

UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
SETOR DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
CURSO DE ENGENHARIA FLORESTAL

VANESSA ISHIBASHI

TRABALHO DE CONCLUSÃO DE CURSO

SELEÇÃO GENÉTICA DE *Pinus elliottii* var. *elliottii* Engelmann VISANDO
ESTABELECIMENTO DE UM POMAR CLONAL DE SEMENTES

CURITIBA

2015

VANESSA ISHIBASHI

SELEÇÃO GENÉTICA DE *Pinus elliottii* var. *elliottii* Engelman VISANDO
ESTABELECIMENTO DE UM POMAR CLONAL DE SEMENTES

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Curso de Engenharia Florestal, Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, como requisito para a conclusão da disciplina ENGF006 e requisito parcial para obtenção do título de Engenheiro Florestal.

Orientador: Antonio Rioyei Higa

CURITIBA

2015

AGRADECIMENTOS

Agradeço a minha família pelo incentivo e apoio moral e financeiro em todos esses anos, a quem devo minha permanência e conclusão de mais essa graduação;

À UFPR, professores, funcionários, colegas e a comissão de estágios que participaram na direta e indiretamente para minha formação acadêmica e concepção desse trabalho;

A todos os integrantes do LAMEF, de todos os tempos, que colaboraram com meu crescimento profissional;

Ao meu orientador prof. Antonio R. Higa pela convivência, paciência e por todos os ensinamentos tão importantes para minha formação acadêmica e profissional.

RESUMO

O Brasil possui 7,74 milhões de hectares de florestas plantadas e se destaca mundialmente pela produtividade de seus plantios, que se deve principalmente aos tratamentos silviculturais e aos programas de melhoramento genético. Os plantios das espécies do gênero *Pinus* se concentram na Região Sul, principalmente nos estados do Paraná e Santa Catarina, sendo a espécie *Pinus elliottii* var. *elliottii* a segunda espécie mais plantada. A espécie proporciona múltiplos usos, assim as características avaliadas dentro de um programa de melhoramento genético para a espécie são relacionadas à produção de resina e produtividade. Visando aumento de produtividade, cabe a avaliação de variáveis de crescimento para predição de parâmetros genéticos e ganhos com a seleção por meio da metodologia REML/BLUP. Assim, o objetivo do presente trabalho é estimar parâmetros genéticos e ganhos com a seleção dos melhores indivíduos para formação de pomar clonal de sementes em testes de progênies de *Pinus elliottii* var. *elliottii*. O material genético é proveniente de três testes de progênies de meio irmãos de *P. elliottii* var. *elliotti* instalados no Paraná e em Santa Catarina em delineamento de blocos ao acaso com cinco repetições e parcelas lineares de 6 plantas. As medições de DAP e altura total foram realizadas aos 8 anos de idade e os dados foram analisados utilizando o software SELEGEN – REML/BLUP®. Para estabelecimento do PCS foram selecionados os 30 melhores indivíduos com base nos valores genéticos individuais para DAP, sendo restritos no máximo de três indivíduos por família. O teste de razão de verossimilhança (LTR) revelou diferenças significativas para os efeitos de progênies para DAP e altura a 1% de probabilidade de erro para os testes instalados nas Fazendas de Canivete e Caraguatá e a 5% para o teste instalado na Fazenda Taió. As herdabilidades individuais no sentido restrito foram moderadas nas Fazendas Canivete e Caraguatá e baixas na Fazenda Taió. As herdabilidades médias de família foram superiores às individuais em todos os locais, indicando maiores ganhos na seleção de famílias. Os coeficientes de determinação dos efeitos da parcela e o coeficiente de variação experimental foram de baixa magnitude demonstrando pequena variação ambiental dentro dos blocos e boa precisão experimental. Os coeficientes de variação genética aditiva individual foram de média magnitude para o DAP. Houve correlação genética positiva entre as variáveis DAP e altura, indicando que a seleção para *P. elliottii* pode ser realizada com base na característica DAP, que é de mais fácil mensuração. A correlação genética entre os locais foi alta para DAP (0,95), indicando que um só programa de melhoramento atende satisfatoriamente a todos os locais. O estabelecimento do PCS com base na análise conjunta dos locais apresentou ganho de 7,74% e nova média para o DAP de 22 cm, valores superiores à formação de pomares com base nos parâmetros de análise individual por local.

LISTA DE TABELAS

TABELA 1 - DADOS DOS TESTES DE PROGÊNIES.....	20
TABELA 2 - CLASSIFICAÇÃO DAS CORRELAÇÕES GENÉTICAS E FENOTÍPICAS...	23
TABELA 3 - ANÁLISE DE DEVIANCE PARA AS CARACTERÍSTICAS DAP (cm) E ALTURA (m) EM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. elliotii</i> AOS 8 ANOS DE IDADE.....	26
TABELA 4 - PARÂMETROS GENÉTICOS DA VARIÁVEL DAP (cm) DAS FAMÍLIAS DO TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. elliotii</i> AOS 8 ANOS DE IDADE NOS DIFERENTES LOCAIS DE AVALIAÇÃO.....	27
TABELA 5 - PARÂMETROS GENÉTICOS DA VARIÁVEL ALTURA (m) DAS FAMÍLIAS DO TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. elliotii</i> AOS 8 ANOS DE IDADE NOS DIFERENTES LOCAIS DE AVALIAÇÃO.....	28
TABELA 6 - ESTIMATIVAS DE HERDABILIDADES INDIVIDUAIS NO SENTIDO RESTRITO (h^2) EM <i>P. elliotii</i> PARA AS VARIÁVEIS DAP E ALTURA.....	29
TABELA 7 - ESTIMATIVAS DOS COEFICIENTES DE CORRELAÇÃO GENÉTICA E FENOTÍPICA DAS CARACTERÍSTICAS DAP X ALTURA NOS DIFERENTES LOCAIS DE INSTALAÇÃO DOS TESTES DE PROGÊNIES DE <i>P. elliotii</i> AOS 8 ANOS DE IDADE.....	31
TABELA 8 - PARÂMETROS GENÉTICOS DAS VARIÁVEIS DAP (cm) E ALTURA (m) DAS FAMÍLIAS DOS TESTES DE PROGÊNIES DE <i>P. elliotii</i> AOS 8 ANOS DE IDADE PELA ANÁLISE CONJUNTA, NOS MUNICÍPIOS DE TRÊS BARRAS/SC E SÃO JOÃO DO TRIUNFO/PR.....	32
TABELA 9 - ORDENAMENTO DOS INDIVÍDUOS, NOVA MÉDIA E GANHO NO ESTABELECIMENTO DE UM POMAR CLONAL DE SEMENTES (PCS) DE <i>P. elliotii</i> AOS 8 ANOS DE IDADE PELA SELEÇÃO DOS 30 INDIVÍDUOS COM MAIORES VALORES GENÉTICOS PARA VARIÁVEL DAP (cm).	34
TABELA 10 – FAMÍLIAS PRESENTES NO ESTABELECIMENTO DE PCS DE <i>P. elliotii</i> AOS 8 ANOS DE IDADE PELA SELEÇÃO DOS 30 INDIVÍDUOS COM MAIORES VALORES GENÉTICOS PARA VARIÁVEL DAP (cm) PELA ANÁLISE POR LOCAL E CONJUNTA.	36

LISTA DE SIGLAS E ABREVIACOES

BLUP	Melhor preditor linear no viciado ou (<i>best linear unbiased prediction</i>)
DAP	Dimetro  altura do peito (cm)
H	Altura total (m)
LTR	Teste da razo da mxima verossimilhana
PCS	Pomar clonal de sementes
PIB	Produto interno bruto
PSM	Pomar de sementes por mudas
REML	Mxima verossimilhana restrita (<i>restricted maximum likelihood</i>)

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	9
2	OBJETIVOS	11
2.1.	Objetivo geral	11
2.2.	Objetivos específicos	11
3	REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	12
3.1.	<i>Pinus elliottii</i> Engelmann	12
3.1.1.	Taxonomia e características gerais	12
3.1.2.	Importância econômica e produtividade	14
3.2.	Melhoramento genético florestal	15
3.2.1.	Melhoramento genético do <i>Pinus elliottii</i>	18
3.3.	Análise de dados via REML/BLUP	19
4.	MATERIAL E MÉTODOS	20
4.1.	Material genético	20
4.2.	Análise de dados	21
4.2.1.	Coleta de dados	21
4.2.2.	Análise de deviance	21
4.2.3.	Parâmetros genéticos para as variáveis de crescimento.....	21
4.2.4.	Correlação genética entre as variáveis de crescimento	22
4.2.5.	Análise da interação através da correlação entre locais.....	23
4.3.	Estabelecimento do pomar clonal de sementes	24
5.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	26
5.1.	Análise de deviance e parâmetros genéticos para as variáveis de crescimento	26
5.2.	Correlação genética entre as variáveis de crescimento	31
5.3.	Análise de deviance e da interação através da correlação entre locais	32
5.4.	Estabelecimento do pomar clonal de sementes	33
6.	CONCLUSÕES	37
7.	RECOMENDAÇÕES	38
	REFERÊNCIAS	39

1 INTRODUÇÃO

A área de florestas plantadas no Brasil compreende 7,74 milhões de hectares e o produto interno bruto (PIB) do setor Brasileiro de árvores plantadas apresentou crescimento de 1,7%, o que representa 1,1% de toda a riqueza gerada no País e 5,5% do PIB industrial, mostrando resultados positivos mesmo em tempos de crise econômica no país (IBÁ, 2015). As plantações florestais se estacam ainda pela sua produtividade, que se deve aos programas de melhoramento e ao uso de sementes e clones de espécies e procedências selecionados, da exploração da interação do genótipo com o ambiente e aos tratamentos silviculturais adequados (MARTINEZ, 2010).

Os plantios das espécies do gênero *Pinus* se concentram na Região Sul, principalmente nos estados do Paraná e Santa Catarina onde estão localizados os maiores polos florestais com esse gênero, sendo a espécie *Pinus elliottii* var. *elliottii* a segunda espécie mais plantada.

P. elliottii var. *elliottii* produz resina em maior quantidade e de melhor qualidade, superando, inclusive, espécies tropicais (SEBBENN *et al.*, 2008). Pertence ao grupo das “madeiras moles”, apresentando densidade superior às outras espécies de *Pinus*. Portanto, possui melhor qualidade física e mecânica do que de *Pinus taeda* (SHIMIZU, 2008).

Devido às características de sua madeira é atualmente plantada para fins comerciais por indústrias de serraria, objetivando a produção de chapas e compensados, de lâminas, postes e móveis (FOELKEL *et al.*, 2008). Para fábricas de celulose, a sua madeira de fibras longas oferece vantagens na produção de celulose e papel, principalmente papéis de embalagem (GEORGIN *et al.*, 2015).

Como espécie de múltiplos usos, um programa de melhoramento genético para esta espécie deve contemplar dois propósitos: produção de madeira e resina. Gurgel Garrido e Kageyama (1993) concluíram que há correlação genética positiva entre DAP e produção de resina. Existe também uma alta correlação genética para as características de produção de madeira, como DAP e volume, de acordo com os trabalhos de Hodge e White (1992) e Moreira *et al.* (2014).

Essas correlações indicam que a seleção em um caráter pode trazer ganhos genéticos indiretos no outro. Portanto, a seleção baseada em variáveis de crescimento, como DAP, resultará em populações melhoradas de elevada produtividade que possam atender diferentes segmentos de mercado (resinagem, celulose, serraria, painéis, móveis, etc.). Esse tipo de avaliação vem sendo utilizada em testes genéticos para prever a produtividade e estimar os parâmetros e ganhos com seleção (MARTINEZ *et al.*, 2012).

O ciclo de seleção de *P. elliottii*, dentro de um programa de melhoramento genético, varia de 25 a 30 anos (MOREIRA *et al.*, 2014). Uma alternativa para obtenção de ganhos genéticos em curto prazo e manutenção da variabilidade genética nos programas de melhoramento é a formação de pomares clonais de sementes (DUQUE SILVA, 2008).

O Decreto nº 5.153, de 23 de julho de 2004 que regulamenta a Lei nº 10.711, de 05 de agosto de 2003, que dispõe sobre o Sistema Nacional de Sementes e Mudanças define:

Pomar Clonal de Sementes: plantação planejada, isolada contra pólen externo, estabelecida por meio de propagação vegetativa de indivíduos superiores, onde se aplicam tratamentos culturais específicos para produção de sementes.

Ou seja, são formados por poucas dezenas de clones, selecionados em populações base, formadas por centenas de árvores, que visam o melhoramento contínuo a longo-prazo (DUQUE SILVA, 2008).

Para a análise e estimação dos parâmetros genéticos, atualmente tem sido utilizada a metodologia REML/BLUP, que permite prever os valores genéticos mesmo em casos de experimentos desbalanceados (MARTINEZ *et al.*, 2012). Na formação de PCS, a seleção é efetuada com base no ranking dos valores genéticos individuais preditos, onde somente os indivíduos superiores são clonados e distribuídos no pomar. Deve-se limitar o número de indivíduos da mesma família buscando manter a variabilidade genética e evitar a endogamia.

2 OBJETIVOS

2.1. Objetivo geral

Estimar parâmetros genéticos e ganhos com a seleção dos melhores indivíduos em testes de progênies de *Pinus elliottii* var. *elliottii* para formação de pomar clonal de sementes.

2.2. Objetivos específicos

- Estimar os parâmetros genéticos de progênies de polinização aberta de *Pinus elliottii* var. *elliottii* instalados em diferentes locais do estado de Santa Catarina e Paraná;
- Estimar os ganhos genéticos a serem obtidos com a seleção dos melhores indivíduos na formação de pomar clonal de sementes.

3 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1. *Pinus elliotii* Engelmann

3.1.1. Taxonomia e características gerais

Reino: Plantae

Subdivisão: Gymnospermae

Classe: Coniferopsida

Ordem: Coniferae

Família: Pinaceae

Subfamília: Pinoideae

Gênero: *Pinus*

Subgênero: *Pinus*

Espécie: *Pinus elliotii*

Pinus é o maior gênero das coníferas com mais de 100 espécies. Inclui dois subgêneros *Strobus* (pinheiros brancos) e *Pinus* (pinheiros rígidos) (GERNANDT *et al.*, 2004). Embora, alguns autores consideram ainda um terceiro subgênero o *Ducampopinus* (FRANKIS, 2002) (FIGURA 1).

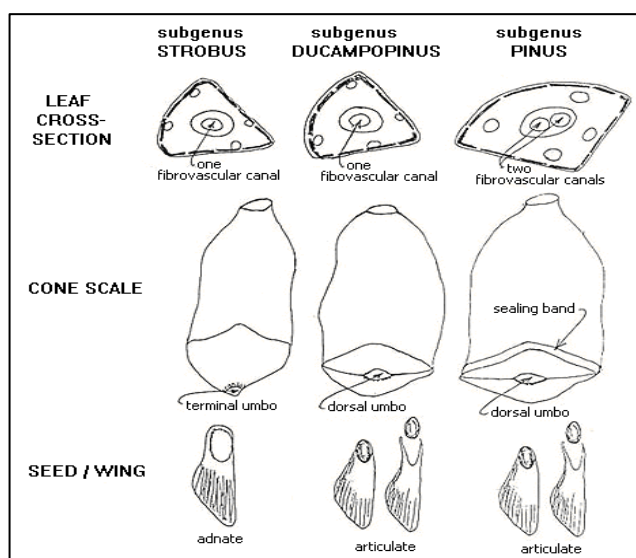


FIGURA 1 - CARACTERÍSTICAS DAS FOLHAS, CONE E SEMENTES QUE DIFERENCIAM OS SUBGÊNEROS DO GÊNERO *Pinus*.

Fonte: FRANKIS (2002)

Duas variedades de *P. elliotii* são reconhecidas: a var. *elliotii*, que ocorre no sudeste dos Estados Unidos; e a var. *densa*., restrita ao extremo sul do estado da Flórida (FIGURA 2).

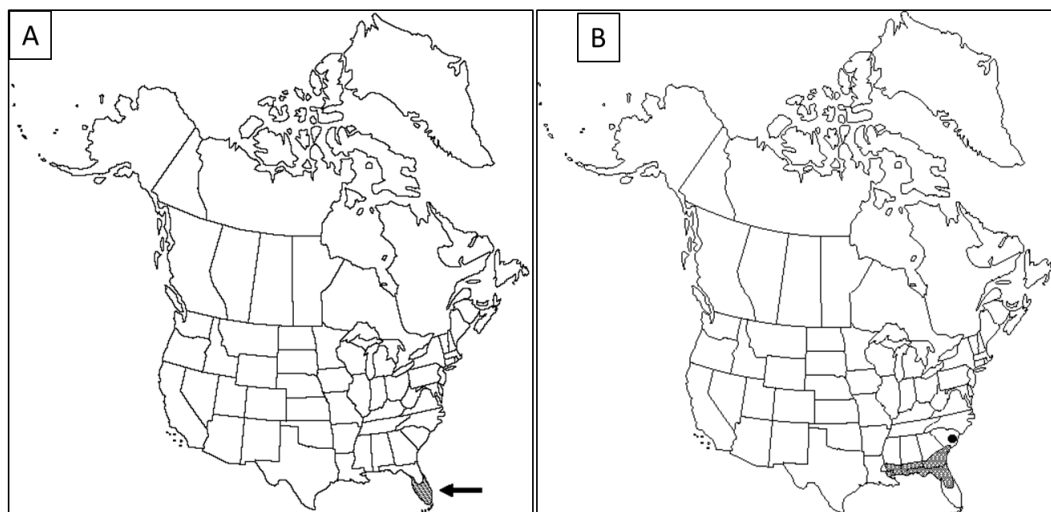


FIGURA 2 - DISTRIBUIÇÃO NATURAL DE *P. elliotii*. A) VARIEDADE *densa* B) VARIEDADE *elliotii*
 Fonte: THIERET, 1993

P. elliotii var. *elliotii* ocorre naturalmente em latitudes entre 28 e 33°N e em altitudes entre 0 e 2.500 metros. A precipitação anual varia de 650 a 2.500 mm. Temperatura média entre 15 e 24°C. O mês mais quente apresenta uma média entre 23 e 32°C, e a média mínima, entre 4 e 12°C (KALING, 2004).

Diferente da variedade densa a variedade *elliotii* não apresenta mudas com estágio de grama, mas sim brotações dispersas no tronco, 3-5 canais de resina por folha, cone truncado aberto (THIERET, 1993), acículas densas, longas e de coloração mais escura e cones pedunculados com escama sem espinho (AGUIAR *et al.*, 2014).

Possui tronco reto, cilíndrico, com diâmetro entre 0,60 m e 0,80 m em indivíduos adultos de populações naturais. Casca geralmente espessa, fissurada e acinzentada em indivíduos jovens e marrom-avermelhada em indivíduos adultos. Madeira amarelada e com anéis de crescimento anuais pronunciados, copa irregular de raio superior a 3,0 m (FRANKIS, 2002).

3.1.2. Importância econômica e produtividade

No Brasil, a primeira tentativa de silvicultura do gênero *Pinus* ocorreu por volta de 1936 com espécies europeias, porém não houve adaptação dessas espécies devido às diferenças climáticas (SOUZA, 2015). Em 1948, através do Serviço Florestal do Estado de São Paulo, foram introduzidas espécies americanas como *P. palustris*, *P. echinata*, *P. elliottii* e *P. taeda*. As duas últimas se destacaram pela facilidade nos tratamentos culturais, rápido crescimento e reprodução intensa no Sul e Sudeste do Brasil (SILVA *et al.*, 2012).

Com o programa de incentivo fiscal, em meados dos anos 1960, iniciaram-se os plantios comerciais de pinus nas regiões Sul e Sudeste (AGUIAR *et al.*, 2014), principalmente para suprir a lacuna no mercado de madeira deixada pela escassez gradativa da madeira de *Araucaria angustifolia* (SHIMIZU e SPIR, 1999). Nas décadas de 1970 e 1980, as plantações deste gênero foram as principais fontes de matéria-prima para o desenvolvimento da indústria florestal, abastecendo um mercado altamente diversificado (SOUZA, 2015). Nesse período os povoamentos apresentavam baixa qualidade de fuste e produtividade de apenas 20 a 25 m³ ha⁻¹ano⁻¹ (AGUIAR *et al.*, 2014).

Atualmente com área de árvores plantadas para fins industriais no Brasil totalizou 7,74 milhões de hectares em 2014. Os plantios de pinus ocupam 1,59 milhão de hectares e se concentram no Paraná (42,4%) e em Santa Catarina (34,1%) com produtividade de 31 m³ ha⁻¹ano⁻¹ (IBÁ, 2015).

P. elliottii var. *elliottii* é a segunda conífera mais plantada para fins industriais nas Regiões Sul do Brasil (AGUIAR *et al.*, 2011). Embora possua um incremento volumétrico inferior ao *P. taeda*, sua produção de madeira adulta inicia-se mais cedo, a partir dos sete a oito anos de idade, a árvore produz poucos ramos, implicando em maior rendimento no processamento de madeira livre de nós e melhor qualidade física e mecânica para processamento mecânico (AGUIAR *et al.*, 2014).

Além de apresentar boa adaptabilidade às várias condições ambientais, incluindo solos rasos e pedregosos, encharcados e sujeitos a inundações periódicas, o *P. elliottii* var. *elliottii* é tolerante às geadas e praticamente não é atacado pela vespa-da-madeira (AGUIAR *et al.*, 2011).

A espécie proporciona múltiplos usos, pois há viabilidade na produção de resinas, madeira serrada em geral, madeira roliça (postes e moirões), polpa e papel, e painéis laminados e particulados (CADEMARTORI *et al.*, 2012).

A produção de resina no Brasil na safra 2014-2015 foi de 97 mil toneladas, em que se estimou o seu preço médio em julho de 2015 em R\$ 2.800,00 por tonelada (ARESB, 2015). A produção de madeira serrada de pinus apresenta leve incremento entre os anos de 2010 e 2012, tendo atingido, neste último ano, 9,17 milhões de m³ (SERVIÇO FLORESTAL BRASILEIRO, 2014).

No Paraná, além da indústria de papel e celulose, o pinus é amplamente utilizado para produção de madeira serrada, compensada e reconstituída, com aproximadamente 2.400 empresas nesses setores que geram mais de 43 mil empregos diretos, consumindo 11,4 milhões de m³ de madeira. O estado lidera as exportações de serrados (42%) e compensados de pinus no Brasil (71%) (SERVIÇO FLORESTAL BRASILEIRO, 2012).

Em Santa Catarina, destacam-se os segmentos de produção de papel kraft, serraria e móveis, com cerca de 5.200 empresas, 60 mil empregos diretos e consumo de 13 milhões de m³ de madeira de pinus. O estado é o segundo maior exportador brasileiro de móveis (31%), segundo em compensado de pinus (28%) e segundo em serrados de *Pinus* (40%) e também lidera as exportações de papel Kraft (SERVIÇO FLORESTAL BRASILEIRO, 2012).

3.2. Melhoramento genético florestal

Um programa de melhoramento genético parte de uma população-base, a partir da qual será efetuada a seleção em diferentes intensidades (GOLLE *et al.*, 2009) e posterior recombinação. Essas técnicas visam o aumento dos alelos favoráveis presentes no genótipo de uma dada população (PIRES *et al.*, 2011).

Recomenda-se iniciar com uma população-base representada por um número elevado de árvores, a fim de permitir alta intensidade de seleção já nas primeiras gerações e, simultaneamente, manter o tamanho efetivo compatível com o melhoramento no longo prazo (RESENDE, 1999).

Outro ponto fundamental é que as características de interesse sejam herdáveis e que haja variação na população em que se pratica a seleção (CRUZ,

2005). Essa variabilidade deve ser suficiente para possibilitar a seleção e o ganho genético (PIRES *et al.*, 2011). Aliado ao valor da herdabilidade, este parâmetro fornece boa indicação do potencial do progresso genético no decorrer do programa de melhoramento (GARRIDO, 1997).

A herdabilidade expressa à proporção da variância fenotípica que tem origem genética. Pode ser expressa como: herdabilidade no sentido amplo, que considera a variância genética total, sendo utilizado em casos de propagação vegetativa ou de autofecundação; herdabilidade no sentido restrito, quando se considera apenas a variância genética aditiva, sendo utilizado em casos de reprodução sexuada (IPEF, 1977). Caracteres com herdabilidade baixas demandarão métodos de seleção mais elaborados que aqueles com herdabilidade alta (PIRES *et al.*, 2011).

Os caracteres quantitativos geralmente possuem baixa herdabilidade, além de controlados por um grande número de genes e muito influenciados pelo ambiente (CRUZ, 2005). Resende *et al.* (2009) cita estratégias globais com os correspondentes métodos de seleção para os caracteres quantitativos :

- a) melhoramento e seleção dentro de população → seleção recorrente intrapopulacional;
- b) melhoramento e seleção em populações sintéticas ou compostos → seleção recorrente intrapopulacional em população sintética (SRIPS);
- c) melhoramento do cruzamento ou híbrido entre indivíduos de diferentes populações → seleção recorrente recíproca (SRR).

A seleção recorrente intrapopulacional é método mais utilizado na área florestal e consiste em uma técnica que tem por objetivo a concentração de alelos favoráveis ao longo dos ciclos de melhoramento, mantendo a variabilidade genética da população (MOREIRA, 2013). Um ciclo de seleção recorrente envolve basicamente quatro fases: obtenção de progênies, avaliação de progênies, seleção e recombinação (BESPALHOK *et al.*, 2015).

Um dos testes genéticos mais utilizados em um programa de melhoramento é o teste de progênies (CRUZ, 2005). Esse pode ser realizado utilizando-se sementes sem controle de polinização, portanto, progênies de meio-

irmãos, ou através de progênes obtidas por polinização controlada (HIGA e SHIMIZU, 1981).

Progênes são entidades genéticas, por meio das quais é possível estimar a estrutura genética de uma população, bem como explicar a natureza da variação fenotípica. Os caracteres úteis ao melhoramento são avaliados nas progênes em delineamentos experimentais (PALUDZYSZYN FILHO *et al.*, 2001).

Por meio da avaliação de testes de progênes, pode-se (PIRES *et al.*, 2011):

- estimar parâmetros genéticos;
- inferir sobre a estrutura genética da população original;
- definir o valor genético de um conjunto específico de indivíduos e seus descendentes;
- orientar a formação de nova população base;
- avaliar o controle genético de características individuais;
- quantificar a interação genótipo x ambiente;
- orientar a formação de campos de recombinação;
- produzir sementes melhoradas.

Um pomar clonal de sementes (PCS) é composto de árvores propagadas vegetativamente visando à produção de sementes melhoradas. Na formação deste pomar, têm-se as vantagens (MORI, 1988):

- A partir dos testes de progênes, os genótipos das árvores produtoras de sementes são conhecidos e se utilizam somente as superiores;
- O florescimento e a produção de sementes iniciam mais rapidamente que no pomar de sementes por mudas;
- O pomar pode ser implantado no local mais conveniente, mais econômico e mais produtivo;
- A possibilidade de cruzamento entre árvores aparentadas é mínima;
- Genótipos superiores podem ser repetidos diversas vezes para a produção de grandes quantidades de sementes.

Quanto à seleção, essa por ser efetuada sem o teste de progênes, baseada no fenótipo, enquanto que nos métodos com teste de progênes a seleção é feita com base na performance dos descendentes e leva em consideração o valor genético (VG) dos indivíduos (BESPALHOK *et al.*, 2015).

Quando os experimentos são analisados em diferentes ambientes, se espera diferentes expressões dos genótipos nos locais (MARTINEZ, 2010). A alteração da performance relativa dos genótipos em virtude de diferentes ambientes, denomina-se interação genótipo x ambiente (BORÉM e MIRANDA, 2005). Ocorrendo interação genótipo x ambiente significativa, diferentes estratégias de melhoramento devem ser adotadas, de modo a explorar os efeitos positivos da interação em cada ambiente. Não havendo diferenças significativas, um único programa pode ser conduzido para os diferentes ambientes de produção (PIRES *et al.*, 2011).

A possibilidade de avaliar um teste de progênes instalado em vários locais reduz o efeito da interação genótipo x ambiente no resultado da seleção, o que permite a utilização mais ampla do material selecionado (BUENO *et al.*, 2001).

Os valores genéticos aditivos preditos não são iguais aos valores genéticos verdadeiros dos indivíduos. A acurácia seletiva depende da herdabilidade do caráter, da quantidade e qualidade das informações e procedimentos utilizados na predição dos valores genéticos (PIRES *et al.*, 2011).

3.2.1. Melhoramento genético do *Pinus elliottii*

No Brasil, o melhoramento genético do *Pinus* sp. foi implementado por empresas florestais, principalmente indústrias de celulose e papel, instituições públicas federais e estaduais, como a Embrapa, IBAMA, IFSP e as universidades UNESP, ESALQ/USP, UFPR, UFV e UFLA com materiais genéticos introduzidos no Brasil procedentes dos estados norte-americanos da Carolina do Sul, Flórida e do Mississippi (AGUIAR *et al.*, 2011).

A partir de 1979 iniciaram-se no Instituto Florestal do estado de São Paulo as pesquisas de melhoramento genético em *P. elliottii* var. *elliottii* visando à produção de resina (GURGEL GARRIDO, 1997).

No Brasil estudos de seleção de *P. elliotii* visando aumento na produtividade de resina podem ser vistos em Gurgel Garrido (1997), Shimizu e Spir (1999) e Sebbenn *et al.* (2008). Para produção de madeira podem ser citados estudos de Fonseca *et al.* (1978), Shimizu (1980), Santos *et al.* (2013) e Moreira *et al.* (2014) e estudo de adaptabilidade e estabilidade em Shimizu (1986).

3.3. Análise de dados via REML/BLUP

Atualmente, a abordagem ótima e padrão é o procedimento REML/BLUP para estimação de componentes de variância/predição de valores genéticos. Tal procedimento conduz a máxima acurácia seletiva e máximo ganho genético (RESENDE *et al.*, 2009).

O procedimento de máxima verossimilhança restrita (REML) permite produzir estimativas ou predições mais acuradas de efeitos de tratamentos quando existem dados perdidos nos experimento (RESENDE, 2004). No caso balanceado, o método REML gera resultados iguais ao método da ANOVA (MARTINEZ, 2010).

O BLUP é o procedimento que maximiza a acurácia seletiva e permite inferir sobre os efeitos genéticos de tratamentos. Neste caso, um valor genotípico é determinado para cada indivíduo, permitindo uma melhor estimativa do valor genético e um ordenamento mais adequado dos melhores indivíduos, conduzindo a uma melhor seleção. Com este procedimento, a seleção deixa de ser fenotípica e passa a ser genotípica, propiciando maiores ganhos genéticos, com maior acuracidade (MARTINEZ, 2010).

O software SELEGEN-REML/BLUP® foi desenvolvido para servir de base ao melhoramento genético florestal. Pode, ainda, ser utilizado para a seleção genética de quaisquer indivíduos pertencentes a espécies vegetais perenes ou semi-perenes, como espécies frutíferas, e animais. Considera vários delineamentos experimentais, vários delineamentos de cruzamento, interação genótipo x ambiente e experimentos repetidos em vários locais, medidas repetidas, progênies pertencentes a várias populações dentre outros fatores. Permite o teste da significância dos efeitos via teste da razão de verossimilhança (LRT) e análise de deviance (RESENDE, 2006).

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Material genético

O material genético é proveniente de testes de progênies de meio irmãos de *P. elliottii* var. *elliotti*. São três testes instalados no Estado de Santa Catarina e Paraná em delineamento de blocos casualizados, com cinco repetições em parcelas lineares de seis plantas (TABELA 1).

TABELA 1 - DADOS DOS TESTES DE PROGÊNIES

Local	Município	Altitude	Instalação	Famílias
Fazenda Canivete	Três Barras /SC	770 m	2004	50
Fazenda Caraguatá	Três Barras /SC	785 m	2004	58
Fazenda Taió	São João do Triunfo/PR	835 m	2004	38

Fonte: o autor (2015).

A caracterização climática dessas áreas segue a classificação Cfb de Köppen. Localizam-se em uma região com precipitação média anual de 1.375 a 1.400 mm, com chuvas uniformemente distribuídas ao longo do ano. A região de Três Barras (SC) apresenta temperatura média anual de 19 °C e a área localizada no município de São João do Triunfo (PR) apresenta temperatura média anual de 21 °C (FERREIRA, 2005).

Todos os experimentos possuem o mesmo tratamento testemunha, que corresponde ao melhor material comercial da empresa. Assim, primeiramente a análise foi efetuada considerando todos os tratamentos, para verificar o desempenho da testemunha nos diferentes locais. Posteriormente foi realizada nova análise, excluindo a testemunha dos testes, para estimar os parâmetros e os valores genéticos das demais famílias de meio irmãos.

4.2. Análise de dados

4.2.1. Coleta de dados

As medições de diâmetro a altura do peito (DAP) e altura total (H) foram efetuadas aos oito anos de idade.

4.2.2. Análise de deviance

Para testar a significância dos efeitos aleatórios do modelo, realizou-se a análise de deviance (ANADEV) empregando-se o teste da razão da máxima verossimilhança (LTR), cuja significância foi avaliada pelo teste qui-quadrado com um grau de liberdade. O LTR substitui a ANOVA e o teste F da análise de variância nos casos de modelos com dados desbalanceados (RESENDE, 2006).

4.2.3. Parâmetros genéticos para as variáveis de crescimento

As análises genéticas dos testes de progênies foram efetuadas com o auxílio do software SELEGEN – REML/BLUP®. Para seleção de indivíduos e genitores em progênies de meios irmãos no delineamento utilizado e por local foi utilizado o modelo estatístico 1 (RESENDE, 2006):

$$y = Xr + Za + Wp + e$$

em que:

y: vetor de dados;

r: vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

a: vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios);

p: vetor dos efeitos de parcela, e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

X, Z e W: matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Equações do modelo misto:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2} : \text{herdabilidade individual no sentido restrito no bloco};$$

$$c^2 = \frac{\sigma_c^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2} : \text{correlação devida ao ambiente comum da parcela};$$

$\sigma_a^2 = \text{variância genética aditiva};$

$\sigma_c^2 = \text{variância entre parcelas};$

$\sigma_e^2 = \text{variância residual (ambiental dentro de parcelas + não aditiva)};$

$\sigma_p^2 = \frac{1}{4}\sigma_a^2 : \text{variância de progênies de polinização aberta};$

Os coeficientes de variação dentro de progênies, coeficiente de variação genética, coeficiente de variação experimental, coeficiente de variação relativo foram estimados a partir das seguintes expressões:

$$CV_a = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_a^2}}{\bar{x}} \times 100 : \text{coeficiente de variação dentro de progênies};$$

$$CV_g = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{\bar{x}} \times 100 : \text{coeficiente de variação genética};$$

$$CV_e = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{\bar{x}} \times 100 : \text{coeficiente de variação experimental};$$

$$CV_r = \frac{CV_g}{CV_e} \times 100 : \text{coeficiente de variação relativo};$$

4.2.4. Correlação genética entre as variáveis de crescimento

Foram efetuadas correlações genéticas para as variáveis DAP e H com finalidade de nortear as estratégias de melhoramento. As correlações foram estimadas conforme descrito abaixo por Pires *et al.* (2011):

$$r_{a(x,y)} = \frac{COV_{a(x,y)}}{\sigma_{ax}\sigma_{ay}}$$

onde:

$COV_{a(x,y)}$: covariância genética aditiva entre os caracteres x e y ;

σ_{ax} : desvio padrão genético aditivo para o caráter x ;

σ_{ay} : desvio padrão genético aditivo para o caráter y .

Para classificação das correlações foram utilizados os intervalos propostos por Calvo (2004), conforme TABELA 2.

TABELA 2 - CLASSIFICAÇÃO DAS CORRELAÇÕES GENÉTICAS E FENOTÍPICAS

Intervalo	Classificação
0,00 a 0,19	Bem fraca
0,20 a 0,30	Fraca
0,40 a 0,69	Moderada
0,70 a 0,89	Forte
0,90 a 1,00	Muito forte

Fonte: Calvo (2004).

4.2.5. Análise da interação através da correlação entre locais

A análise de correlação entre os locais para as variáveis de progênies foi estimada por meio do modelo estatístico 4 (avaliação de progênies de meios irmãos, no delineamento de blocos ao acaso, com várias plantas por parcela, uma medição por indivíduo, vários locais) do software SELEGEN – REML/BLUP®. Esse modelo estatístico é expresso por (RESENDE, 2006):

$$y = Xr + Za + Wp + Ti + e$$

y : vetor de dados;

r : vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

a : vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios);

p : vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios);

i : vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios);

e : vetor de erros ou resíduos (aleatórios);

X, Z, W e T: matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais.

4.3. Estabelecimento do pomar clonal de sementes

Com base nos resultados dos parâmetros genéticos das variáveis de crescimento, da interação genótipo x ambiente (determinação de zonas de melhoramento) e das correlações obtidas na análise dos dados foi delineada a formação de um pomar clonal de sementes, pelos seguintes métodos:

- a) Método 1 - seleção dos 30 melhores indivíduos com base no valor genético aditivo predito da variável DAP por local, sendo selecionados no máximo três indivíduos da mesma família;
- b) Método 2 - seleção dos 30 melhores indivíduos com base no valor genético aditivo predito da variável DAP, considerando análise conjunta das progênies, sendo selecionados no máximo três indivíduos da mesma família.

As estimativas de ganho genético (GS) foram calculadas com base na performance relativa em relação ao tratamento testemunha e não pela média do experimento. Essa forma de estimativa fornecerá valores de ganho genético de interesse prático, uma vez que permitirá que a estratégia seleção promova materiais genéticos superiores aos já existentes. Para isso, utilizaram-se as seguintes expressões:

$$GS_{\%} = \frac{\bar{a}}{\bar{X}_0} \cdot 100 \text{ onde,}$$

$$a = \hat{h}_a^2 \cdot (Y - u) \text{ onde,}$$

$GS_{\%}$ = ganho genético;

\bar{a} = média do valor genético aditivo predito da população selecionada;

\bar{X}_0 = média do testemunha;

\hat{h}_a^2 = estimativa da herdabilidade individual no sentido restrito;

a = efeito genético aditivo predito;

Y = valor fenotípico;

u = média do experimento.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. Análise de deviance e parâmetros genéticos para as variáveis de crescimento

A significância dos efeitos genotípicos foi avaliada pela análise de deviance (TABELA 3).

TABELA 3 - ANÁLISE DE DEVIANCE PARA AS CARACTERÍSTICAS DAP (cm) E ALTURA (m) EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. elliotii* AOS 8 ANOS DE IDADE.

Local	Variável	LTR
Fazenda Canivete	DAP	7,25**
	H	7,6**
Fazenda Caraguatá	DAP	25,5**
	H	16,19**
Fazenda Taió	DAP	5,47*
	H	4,35*

Fonte: o autor (2015).

Nota: LTR: Teste da razão da verossimilhança; ** significativo a 1% pelo teste do qui-quadrado com 1 grau de liberdade; * significativo a 5% pelo teste do qui-quadrado com 1 grau de liberdade.

Foi observada significância para os efeitos de progênies a 1% de probabilidade para as variáveis DAP e Altura nos testes instalados nas Fazendas Canivete e Caraguatá. Para o teste da Fazenda Taió a significância para os efeitos de progênies foi observada para ambas as variáveis a 5% de probabilidade (TABELA 3).

Esses resultados revelam existência de variabilidade entre progênies para essas características, permitindo sucesso na resposta com a seleção.

Os parâmetros genéticos determinados para o DAP e Altura das famílias do teste de progênies de *P. elliotii*, nos três diferentes locais, estão apresentados nas TABELA 4 e TABELA 5 respectivamente.

TABELA 4 - PARÂMETROS GENÉTICOS DA VARIÁVEL DAP (cm) DAS FAMÍLIAS DO TESTE DE PROGÊNIES DE *P. elliotii* AOS 8 ANOS DE IDADE NOS DIFERENTES LOCAIS DE AVALIAÇÃO

PARÂMETRO	LOCAL		
	Canivete	Caraguatá	Taió
Variância genética aditiva	2,021	1,784	1,314
Variância ambiental entre parcelas	0,766	0,039	0,057
Variância residual	9,332	6,971	9,692
Variância fenotípica individual	12,118	8,794	11,063
Herdabilidade individual no sentido restrito (efeitos aditivos)	0,167 ±0,068	0,203 ±0,064	0,119 ±0,068
Herdabilidade individual no sentido restrito (efeitos da parcela)	0,178	0,204	0,119
Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela	0,063	0,004	0,005
Herdabilidade da média de progênies	0,495	0,610	0,472
Acurácia na seleção de progênies	0,704	0,781	0,687
Herdabilidade dentro de progênie	0,140	0,161	0,092
Coeficiente de variação genética aditiva individual	7,421	6,668	5,506
Coeficiente de variação genotípica entre progênies	3,711	3,334	2,753
Coeficiente de variação experimental	8,376	5,958	6,508
Coeficiente de variação relativa	0,443	0,560	0,423
Variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênie	0,255	0,174	0,173
Desvio padrão do valor genotípico predito de progênie	0,505	0,417	0,416
Média Geral	19,154	20,029	20,821

Fonte: o autor (2015).

TABELA 5 - PARÂMETROS GENÉTICOS DA VARIÁVEL ALTURA (m) DAS FAMÍLIAS DO TESTE DE PROGÊNIES DE *P. elliotii* AOS 8 ANOS DE IDADE NOS DIFERENTES LOCAIS DE AVALIAÇÃO

PARÂMETRO	LOCAL		
	Canivete	Caraguatá	Taió
Variância genética aditiva	0,323	0,299	0,295
Variância ambiental entre parcelas	0,112	0,057	0,030
Variância residual	1,456	1,158	1,964
Variância fenotípica individual	1,892	1,514	2,290
Herdabilidade individual no sentido restrito (efeitos aditivos)	0,171 ±0,068	0,197 ±0,063	0,129 ±0,071
Herdabilidade individual no sentido restrito (efeitos da parcela)	0,182	0,205	0,131
Coefficiente de determinação dos efeitos de parcela	0,059	0,038	0,013
Herdabilidade da média de progênies	0,505	0,565	0,484
Acurácia na seleção de progênies	0,711	0,752	0,695
Herdabilidade dentro de progênie	0,143	0,162	0,101
Coefficiente de variação genética aditiva individual	4,480	4,065	4,589
Coefficiente de variação genotípica entre progênies	2,240	2,033	2,294
Coefficiente de variação experimental	4,955	3,985	5,301
Coefficiente de variação relativa	0,452	0,510	0,433
Variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênie	0,040	0,032	0,038
Desvio padrão do valor genotípico predito de progênie	0,200	0,180	0,195
Média Geral	12,693	13,450	11,846

Fonte: o autor (2015).

Os valores de herdabilidade individual no sentido restrito foram moderados para DAP (0,17 e 0,20) e Altura (0,17 e 0,19) para as Fazendas Canivete e Caraguatá. Porém, para o teste localizado na Fazenda Taió as herdabilidades individuais para DAP e Altura foram consideradas baixas (0,12 e 0,13) (SIMEÃO *et al.*, 2002) (TABELA 4 e 5). Esses valores indicam possibilidades de ganho moderado com seleção individual para essas características nas Fazendas Canivete e Caraguatá e baixos para a Fazenda Taió. A seleção individual é usada quando o interesse é implantar pomares clonais de sementes através de clonagem das melhores árvores dos testes de progênies (DUQUE SILVA, 2008).

A herdabilidade não é um parâmetro fixo podendo variar com o material genético, com o ambiente e idade. Em estudos de *P. elliotii* as estimativas de herdabilidade individual para DAP variaram entre 0,06 para testes com 5 anos e 0,60 para testes com 25 anos, com média de 0,3. Para a característica Altura

variaram entre 0,12 para testes com 15 anos e 0,57 para testes com 25 anos, com média de 0,32 (TABELA 6).

TABELA 6 - ESTIMATIVAS DE HERDABILIDADES INDIVIDUAIS NO SENTIDO RESTRITO (\hat{h}^2) EM *P. elliottii* PARA AS VARIÁVEIS DAP E ALTURA

IDADE (anos)	\hat{h}^2 DAP	\hat{h}^2 H	AUTORES
3	0,25	0,42	Moreira <i>et al.</i> (2014)
3	0,47	0,43	Romanelli (1995)
4	0,35	0,46	Santos <i>et al.</i> (2013)
4	0,36	0,39	Romanelli (1995)
5	0,06	0,08	Hodge e White (1992)
5	0,38	0,34	Pswarayi <i>et al.</i> (1996)
5	0,37	0,36	Romanelli (1995)
6	0,30	0,34	Romanelli (1995)
8	0,22	0,45	Romanelli (1995)
8	0,30	0,27	Pswarayi <i>et al.</i> (1996)
10	0,15	0,13	Hodge e White (1992)
15	0,16	0,12	Hodge e White (1992)
16	0,29	0,16	Pswarayi <i>et al.</i> (1996)
25	0,60	0,57	Sebbenn <i>et al.</i> (2008)

As herdabilidades médias em nível de família foram superiores às individuais tanto para DAP quanto para Altura (TABELA 4 e 5), resultado semelhante aos estudos de Romanelli (1995), Sebbenn *et al.*, (2008), Santos *et al.* (2013) e Moreira *et al.* (2014). De acordo com Vencovsky e Barriga (1992), as herdabilidades em nível de média de progênes podem ser superiores às individuais, quando os efeitos ambientais são minimizados pelo número de repetições e de plantas por parcela.

A acurácia na seleção de progênes também se mostrou alta, demonstrando grandes possibilidades de ganho com a seleção entre famílias. Quanto maior a acurácia na avaliação de um indivíduo, maior é a confiança na avaliação e no valor genético predito desse indivíduo (DUQUE SILVA, 2008).

Assim como no trabalho de Martinez *et al.* (2012) houve baixa variância ambiental entre parcelas, que resulta em baixos coeficientes de determinação dos efeitos de parcela, e também a proximidade entre as herdabilidades individuais no sentido restrito, ajustadas e não ajustadas para os efeitos de parcela (TABELA 4 e 5).

Os coeficientes de determinação dos efeitos da parcela foram inferiores a 1% para todos os locais e variáveis, indicando pequena variação ambiental dentro dos blocos. Sturion e Resende (2005) consideram bons e com eficiência no delineamento os experimentos que apresentam coeficiente de determinação baixo, próximo a 10% para herdabilidades altas (TABELA 4 e 5).

O experimento localizado na Fazenda Canivete apresentou o maior coeficiente de variação experimental para DAP (8,37%) e a Fazenda Taió para Altura (5,3%) que de acordo com a classificação de Martinez *et al.* (2012) é considerado de baixa magnitude, revelando boa precisão experimental. Moreira *et al.* (2014) obtiveram coeficientes de variação experimental de 10,92% para Altura e de 12,50% para DAP aos 3 anos e Romanelli (1995) de 1,96% para Altura e 4,14% para DAP aos 8 anos de idade.

O coeficiente de variação genética aditiva individual refere-se à parte da variação genética que é transmitida para a próxima geração (Sebbenn *et al.*, 2008) a qual pode ser explorada através de seleção. Para a variável DAP os coeficientes foram de média magnitude (7,4% para Fazenda Canivete, 6,7% para Fazenda Caraguatá e 5,5% para Fazenda Taió) e de baixa magnitude para Altura ($\pm 4\%$) (TABELA 4 e 5) segundo classificação de Macedo *et al.* (2013). Os coeficientes de variação genética entre progênies são similares aos obtidos por Romanelli (1995).

O coeficiente de variação relativa permite avaliar o potencial do ensaio para a seleção. Valores próximos a uma unidade indicam uma situação altamente favorável para a seleção (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992). Os coeficientes de variação relativa obtidos para DAP e Altura foram entre 0,4 e 0,5 e acurácias próximas a 0,7 que são consideradas satisfatórias para o processo de seleção (TABELA 4 e 5). Esse resultado está dentro dos limites citados no trabalho de Resende e Duarte (2007), que para cinco repetições e a um coeficiente de variação relativa obtido nesse trabalho é possível o alcance de acurácias entre 0,67 e 0,75.

5.2. Correlação genética entre as variáveis de crescimento

As correlações genéticas e fenotípicas entre as variáveis de crescimento avaliadas nos testes de progênie de *P. elliotii* plantados em diferentes locais são apresentadas na TABELA 7.

TABELA 7 - ESTIMATIVAS DOS COEFICIENTES DE CORRELAÇÃO GENÉTICA E FENOTÍPICA DAS CARACTERÍSTICAS DAP X ALTURA NOS DIFERENTES LOCAIS DE INSTALAÇÃO DOS TESTES DE PROGÊNIES DE *P. elliotii* AOS 8 ANOS DE IDADE

CORRELAÇÃO	LOCAIS		
	Canivete	Caraguatá	Taió
Genética	0,641	0,780	0,169
Fenotípica	0,745	0,706	0,283

Fonte: o autor (2015).

O teste instalado na Fazenda Canivete teve moderada correlação genética, na Fazenda Caraguatá forte correlação e na Fazenda Taió bem fraca correlação, de acordo com a classificação de Calvo (2004). O teste instalado na Fazenda Taió foi o que apresentou maior mortalidade (22,3%), esse fator pode ter influenciado a baixa correlação entre as variáveis de crescimento.

No entanto, todas as correlações foram positivas, o que permite à seleção indireta entre as variáveis, ou seja, a seleção em uma variável vai levar ao melhoramento indireto da outra. Correlações genéticas e fenotípicas positivas em *P. elliotii* entre DAP X Altura foram encontradas nos estudos de Romanelli (1995), Sebbenn *et al.* (2008) e Moreira *et al.* (2014).

As correlações genéticas são resultantes principalmente ao pleitropismo e às ligações gênicas em desequilíbrio. O pleitropismo é o fenômeno pelo qual um gene afeta simultaneamente duas ou mais características, de forma que, se estiver segregando, causará variação simultânea nas características envolvidas. O desequilíbrio de ligação gênica é causa transitória da correlação e poderá ser alterado em gerações avançadas por quebra nos conjuntos gênicos pelas permutas (CRUZ, 2005).

Assim, a seleção pode ser realizada para a característica DAP, considerando-se sua maior precisão e facilidade de mensuração (SEBBENN *et al.*, 2008).

5.3. Análise de deviance e da interação através da correlação entre locais

A significância foi avaliada pela análise de deviance, onde foi observada significância para os efeitos de progênies a 1% pelo teste do qui-quadrado com um grau de liberdade para a variável DAP (LTR de 65,76) e Altura (LTR de 46,3).

Os parâmetros genéticos determinados para o DAP e Altura das famílias do teste de progênies de *P. elliottii* na análise conjunta estão apresentados na TABELA 8.

TABELA 8 - PARÂMETROS GENÉTICOS DAS VARIÁVEIS DAP (cm) E ALTURA (m) DAS FAMÍLIAS DOS TESTES DE PROGÊNIES DE *P. elliottii* AOS 8 ANOS DE IDADE PELA ANÁLISE CONJUNTA, NOS MUNICÍPIOS DE TRÊS BARRAS/SC E SÃO JOÃO DO TRIUNFO/PR

PARÂMETRO	DAP	H
Variância genética aditiva	1,776	0,265
Variância ambiental entre parcelas	0,138	0,069
Variância da interação genótipo x ambiente	0,028	0,012
Variância residual	8,451	1,470
Variância fenotípica individual	10,394	1,816
Herdabilidade individual no sentido restrito (efeitos aditivos)	0,171 ± 0,039	0,146 ± 0,036
Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela	0,013	0,038
Coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente	0,003	0,006
Herdabilidade da média de progênies	0,775	0,704
Acurácia da seleção de progênies	0,880	0,839
Herdabilidade aditiva dentro de parcela	0,136	0,119
Correlação genética entre o desempenho das progênies nos vários ambientes	0,942	0,850
Variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênies	0,100	0,020
Desvio padrão do valor genotípico predito de progênies	0,316	0,140
Média geral	20,002	12,673

Fonte: o autor (2015).

A correlação genética entre os locais foi estimada em 0,94 para DAP e 0,85 para Altura. Correlações acima de 0,67 são consideradas altas e indicam que um só programa de melhoramento atende satisfatoriamente a todos os locais, simultaneamente (RESENDE, 2002).

Caso seja adotado um programa de melhoramento único para os locais, a herdabilidade individual para o caráter DAP, estimada em 0,17 para Fazenda Canivete, 0,20 para Fazenda Caraguatá e 0,12 para Fazenda Taió na análise por local (TABELA 4), seria menor para nas Fazendas Canivete e Caraguatá e maior em relação à Fazenda Taió.

Os valores de herdabilidade média de progênies obtidas pela análise conjunta são maiores que os obtidos na análise por local para ambas as características, assim como os valores de acurácia, indicando sucesso na seleção de famílias (TABELA 8).

A variância ambiental entre as parcelas e da interação genótipo x ambiente foram considerados de baixa magnitude e resultam em coeficientes de determinação dos efeitos da parcela e da interação genótipo x ambiente baixos, indicando pequena variação ambiental dentro do bloco e nos ambientes (TABELA 8). A variância do erro de predição (PEV), que é o parâmetro relacionado à precisão dos estimadores/ preditores não viciados, foi consideravelmente menor para a característica DAP na análise conjunta quando comparada com as análises individuais. Menores valores de PEV refletem maiores acurácias e precisão (RESENDE e DUARTE, 2007).

As diferenças obtidas entre os componentes de variância através das análises conjuntas e as análises individuais se devem ao fato de se analisar todo o experimento em conjunto, obtendo-se componentes de variância médios entre os locais (MARTINEZ *et al.*, 2012).

A seleção de indivíduos deve basear-se tanto em componentes de variância quanto em componentes de média. Para propiciar ganhos genéticos contínuos com seleção ao longo de várias gerações devem ser selecionados materiais genéticos com média elevada e ampla variabilidade genética (SIMEÃO *et al.*, 2002).

5.4. Estabelecimento do pomar clonal de sementes

Para implantação do Pomar clonal de sementes (PCS) foram selecionados os 30 melhores indivíduos, sendo permitidos no máximo três indivíduos por família. Foram estimados ganho e nova média por local e pela análise conjunta

para a variável DAP (TABELA 9), uma vez que essa apresentou correlação genética positiva com a variável Altura (TABELA 7).

TABELA 9 - ORDENAMENTO DOS INDIVÍDUOS, NOVA MÉDIA E GANHO NO ESTABELECIMENTO DE UM POMAR CLONAL DE SEMENTES (PCS) DE *P. elliottii* AOS 8 ANOS DE IDADE PELA SELEÇÃO DOS 30 INDIVÍDUOS COM MAIORES VALORES GENÉTICOS PARA VARIÁVEL DAP (cm).

ORDEM	CANIVETE			CARAGUATÁ			TAIÓ			ANÁLISE CONJUNTA		
	Bl.	Prog.	Ind.	Bl.	Prog.	Ind.	Bl.	Prog.	Ind.	Bl.	Prog.	Ind.
1	5	3	6	4	33	5	4	41	4	5	3	6
2	3	3	4	5	34	2	1	3	6	3	3	4
3	4	3	6	5	16	6	3	13	6	9	33	5
4	1	30	3	2	58	6	2	41	1	11	3	6
5	4	30	2	3	58	5	5	3	1	10	34	2
6	5	33	4	2	16	6	2	6	6	2	34	6
7	2	34	6	1	31	5	2	41	6	2	2	6
8	1	33	4	3	16	3	2	3	3	10	2	3
9	4	2	3	5	2	3	3	13	4	2	2	2
10	2	2	6	4	38	3	1	5	3	5	33	4
11	1	2	1	3	57	3	2	38	4	1	34	2
12	3	22	6	2	31	5	4	38	3	2	26	1
13	2	26	1	2	34	1	5	38	4	1	33	4
14	1	33	6	2	33	3	2	8	2	5	38	2
15	5	30	6	2	58	4	1	8	3	7	58	6
16	5	22	4	5	6	1	1	13	1	8	58	5
17	1	34	2	5	38	3	4	2	5	9	38	3
18	1	21	5	2	6	5	5	6	6	11	5	3
19	5	38	2	2	31	3	5	8	3	14	41	4
20	1	22	6	4	33	4	3	6	6	6	31	5
21	5	40	3	5	26	2	3	31	3	12	38	4
22	1	34	1	2	53	3	3	59	3	12	8	2
23	1	48	4	3	6	3	5	2	6	1	30	3
24	4	13	6	1	53	2	5	30	3	10	16	6
25	3	4	6	4	38	6	4	31	6	10	26	2
26	4	11	4	1	26	4	1	21	4	13	13	6
27	2	12	4	5	5	2	3	21	1	4	13	6
28	4	12	5	5	10	1	4	4	5	13	31	3
29	2	47	3	4	3	2	1	2	6	15	30	3
30	1	40	6	5	34	3	2	31	3	8	57	3
IE	2,5%			1,9%			3,6%			0,8%		
Nova Média	21,13			22,17			22,17			22,16		
Ganho	6,99%			7,48%			4,35%			7,69%		

Fonte: o autor (2015).

Nota: Bl.: Bloco; Prog: Progenie; Ind: Indivíduo; IE: intensidade de seleção.

O ganho genético foi predito pela performance relativa em relação ao tratamento testemunha. Essa forma de estimativa do ganho genético é de grande importância, pois um programa de melhoramento deve visar à melhoria dos materiais genéticos existentes e não somente a média da população ao longo do tempo (SANTOS *et al.*, 2015).

O PCS formado pela análise conjunta apresenta superioridade em termos de ganho (7,69%) e maior intensidade de seleção (0,8%) em relação aos pomares formados pela análise individual (TABELA 9).

Na formação do PCS pela análise por local, a Fazenda Taió apresentaria menor ganho (4,35%), mas nova média para o DAP de 22,17 cm. Essa nova média é superior à estimada para a Fazenda Canivete (21,13 cm) e semelhante à Fazenda Caraguatá (22,17 cm) (TABELA 9). Isso se explica pelo fato de que o teste instalado na Fazenda Taió possui a menor herdabilidade aditiva individual (0,12), mas maior média do experimento (20,82) (TABELA 4), que se deve provavelmente por fatores ambientais e pela maior porcentagem de mortalidade que ocorreu nesse teste, pois com maiores espaçamentos há um maior incremento em diâmetro. Vagaes (2013) estimou ganhos de 6,86% e 5,54% na formação de PCS de *P. taeda* com intensidade de seleção de 1% para a variável DAP.

Dos 30 indivíduos que constam no PCS pela análise conjunta 11 são comuns ao PCS da Fazenda Canivete, 10 na Fazenda Caraguatá e 8 na Fazenda Taió. Apenas um indivíduo não fazia parte de nenhum PCS (TABELA 9). Esse indivíduo estava presente no teste da Fazenda Canivete, ocupando o 28º lugar no ranking, porém não foi considerado para formação do PCS pela restrição imposta de no máximo três indivíduos por família.

No total, 16 famílias seriam selecionadas para o estabelecimento do PCS na Fazenda Canivete, 14 famílias na Fazenda Caraguatá, 13 na Fazenda Taió e 15 pela análise conjunta. Apenas três famílias (3, 2 e 38) se repetem na formação de todos os pomares, o que sugere que essas famílias possuam maior produtividade, adaptabilidade e estabilidade para os locais testados (TABELA 10).

TABELA 10 – FAMÍLIAS PRESENTES NO ESTABELECIMENTO DE PCS DE *P. elliotii* AOS 8 ANOS DE IDADE PELA SELEÇÃO DOS 30 INDIVÍDUOS COM MAIORES VALORES GENÉTICOS PARA VARIÁVEL DAP (cm) PELA ANÁLISE POR LOCAL E CONJUNTA.

FAMÍLIA	CANIVETE	CARAGUATÁ	TAIÓ	ANÁLISE CONJUNTA
3	1	1	1	1
2	1	1	1	1
38	1	1	1	1
30	1	0	1	1
33	1	1	0	1
26	1	1	0	1
34	1	1	0	1
13	1	0	1	1
31	0	1	1	1
5	0	1	1	1
16	0	1	0	1
58	0	1	0	1
57	0	1	0	1
41	0	0	1	1
8	0	0	1	1
21	1	0	1	0
4	1	0	1	0
6	0	1	1	0
22	1	0	0	0
40	1	0	0	0
48	1	0	0	0
11	1	0	0	0
12	1	0	0	0
47	1	0	0	0
53	0	1	0	0
10	0	1	0	0
59	0	0	1	0

Fonte: o autor (2015).

Nota: 1 – presente e 0 - ausente.

6. CONCLUSÕES

Com base nos resultados obtidos, conclui-se:

- existe variabilidade genética entre as progênes para DAP e Altura, permitindo êxito na seleção;
- as herdabilidades individuais no sentido restrito são moderadas para os testes localizados nas Fazendas Canivete e Caraguatá e baixa para a Fazenda Taió;
- o DAP apresenta correlação genética positiva com a variável Altura, sendo possível seu uso como única variável para seleção em crescimento;
- é possível estabelecer uma única zona de melhoramento de *Pinus elliottii* para atender os três locais testados;
- o método de análise conjunta maximiza os ganhos de seleção para formação de um Pomar Clonal de Sementes.

7. RECOMENDAÇÕES

Para fins de comparação de ganho, recomenda-se utilizar diferentes métodos de seleção, como: seleção massal, seleção entre e dentro de famílias Seleção individual através do Índice Multi-efeitos (IME).

REFERÊNCIAS

AGUIAR, A. V. de; SOUSA, V. A. de; SHIMIZU, J. Y. **Cultivo de *Pinus***. Embrapa Florestas, Sistemas de Produção, 2ª edição, Jun de 2014. Disponível em < <https://www.spo.cnptia.embrapa.br>> Acesso em 18 de ago de 2015.

AGUIAR, A. V. de; SOUSA, V. A. de, FRITZSONS, E.; PINTO JUNIOR, J. E. Programa de melhoramento de *Pinus* da Embrapa Florestas. **Documento 233**. Embrapa Florestas, Colombo, PR, 2011.

ASSOCIAÇÃO DOS RESINADORES DO BRASIL (ARESB). **Estatísticas gerais**. 2014-2015. Disponível em: <<http://www.aresb.com.br/>>. Acesso em 18 de ago de 2015.

BESPALHOK F., J.C.; GUERRA, E.P.; OLIVEIRA, R. **Introdução ao Melhoramento de Plantas**. In: BESPALHOK F., J.C.; GUERRA, E.P.; OLIVEIRA, R. Melhoramento de Plantas. Disponível em < www.bespa.agrarias.ufpr.br> Acesso em 07 de set de 2015.

BORÉM A; MIRANDA G V. 2005. **Melhoramento de Plantas**. 4º ed., Viçosa: UFV. 525p.

BRASIL. Decreto-Lei n. 5.153, de 23 de junho de 2004. **Diário oficial [da] República Federativa do Brasil**, Brasília, DF.

BUENO, L.C.S.; MENDES, A.N.G.; CARVALHO, S.P. **Melhoramento genético de plantas**. 1. ed. Lavras: Editora da UFLA, 2001. 282P

CADEMARTORI, P. H.G. de *et al* . Qualidade da madeira serrada de *Pinus elliottii* Engelm. procedente de florestas resinadas. **CERNE**, Lavras , v. 18, n. 4, p. 577-583, Dec. 2012 .

CALVO, M.C.M. **Estatística descritiva**. Centro de Ciências da Saúde, UFSC. Florianópolis, 2004. 55p.

CRUZ, C.D. **Princípios de Genética Quantitativa**. Viçosa, UFV: 2005.

DUQUE SILVA, L. **Melhoramento genético de *Eucalyptus benthamii* Maiden et Cabbage visando a produção de madeira serrada em áreas de ocorrência de geadas severas.** Tese (doutorado). Universidade Federal do Paraná: 2008.

FERREIRA, A. R. **Análise Genética e Seleção em Testes Dialélicos de *Pinus taeda* L.** Tese (doutorado). Universidade Federal do Paraná: 2005.

FOELKEL, C.E.B. Métodos para determinação da densidade básica de cavacos para coníferas e folhosas. **IPEF**, n. 2/3, p. 65-74, 2008.

FONSECA, S. M.; KAGEYAMA, P. Y.; FERREIRA, M.; JACOB, W. S. Síntese do programa de melhoramento genético de *Pinus* spp. que vem sendo conduzido sob a coordenação do IPEF, na região sul do Brasil. **Boletim Informativo do IPEF**, Piracicaba, SP, 1978.

FRANKIS, M. **Classification of the Genus *Pinus*.** Version January 2002. Disponível em < <http://www.pinetum.org/Lovett/classification.htm>> Acesso em 18 de ago de 2015.

GEORGIN, J. *et al.* Inventário florestal quantitativo em plantio de *Pinus elliottii* no município de Ronda Alta, RS. **REGET** - V. 19, n. 1, jan.- abr. 2015, p.228-236

GERNANDT, D. S.; AARON L.; ROBERT A. P. ***Pinus* L. Pine Trees.** Version November 2004 (under construction). Disponível em <<http://tolweb.org/Pinus/21626/2004.11.24>> Acesso em 18 de ago de 2015.

GOLLE, D.P. *et al.* Melhoramento florestal: ênfase na aplicação da biotecnologia. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.39, n.5, p.1606-1613, ago, 2009.

GURGEL GARRIDO, L.M.A. Programa de melhoramento genético visando produção de resina em *Pinus*.(Resultados de 17 anos). In: **Congressos Forestales**. 1997.

GURGEL GARRIDO, L. M. A.; KAGEYAMA, P. Y. Evolução, com a idade, de parâmetros genéticos de *Pinus elliottii* var. *elliottii* Engelm., selecionado para a produção de resina. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 5, p 21-37, 1993.

HIGA, A.R.; SHIMIZU, J.Y. Produção de sementes melhoradas de essências florestais. **Revista Brasileira de Sementes**, Brasília, v.3, n.3, p.19-26, 1981.

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**. 41, 4-5, 1992.

INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES (IBÁ). **Relatório IBÁ 2015 ano base 2014**. Brasília: IBÁ, 2015. 64 p.

IPEF. **Seleção massal e individual**. Piracicaba: IPEF. P. 1-14 (Circular Técnica, 21). 1977.

KALING, S. **Viabilidade de produção de *Pinus* em áreas ociosas nas propriedades rurais da região centro-sul Paranaense**. Dissertação (mestrado). Universidade Federal do Paraná, 2004.

MACEDO, H.R. *et al.* Variação, herdabilidade e ganhos genéticos em progênes de *Eucalyptus tereticornis* aos 25 anos de idade em Batatais-SP. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 41, n. 100, p. 533-540, dez. 2013.

MARTINEZ, D.T. **Avaliação genética sob heterogeneidade de variância residual dentro de tratamentos**. Tese (doutorado). Universidade Federal do Paraná, 2010.

MARTINEZ, D.T. Estudo da interação genótipo x ambiente em progênes de *Pinus taeda* por meio da análise de parâmetros genéticos. **Floresta**, Curitiba, PR, v. 42, n. 3, p. 539 - 552, jul./set. 2012.

MOREIRA, J. P. **Ganho esperado na seleção de progênes de *Pinus elliottii* var. *elliottii* em idade precoce para produção de madeira**. Dissertação (mestrado). Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira: 2013.

MOREIRA, J.P. *et al.* Ganho esperado na seleção de progênes de *Pinus elliottii* var. *elliottii* em idade precoce para produção de madeira. **Pesquisa florestal brasileira**, Colombo, v. 34, n. 78, p. 99-109, abr./jun. 2014

MORI, E. S., Pomares de Sementes Florestais. **Série Técnica – IPEF**. Piracicaba v.5 n.16 p. 1 – 27 Set. 1988.

PALUDZYSZYN FILHO, E.; MORA, A.L.; MAESTRI, R. Interação de genótipos de *Pinus taeda* L. com locais no Sul-Sudeste do Brasil. **Cerne**, V.7, N.1, P.090-100, 2001

PSWARAYI I. *et al.* Genetic Parameter estimates for production and quality traits of *Pinus elliotti* in Zimbabwe. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v.45, n.4, 1996.

PIRES, I.E. *et al.* **Genética Florestal**. Viçosa, MG: Arka, 2011. 318 p.

RESENDE, M. D. V. **Melhoramento de essências florestais**. *In*: BORÉM, A. Melhoramento de espécies cultivadas. Viçosa: UFV, 1999. p. 589 – 648, 1999.

RESENDE, M. D. V. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 101p. (Embrapa Florestas. Documentos, 47).

RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: EMBRAPA Informação Tecnológica, 2002. 975 p

RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEM-REML/BLUP**. Documentos EMBRAPA Campo Grande – 2006.

RESENDE, M. D. V. *et al.* **Métodos e Estratégias de Melhoramento de Espécies Perenes: Estado da Arte e Perspectivas**. *In*: Embrapa Florestas- Artigo em anais de congresso (ALICE). *In*: Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 3., 2005, Gramado. Anais. Passo Fundo: Embrapa Trigo;[SI]: Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas, 2005., 2009.

RESENDE, M.D.V. e DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical** 37(3): 182-194, set. 2007.

ROMANELLI, R.C. Seleção precoce em progênies de *Pinus elliottii* varo *elliottii* Engelm. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, 7(1):101-113,1995.

SANTOS, G.A. *et al.* Interação genótipos x ambientes para produtividade de clones de *Eucalyptus* L'Hér. no estado do Rio Grande do Sul. **Revista Árvore**, Viçosa-MG, v.39, n.1, p.81-91-2015.

SANTOS, W. dos . *et al.* **Estimativas de parâmetros genéticos em progênes de meios-irmãos de *Pinus elliottii* para a produção de madeira.** In: Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 7., Uberlândia, MG: 2013.

SEBBENN, A. M.; VILAS BÔAS, O.; MAX, J. C. M. Altas herdabilidades e ganhos na seleção para caracteres de crescimento em teste de progênes de polinização aberta de *Pinus elliottii* Engelm var. *elliottii*, aos 25 anos de idade em Assis-SP. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 20. n. 2, p. 95-102, dez. 2008.

SERVIÇO FLORESTAL BRASILEIRO. **Diagnóstico do Setor Florestal do Brasil – Região Sul e Sudeste.** Abril/2012. Disponível em <<http://www.florestal.gov.br/informacoes-florestais/estudos-estrategicos/estudos-estrategicos>> Acesso em 18 de ago de 2015.

SERVIÇO FLORESTAL BRASILEIRO. **Panorama Econômico do Setor Florestal.** Março de 2014, Ano 1, Edição 1. Disponível em <http://www.abimci.com.br/wp-content/uploads/2014/02/Panorama_Economico_1_2014-PUBLICADO.pdf> Acesso em 18 de ago de 2015.

SILVA, J. M.; AGUIAR, A. V.; MORI, E. S.; MORAES, M. L. T. Divergência genética entre progênes de *Pinus caribaea* var. *caribaea* com base em caracteres quantitativos. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 32, n. 69, p. 69-77, 2012.

SIMEÃO, R. M. *et al.* Avaliação genética em erva-mate pelo procedimento BLUP individual multivariado sob interação genótipo x ambiente. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v. 37, n. 11, p. 1589-1596, nov. 2002.

SHIMIZU, J.Y. Seleção fenotípica de *Pinus elliottii* Engelm. var. *elliottii* no viveiro e seus efeitos no crescimento. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n.1. p.19-27, dez. 1980.

SHIMIZU, J.Y. Estabilidade genotípica e adaptabilidade como critérios para seleção de *Pinus elliottii*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 13, p.17-24, dez. 1986.

SHIMUZU, J. Y.; SPIR, I. H. Z. Seleção de *Pinus elliottii* pelo valor genético para alta produção de resina. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 38, p. 103-117, Jan./Jun. 1999.

SHIMIZU, J. Y. **Pinus na silvicultura brasileira**. Colombo: Embrapa Florestas, 2008. p. 49-74

SOUZA, F. B. de. **Seleção de espécies e procedências de *Pinus sp* para a região de Assis, estado de São Paulo**. Dissertação (mestrado). Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, 2015.

STURION, J. A. e RESENDE, M.D.V. Eficiência no delineamento experimental e capacidade de teste no melhoramento de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.) **Boletim de Pesquisa Florestal**, n. 50, p. 3-10, jan./jun., 2005.

THIERET, J.W. **Pinaceae**. *In*: Flora of North America Editorial Committee, eds. 1993+. Flora of North America North of Mexico. 18+ vols. New York and Oxford. Vol. 2, 1993. Disponível em <
http://www.efloras.org/florataxon.aspx?flora_id=1&taxon_id=233500934> Acesso em 18 de ago de 2015.

VAGAES, T.C. **Estratégias de melhoramento genético para *Pinus taeda* L. no planalto Catarinense**. Dissertação (mestrado). Universidade Federal do Paraná, 2013.

VENCOVSKY, R. e BARRIGA, P.. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 1992, 496 p.