
/* Correlação Genética para Erro Tipo B para CGC */
```

```
rbg = vCGC/(vCGC+vGxA); /* Avalia consistência dos efeitos CGC em vários locais */
```

```
/* Correlação Genética para Erro Tipo B para CEC */
```

```
rbd = vCEC/(vCEC+vExA); /* Avalia consistência dos efeitos CEC em vários locais */
```

```
/* Coeficiente de Variação Genética */
```

```
gcv = sqrt(4*vCGC); /* Desvio padrão aditivo dividido pela média. Indica quanto ganho é obtido por cada desvio padrão dos valores genéticos aditivos */
```

```
proc print;
var Character h2 rbg d2 rbd gcv;
run;
```

```
/* Valores de CGC e CEC */
```

```
data cgc; set cgc&VOL;
proc print;
data cec; set cec&VOL;
proc print;
run;
```

/* OBTENÇÃO DOS VALORES GENÉTICOS INDIVIDUAIS */

```
/* Calcula os Ganhos dentro de famílias como h2* (y, efeitos fixos, gcam, gcap, sca, gxem, gxep e sxe) */
```

```
/* Combina valores de CGC com o conjunto de dados completo */
```

```
data gcamae&VOL; set gca&VOL;
    mae=genitor; gcamae&VOL=gca;
    keep mae gcamae&VOL;
data gcapai&VOL; set gca&VOL;
    pai=genitor; gcapai&VOL=gca;
    keep pai gcapai&VOL;
data bv&VOL; set DIALELO;
proc sort data=bv&VOL; by mae;
proc sort data=gcamae&VOL; by mae;
data bv&VOL; merge bv&VOL (in=a) gcamae&VOL; by mae; if a;
proc sort data=bv&VOL; by pai;
proc sort data=gcapai&VOL; by pai;
data bv&VOL; merge bv&VOL (in=a) gcapai&VOL; by pai; if a;
    drop p1-p12;
```

```
/* Combina os valores de GxA no conjunto de dados completos */
```

```
data gxemae&VOL; set gxe&VOL;
```

```

        mae=genitor; gxemae&VOL=gxe;
        keep mae local gxemae&VOL;
data gxepai&VOL; set gxe&VOL;
        pai=genitor; gxepai&VOL=gxe;
        keep pai local gxepai&VOL;
proc sort data=bv&VOL; by mae local;
proc sort data=gxemae&VOL; by mae local;
data bv&VOL; merge bv&VOL (in=a) gxemae&VOL; by mae local; if a;
proc sort data=bv&VOL; by pai local;
proc sort data=gxepai&VOL; by pai local;
data bv&VOL; merge bv&VOL (in=a) gxepai&VOL; by pai local; if a;

```

/* Combina os valores de CEC no conjunto de dados completos */

```

data sca&VOL; set sca&VOL; sca&VOL=sca; drop sca;
proc sort data=bv&VOL; by mae pai;
proc sort data=sca&VOL; by mae pai;
data bv&VOL; merge bv&VOL (in=a) sca&VOL; by mae pai; if a;

```

/* Combina os valores de CECxAmbiente no conjunto de dados completos */

```

data sxe&VOL; set sxe&VOL; sxe&VOL=sxe; drop sxe;
proc sort data=bv&VOL; by mae pai local;
proc sort data=sxe&VOL; by mae pai local;
data bv&VOL; merge bv&VOL (in=a) sxe&VOL; by mae pai local; if a;

```

/* Efeitos do Local (Test) e Repetições (Rep. Estimados para Xb no Proc Mixed */

```

data pm&VOL; set pm&VOL;
        xb&VOL=pred;
        keep local rep mae pai tree xb&VOL;
proc sort data=bv&VOL; by local rep mae pai tree;
proc sort data=pm&VOL; by local rep mae pai tree;
data bv&VOL; merge bv&VOL pm&VOL; by local rep mae pai tree;
        ymxb&VOL=&VOL-xb&VOL;

```

/* calcula h2w */

```

data h2w; set parms;
        h2w = 2*vCGC / verr;
        if character("&VOL" then h2w&VOL=h2w;
        keep h2w&VOL;
proc means noprint;
var h2w&VOL;
output out=h2w mean=h2w&VOL;
data h2w; set h2w; keep h2w&VOL;
;

```

/* Variáveis macro para h2w */

```

data h2w; set h2w;
        call symput('h2w1',h2w&VOL);
proc print data=h2w;
run;

```

/* Calcula os valores genéticos individuais (individual tree breeding values) */

```

data bv&VOL; set bv&VOL;
        gw&VOL=&h2w1*(ymxb&VOL - gcamae&VOL - gcapai&VOL - sca&VOL - gxemae&VOL -
        gxepai&VOL - sxe&VOL);
        bv&VOL = gcamae&VOL + gcapai&VOL + gw&VOL;
proc print;
var local rep mae pai tree gcamae&VOL gcapai&VOL gw&VOL bv&VOL;
run;

```

```
/* Cria Arquivo permanente do conjunto de dados SAS (SAS data sets) */  
data perm.bv&VOL; set bv&VOL;  
    keep local rep mae pai tree ht dbh vol gca&VOL gcapai&VOL gw&VOL bv&VOL;  
data perm.gca&VOL; set gca&VOL;  
data perm.sca&VOL; set sca&VOL;  
run;  
proc means data=bv&VOL;  
run;
```