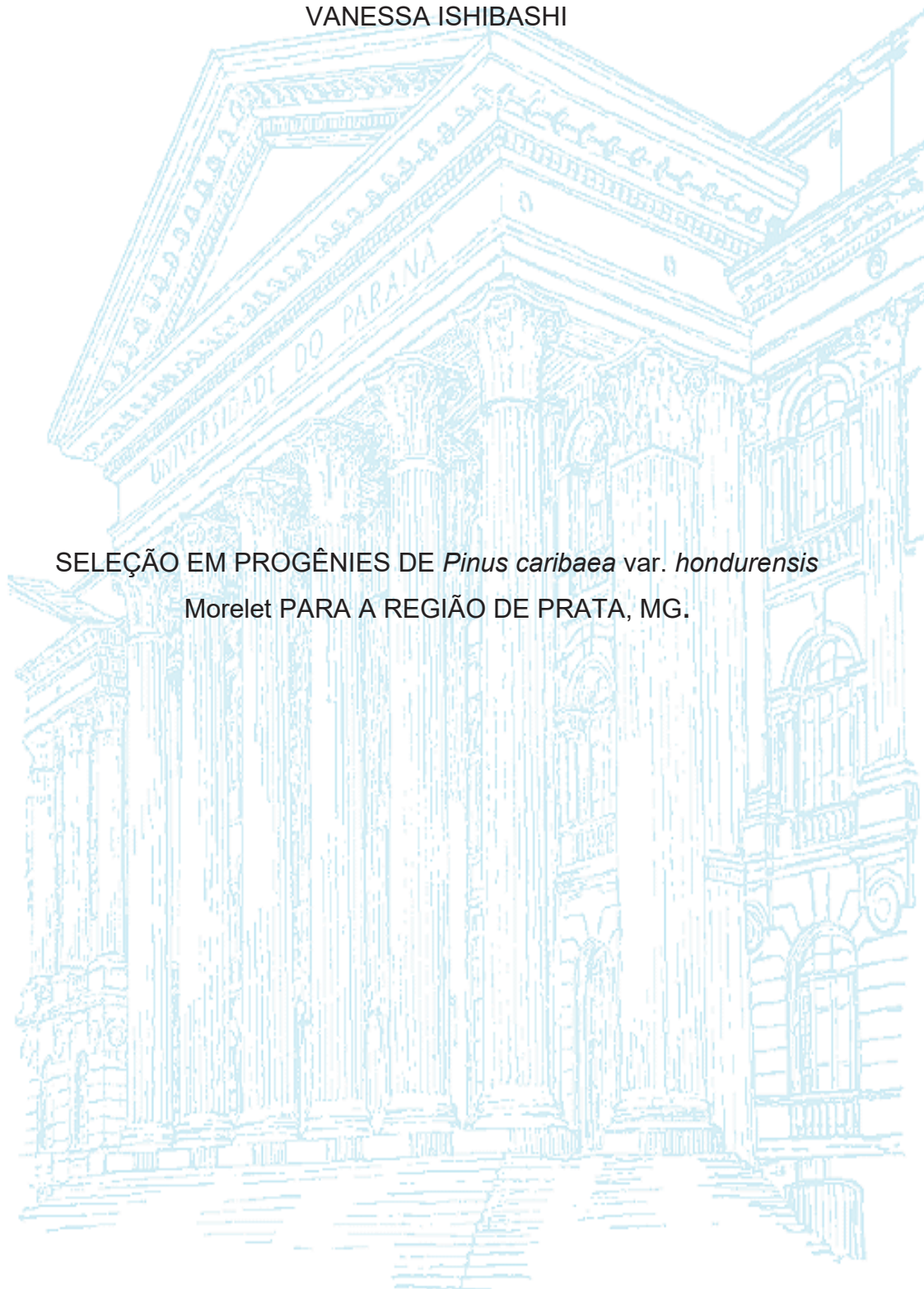


UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

VANESSA ISHIBASHI

SELEÇÃO EM PROGÊNIES DE *Pinus caribaea* var. *hondurensis*  
Morelet PARA A REGIÃO DE PRATA, MG.



CURITIBA

2022

VANESSA ISHIBASHI

SELEÇÃO EM PROGÊNIES DE *Pinus caribaea* var. *hondurensis*  
Morelet PARA A REGIÃO DE PRATA, MG.

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Engenharia Florestal, Departamento de Ciências Florestais, Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, como parte das exigências para obtenção de título de Doutor em Ciências Florestais.

Orientador: Prof. Dr. Antonio Rioyei Higa

Coorientadores: Prof. Dr. Diego T. Martinez  
Prof. Dr. Alexandre Siqueira  
Guedes Coelho

CURITIBA

2022

Ficha catalográfica elaborada pela  
Biblioteca de Ciências Florestais e da Madeira - UFPR

Ishibashi, Vanessa

Seleção em progênies de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* Morelet para a região de Prata, MG / Vanessa Ishibashi. - Curitiba, 2022.  
141 f. : il.

Orientador: Prof. Dr. Antonio Rioyei Higa

Coorientadores: Prof. Dr. Diego T. Martinez

Prof. Dr. Alexandre Siqueira Guedes Coelho

Tese (Doutorado) - Universidade Federal do Paraná, Setor de Ciências Agrárias. Programa de Pós-Graduação em Engenharia Florestal. Defesa: Curitiba, 19/10//2022.

Área de concentração: Recursos florestais e engenharia florestal

1. Pinheiro-do-caribe - Melhoramento genético. 2. Pinheiro-do-caribe - Cultivo Minas Gerais. 3. Seleção de plantas - Melhoramento genético. 4. Genética florestal. 5. Clonagem. I. Higa, Antonio Rioyei. II. Martinez, Diego Tyszka. III. Coelho, Alexandre Siqueira Guedes. IV. Universidade Federal do Paraná, Setor de Ciências Agrárias. V. Título.

CDD – 634.9

CDU – 634.0.232.1



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO  
SETOR DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS  
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ  
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO ENGENHARIA  
FLORESTAL - 40001016015P0

## TERMO DE APROVAÇÃO

Os membros da Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação ENGENHARIA FLORESTAL da Universidade Federal do Paraná foram convocados para realizar a arguição da tese de Doutorado de **VANESSA ISHIBASHI** intitulada: **SELEÇÃO EM PROGÊNIES DE *Pinus caribaea* var. *hondurensis* Morelet PARA A REGIÃO DE PRATA, MG.**, sob orientação do Prof. Dr. ANTONIO RIOYEI HIGA, que após terem inquirido a aluna e realizada a avaliação do trabalho, são de parecer pela sua APROVAÇÃO no rito de defesa.

A outorga do título de doutora está sujeita à homologação pelo colegiado, ao atendimento de todas as indicações e correções solicitadas pela banca e ao pleno atendimento das demandas regimentais do Programa de Pós-Graduação.

CURITIBA, 19 de Outubro de 2022.

Assinatura Eletrônica  
25/10/2022 12:29:22.0  
ANTONIO RIOYEI HIGA  
Presidente da Banca Examinadora

Assinatura Eletrônica  
24/10/2022 11:17:10.0  
PAULO CESAR FLÔRES JÚNIOR  
Avaliador Externo (UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DA AMAZÔNIA)

Assinatura Eletrônica  
25/10/2022 12:29:45.0  
THÂMARA MOURA LIMA  
Avaliador Externo (UNIVERSIDADE ESTADUAL DE SANTA CRUZ)

Assinatura Eletrônica  
25/10/2022 10:05:05.0  
ANANDA VIRGINIA DE AGUIAR  
Avaliador Externo (UNIVERSITY OF FLORIDA)

Assinatura Eletrônica  
03/11/2022 14:53:16.0  
ISMAEL ELEOTERIO PIRES  
Avaliador Externo (UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA)

*À minha mãe Jandira.*

**Dedico**

## **AGRADECIMENTOS**

A DEUS pela vida, saúde, proteção e bênçãos recebidas.

À minha família, meu porto seguro, maiores incentivadores e razão do meu viver. Que conhecem o meu melhor e pior e nunca deixaram de me amar.

Aos meus amigos queridos, de muitos ou poucos anos, que sempre estão em meus pensamentos e orações. Em especial aos que acompanharam de perto essa jornada, Ângela, Paulo e Mel, que torceram e sofreram junto em cada etapa e que sempre estiveram presentes, mesmo na necessidade do distanciamento.

Ao meu orientador prof. Dr. Antônio Higa, que sempre torceu muito pelo seus orientados e sempre, do seu jeito, fez o possível para nos preparar da melhor forma. Sempre disposto a nos ensinar e incentivar o pensamento crítico, um exemplo que quero seguir. Muito obrigada pelos ensinamentos e paciência.

Aos professores Dr. Diego T. Martinez e Dr. Alexandre Coelho, pela orientação, disposição, paciência e todo o apoio e conhecimento para a realização desse trabalho.

À banca de avaliação, que gentilmente aceitaram o convite e pela contribuição para melhoria do trabalho.

À Faber-Castell, pela confiança e todo o apoio necessário para desenvolvimento dessa tese.

À Universidade Federal do Paraná, ao Programa de Pós-Graduação em Engenharia Florestal pela oportunidade confiada, aos integrantes da coordenação do programa, em especial ao Reinaldo Mendes de Souza e David Teixeira de Araujo pelo apoio burocrático e aos professores pelos conhecimentos transmitidos;

A Capes, pela bolsa concedida, fundamental para a realização deste trabalho.

Enfim, agradeço a todos os passaram pela minha vida e deixaram um pouco de si.

Muito obrigada a todos!

*“Quem se torna excelente em alguma coisa consegue isso por entender que não nasceu excelente – é medíocre, comum -, mas que pode se tornar muito melhor.”*

Manson (2017)

*“Quem encontra seu ikigai carrega consigo tudo o que necessita para uma travessia longa e feliz.”*

Garcia e Miralles (2018).

## RESUMO

Seleção genética é a principal etapa de um programa de melhoramento de espécies florestais. No entanto, para atingir essa fase, é necessário instalar, avaliar e analisar testes genéticos. Os testes genéticos de espécies florestais são realizados por longos períodos e ocupam grandes áreas e, por isso, representam alguns problemas para os melhoristas. Assim, o objetivo deste trabalho foi definir estratégias de seleção genética para o avanço da geração de plantios seminais e clonais. A análise quantitativa dos caracteres de crescimento foi realizada usando dados de um teste de progênies desbastado. O teste de progênies analisado é composto por híbridos intraespecíficos de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*, plantado em 2006, no município de Prata, MG. A área está localizada no Bioma Cerrado, que é caracterizado por solos ácidos e de baixa fertilidade e, inverno seco. O teste de progênies foi implantado em delineamento de blocos completos casualizados, com 79 famílias de irmãos completos, com 15 repetições e uma planta por parcela. Os desbastes foram realizados aos seis e oito anos de idade, permanecendo no teste 615 indivíduos de 44 famílias. Para análise estatística foram coletados dados de diâmetro à altura do peito (DAP) em cm, altura total (H) em m e volume em dm<sup>3</sup>, das árvores com idades de três, quatro, cinco, seis, sete, oito e 11 anos. Os componentes de variância foram estimados por meio do Restricted Maximum Likelihood Method (REML), que foram obtidos por meio do algoritmo de Expectativa-Maximização (EM), utilizando o software R (R Development Core Team, 2019), com a função reml90 do pacote BreedR. No primeiro capítulo, os modelos de análise foram comparados no teste de progênies desbastado. Foram testados o modelo misto convencional de blocos casualizados e modelos que incluem efeitos espaciais e de competição. Estes últimos apresentaram desempenhos superiores ao modelo tradicional misto de blocos casualizados, demonstrando a grande importância da utilização de modelos que contemplem os efeitos da heterogeneidade ambiental e da competição. No segundo capítulo, verificou-se a viabilidade da seleção precoce e o estabelecimento de uma estratégia de seleção. O volume pode ser utilizado na seleção genética, quando o objetivo é selecionar indivíduos com melhor crescimento, pois apresentou forte e significativa correlação com DAP. Esta variável pode ser usada aos cinco anos de idade para seleção precoce. Para a estratégia de produção de sementes, a intensidade de seleção de 30% equilibra os ganhos genéticos e o tamanho efetivo da população. O terceiro capítulo propõe uma estratégia de seleção de clones, utilizando modelos espaciais e de competição. Efeitos não aditivos foram predominantes no controle genético das variáveis analisadas em todas as idades. Há pouco efeito de CGC – Capacidade Geral de Combinação. A seleção dos cinco melhores cruzamentos, para a formação de florestas clonais, proporciona ganhos de 12,7 a 29,6% em volume, em relação à média geral do experimento. Com todas as informações obtidas no desenvolvimento desta tese, conclui-se que a seleção genética de cruzamentos controlados, aliada à conservação da variabilidade genética, pode proporcionar grande potencial para a silvicultura clonal de *P. caribaea* var. *hondurensis*.

Palavras chaves: silvicultura clonal, pinus tropicais, Cerrado, seleção genética, melhoramento florestal, genética quantitativa

## ABSTRACT

Genetic selection is the main step of a forest tree improvement program. However, to achieve this stage, it is necessary set up, evaluate and analyze genetic tests. Genetic tests of a forest tree species are carried out for long periods and occupy large areas and, due to this, they represent certain problems to breeders. Thus, the objective of this work is to define genetic selection strategies for generation advancement of seminal and clonal plantations. Quantitative analysis of growth traits were carried out using data of a thinned progeny test. The progeny test analyzed is composed by intraspecific hybrids of *Pinus caribaea* var. *hondurensis*, planted in 2006, at Prata municipality, MG state. The area is located on the Brazilian Cerrado Biome, which is characterized by acid and unfertile soil and dry winter. The progeny test was planted in a randomized complete blocks design, with 79 full-sib families, with 15 replications and one tree plot. Thinnings were performed at six and eight years of age, with 615 individuals of 44 families remaining in the test. For statistical analysis Data of diameter at breast height (DBH) in cm, total height (H) in m and volume in dm<sup>3</sup> were collected from the remaining individuals, ages three, four, five, six, seven, eight and 11 years. The variance components were estimated using the Restricted Maximum Likelihood Method (REML), which were obtained using the expectation-maximization (EM) algorithm, using the R software (R Development Core Team, 2019), with the `reml90` function of the `breedR` package. In the first chapter, analysis models were compared in the thinned progeny test. The conventional randomized block mixed model, and models that include spatial and competition effects were tested. These last ones presented better performances than the traditional mixed model of randomized blocks, demonstrating the great importance of using models that include the effects of environmental heterogeneity and competition. In the second chapter, the feasibility of early selection was verified, and the establishment of a selection strategy. The variable volume can be used in genetic selection, when the objective is to select individuals with better growth, as it presented a strong and significant correlation with the DBH. This variable can be used at age five Years for early selection. For seed production strategy, the selection intensity of 30% balances genetic gains and effective population size. The third chapter proposes a strategy for clone selection, using spatial and competition models. Non-additive effects were predominant in the genetic control of the variables analyzed at all ages. There is little effect of CGC - General Combination Ability. The selection of the five best crosses, for the formation of clonal forests, provides gains of 12.7 to 29.6% in volume. With all the information obtained in the development of this thesis, it is concluded that the genetic selection of controlled crosses, combined with the conservation of genetic variability, can provide great potential for clonal silviculture of *P. caribaea* var. *hondurensis*.

Keywords: clonal silviculture, tropical pine, Cerrado, genetic selection, forest improvement, quantitative genetics

## LISTA DE TABELAS

Tabela 2.1 - Estimativas de herdabilidades no sentido restrito e média de famílias na análise de testes genéticos de <i>P. caribaea</i> var <i>hondurensis</i> .....	24
Tabela 3.1 - Correlação entre os efeitos genéticos aditivos diretos e de competição do modelo de competição coeficientes de autocorrelação no sentido das colunas e linhas.....	35
Tabela 3.2 - Estimativa de parâmetros genéticos para diâmetro à altura do peito (DAP) e altura total (H) em <i>Pinus caribaea</i> var. <i>hondurensis</i> usando diferentes modelos mistos de blocos completos (BL) com efeitos espaciais (AR) e de competição (CO) .....	36
Tabela 4.1 - Descrição do teste de progênes de irmãos completos de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>hondurensis</i> no decorrer dos anos .....	46
Tabela 4.2 - Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos para DAP, volume (VOL) e altura total (H) avaliadas em teste de progênes de irmãos completos de <i>P. caribaea</i> var. <i>hondurensis</i> em sete idades .....	50
Tabela 5.1 - Descrição geral do teste de progênes de irmãos completos de <i>P. caribaea</i> var. <i>hondurensis</i> no decorrer dos anos.....	68
Tabela 5.2 - Estimativas de parâmetros para diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (H) e volume (VOL), aos 3, 7 e 11 anos de idade, no ensaio de avaliação de progênes de irmãos completos de <i>P. caribaea</i> var. <i>hondurensis</i> .....	74
Tabela 5.3 - Análise de Deviance para diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (H) e volume (VOL) aos 3, 7 e 11 anos de idade, no ensaio de avaliação de progênes de em irmãos completos de <i>P. caribaea</i> var. <i>hondurensis</i> .....	75
Tabela 5.4 - Estimativa dos efeitos da capacidade específica de combinação – CEC, para diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (H) e volume (VOL) aos três, sete e 11 anos de idade, no ensaio de avaliação de progênes de irmãos completos de <i>P. caribaea</i> var. <i>hondurensis</i> . Em destaque os dez melhores cruzamentos e em negrito o melhor cruzamento por característica e idade.....	77

Tabela 5.5 - Correlações do ordenamento dos cruzamentos para diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (H) e volume (VOL) aos 3, 7 e 11 anos de idade, no ensaio de avaliação de progênies de irmãos completos de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>hondurensis</i> .....	79
Tabela 5.6 - Ganhos genéticos estimados para seleção clonal em teste de progênies de irmãos completos de <i>P. caribaea</i> var. <i>hondurensis</i> aos 11 anos ..	80
Tabela 5.7 - Ganhos genéticos estimados para seleção de indivíduos em teste de progênies de irmãos completos de <i>P. caribaea</i> var. <i>hondurensis</i> para formação de um Pomar Clonal de Sementes aos 11 anos de idade .	81

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO GERAL.....</b>	<b>12</b>
1.1.	OBJETIVO GERAL .....	14
1.2.	OBJETIVOS ESPECÍFICOS .....	14
1.3.	HIPÓTESES .....	14
<b>2</b>	<b>REVISÃO DE LITERATURA.....</b>	<b>15</b>
2.1.	<i>Pinus caribaea</i> var. <i>hondurensis</i> .....	15
2.2.	IMPORTÂNCIA DA ESPÉCIE NO BRASIL .....	16
2.3.	MELHORAMENTO DA ESPÉCIE NO BRASIL .....	17
2.4.	SILVICULTURA CLONAL .....	19
2.5.	MÉTODOS DE ANÁLISE DE DADOS GENÉTICOS.....	21
2.6.	COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS .....	23
2.7.	CAPACIDADE GERAL E ESPECÍFICA DE COMBINAÇÃO .....	25
<b>3</b>	<b>ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM EXPERIMENTOS DE AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES DE <i>Pinus caribaea</i> var. <i>hondurensis</i> ANTES E APÓS O DESBASTE.....</b>	<b>26</b>
3.1.	INTRODUÇÃO .....	28
3.2.	MATERIAL E MÉTODOS.....	29
3.2.1.	Material genético e descrição do experimento.....	29
3.2.2.	Análise estatística .....	31
3.2.3.	Identificação da heterogeneidade espacial e competição .....	33
3.2.4.	Comparação de modelos e estimativa de parâmetros genéticos.....	33
3.3.	RESULTADOS.....	34
3.3.1.	Identificação da heterogeneidade espacial e competição .....	34
3.3.2.	Comparação dos modelos, componentes de variância e parâmetros genéticos .....	35
3.4.	DISCUSSÃO .....	37

3.5.	CONCLUSÕES.....	39
	<b>REFERÊNCIAS .....</b>	<b>39</b>
<b>4</b>	<b>ANÁLISE LONGITUDINAL EM PROGÊNIES DE IRMÃOS COMPLETOS DE <i>Pinus caribaea</i> var. <i>hondurensis</i> UTILIZANDO ANÁLISE MULTIVARIADA..</b>	<b>42</b>
4.1.	INTRODUÇÃO .....	44
4.2.	MATERIAL E MÉTODOS.....	45
4.2.1.	Material genético e descrição do experimento .....	45
4.2.2.	Análise estatística .....	47
4.2.3.	Estimativa de parâmetros genéticos .....	48
4.3.	RESULTADOS.....	49
4.3.1.	Componentes de variância.....	49
4.3.2.	Correlações genéticas e eficiência de seleção .....	51
4.3.3.	Estratégias de seleção de indivíduos .....	55
4.4.	DISCUSSÃO .....	56
4.5.	CONCLUSÕES.....	59
	<b>REFERÊNCIAS .....</b>	<b>60</b>
<b>5</b>	<b>ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO GENÉTICA PARA SILVICULTURA CLONAL EM <i>Pinus caribaea</i> var. <i>hondurensis</i> .....</b>	<b>64</b>
5.1.	INTRODUÇÃO .....	66
5.2.	MATERIAL E MÉTODOS.....	67
5.2.1.	Material genético e descrição do experimento .....	67
5.2.2.	Análise estatística .....	69
5.2.3.	Estimativa de parâmetros genéticos .....	71
5.3.	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	73
5.3.1.	Parâmetros genéticos .....	73
5.3.2.	Capacidades de combinação .....	75
5.3.3.	Seleção de genótipos.....	79
5.3.4.	Conservação do material genético em campo.....	80

5.4.	CONCLUSÕES.....	81
	REFERÊNCIAS .....	81
6	CONSIDERAÇÕES FINAIS .....	85
	REFERÊNCIAS .....	88
	APÊNDICE 1 – CRUZAMENTOS REALIZADOS .....	93

## 1 INTRODUÇÃO GERAL

Testes genéticos de espécies arbóreas florestais são conduzidos por longos períodos e ocupam grandes áreas e, devido a isso, ocasionam certos obstáculos aos melhoristas. O primeiro é a necessidade da obtenção de resultados – estimativas de ganhos genéticos – em um menor tempo possível. A seleção precoce é uma das soluções para esse problema, a qual necessita do acompanhamento de um experimento por um ciclo completo de rotação com avaliação contínua das variáveis de interesse. Desta forma, uma combinação de idade/variável pode ser estabelecida. No entanto, ao conduzir um experimento até idades mais avançadas são observados efeitos da mortalidade e da competição entre os indivíduos. Não considerar esses efeitos pode gerar estimativas enviesadas dos parâmetros genéticos.

Uma segunda preocupação dos melhoristas é como reduzir ao máximo os efeitos ambientais, para obter estimativas mais acuradas de parâmetros genéticos. A distribuição dos tratamentos em blocos, com delineamentos e desenhos planejados, muitas vezes não são suficientes para minimizar os efeitos da heterogeneidade ambiental, uma vez que os experimentos podem ocupar grandes áreas. Sendo assim, modelos mistos mais sofisticados, que consideram efeitos de heterogeneidade ambiental e de competição, são cada vez mais necessários.

Na avaliação, onde o objetivo principal é a previsão de valores genéticos, ignorando tal fonte de heterogeneidade pode levar a vieses na estimativa de parâmetros genéticos e na previsão de efeitos genéticos aditivos individuais também conhecidos como valores genéticos (MAGNUSSEN, 1994).

Cabe ressaltar ainda, que o objetivo deve estar muito bem definido dentro do programa de melhoramento florestal, diante de que é preciso saber o que avaliar e a finalidade do melhoramento: sementes e/ou clones com determinadas características desejáveis. Ademais, é necessário conhecer quais variáveis serão avaliadas, assim como seus comportamentos e grau de associação entre estas. Desta forma será possível definir uma estratégia dinâmica, ampla e não limitante para um programa de melhoramento a curto, médio e longo prazo. Assim, a estratégia deve, também, contrabalançar os ganhos genéticos e a variabilidade mantida para avanço de gerações. Para

isso, é preciso manter variabilidade suficiente para seleção de genótipos adaptados para as incertezas ambientais, como mudanças climáticas, novas doenças e para expansão dos plantios em novas regiões bioclimáticas.

Em programa de melhoramento as diferentes etapas podem ser executadas por diferentes melhoristas. Por exemplo, quem planeja e instala um experimento nem sempre é quem irá realizar as análises finais. Aliado a isso, muitas vezes, há uma escassez de informações históricas dos experimentos, uma explicação de como e porque algumas decisões acerca do experimento foram tomadas. Assim, para análise dos experimentos o melhorista não deve se prender em regras e padrões comuns de análise. Deve-se conhecer o teste em campo e, então, testar modelos estatísticos que produzam a estimativa mais fiel dos parâmetros genéticos. Só assim é possível estabelecer uma estratégia segura para seleção e desenvolvimento do programa de melhoramento genético.

Com base nessas premissas, essa tese abordou no primeiro capítulo, análises genéticas em teste de progênies de irmãos completos, antes e após desbastes. Onde foram testados o modelo misto de blocos completos casualizados e modelos que incluem efeitos espaciais e de competição. No segundo capítulo, verificou-se a viabilidade da seleção precoce e o estabelecimento de uma estratégia de seleção genética envolvendo variáveis de crescimento, para produção de sementes, usando modelos mistos autorregressivos multivariados. O terceiro capítulo propõe uma estratégia de seleção para plantios clonais, usando modelos espaciais e de competição.

### 1.1. OBJETIVO GERAL

Definir estratégias de seleção genética por meio de análises quantitativas de caracteres de crescimento, para avanço de geração e formação de plantios seminais e clonais, de híbridos intraespecíficos de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*, provenientes de teste de progênes desbastado na região de Prata, MG, Bioma Cerrado.

### 1.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- a) Determinar o efeito da heterogeneidade espacial nas estimativas de parâmetros genéticos em um teste de progênes desbastado de irmãos-completos de *P. caribaea* var. *hondurensis* e propor modelos de estimação de parâmetros genéticos;
- b) Indicar a melhor idade para realizar a seleção precoce em um teste de progênes desbastado de irmãos-completos de *P. caribaea* var. *hondurensis*, visando a produção de sementes.
- c) Delinear estratégias para seleção genética de clones de *P. caribaea* var. *hondurensis*, com base na capacidade geral e específica de combinação, parâmetros genéticos, idade e variáveis com vista à clonagem.

### 1.3. HIPÓTESES

- a) Os desbastes realizados em testes genéticos ocasionam efeitos ambientais e de competição que influenciam as estimativas dos parâmetros genéticos.
- b) As análises genéticas devem considerar modelos genéticos estatísticos que contemplem esses efeitos.
- c) Correlações genéticas fortes e positivas para os parâmetros genéticos entre idades permitem determinar uma idade para a realização da seleção precoce.
- d) Efeitos significativos para capacidade específica de combinação, possibilitam a seleção de famílias de irmãos completos para clonagem.

## 2 REVISÃO DE LITERATURA

### 1.4. *Pinus caribaea* var. *hondurensis*

*Pinus caribaea* foi descrita pela primeira vez como espécie por Morelet baseada em espécimes botânicos da Ilha dos Pinheiros em Cuba. A espécie é dividida em três grupos intraespecíficos: *P. caribaea* var. *caribaea* encontrada em Cuba e na vizinha Ilha dos Pinheiros; *P. caribaea* var. *bahamensis*, encontrado em muitas das ilhas do grupo Bahamas; e *P. caribaea* var. *hondurensis*, encontrado no continente da América Central, em Belize e no lado do Atlântico da Guatemala, Honduras e Nicarágua e México (ROBINS, 1983).

No continente, *P. caribaea* var. *hondurensis* pode ser dividida em dois grupos principais: os das zonas úmidas da planície costeira e os das zonas mais altas e mais secas do interior. Os das planícies costeiras de Honduras e da Nicarágua tendem a produzir longos *fox-tail* e, em geral, produzem árvores vigorosas e bem formadas. A procedência de Potosi no norte de Honduras produz árvores com caules sinuosos e ramificações grosseiras (ROBINS, 1983).

A espécie se desenvolve naturalmente em solos bem drenados e ácidos, desde o nível do mar a altitudes de 1000 m. A precipitação anual varia de 660 mm (no interior de Honduras) a 4000 mm (na Nicarágua); os invernos abrangem a estação seca e não se observa ocorrência de geadas (FARJON et al., 1997).

*P. caribaea* var. *hondurensis* é uma árvore de tamanho médio a grande, de 24 a 44 m de altura, copa um pouco arredondada com folhagem verde amarelada e, acículas de 20 a 28 cm de comprimento (BAJAJ, 2012). Os botões foliares são envoltos em escamas de cor marrom-alaranjada a avermelhada (BAJAJ, 2012). A casca é resinosa, áspera, escamosa, espessa e de cor acinzentada (BAJAJ, 2012). Na parte interna é marrom avermelhada. A madeira tem um tom acastanhado e é relativamente leve (BAJAJ, 2012).

O ciclo de produção de sementes em *P. caribaea* var. *hondurensis*, da fecundação até a maturação dos cones, tem duração de aproximadamente 21 meses em área plantada (GAVIDIA, 1978; ROBBINS, 1983). Os períodos de

polinização e amadurecimento dos cones diferem em função procedência e em distintos locais de plantio. No geral, no Brasil a polinização ocorre de maio a junho e a maturação dos cones entre janeiro e fevereiro (ROBBINS, 1983). A produção ótima de sementes tem início aos 10 a 15 anos de idade (GAVIDIA, 1978; OWENS, 1995), quando a matriz supera sua juvenilidade. No entanto, em coníferas na fase adulta não há produção de quantidades semelhantes de cones ano após ano, pois apresentam flutuação ou periodicidade de 1 a 3 anos (PURITCH, 1972; OWENS, 1995). Essa periodicidade na produção de sementes pode ser devido aos recursos envolvidos no florescimento e frutificação (ISAGI et al., 1997) e ao estresse e injúrias causados durante a coleta de sementes, uma vez que uma próxima safra já estará em ciclo de desenvolvimento.

No Brasil, as condições mais adequadas para o florescimento e frutificação para as três variedades de *P. caribaea* são as regiões litorâneas no norte do Espírito Santo e sul da Bahia (KAGEYAMA, 1980).

### 1.5. IMPORTÂNCIA DA ESPÉCIE NO BRASIL

A área total de árvores plantadas no Brasil totalizou 9 milhões de hectares em 2019, dos quais 1,6 milhões são plantados com o gênero *Pinus* (IBÁ, 2020). Sendo que aproximadamente 10% dessa área é utilizada com espécies tropicais deste gênero. A variedade *P. caribaea* var. *hondurensis* é a mais plantada nas regiões Norte, Centro-Oeste e Sudeste do Brasil (WREGGE et al., 2014), principalmente pela elevada disponibilidade de sementes no mercado, pelo seu bom desenvolvimento em solos pobres e pela elevada qualidade de sua madeira (MORAES et al., 2007).

Sua madeira é de densidade moderada a baixa, mas de grande utilidade geral. A duração do período de transição da produção da madeira juvenil para madeira adulta pode durar em torno de quatro anos. Além disso, produz resina em quantidade viável para exploração comercial (AGUIAR et al., 2014).

A densidade básica média da madeira, determinada em testes conduzidos no Brasil, foi de 0,418 g/cm<sup>3</sup>. Moura et al. (1991) encontraram diferenças significativas para densidade básica de diferentes procedências em

ensaio conduzido em três diferentes locais na região do Bioma Cerrado, sendo a procedência de Poptún (Guatemala) com a maior densidade básica (0,429 g/cm<sup>3</sup>) e a procedência Alamicamba (Nicarágua) com a menor densidade básica (0,394 g/cm<sup>3</sup>). A interação genótipo x ambiente foi significativa, porém sua contribuição para a variância total foi pequena. Esse resultado corrobora com resultados encontrados na África do Sul que mostraram que *P. caribaea*, plantado nas regiões de baixa altitude, produzem madeira praticamente só do tipo primaveril, de densidade e resistência demasiadamente baixas para qualquer tipo de aplicação (SHIMIZU, 2008).

A exploração da superioridade dos híbridos interespecíficos de *P. elliotii* com *P. caribaea* var. *hondurensis*, mediante polinizações controladas, permite gerar árvores com alto incremento volumétrico, semelhante ao de *P. caribaea* var. *hondurensis*, produzindo madeira de qualidade física e mecânica semelhante à de *P. elliotii* (SHIMIZU, 2008).

## 1.6. MELHORAMENTO DA ESPÉCIE NO BRASIL

Os pinus tropicais foram introduzidos no Brasil em 1958 e, apresentaram rápido crescimento e qualidade da madeira produzida, quando estabelecidos em regiões ecológicas apropriadas (PINTO JR. et al., 1979). Assim, no ano de 1977, o Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais (IPEF), em convênio com as empresas Freudenberg Agro-Florestal Ltda. e Cia. e Aracruz Florestal S.A. constituiu o Centro de Conservação Genética e Melhoramento de Pinheiros Tropicais (CCGMPT) no município de Aracruz - ES (SANTOS et al., 1988).

Entre 1978 e 1980 houve a instalação de pomares clonais de sementes (PCS), totalizando 150 ha, para *P. caribaea* var. *hondurensis*, *P. caribaea* var. *bahamensis* e *P. caribaea* var. *caribaea* (PINTO JR. et al., 1979, SANTOS et al., 1988). Para formação dos PCSs, usou-se uma intensidade de seleção de 1:7000 e as matrizes foram selecionadas em Agudos-SP (200), Pederneiras-SP (65), Casa Branca - SP (65), Batatais-SP (23), Luís Antonio – SP (19) e Mogi Guaçu – SP (7) (PINTO JR. et al., 1979). Dois métodos de seleção foram usados: a) seleção em níveis independentes, onde foram descartadas matrizes

com sinais de doenças, muita tortuosidade e baixo vigor e, b) índice combinado de seleção para volume e forma de fuste (SANTOS et al., 1988).

Paralelamente foram instalados testes de progênies, com 41 progênies das árvores originais (ortetes) e 15 progênies de meios-irmãos com sementes trazidas da Austrália (KAGEYAMA, 1980, KAGEYAMA et al., 1980). Na década de 90, a espécie era considerada uma das exóticas plantadas de maior importância em Queensland, Austrália, onde apresentava bom desempenho silvicultural (HARDING et al., 1990). Desta forma progênies oriundas dessa procedência foram utilizadas com o intuito de enriquecimento da base genética e aferição do valor das populações base locais (KAGEYAMA, 1980, KAGEYAMA et al., 1980).

O delineamento estatístico utilizado foi o látice com 64 tratamentos e 4 repetições, com parcelas lineares de 6 plantas (KAGEYAMA, 1980, KAGEYAMA et al., 1980). Os resultados obtidos aos dois anos de idade mostram variações genéticas entre progênies para altura de plantas, ocorrência de *fox-tail* e sobrevivência. Não se detectou variações genéticas significativas entre as progênies derivadas da Austrália e do Brasil (KAGEYAMA et al., 1980).

Ainda nessa época, foram conduzidos estudos com onze procedências de *P. caribaea* var. *hondurensis*, instalados na Aracruz (ES), São Mateus (ES), Sete Lagoas (MG) e Agudos (SP) (PINTO JR; JACOB, 1979). Aos quatro anos de idade, aproximadamente, a melhor procedência na Aracruz foi Melinda (Honduras Britânica), em São Mateus a procedência Guanaja (Honduras), em Sete Lagoas a procedência Pueblo Caido (Guatemala) e em Agudos a procedência Poptún (Guatemala). Salienta-se a diferença no comportamento das diversas procedências comuns a todos os ensaios (PINTO JR; JACOB, 1979).

Com o início da produção de sementes dos PCSs instalados pelo CCGMPT, foram sendo instalados os testes de progênies em diversas regiões do Brasil. Os primeiros experimentos foram instalados em 1986 (SANTOS et al., 1988). Silva et al. (2011) avaliaram um desses testes com 99 progênies de polinização livre de *P. caribaea* var. *caribaea* provenientes do PCS do CCGMPT localizado em Aracruz-ES. Aos 14, 15 e 16 anos após o plantio foram avaliados caracteres de crescimento (DAP, altura total e volume), além

de forma de fuste e sobrevivência. Embora tenham apresentado um bom desempenho silvicultural, as estimativas de herdabilidade apresentaram baixa magnitude e pouca variação genética para as diferentes idades.

Materiais genéticos de *P. caribaea* var. *hondurensis* foram introduzidos em outras regiões do país, como pode ser visto em Sampaio et al. (2000) e Souza et al. (2017). Os primeiros autores avaliaram testes de progênes procedentes de Isla de Guanaja (Honduras) e Poptún (Guatemala) em Tibagi – PR. Aos cinco anos de idade, a procedência Poptún (Guatemala) apresentou maior média para volume, porém também apresentou maior média para número de árvores com copa quebrada, bifurcação e *fox-tail*.

Já Souza et al. (2017) avaliaram um teste de progênes de polinização aberta no município de Presidente Castelo Branco, PR, com progênes oriundas de Honduras (procedências El Marañón e Los Limones) e Guatemala (procedências Lanquin, Las Trincheras e El Venado). Observou-se baixas estimativas de variação genética entre procedências. No entanto, a avaliação indicou substancial variação genética aditiva individual em altura e volume nas procedências Marañón e El Venado (Honduras), bem como em Lanquin e Las Trincheras (Guatemala). Para DAP foi constatada baixa variação genética individual e entre progênes em todas as procedências.

Atualmente, no Brasil, existem poucas áreas produtoras de sementes de *P. caribaea* var. *hondurensis* e, essas são constituídas, basicamente, com material genético originado de Poptún, selecionadas em plantios comerciais estabelecidos em Agudos-SP (FURLAN et al., 2007).

## 1.7. SILVICULTURA CLONAL

No Brasil, o início da silvicultura clonal está diretamente ligado ao programa de Incentivos Fiscais ao Reflorestamento, instituído a partir de 1966, pelo Governo Federal. Com a expansão da área de plantio e a grande demanda por mudas, intensos estudos com espécies do gênero *Eucalyptus* e seus híbridos foram desenvolvidos para obtenção de material genético produtivo e resistente a doenças. Entre esses estudos, destacam-se os métodos de resgate e clonagem massal de indivíduos superiores. Em 1979, foram plantados comercialmente 1.000 ha com clones e, em 1990, somente a

Aracruz Florestal, possuía 110 milhões de árvores plantadas com clones obtidos através de estacas enraizadas. Os ganhos obtidos por meio dos processos assexuais foram altamente expressivos em crescimento e qualidade da madeira (FERREIRA, 1992).

Atualmente, no Brasil, a maioria da área plantada com eucaliptos é de origem clonal e, realizada com poucos clones. Um exemplo pode ser visto no levantamento realizado por Silva et al. (2021) nas áreas de abrangência do Bioma Cerrado no Brasil. Esse estudo revelou que oito clones de eucaliptos e uma espécie (*Corymbia citriodora*) são utilizados no plantio em 60% da área das parcelas estudadas, sendo que aproximadamente 30% correspondem a áreas plantadas com apenas três clones.

Já para o gênero *Pinus*, grande parte da área plantada é com mudas de origem seminal. Isso se deve ao fato de que a propagação clonal por enraizamento de estacas ou miniestacas é pouco eficiente, pois as espécies do gênero desenvolvem envelhecimento ontogenético muito rapidamente, o que leva a baixas taxas de enraizamento de propágulos de indivíduos adultos (DEGENHARDT-GOLDBACH et al., 2020). Outro contraponto, é a impossibilidade de promover o rejuvenescimento por meio de brotos basais, como é feito com o eucalipto (ASSIS; RESENDE, 2011). Técnicas de clonagem de indivíduos via embriogênese somática, de famílias de polinização controlada, ou polinização aberta estão sendo estudadas para viabilizar a silvicultura clonal para espécies do gênero (ALCANTARA et al., 2007; ALCANTARA et al., 2008; ANDREJOW; HIGA, 2009; CORRÊA et al., 2014; DIAS et al., 2018; NUNES et al., 2018; DEGENHARDT-GOLDBACH et al., 2020).

Sob o ponto de vista genético, todo esse esforço em busca da viabilidade de uma silvicultura clonal se deve à superioridade que os clones apresentam por capturarem tanto a variância genética aditiva como a não aditiva. Em contraponto, os plantios de indivíduos obtidos através de sementes, apenas repassam uma proporção de sua superioridade aos seus descendentes, a variância genética aditiva (GUTIÉRREZ, 2005). Do ponto de vista dos processos industriais, a clonagem promove homogeneização da qualidade da madeira, permitindo otimizar os processos, o que contribui, principalmente, para reduzir os custos de produção (ASSIS; MAFIA, 2007).

Apesar dessas vantagens, não se deve esquecer que ao se utilizar poucos clones, há menor plasticidade para enfrentar mudanças nas condições ambientais. Por isso, é de suma importância realizar testes clonais, em diferentes locais e por longos anos, para selecionar clones com genótipos resistentes às mudanças, sem afetar sua produtividade e, mantendo boa produção em uma ampla gama de condições ambientais (GUTIÉRREZ, 2005).

Wu (2019) revisou três modelos teóricos e concluiu que, o aumento do número de genótipos além de um certo número não reduz de forma significativa os riscos de perda dos plantios. O autor concluiu que cinco a 30 clones fornecem tanta segurança quanto seria experimentada em uma população infinitamente grande, e que 18 clones seriam ideal em termos de diversidade genética e, um mínimo de cerca de seis clones deveria ser considerado.

## 1.8. MÉTODOS DE ANÁLISE DE DADOS GENÉTICOS

A avaliação de materiais genéticos, em testes genéticos instalados em campo, tem dois objetivos: (a) estimar sobre valores genotípicos de tais materiais e (b) ordenar os materiais genéticos com bases em seus valores genotípicos (RESENDE, 2007).

Na estimação ou predição dos valores genotípicos, o mais importante é a escolha do método de estimação/predição. Esse método deve propiciar a inferência mais precisa e realista possível (RESENDE, 2007). Entretanto, métodos diferenciados de predição são demandados em função das diferentes situações experimentais e do balanceamento associados aos dados experimentais (RESENDE et al., 1996).

Na situação de dados experimentais balanceados ou aproximadamente balanceados, os procedimentos tradicionais de estimação paramétrica baseados na técnica de quadrados mínimos (análise de variância e regressão) podem ser aplicados. Vários delineamentos genéticos existem, associados aos diferentes tipos de progênies, os quais permitem a estimação de parâmetros genéticos (RESENDE et al., 2005).

A melhor predição linear não viciada (BLUP) é o procedimento que maximiza a acurácia seletiva e, portanto, é superior a qualquer outro índice de

seleção combinada, exceto aquele que usa todos os efeitos aleatórios do modelo estatístico (RESENDE; ALVES, 2021). Esse método consiste na predição dos valores genéticos, tomados como aleatórios, ajustando-se os dados, concomitantemente, aos efeitos fixos e ao número desigual de informações nas subclasses por meio da metodologia de modelos mistos (MARTINS et al., 1997). Resende et al. (1996) testaram cinco procedimentos de estimação/predição de valores genéticos no melhoramento de *Pinus*: métodos de quadrados mínimos ordinários (OLS), quadrados mínimos generalizados (GLS), melhor predição (BP), melhor predição linear (BLP) e melhor predição linear não viciada (BLUP). O método BLUP teve desempenho igual ou superior aos demais.

Porém, para aplicação do BLUP são necessárias estimativas fidedignas de componentes de variância. O procedimento padrão para estimação de componentes de variância é o de máxima verossimilhança restrita (REML), o qual é superior ao método da análise de variância (ANOVA) em situação de dados desbalanceados e delineamentos não ortogonais (como blocos aumentados e alguns blocos incompletos). O procedimento ótimo de avaliação genética é, então, o REML/BLUP, o qual é também denominado de metodologia de modelos mistos (RESENDE; ALVES, 2021).

A análise tradicional em blocos casualizados assume que as observações tomadas em posições adjacentes não são correlacionadas, assim a matriz de covariância residual é modelada como uma matriz diagonal, ou seja, com os erros assumidos como independentes (RESENDE, 2007). A variabilidade ou heterogeneidade espacial associada à fertilidade e estrutura do solo, umidade, interceptação de luz e outros fatores ambientais contribuem para o aumento da variação residual. Assim, é importante controlar, por delineamento ou por análise, a variação residual espacial ou tendência em fertilidade (RESENDE, 2007).

Várias abordagens *a posteriori* chamadas “modelos espaciais” foram desenvolvidas e amplamente aplicadas a ensaios genéticos florestais para explicar com precisão a heterogeneidade do local (CAPPA et al., 2019). O impacto da heterogeneidade espacial de pequena escala é explicado pela inclusão de uma estrutura espacialmente correlacionada nos resíduos do modelo expressos como um produto de *Kronecker* de processos

autorregressivos de primeira ordem para linhas e colunas (GILMOUR et al., 1997).

Uma outra modalidade de interferência em experimentos em campo refere-se à competição entre genótipos. Dois modelos de competição podem ser empregados: a) fenotípico, o qual trata o valor fenotípico dos vizinhos como uma covariável e b) genético o qual divide o efeito do tratamento em dois componentes: efeito direto no próprio tratamento ou genótipo e efeito indireto nos vizinhos (RESENDE, 2015).

A tendência espacial gera autocorrelação positiva e à competição gera autocorrelação negativa entre plantas ou parcelas vizinhas, influenciando assim, o ajuste dos modelos utilizados. O ajuste de modelos espaciais pode revelar a necessidade de modelos de competição e vice-versa. Portanto, é importante que os dois efeitos sejam modelados juntos (RESENDE et al., 2005).

A análise de experimentos de medidas repetidas nas parcelas e indivíduos apresenta peculiaridades, pelo fato de as várias colheitas serem correlacionadas entre si e pela possibilidade de haver heterogeneidade de variâncias e de covariâncias entre as várias colheitas ou safras. Um modelo completo e adequado para analisar um conjunto de dados dessa natureza é o multivariado, também denominado modelo com matriz de covariância não estruturada entre colheitas (UN), o qual trata cada colheita como se fosse uma variável diferente (MARIGUELE et al., 2011).

## 1.9. COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS

A etapa inicial de um programa de melhoramento é a definição do germoplasma a ser utilizado e, posteriormente, trabalha-se na escolha de estratégias e métodos alternativos de seleção que promovam, de forma eficiente e rápida, ganho genético. Uma vez que o objetivo do melhoramento é o aumento contínuo da expressão das características de interesse, o melhorista necessita trabalhar com uma população-base com média alta e variabilidade genética ampla (RESENDE; ALVES, 2021).

O coeficiente de variação genética é um parâmetro relevante nos estudos de genética quantitativa uma vez que permite inferir sobre a magnitude

da variabilidade nas populações e em diferentes caracteres. Sendo uma estatística expressa em relação à média das populações e dos caracteres, suas estimativas permitem comparar níveis de variabilidade presentes em diferentes populações, ambientes e caracteres (RESENDE, 2002).

Outro ponto fundamental é que as características de interesse sejam herdáveis e que haja variação na população em que se pratica a seleção (CRUZ et al., 2014). Essa variabilidade deve ser suficiente para possibilitar a seleção e o ganho genético (PIRES et al., 2011). A herdabilidade expressa a proporção da variância fenotípica que tem origem genética. Caracteres com herdabilidades 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 vários genes e muito influenciados pelo ambiente (CRUZ et al., 2014).

A herdabilidade também é um parâmetro que associado ao estudo do diferencial de seleção e poderá determinar a estratégia de seleção a ser aplicada, podendo ser em nível de indivíduo, com base na média das progênes ou dentro das progênes (SOUZA et al., 2017). Os valores desse parâmetro são muito variáveis, mesmo para a mesma espécie (TABELA 2.1), pois depende da idade, local de instalação, delineamento utilizado.

Tabela 2.1 - Estimativas de herdabilidades no sentido restrito ( $\hat{h}_a^2$ ) e média de famílias ( $\hat{h}_m^2$ ) na análise de testes genéticos de *P. caribaea* var *hondurensis*

(continua)

Variável	$\hat{h}_a^2$	$\hat{h}_m^2$	Idade	Autores
VOL	0,17	0,69	5	Resende et al., 1995
H	0,25	0,68	5	Sampaio et al., 2000
DAP	0,24	0,74	5	Sampaio et al., 2000
VOL	0,35	0,80	5	Sampaio et al., 2000
H	0,19	0,67	5	Sampaio et al., 2000
DAP	0,16	0,67	5	Sampaio et al., 2000
VOL	0,22	0,75	5	Sampaio et al., 2000
H	0,26	0,27	14	Moraes et al., 2007
DAP	0,22	0,43	14	Moraes et al., 2007
VOL	0,33	0,46	14	Moraes et al., 2007
H	0,44	0,50	14	Tambarussi et al., 2018
DAP	0,28	0,50	14	Tambarussi et al., 2018
VOL	0,43	0,58	14	Tambarussi et al., 2018
H	0,25	0,77	5	Souza et al., 2017

Tabela 2.1 - Estimativas de herdabilidades no sentido restrito ( $\hat{h}_a^2$ ) e média de famílias ( $\hat{h}_m^2$ ) na análise de testes genéticos de *P. caribaea* var *hondurensis*

(conclusão)				
Variável	$\hat{h}_a^2$	$\hat{h}_m^2$	Idade	Autores
DAP	0,01	0,18	5	Souza et al., 2017
VOL	0,08	0,52	5	Souza et al., 2017
H	0,07	0,43	5	Souza et al., 2017
DAP	0,10	0,60	5	Souza et al., 2017
VOL	0,13	0,65	5	Souza et al., 2017
H	0,39	0,85	5	Souza et al., 2017
DAP	0,05	0,40	5	Souza et al., 2017
VOL	0,10	0,55	5	Souza et al., 2017

### 1.10. CAPACIDADE GERAL E ESPECÍFICA DE COMBINAÇÃO

Indivíduos fenotipicamente superiores são selecionados por apresentarem características desejáveis, mas é necessário avaliar se produzirão progênes também superiores. A única maneira de avaliar o valor genético, nesse caso, é cultivando sua progênie de tal maneira que permita uma estimativa de seu valor genético como genitor, ou seja, por meio de teste de progênes, o qual permite avaliar se a superioridade fenotípica do genitor é causada pelo ambiente ou pelo genótipo (RESENDE; ALVES, 2021).

Capacidade geral de combinação (CGC) é o desempenho médio das progênes de um indivíduo particular em combinação com diversos indivíduos. Esse parâmetro é maior para genitores que apresentam maior quantidade de alelos favoráveis para a característica em avaliação. A CGC é equivalente à metade do valor genético aditivo, pois o genitor em questão contribui somente com a metade dos genes para a descendência e a outra metade advém de outros membros da população, que forneceram pólen (RESENDE; ALVES, 2021).

Capacidade específica de combinação (CEC) é o desempenho de uma progênie produzida pela combinação de dois genitores específicos menos a CGC dos genitores. Como são descontados os efeitos aditivos ao excluir os efeitos de CGC dos pais, a CEC depende somente da ação gênica não aditiva, ou seja, dominância e epistasia (RESENDE; ALVES, 2021).

### 3 ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM EXPERIMENTOS DE AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES DE *Pinus caribaea* var. *hondurensis* ANTES E APÓS O DESBASTE

#### RESUMO

Os efeitos da heterogeneidade espacial e da competição entre indivíduos em experimentos florestais podem ocasionar vieses nas estimativas de parâmetros genéticos. Estes efeitos podem ser potencializados após a realização de desbastes de genótipos específicos nos experimentos de campo. O objetivo deste trabalho foi avaliar diferentes modelos de análise dos dados provenientes de um teste de progênies de irmãos completos de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*, antes e após a realização de desbastes de genótipos específicos. O teste de progênies analisado foi instalado em 2006, com 79 famílias de irmãos completos, e foi conduzido sob delineamento de blocos completos casualizados, com 15 repetições. As parcelas foram constituídas por uma única planta. Foram avaliados os seguintes modelos: modelo convencional de análise de blocos completos casualizados, modelo autorregressivo de primeira ordem para os efeitos residuais e esse último combinado com o modelo que inclui os efeitos de competição entre indivíduos. Foram detectados como estatisticamente significativos os efeitos da heterogeneidade ambiental no sentido das colunas para altura aos três anos de idade e os efeitos de competição residual para altura e DAP aos 11 anos de idade. O modelo autorregressivo e o modelo combinado de análise, incorporando a correção espacial e os efeitos de competição, resultaram em melhores estimativas dos parâmetros genéticos. Conclui-se que estratégias de análise que permitam a modelagem dos efeitos espaciais e/ou de competição entre indivíduos devem ser preferidos na avaliação genética de progênies de *P. caribaea* var. *hondurensis*.

Palavras-chave: competição, modelos mistos, pinus tropical, análise espacial

## ABSTRACT

Spatial heterogeneity and competition effects on individuals in forest experiments can lead to bias in genetic parameter estimates. These effects can be potentiated after thinning some specific genotypes in field experiments. The aim of the present study is to assess different models to analyze data resulting from the progenies of full-siblings belonging to species *Pinus caribaea* var. *hondurensis*, before and after thinning some specific genotypes. The analyzed progenies test was installed in 2006, with 79 families of full-siblings; it was carried out based on complete randomized blocks, with 15 repetitions. Each plot only held one plant. The following models were assessed: conventional model - to analyze completely randomized blocks -; first-order autoregressive model for residual effects; and this last model in combination to the model including competition effects on individuals. Environmental column-oriented heterogeneity effects on variable height at the age of 3 years and residual competition effects on variable height and DBH at the age of 11 years were statistically significant. The autoregressive model and the combined analysis model incorporating spatial correction and competition effects led to the best genetic parameter estimates. It was possible concluding that the analysis strategies that allow modeling the spatial and/or competition effects between individuals must be the option for the genetic evaluation of progenies belonging to species *P. caribaea* var. *hondurensis*.

Keywords: Competition, Mixed-models, tropical pine, spatial analysis

### 1.11. INTRODUÇÃO

A área total de árvores plantadas no Brasil totalizou nove milhões de hectares em 2019, dos quais 1,6 milhões são plantados com o gênero *Pinus* (IBÁ, 2020). Aproximadamente 10% dessa área é utilizada com espécies tropicais deste gênero. *Pinus caribaea* é uma das espécies de *Pinus* mais difundidas nas regiões tropicais do mundo e apresenta três variedades botânicas: *P. caribaea* var. *hondurensis*, *P. caribaea* var. *bahamensis* e *P. caribaea* var. *caribaea*. A variedade *P. caribaea* var. *hondurensis* é a mais plantada nas regiões Norte, Centro-Oeste e Sudeste do Brasil (WREGGE et al., 2014), principalmente pelo seu bom desenvolvimento em solos pobres e pela elevada qualidade de sua madeira (MORAES et al., 2007).

Ainda que a produtividade possa ser aumentada com o plantio em regiões apropriadas, acompanhado do uso de técnicas silviculturais intensivas, não há como se assegurar produtividades em níveis satisfatórios se os cultivos não estiverem associados ao uso de material genético apropriado (SOUZA et al., 2017).

A seleção de genótipos superiores deve ser efetuada com base em análises de dados de experimentos de avaliação genética, que podem ter sua eficácia e eficiência afetadas pela competição entre indivíduos e pela heterogeneidade ambiental. Nestas condições é provável que a variação espacial seja um obstáculo para a estimação confiável dos valores genéticos de interesse (VELAZCO et al., 2017). Estes efeitos podem ser potencializados após a realização de desbastes de genótipos específicos nos experimentos de campo. A presença de competição entre indivíduos, definida aqui como o impacto negativo no crescimento ou aptidão da planta causado pela presença e interação com seus vizinhos, geralmente reduzindo a disponibilidade de recursos, também é relevante (BELABER et al., 2021).

Uma ampla variedade de estratégias de análise para fins de modelagem dos efeitos espaciais tem sido utilizada para se quantificar a heterogeneidade ambiental em ensaios genéticos florestais. Os modelos autorregressivos de primeira ordem, por exemplo, têm sido amplamente utilizados em ensaios com espécies florestais (YE; JAYAWICKRAMA, 2008; CHEN et al., 2018; CAPPA et al. 2019; DONG et al., 2020). Abordagens

combinadas, incluindo a modelagem de efeitos espaciais e de competição, também têm sido utilizadas na análise de dados de experimentos de avaliação genética com espécies florestais (RESENDE et al., 2005; CAPPA et al., 2016; DONG et al., 2020).

A análise espacial pode capturar variações de gradiente local dentro de blocos (manchas) e tendências de gradientes globais ao longo das linhas e colunas na área experimental (CHEN et al., 2018). Por outro lado, o modelo de competição considera que uma árvore tem um efeito genético aditivo direto, que afeta o fenótipo da própria árvore, e um efeito aditivo indireto, que afeta os fenótipos de suas vizinhas (JANSSON et al., 2020).

Com base na hipótese de que os desbastes influenciam os efeitos da heterogeneidade ambiental e de competição nas estimativas de parâmetros genéticos, o objetivo do presente trabalho foi avaliar diferentes modelos de análise em um teste de progênies de irmãos completos de *P. caribaea* var. *hondurensis*, antes e após a realização de desbastes de genótipos específicos.

## 1.12. MATERIAL E MÉTODOS

### 1.12.1. Material genético e descrição do experimento

A área de estudo está localizada na região de Prata (MG), altitude média de 630 m, predominância de clima tropical com estação seca durante o inverno (Aw), com temperatura média de 22 °C e precipitação pluvial média de 1500 mm anuais (ALVARES et al., 2013). Os solos, no geral, são ácidos e de baixa fertilidade, classificados como latossolo vermelho-escuro álico (AMARAL et al., 2004).

A população base foi constituída por indivíduos selecionados em plantios comerciais implantados com mudas produzidas com sementes oriundas da Área de Produção de Sementes (APS), procedência Agudos (SP) e origem Poptún (Guatemala). A seleção fenotípica das matrizes foi realizada em 1993, quando as árvores estavam com quatro anos de idade, utilizando uma proporção de indivíduos selecionados de 1:5000. Os critérios de seleção utilizados foram: volume, retidão do fuste, menor quantidade de galhos,

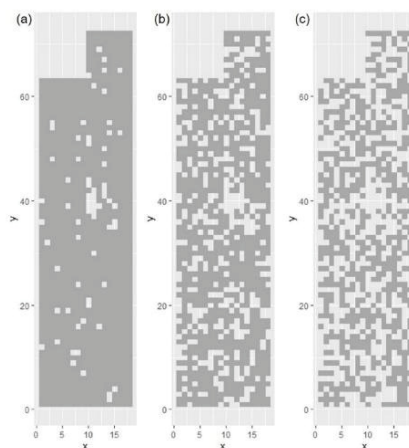
espessura de galhos, maior distância de internódios e regularidade entre internódios.

Nos anos de 1998, 1999 e 2000 foram realizados cruzamentos controlados entre as matrizes selecionadas e, em 2006 houve a instalação do teste de progênies com 79 famílias de irmãos completos, em delineamento de blocos completos casualizados, com 15 repetições, e parcelas constituídas por uma única planta. As famílias foram obtidas de cruzamentos envolvendo 24 genitores femininos e 43 genitores masculinos, não se obedecendo um delineamento de cruzamentos pré-estabelecido. O espaçamento utilizado no experimento foi de 3 m x 2 m.

Em 2012, foi realizado um desbaste seletivo retirando todos os indivíduos de 20 famílias, consideradas como de desempenho inferior. Em 2014, outras 14 famílias foram desbastadas, permanecendo 44 famílias e 615 indivíduos no teste. A distribuição espacial dos indivíduos pode ser visualizada na Figura 2.1.

Para a análise estatística, foram avaliadas as variáveis quantitativas: altura total (H) e diâmetro à altura do peito (DAP), nas idades de três, sete e 11 anos. A variável altura total, nas idades de sete e 11 anos, foi submetida à transformação de Box-Cox, pois não apresentou homogeneidade das variâncias residuais.

Figura 2.1 – Distribuição dos indivíduos no teste de progênies: (a) antes do desbaste, (b) após o primeiro desbaste e (c) após o segundo desbaste.



Fonte: o autor (2.022)

### 1.12.2. Análise estatística

Para cada idade e variável avaliada no teste de progênies de *P. caribaea* var. *hondurensis* foram estimados componentes de variância e parâmetros genéticos, utilizando-se os modelos mistos descritos a seguir:

#### a) Modelo de blocos completos casualizados (BL)

$$y = Xb + Za + Wf + e$$

em que  $y$  é o vetor de dados fenotípicos,  $b$  é o vetor dos efeitos fixos de blocos,  $a$  é o vetor dos efeitos genéticos aditivos aleatórios individuais,  $f$  é o vetor de efeitos genéticos aleatórios das famílias de irmãos completos, e  $e$  é o vetor de erros ou resíduos aleatórios associados a cada uma das observações.  $\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z}$  e  $\mathbf{W}$  representam as matrizes de incidência que associam os efeitos fixos e aleatórios a  $y$ . Para a abordagem baseada em *pedigree*, assume-se que  $a \sim N(0; A\sigma_a^2)$ , em que  $\sigma_a^2$  é a variância genética aditiva e a matriz  $\mathbf{A}$  é a matriz de parentesco, obtida a partir das informações de *pedigree*. Para o vetor  $f$  assume-se que  $f \sim N(0; I\sigma_f^2)$ , em que  $\sigma_f^2$  é a variância genética entre famílias. Assume-se ainda que  $e \sim N(0; I\sigma_e^2)$ , em que  $\sigma_e^2$  é a variância residual.  $I$  é uma matriz identidade.

#### b) Modelo autorregressivo de primeira ordem (AR)

$$y = Xb + Za + Wf + \xi + \eta$$

em que os efeitos  $b$ ,  $a$  e  $f$ , e as matrizes  $\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z}$  e  $\mathbf{W}$  foram especificados anteriormente. Um componente espacial autorregressivo foi adicionado, onde o vetor residual  $e$  foi particionado em resíduos espacialmente dependentes ( $\xi$ ) e independentes ( $\eta$ ). Os resíduos espacialmente dependentes ( $\xi$ ) são modelados usando uma estrutura de covariância que assume um processo autorregressivo de primeira ordem separável em linhas ( $\rho_{col}$ ) e colunas ( $\rho_{row}$ ), para o qual a matriz  $\mathbf{R}$  é:

$$R = (\sigma_{\xi}^2 [AR1(\rho_{col}) \otimes AR1(\rho_{row})] + \sigma_{\eta}^2 I)$$

onde  $\sigma_{\xi}^2$  é a variância residual espacialmente dependente entre coluna e linhas,  $\sigma_{\eta}^2$  é a variância residual independente,  $\otimes$  é a notação de produto direto e  $AR1(\rho)$  representa o produto de primeira ordem matriz de correlação autorregressiva em direções de coluna e linha, respectivamente.

### c) Modelo combinado espacial e competição (CO)

O modelo de competição é descrito (RESENDE et al., 2005; CAPP; CANTET, 2008), como:

$$y = Xb + Z_d a_d + Z_c a_c + Z_p p + \xi + \eta$$

em que os efeitos  $b$ ,  $e$ ,  $\xi, \eta$  e a matriz  $X$  especificados anteriormente. Os valores genéticos diretos e de competição para mães e filhos estão incluídos nos vetores aleatórios  $a_d$  e  $a_c$  ligado aos dados fenotípicos  $y$  a partir das matrizes  $Z_d$  e  $Z_c$ , respectivamente. Cada linha ( $i$ ) de  $Z_d$  tem todos os elementos iguais a 0, exceto 1 na coluna  $j(i)$ . Da mesma forma, cada linha  $i$  da matriz  $Z_c$  tem todos os elementos iguais a zero, exceto na posição  $j = j_1, \dots, j_{mi}$  correspondendo aos  $mi$  vizinhos da árvore  $i$ , com valores  $f_{ij}$ . Esses coeficientes positivos podem ser interpretados como intensidade da competição (IC) que cada vizinho exerce sobre o fenótipo da  $i$ -ésima árvore (CAPP et al., 2015). Para árvores em testes genéticos plantadas em uma grade retangular ou quadrada, a média nas direções de linha, coluna e diagonal ( $f_{iR-C}$  e  $f_{iD}$ ) são calculadas como (CAPP; CANTET, 2008):

$$f_{iR-C} = \sqrt{\frac{2}{2n_{iR-C} + n_{iD}}}$$

$$f_{iD} = \frac{1}{\sqrt{2n_{iR-C} + n_{iD}}}$$

Para abordagem baseada em pedigree, o vetor dos valores genéticos é distribuído como (CAPPA et al., 2017):

$$\begin{bmatrix} a_d \\ a_c \end{bmatrix} \sim N \left( \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} \sigma_{Ad}^2 & \sigma_{AdAc} \\ \sigma_{AdAc} & \sigma_{Ac}^2 \end{bmatrix} \otimes A \right)$$

onde  $\sigma_{Ad}^2$  é a variância genética aditiva direta,  $\sigma_{Ac}^2$  é a variância dos valores genéticos de competição e  $\sigma_{AdAc}$  são suas covariâncias. O vetor  $\rho_c$  incluem os efeitos de competição ambiental tal que  $\rho_c \sim N(0, I\sigma_p^2)$ , onde  $\sigma_p^2$  é a variância dos efeitos de competição ambiental. A matriz  $\mathbf{Z}_p$  é composta pelas colunas não nulas de  $\mathbf{Z}_c$  (CAPPA et al., 2017).

### 1.12.3. Identificação da heterogeneidade espacial e competição

Para identificar a heterogeneidade ambiental e a competição no nível residual, foram utilizados os valores dos coeficientes de autocorrelação estabelecidos conforme Resende et al. (2005), que indicaram que coeficientes de autocorrelação positivos altos ( $>0,3$ ) revelam que a heterogeneidade ambiental é predominante sobre a competição, e coeficientes de autocorrelação negativos ( $<-0,3$ ) apontam efeitos de competição no nível residual provavelmente junto com a heterogeneidade ambiental. Para competição em nível genético, uma correlação alta e negativa entre os dois tipos de efeitos genéticos ( $<-0,3$ ) indica uma forte competição genética (CAPPA et al., 2016; BELABER et al., 2021).

### 1.12.4. Seleção de modelos e estimativa de parâmetros genéticos

Os componentes de variância foram estimados usando Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) que foram obtidos utilizando o algoritmo da Expectativa-Maximização (EM) utilizando o software R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2019) com a função `reml90` do pacote `breedR` (MUÑOZ; SANCHEZ, 2019).

Os modelos foram comparados usando os valores do Akaike Information Criterion (AIC) (AKAIKE, 1974).

$$AIC = -2\log L + 2d$$

onde  $d$  é o número de parâmetros estimados e  $\log L$  é o log-verossimilhança REML para o modelo estimado. Um valor AIC menor representa um melhor ajuste do modelo.

A herdabilidade no sentido restrito ( $\hat{h}_a^2$ ) foi estimada utilizando:

$$\hat{h}_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_f^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_{es}^2}$$

onde  $\hat{\sigma}_a^2$  é variância genética aditiva, onde  $\hat{\sigma}_f^2$  é a variância de família,  $\hat{\sigma}_e^2$  é a variância residual,  $\hat{\sigma}_{es}$  é a variância espacial. No modelo de competição  $\hat{\sigma}_a^2$  foi estimada utilizando  $\hat{\sigma}_{Ad}^2 + \hat{\sigma}_{Ac}^2$ .

A correlação entre os efeitos genéticos aditivos diretos e competitivos do modelo de competição ( $r_{Ad,Ac}$ ) foi estimada utilizando:

$$r_{Ad,Ac} = \frac{COV_{Ad,Ac}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{Ad}^2 \times \hat{\sigma}_{Ac}^2}}$$

onde  $\hat{\sigma}_{Ad}^2$  a variância genética aditiva direta,  $\hat{\sigma}_{Ac}^2$  a variância genética aditiva da competição e a  $COV_{Ad,Ac}$  a covariância.

## 1.13. RESULTADOS

### 1.13.1. Identificação da heterogeneidade espacial e competição

Moderada heterogeneidade espacial em nível residual foi verificada somente no sentido das colunas para altura total aos três anos de idade (H3), conforme valor do coeficiente de autocorrelação (TABELA 3.1). A competição no nível residual, provavelmente junto com a heterogeneidade ambiental, foi observada aos 11 anos de idade para todas as variáveis somente no sentido das colunas, com maior intensidade para altura (TABELA 3.1).

Considerando a competição em nível genético, as correlações entre os efeitos genéticos aditivos diretos e competitivos do modelo de competição ( $r_{Ad,Ac}$ ) indicaram forte efeito de competição genética para DAP aos três e sete anos de idade (DAP3 e DAP7) (TABELA 3.1). Após o segundo desbaste, as correlações não evidenciaram mais efeitos de competição genética (TABELA 3.1).

Tabela 3.1 - Correlação entre os efeitos genéticos aditivos diretos e de competição do modelo de competição ( $r_{Ad,Ac}$ ) coeficientes de autocorrelação no sentido das colunas ( $\hat{\rho}_{col}$ ) e linhas ( $\hat{\rho}_{row}$ )

Id	Var	$r_{Ad,Ac}$	$\hat{\rho}_{col}$	$\hat{\rho}_{row}$	Média
três anos	H3	0,09	0,52	-0,01	8,68 (m)
	DAP3	-0,66	-0,11	-0,05	13,26 (cm)
sete anos	H7	-0,10	0,21	0,08	18,32 (m)
	DAP7	-0,79	-0,17	-0,08	20,17 (cm)
11 anos	H11	0,53	-0,75	-0,15	24,08 (m)
	DAP11	0,14	-0,27	-0,07	23,32 (cm)

Fonte: o autor (2022).

#### 1.13.2. Seleção de modelos, componentes de variância e parâmetros genéticos

De acordo com o AIC, o modelo de blocos completos (BL) resultou nos piores ajustes, apresentando maior AIC para a maioria dos anos e variáveis, com exceção apenas de H7, em que o modelo de competição (CO) apresentou desempenho inferior. Por outro lado, o modelo autorregressivo (AR) foi predominantemente superior em ajuste, para as idades iniciais (3 e 7 anos), independente da variável. Considerando a idade mais tardia (11 anos) após último desbaste, destaca-se o modelo CO como elégivel, com base nas baixas estimativas de AIC para ambas as variáveis (TABELA 3.2).

De modo geral, os modelos com ajustes plausíveis (AR e CO) se ajustaram bem, em condições de  $\hat{\rho}_{col}$ ,  $\hat{\rho}_{row}$  variando entre -0,75 a 0,52 e  $r_{Ad,Ac}$  variando de -0,79 a 0,09 (TABELA 3.1). Já em H11 e DAP11, em que houve uma maior discrepância entre os valores de AIC entre os modelos testados, verifica-se um valor de  $\hat{\rho}_{col}$  indicando a presença de competição (TABELA 3.1).

Tanto AR quanto CO apresentaram estimativas de variância residual menores do que o BL, resultando em herdabilidades mais altas, exceto para H7, que BL resultou em herdabilidade maior. Em H11 e DAP11, o CO resultou em herdabilidades consideravelmente maiores que os demais modelos (TABELA 3.2).

Após o primeiro e o segundo desbaste, houve um aumento nas estimativas da variância genética aditiva para DAP quando foi utilizado CO e uma redução desse parâmetro nos demais modelos. Conforme CO, as estimativas da herdabilidade reduziram após o primeiro desbaste e aumentaram intensamente após o segundo desbaste. Já com bases em AR e BL os maiores valores foram estimados para a idade de sete anos, com uma variação maior para BL (TABELA 3.2).

Tabela 3.2 - Estimativa de parâmetros genéticos para diâmetro à altura do peito (DAP) e altura total (H) em *Pinus caribaea* var. *hondurensis* usando diferentes modelos mistos de blocos completos (BL) com efeitos espaciais (AR) e de competição (CO)

Id	Var	Mod	$\hat{\sigma}_a^2$	$\sigma_{Ad}^2$	$\sigma_{Ac}^2$	$\sigma_f^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_{esp}^2$	$\hat{h}_a^2$	AIC
3 anos	H3	BL	0,201			0,305	2,050	1,300	0,052	4253,75
		AR	0,197			0,309	1,344	0,724	0,076	<b>4221,77</b>
		CO	0,205	0,195	0,010	0,313	1,293	0,513	0,079	4223,87
	DAP3	BL	0,256			0,754	2,717	1,900	0,046	4602,21
		AR	0,235			0,728	0,248	2,478	0,064	<b>4591,59</b>
		CO	0,282	0,222	0,059	0,725	0,246	2,415	0,076	4594,20
7 anos	H7	BL	17,130			98,180	1621,000	890,000	0,007	8621,40
		AR	4,608			102,100	1484,000	144,600	0,003	<b>8620,85</b>
		CO	2,505	1,870	0,635	104,700	1513,000	46,880	0,002	8626,22
	DAP7	BL	0,230			1,380	10,980	6,300	0,012	4494,56
		AR	0,150			1,396	0,413	10,550	0,012	<b>4477,12</b>
		CO	0,675	0,352	0,323	1,324	0,426	10,070	0,054	4479,98
11 anos	H11	BL	24,830			63,860	3212,000	1600,000	0,005	6383,96
		AR	10,980			65,410	2881,000	333,500	0,003	6379,96
		CO	300,700	169,900	130,80	30,320	1193,000	289,600	0,166	<b>3077,89</b>
	DAP11	BL	0,176			1,503	16,890	9,200	0,006	3500,72
		AR	0,112			1,388	0,510	16,430	0,006	3482,20
		CO	3,172	0,057	3,115	2,794	13,890	0,569	0,155	<b>1735,78</b>

Onde Id é a idade, Var é a variável analisada,  $\hat{\sigma}_a^2$  é variância genética aditiva,  $\hat{\sigma}_{Ad}^2$  é a variância direta da competição,  $\hat{\sigma}_{Ac}^2$  é a variância de competição,  $\hat{\sigma}_f^2$  é a variância de família,  $\hat{\sigma}_e^2$  é a variância residual,  $\hat{\sigma}_{esp}^2$  é a variância espacial,  $\hat{h}_a^2$  é a herdabilidade no sentido restrito e AIC é o critério de informação Akaike.

Fonte: o autor (2022)

#### 1.14. DISCUSSÃO

De modo geral, os ensaios florestais com delineamentos genéticos abrangem grandes áreas e, devido à sua extensão, são estabelecidos em áreas heterogêneas. Diferente do esperado, os coeficientes de autocorrelação encontrados neste estudo apontam reduzida dependência espacial. Na literatura, observa-se valores do coeficiente de correlação para DAP e H superiores aos valores estimados de *P. caribaea* var. *hondurensis*, como visto em *Pseudotsuga menziesii* aos 12 anos (0,88 e 0,89) e 35 anos (0,83 e 0,98) com espaçamento de 3 x 3 m (CAPPA et al., 2016). Além dos valores encontrados em *Pice abies* com várias idades e espaçamentos (0,85) (CHEN et al., 2018) e com *Larix kaempferi* aos 20 anos (0,92) com espaçamento de 2 x 2 m (DONG et al., 2020). Contudo, é preciso cautela no paralelo de comparação, uma vez que se trata de espécies e condições diferentes.

Os modelos espaciais se mostraram superiores ao modelo mais simples (BL). Dois fatores podem ser citados para justificar esses resultados: (i) a análise espacial considera a variação ambiental contínua, diferente do modelo de blocos que procura manter uma homogeneidade dentro de cada bloco, considerando que duas medições mais distantes tomadas dentro do mesmo bloco devem compartilhar a mesma variância, enquanto duas medições próximas das árvores vizinhas na borda de dois blocos possuem magnitudes diferentes (HERNÁNDEZ et al., 2019) e; (ii) os modelos autorregressivos (AR) refletem a existência de erros correlacionados entre um indivíduo focal e vizinhos mais distantes, além dos vizinhos adjacentes, fornecendo uma estrutura para ajustar as tendências ambientais e os efeitos competitivos residuais (STRINGER et al. 2011; SILVA; KERR, 2013).

Resultados semelhantes aos dessa pesquisa foram encontrados em diversos trabalhos envolvendo espécies florestais ao se comparar modelo de blocos ao modelo autorregressivo, mostrando a superioridade do modelo AR (YE; JAYAWICKRAMA 2008; CHEN et al., 2018; CAPPA et al. 2019; DONG et al., 2020). Nos casos em que há efeitos de competição, no nível genético ou residual, o modelo que além da análise espacial, considera também efeitos da competição (CO), resulta em melhores ajustes (RESENDE et al., 2005; CAPPA et al., 2016; DONG et al., 2020).

O CO permite que o modelo considere diferentes números de vizinhos em linhas, colunas e diagonais mesmo quando mortalidade e bordas estão presentes, usando o índice de competição (IC) como covariáveis (CAPPA; CANTET, 2008). De um modo geral, esse é o melhor modelo quando se espera que os efeitos da competição e da heterogeneidade ambiental sejam fortes.

Ponderando ainda a respeito dos coeficientes de autocorrelação encontrados nessa pesquisa, esses apontam que, a forma de desbaste utilizada não foi suficiente para redução dos efeitos da competição no decorrer dos anos, pois houve redução no valor desses coeficientes. Essa tendência também foi encontrada por Cappa et al. (2016), em que os coeficientes de autocorrelação, para os dados de DAP, tornaram-se mais negativos entre 12 e 35 anos em testes com *Pseudotsuga menziesii* var. *menziesii* não desbastados e com sobrevivência final de 80% aos 35 anos.

Outra forma de desbaste pode ser vista no trabalho de Moraes et al. (2007), para *P. caribaea* var. *hondurensis*, que realizaram um desbaste seletivo dentro de parcela, reduzindo de dez para seis plantas. Os autores não consideraram na análise modelos que contemplem efeitos da dependência espacial e os efeitos de competição, para verificar se essa forma foi efetiva para redução da competição, mas o desbaste reduziu a variância genética aditiva, reduziu a variância residual e, para DAP e VOL, houve aumento da herdabilidade.

Em relação às estimativas de variância, os resultados desta pesquisa confirmam estudos anteriores em árvores, como o trabalho de Cappa et al. (2016), que relataram que ignorar os efeitos da competição e da heterogeneidade ambiental resultou em menores variâncias genéticas aditivas, maiores variâncias residuais e menores herdabilidades. Silva; Kerr (2013) identificaram essa mesma tendência com um nível de parentesco médio entre os indivíduos do teste, assim como Belaber et al. (2021) que demonstraram que ignorar a competição entre árvores pode subestimar herdabilidades de sentido amplo e restrito. Isso ocorre porque no modelo de blocos, a variância residual absorve as variâncias decorrentes dos efeitos competitivos genéticos e/ou não genéticos, e ocorre independentemente de a competição ser principalmente entre ou dentro das famílias (SILVA; KERR, 2013).

## 1.15. CONCLUSÕES

- Os desbastes reduzem os efeitos da competição em nível genético, mas não residual.
- O modelo autorregressivo e o modelo conjunto de análise espacial e competição resultam em melhores ajustes para estimativas robustas de parâmetros genéticos.
- Modelos que incluam efeitos espaciais e/ou de competição devem ser incluídos para melhorar a avaliação genética e análises genéticas quantitativas de *P. caribaea* var. *hondurensis*.

## REFERÊNCIAS

AKAIKE, H. A new look at the statistical model identification. **IEEE Trans on Automat Contr**, v.19, n. 6, p. 716–723, 1974.

ALVARES, C. A. et al. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v. 22, n. 6, p. 711-728, 2013. Disponível em: doi 10.1127/0941-2948/2013/0507. Acesso em: 10 de fev. 2022.

AMARAL, F. C. S. et al. **Mapeamento de solos e aptidão agrícola das terras do Estado de Minas Gerais**. Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 2004. (Embrapa Solos. Boletim de pesquisa e desenvolvimento, 63). Disponível em: <http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/965988>

BELABER, E. C. et al. Accounting for competition in multi-environment tree genetic evaluations: a case study with hybrid pines. **Annals of Forest Science**, v. 78, n. 2, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s13595-020-01015-2>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

CAPPA, E. P. et al. Identification and joint modeling of competition effects and environmental heterogeneity in three Douglas-fir (*Pseudotsuga menziesii* var. *menziesii*) trials. **Tree Genetics & Genomes**, v. 12, n. 102, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s11295-016-1061-4>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

CAPPA, E. P. et al. Improving accuracy of breeding values by incorporating genomic information in spatial-competition mixed models. **Mol. Breeding**, v. 37, n. 125, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s11032-017-0725-6>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

CAPPA, E. P. et al. A novel individual-tree mixed model to account for competition and environmental heterogeneity: a Bayesian approach. **Tree Genetics & Genomes**, v. 11, n. 120, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s11295-015-0917-3>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

- CAPPA, E. P.; CANTET, R. J. Direct and competition additive effects in tree breeding: Bayesian estimation from an individual tree mixed model. **Silvae Genetica**, v. 57, p. 45–55, 2008.
- CAPPA, E. P.; MUÑOZ, F.; SANCHEZ, L. Performance of alternative spatial models in empirical Douglas-fir and simulated datasets. **Annals of Forest Science**, v.76, n. 53, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s13595-019-0836-9>. Acesso em: 10 de jan. 2022.
- CHEN, Z. et al. Efficiency of using spatial analysis for Norway spruce progeny tests in Sweden. **Annals of Forest Science**, v. 75, n. 2, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s13595-017-0680-8>. Acesso em: 10 de jan. 2022.
- COSTA E SILVA, J.; KERR, R. J. Accounting for competition in genetic analysis, with particular emphasis on forest genetic trials. **Tree Genetics & Genomes**, v. 9, p. 1–17, 2013. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s11295-012-0521-8>. Acesso em: 10 de jan. 2022.
- DONG, L. et al. Spatial and competition models increase the progeny testing efficiency of Japanese larch. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 50, n.12, p. 1373-1382, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1139/cjfr-2020-0007>. Acesso em: 10 de jan. 2022.
- HERNÁNDEZ, M. A.; LÓPEZ, J. A.; CAPPA, E. P. Improving Genetic Analysis of *Corymbia citriodora* subsp. *variegata* with Single- and Multiple-Trait Spatial-Competition Models, **Forest Science**, v. 65, n. 5, p. 570-580, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/forsci/fxz020>. Acesso em: 10 de jan. 2022.
- JANSSON, G.; KERR, R.; DUTKOWSKI, G.; KROON, J. Competition effects in breeding value prediction of forest trees. **Canadian Journal of Forest Research**. 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1139/cjfr-2020-0368>. Acesso em: 10 de jan. 2022.
- IBÁ - INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES. **2020 relatório anual = annual report**. Disponível em: <<http://www.abaf.org.br/wp-content/uploads/2020/10/relatorio-iba-2020.pdf>>. Acesso em: 29 jun. 2021.
- MORAES, M. L. T. D. et al. Efeito do desbaste seletivo nas estimativas de parâmetros genéticos em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var. *hondurensis*. **Scientia Forestalis**, p. 55-65, 2007.
- MUÑOZ F.; SANCHEZ L. **BreedR: statistical methods for forest genetic resources analysts**. R package version 0.12-4, 2019. Disponível em: <https://github.com/famuvie/breedR>. <https://doi.org/10.5281/zenodo.546023>. Acesso em: 10 de jan. 2022.
- PAVAN, B.E. et al. Intra-and intergenotypic competition among commercial eucalypts clones. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 19, n. 2, p. 176-184, 2019.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R**: a language and environment for statistical computing. Vienna, Áustria: Foundation for Statistical Computing, 2019. Disponível em: <<https://www.R-project.org/>>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

RESENDE, M. D. V. et al. Joint modelling of competition and spatial variability in forest field trials. **Revista de Matemática e Estatística**, São Paulo, v. 23, n. 2, p. 7-22, 2005.

RESENDE, R. T. et al. Intra-genotypic competition of eucalypts clones generated by environmental heterogeneity can optimize productivity in forest stands. **Forest Ecology and Management**, v. 380, n. 50-58, 2016.

SILVA, J. C.; KERR, R. J. Accounting for competition in genetic analysis, with particular emphasis on forest genetic trials. **Tree Genetics & Genomes**, v. 9, n. 1, p. 1-17, 2013. Disponível em: doi: 10.1007/s11295-012-0521-8. Acesso em: 10 de jan. 2022.

SOUZA, T. D. S. et al. Variação genética em caracteres quantitativos em *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 45, n. 113, p. 177-185, 2017. Disponível em: [dx.doi.org/10.18671/scifor.v45n113.18](https://doi.org/10.18671/scifor.v45n113.18). Acesso em: 10 de jan. 2022.

STRINGER, J. K.; CULLIS, B. R.; THOMPSON, R. Joint modeling of spatial variability and within-row interplot competition to increase the efficiency of plant improvement. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, v. 16, n. 2, p. 269-281, 2011. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s13253-010-0051-5>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

VELAZCO, J. G. et al. Modelling spatial trends in sorghum breeding field trials using a two-dimensional P-spline mixed model. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 130, p. 1375–1392, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s00122-017-2894-4>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

WREGGE, M. S. et al. Pinus tropical com potencial para uso em plantios comerciais no Brasil. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, SP, v. 26, n. 2, p. 137-145, 2014.

YE, T. Z.; JAYAWICKRAMA, K. J. S. Efficiency of using spatial analysis in first-generation coastal Douglas-fir progeny tests in the US Pacific Northwest. **Tree Genet. Genomes**, v. 4, n. 4, p. 677–692, 2008. Disponível em: doi:10.1007/s11295-008-0142-4. Acesso em: 10 de jan. 2022.

#### 4 ANÁLISE LONGITUDINAL EM PROGÊNIES DE IRMÃOS COMPLETOS DE *Pinus caribaea* var. *hondurensis* UTILIZANDO ANÁLISE MULTIVARIADA

##### RESUMO

Um dos propósitos fundamentais dos programas de melhoramento genético é a obtenção de ganhos genéticos. Também é importante que os ciclos seletivos e o intervalo entre gerações sejam minimizados. Desta forma, o objetivo do presente trabalho foi definir uma estratégia de seleção precoce em um teste de progênies de irmãos completos de *P. caribaea* var. *hondurensis*, plantado no Bioma Cerrado. O teste de progênies foi plantado em 2006, em delineamento de blocos casualizados, com 79 famílias de irmãos completos, com 15 repetições e parcela de uma planta. Desbastes foram realizados aos seis e oito anos de idade, permanecendo 615 indivíduos de 44 famílias no teste. Para análise estatística dos dados coletados dos indivíduos remanescentes, utilizou-se as variáveis quantitativas: diâmetro à altura do peito (DAP) em cm, altura total (H) em m e volume em dm<sup>3</sup> nas idades de três, quatro, cinco, seis, sete, oito e 11 anos. Foi utilizado o modelo multivariado com matrizes estruturas de covariância não estruturadas. Correlações genéticas aditivas fortes e significativas foram encontradas para DAP e H entre todas as idades analisadas. Para volume, correlações fortes e significativas foram estimadas somente a partir dos quatro anos e a eficiência de seleção para volume atingiu seu máximo aos cinco anos. Sendo assim, a melhor estratégia é a seleção aos cinco anos de idade, utilizando 30% de intensidade de seleção. Desta forma, obtém-se ganhos em idade precoce e com possibilidade de ao final do ciclo refinar ainda mais a seleção, aumentando o ganho.

Palavras-chave: seleção precoce, BLUP multivariado, matrizes não estruturadas

## ABSTRACT

One of the fundamental purposes of genetic improvement programs is to obtain genetic gains. It is also important that selective cycles and the gap between generations are minimized. Define an early selection strategy in tests applied to progenies of full-sibling *Pinus caribaea* var. *hondurensis* planted in Cerrado Biome. The study site is located in Prata region (MG) – Brazil. Progeny tests were planted in 2006 based on completely randomized design with 79 families of full-siblings and 15 repetitions, with one plant per plot. Thinning was carried out at the ages of 6 and 8 years, and 615 individuals and 44 families remained for the test. The following quantitative variables were used for the statistical analysis of data collected from the remaining individuals: diameter at breast height (DBH) in cm, total height (H) in m, and volume in dm<sup>3</sup> at the age of three, four, five, six, seven, eight and 11 years. The multivariate model with non-structured covariance structure matrix was also adopted for the calculations. Strong additive genetic correlations were recorded for variables DBH and H among all analyzed ages. Strong correlations for volume were estimated from the age of four years onwards; selection efficiency for volume reached its peak at the age of five years. The best strategy is doing by selections at the age of five years based on 30% selection intensity.

**Keywords:** early selection, BLUP multivariate, non-structured matrices

## 1.16. INTRODUÇÃO

Um dos propósitos fundamentais dos programas de melhoramento genético é a obtenção de ganhos genéticos. Tão importante quanto, é que os ciclos seletivos e o intervalo entre gerações sejam minimizados. Desta forma, a seleção precoce é importante porque maximiza os ganhos por unidade de tempo, resultando na rápida captura dos ganhos e na redução do ciclo reprodutivo (BELABER et al., 2018; HAYATGHEIBI et al., 2019).

Para *Pinus* spp., em que os ciclos de rotação podem variar entre 15 a 25 anos, a seleção precoce permite identificar características de interesse comercial em árvores na idade juvenil (AGUIAR et al., 2015). O ganho genético na idade de rotação pode ser previsto por meio de uma correlação idade-idade com o ganho genético medido em uma idade de seleção muito mais jovem (LUO; THOMAS, 2021). Nesse sentido, é de grande utilidade conhecer a magnitude das correlações entre idades (BELABER et al., 2018), em que a correlação é considerada alta quando as classificações genotípicas são estáveis ao longo do tempo e baixa quando flutuam substancialmente (RWEYONGEZA, 2016). Para isso, devem ser realizadas avaliações recorrentes das características de interesse ao longo do tempo, dando origem aos dados longitudinais, que permitem modelar as mudanças de herdabilidade e correlações genéticas com a idade (APIOLAZA; GARRICK, 2001). Os dados longitudinais podem ser considerados uma forma particular de dados multivariados e sua análise possui algumas particularidades, pois as muitas medidas estão correlacionadas entre si e porque pode haver heterogeneidade de variâncias e covariâncias entre elas (MARIGUELE et al., 2011).

Um modelo completo e adequado para analisar um conjunto de dados como esse é o multivariado, também denominado modelo com matriz de covariância não estruturada (MARIGUELE et al., 2011). A melhor predição linear não tendenciosa multivariada (BLUP) é uma alternativa muito eficiente, porque usa todas as informações simultaneamente e trata medidas repetidas como características diferentes e correlacionadas, considerando suas herdabilidades e correlações genéticas (ALVES et al., 2019). Esse modelo foi utilizado na análise de dados longitudinais de *Jatropha curcas* (ALVES et al., 2019).

Estudos com diferentes espécies do gênero indicam a viabilidade da seleção precoce utilizando DAP como critério de seleção. Com o híbrido *P. caribaea* var. *hondurensis* x *P. elliotii*, Belaber et al. (2018) encontraram altas correlações idade-idade para as variáveis de crescimento e que a seleção poderia ser praticada aos três anos de idade. Tambarussi et al. (2018), com mesmo híbrido, encontraram correlações genéticas variando de 0,96 a 0,99 entre variáveis de crescimento avaliadas aos quatro e oito anos de idade. Para *P. taeda*, Flores Jr et al. (2021), as correlações genéticas entre idades para DAP foram altas entre as idades de 10 e 20 anos (0,64) e baixa e não significativa entre as idades de seis e 20 anos (0,39). Coutinho et al. (2017) encontraram correlações de ordenamento de famílias acima de 0,80 entre as idades de oito e quinze anos. Kurt; Isik (2021), com *P. brutia*, para DAP, as correlações genéticas idade-idade foram positivas e bastante altas, variando de 0,72 a 0,99.

Com base na hipótese que pode haver correlações genéticas entre idades, o objetivo do presente trabalho foi delinear uma estratégia de seleção precoce em um teste de progênies de irmãos completos de *P. caribaea* var. *hondurensis* em região de Cerrado utilizando BLUP multivariado.

## 1.17. MATERIAL E MÉTODOS

### 1.17.1. Material genético e descrição do experimento

A área de estudo está localizada na região de Prata (MG), região sudeste do Brasil (19°30S, 43°92W, elevação 630m), altitude média de 630 m, predominância de clima tropical com estação seca durante o inverno (Aw). A média de temperatura é 22 °C, com precipitação pluvial média de 1.500 mm anuais (ALVARES et al., 2013). Os solos, no geral, são ácidos e de baixa fertilidade, classificados como latossolo vermelho-escuro álico (AMARAL et al., 2004).

A população base foi constituída por indivíduos selecionados em plantios comerciais implantados com mudas produzidas com sementes oriundas da Área de Produção de Sementes (APS procedência Agudos (SP) origem Poptún (Guatemala). A seleção fenotípica das matrizes foi realizada em

1993, quando as árvores estavam com quatro anos de idade, numa intensidade de seleção de 1:5000. Os critérios de seleção foram: volume, retidão do fuste, menor quantidade de galhos, espessura de galhos, maior distância de internódios e regularidade entre internódios.

Nos anos de 1998, 1999 e 2000 foram realizados cruzamentos controlados entre as árvores matrizes selecionadas e, em 2006 houve a instalação do teste de progênies com 79 famílias de irmãos completos, em delineamento de blocos casualizados, com 15 repetições em parcelas de uma planta. As famílias foram formadas por 24 mães e 43 pais, não obedecendo delineamento de cruzamento pré-estabelecido. O espaçamento utilizado foi de 3 m x 2 m.

Para análise estatística, utilizou-se as variáveis quantitativas: diâmetro à altura do peito (DAP) em cm, altura total (H) em m e volume em dm<sup>3</sup> nas idades de três, quatro, cinco, seis, sete, oito e 11 anos. O volume foi calculado utilizando a equação:

$$VOL = [(\pi DAP^2 / 40)] \times H \times 0.42$$

Aos seis anos de idade foi realizado um desbaste seletivo retirando todos os indivíduos de 20 famílias, consideradas com desempenho inferior. Aos oito anos de idade mais 14 famílias foram desbastadas, permanecendo 44 famílias e 615 indivíduos no teste (TABELA 4.1). Na análise, foram utilizados somente os 615 indivíduos comuns em todas as idades. Os debastes foram realizados porque os gestores do experimento desejavam a redução gradativa do número de famílias no experimento, assim, as famílias com menor crescimento volumétrico aos seis e oito anos foram desbastadas.

Tabela 4.1 - Descrição do teste de progênies de irmãos completos de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* no decorrer dos anos

Ano	Idade	Nº Famílias	Nº pais	Nº mães	Nº Indivíduos	Árvores remanescentes
2009	3	79	43	24	1147	94,4%
2013	7	59	38	21	847	69,7%
2017	11	44	33	16	615	50,6%

Fonte: o autor (2022)

### 1.17.2. Análise estatística

O modelo estatístico de multivariado é dado por:

$$y = Xb + Za + Wf + \xi + \eta$$

em que  $y$  é o vetor de dados fenotípicos,  $b$  o vetor de efeitos fixos de blocos adicionados à média geral,  $a$  é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (aleatórios) e  $f$  é o vetor de efeitos genéticos aleatórios de irmãos completos (aleatórios).  $X$ ,  $Z$  e  $W$  representam as matrizes que associam efeitos fixos e aleatórios a  $y$  (HERNÁNDEZ et al., 2019). Um componente espacial autorregressivo foi adicionado, onde o vetor residual e foi particionado em resíduos espacialmente dependentes ( $\xi$ ) e independentes ( $\eta$ ). Os resíduos espacialmente dependentes ( $\xi$ ) são modelados usando uma estrutura de covariância que assume um processo autorregressivo de primeira ordem separável em linhas ( $\rho_{col}$ ) e colunas ( $\rho_{row}$ ), para o qual a matriz  $R$  é  $R = (\sigma_{\xi}^2 [AR1(\rho_{col}) \otimes AR1(\rho_{row})] + \sigma_{\eta}^2 I)$ , onde  $\sigma_{\xi}^2$  é a variância residual espacialmente dependente entre coluna e linhas,  $\sigma_{\eta}^2$  é a variância residual independente,  $\otimes$  é a notação de produto Kronocker e  $AR1(\rho)$  representa o produto de primeira ordem matriz de correlação autorregressiva em direções de coluna e linha, respectivamente. Os valores de  $\rho_{col}$  e  $\rho_{row}$  foram definidos pelo valor mais baixo do critério de informação de Akaike (AKAIKE, 1974).

O vetor  $a$  é assumido como distribuído como  $a \sim N(0, \Sigma_a \otimes A)$  onde  $\Sigma_a$  é uma matriz de covariância de efeitos genéticos aleatórios aditivos e  $A$  é o numerador médio relativo matriz de relacionamento a partir das informações de pedigree, o vetor  $f$  é assumido como distribuído como  $f \sim N(0, \Sigma_f \otimes I)$  onde  $\Sigma_f$  é uma matriz de covariância de efeitos genéticos aleatórios de família, o vetor  $\xi$  é assumido como distribuído como  $f \sim N(0, \Sigma_{\xi} \otimes I)$  onde  $\Sigma_{\xi}$  é uma matriz de covariância de efeitos genéticos aleatórios de resíduos espacialmente dependentes e o vetor  $\eta$  é assumido como distribuído como  $f \sim N(0, \Sigma_{\eta} \otimes I)$  onde  $\Sigma_{\eta}$  é uma matriz de covariância de efeitos genéticos aleatórios de resíduos espacialmente independentes e  $I$  é uma matriz de identidade de ordem apropriada ao respectivo efeito aleatório. Além disso,  $\Sigma_a$ ,  $\Sigma_f$ ,  $\Sigma_{\xi}$ ,  $\Sigma_{\eta}$  são

estruturas de covariância não estruturadas (GILMOR et al., 2015, ALVES et al., 2018).

### 1.17.3. Estimativa de parâmetros genéticos

Os componentes de variância foram estimados usando Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) que foram obtidos utilizando o algoritmo da expectativa-maximização (EM) utilizando o software R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2019) com a função `reml90` do pacote `breedR` (MUÑOZ; SANCHEZ, 2019).

A herdabilidade no sentido restrito ( $\hat{h}_a^2$ ) foi estimada utilizando:

$$\hat{h}_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_f^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_{es}^2}$$

onde  $\hat{\sigma}_a^2$  é variância genética aditiva, onde  $\hat{\sigma}_f^2$  é a variância de família,  $\hat{\sigma}_e^2$  é a variância residual,  $\hat{\sigma}_{es}$  é a variância espacial.

As correlações genéticas ( $r_{a\ x,y}$ ) entre as idades e/ou variáveis foram estimadas utilizando:

$$r_{a\ x,y} = COV_{x,y} / \sqrt{\hat{\sigma}_x^2 \times \hat{\sigma}_y^2}$$

onde  $\hat{\sigma}_x^2$  a variância genética da idade/variável x,  $\hat{\sigma}_y^2$  a variância genética da idade/variável y e a  $COV_{x,y}$  a covariância entre as idades/variáveis.

A eficiência de seleção ( $ES$ ) foi calculada usando a equação descrita em Hayatgheibi et al. (2019):

$$ES = (i_E h_E cor_a) / (i_A h_a)$$

onde  $i_E$  é a intensidade de seleção na idade precoce,  $h_E$  é a raiz da herdabilidade na idade precoce,  $cor_a$  é a correlação genética aditiva entre as idades,  $i_A$  é a intensidade de seleção na idade referência e  $h_a$  é a raiz da

herdabilidade na idade de referência. Para cálculo foram utilizadas as mesmas intensidades de seleção na idade precoce e na idade de referência.

A concordância entre indivíduos selecionados foi calculada usando o coeficiente de Cohen (*Kappa*) dado por (RESENDE, 2015):

$$Kappa = NO - NA / NP - NA$$

onde *NO* é o número de indivíduos/famílias coincidentes entre idades, *NP* é o número de pares de dados e *NA* é o número de indivíduos/famílias coincidentes por acaso ( $NA = NP \times \text{intensidade de seleção}$ )

Realizou-se seleção de indivíduos e os ganhos de seleção (*GS*), para cada característica, foram previstos, considerando intensidades de seleção iguais a 10%, 20% e 30%, com base na seguinte expressão:

$$GS = \sum_n VG/n$$

onde *VG* é o valor genético previsto e *n* é o número de indivíduos selecionados.

Para cálculo do tamanho efetivo populacional (*Ne*) foi utilizada a expressão (RESENDE, 2015):

$$Ne = (2 \times N_f \times K_f) / (K_f + 1 + (\sigma_{K_f}^2 / K_f))$$

em que:  $N_f$  é o número de famílias selecionadas,  $K_f$  é o número médio de indivíduos selecionados por família e  $\sigma_{K_f}^2$  é a variância do número de indivíduos selecionados por família.

## 1.18. RESULTADOS

### 1.18.1. Componentes de variância

No geral, para diâmetro à altura do peito (DAP) e volume (VOL), as estimativas de variâncias aumentaram até o teste atingir oito anos de idade. O inverso ocorreu para altura total (H), em que as estimativas da variância

genética aditiva ( $\hat{\sigma}_a^2$ ) e a variância residual ( $\hat{\sigma}_e^2$ ) reduziram no decorrer do tempo. Para todas as variáveis e idades a maior contribuição para a variância total foi atribuída aos efeitos residuais e espaciais (TABELA 4.2).

Tabela 4.2 - Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos para DAP, volume (VOL) e altura total (H) avaliadas em teste de progênies de irmãos completos de *P. caribaea* var. *hondurensis* em sete idades

DAP					
Idade	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_f^2$	$\hat{\sigma}_{esp}^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{h}_a^2$
3	0,174	0,258	0,946	1,478	0,06
4	0,386	0,367	2,230	1,652	0,08
5	0,707	0,478	4,129	1,606	0,10
6	0,745	0,629	6,482	1,269	0,08
7	0,757	0,789	8,456	1,597	0,07
8	0,853	0,944	10,240	1,800	0,06
11	0,746	1,157	13,810	2,462	0,04
5 <sup>f</sup>	0,862	1,507	5,787	0,421	0,10
VOL					
Idade	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_f^2$	$\hat{\sigma}_{esp}^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{h}_a^2$
3	6,498	42,200	83,490	219,600	0,02
4	18,600	92,600	396,900	520,000	0,02
5	94,590	226,800	1806,000	787,800	0,03
6	188,500	447,000	3980,000	1269,000	0,03
7	328,600	831,000	8180,000	1813,000	0,03
8	447,300	1333,000	13140,00	2308,000	0,03
11	675,800	2484,000	27630,00	3782,000	0,02
5 <sup>f</sup>	97,30	297,00	1853,00	524,000	0,04
H					
Idade	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_f^2$	$\hat{\sigma}_{esp}^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{h}_a^2$
3	0,201	0,1645	0,413	1,362	0,09
4	0,103	0,07317	0,272	1,567	0,05
5	0,132	0,07459	1,025	1,824	0,04
6	0,106	0,08115	1,367	1,251	0,04
7	0,112	0,07063	1,960	1,186	0,03
8	0,101	0,1136	3,032	1,377	0,02
11	0,081	0,1381	5,369	1,114	0,01
5 <sup>f</sup>	0,139	0,543	0,558	3,289	0,03

Onde Id é a idade, Var é a variável analisada,  $\hat{\sigma}_a^2$  é variância genética aditiva,  $\hat{\sigma}_f^2$  é a variância de família,  $\hat{\sigma}_e^2$  é a variância residual,  $\hat{\sigma}_{esp}^2$  é a variância espacial,  $\hat{h}_a^2$  é a herdabilidade no sentido restrito, 5<sup>f</sup> é a análise, aos cinco anos de idade, contemplando todos os indivíduos no teste (1138 indivíduos).

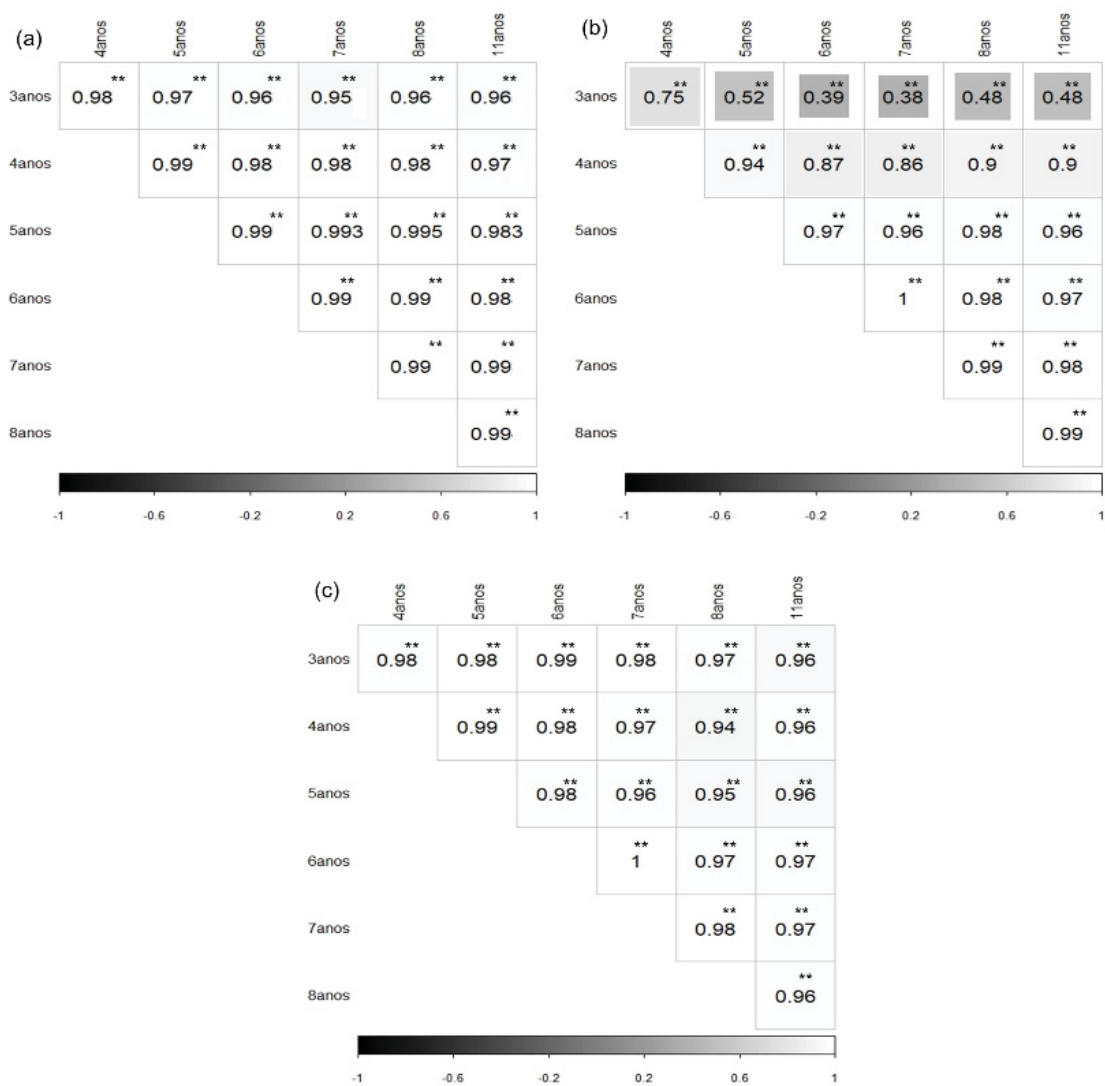
Fonte: o autor (2022)

As herdabilidades no sentido restrito ( $\hat{h}_a^2$ ) aumentaram entre as idades de três e cinco anos para DAP e VOL e depois reduziram. O maior valor de  $\hat{h}_a^2$  predito para DAP foi aos cinco anos de idade (0,10), para VOL dos cinco aos oito anos de idade (0,03) e para H aos três anos de idade (0,09) (TABELA 4.2).

#### 1.18.2. Correlações genéticas e eficiência de seleção

Considerando as idades analisadas, as correlações genéticas aditivas para DAP e H foram altas e significativas, o que indica que uma seleção precoce aos três anos de idade acarretará ganhos positivos aos 11 anos de idade. Já para VOL, correlações baixas foram encontradas entre a idade de três anos e as demais. Porém, a partir dos quatro anos de idade as correlações foram altas e significativas em relação as demais idades (FIGURA 4.1). As correlações genéticas entre famílias foram altas e significativas para todas as variáveis entre todas as idades (FIGURA 4.2).

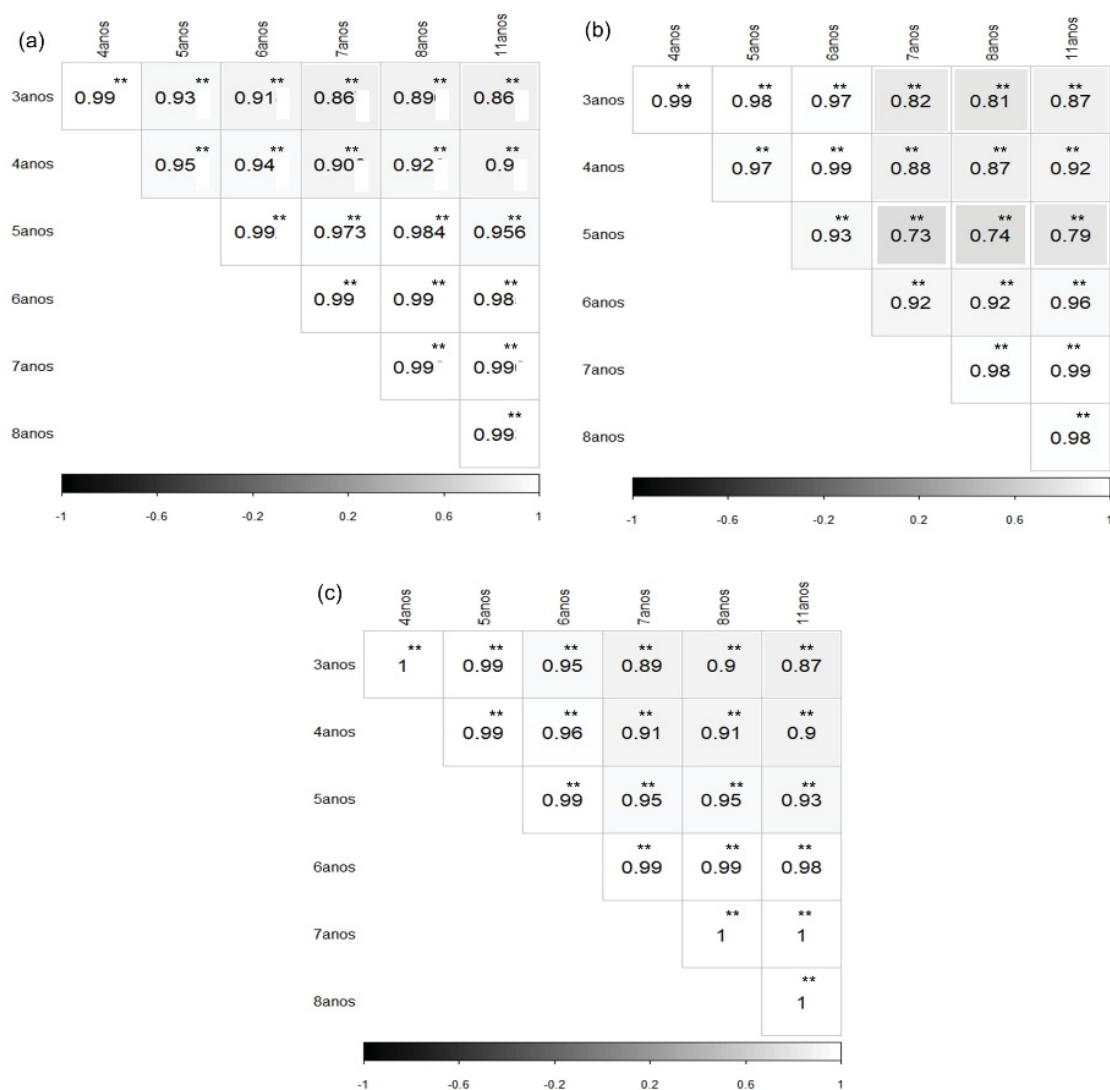
Figura 4.1 - Correlações genéticas aditivas entre idades avaliadas em teste de progênies de irmãos completos de *P. caribaea* var. *hondurensis*. (a) DAP, (b) Volume e (c) Altura.



\*\* significativo a 1% de probabilidade.

Fonte: o autor (2022)

Figura 4.2 - Correlações genéticas entre famílias entre idades avaliadas em teste de progênies de irmãos completos de *P. caribaea* var. *hondurensis*. (a) DAP, (b) Volume e (c) Altura.



\*\* significativo a 1% de probabilidade.

Fonte: o autor (2022)

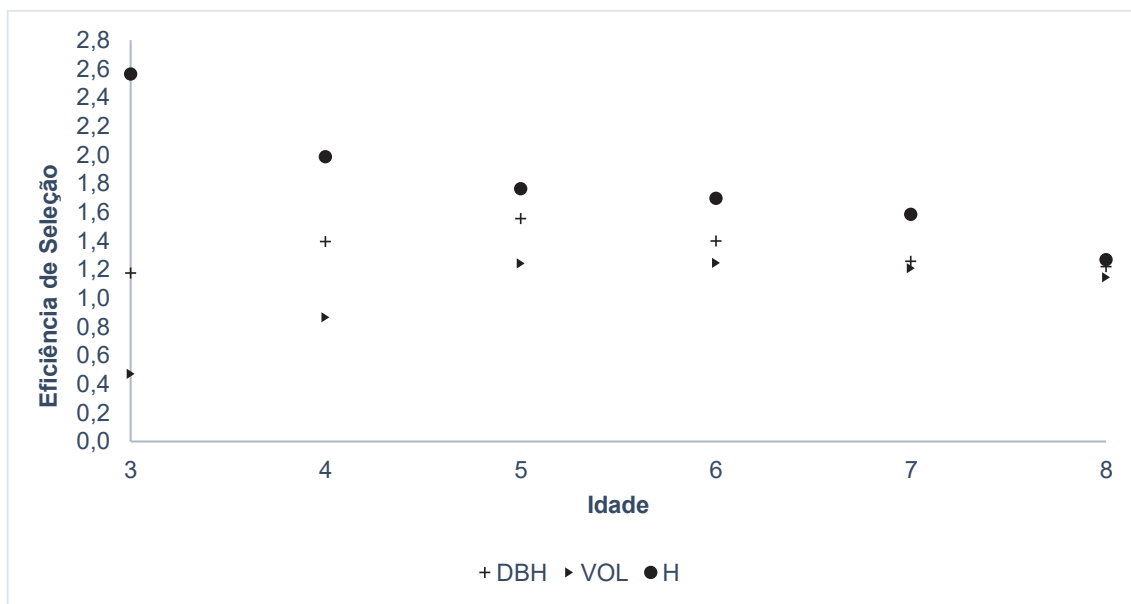
As correlações genéticas entre os valores genéticos individuais foram positivas e de magnitudes moderadas a altas entre DAP e VOL para a mesma idade e entre idades diferentes. Entre H e as demais variáveis as correlações foram negativas de magnitude e, de maneira geral, de baixa magnitude (TABELA 4.3).

Tabela 4.3 – Correlações entre os valores genéticos individuais entre DAP, volume (VOL) e altura total (H) avaliadas em teste de progênies de irmãos completos de *P. caribaea* var. *hondurensis* em sete idades

	VOL3	VOL4	VOL5	VOL6	VOL7	VOL8	VOL11
DAP3	0,54	0,71	0,77	0,80	0,80	0,76	0,78
DAP4	0,49	0,67	0,76	0,81	0,80	0,75	0,78
DAP5	0,53	0,66	0,76	0,82	0,81	0,75	0,78
DAP6	0,51	0,65	0,75	0,81	0,80	0,74	0,77
DAP7	0,52	0,65	0,75	0,81	0,80	0,74	0,77
DAP8	0,57	0,66	0,76	0,82	0,81	0,74	0,78
DAP11	0,53	0,67	0,76	0,81	0,81	0,75	0,78
	VOL3	VOL4	VOL5	VOL6	VOL7	VOL8	VOL11
HT3	-0,14	0,00	-0,27	-0,41	-0,38	-0,26	-0,32
HT4	-0,19	-0,05	-0,31	-0,43	-0,41	-0,30	-0,35
HT5	-0,21	-0,01	-0,28	-0,42	-0,39	-0,27	-0,33
HT6	-0,23	-0,02	-0,29	-0,42	-0,39	-0,28	-0,33
HT7	-0,23	-0,02	-0,29	-0,42	-0,39	-0,27	-0,33
HT8	-0,22	0,04	-0,25	-0,40	-0,36	-0,23	-0,29
HT11	-0,20	-0,02	-0,29	-0,43	-0,40	-0,28	-0,34
	HT3	HT4	HT5	HT6	HT7	HT8	HT11
DAP3	-0,25	-0,28	-0,27	-0,26	-0,26	-0,23	-0,27
DAP4	-0,27	-0,29	-0,28	-0,27	-0,27	-0,25	-0,28
DAP5	-0,27	-0,29	-0,29	-0,27	-0,27	-0,25	-0,28
DAP6	-0,27	-0,29	-0,28	-0,27	-0,27	-0,25	-0,28
DAP7	-0,26	-0,29	-0,28	-0,27	-0,26	-0,25	-0,28
DAP8	-0,26	-0,29	-0,28	-0,27	-0,26	-0,25	-0,28
DAP11	-0,26	-0,28	-0,27	-0,26	-0,26	-0,24	-0,27

A eficiência de seleção considera as estimativas de  $\hat{h}_a^2$  e as correlações entre as idades. Conforme pode ser visto na Figura 4.3, a seleção precoce para DAP tem seu pico aos cinco anos, aos cinco e/ou seis anos para VOL e aos três anos para H.

Figura 4.3 - Eficiência de Seleção nas idades avaliadas em teste de progênies de irmãos completos de *P. caribaea* var. *hondurensis*.



Fonte: o autor (2022)

### 1.18.3. Estratégias de seleção de indivíduos

A seleção de indivíduos para VOL aos cinco anos de idade resulta em ganhos genéticos, para essa variável, de 7,8%, 6,4% e 5,4% para intensidades de seleção de 10%, 20% e 30%, respectivamente. Maiores ganhos são obtidos com maiores intensidades de seleção, porém com decréscimo no tamanho efetivo populacional. Ganhos indiretos positivos são também obtidos para as demais variáveis (TABELA 4.4).

Os tamanhos efetivos populacionais variaram de 16 a 35,5 (TABELA 4.4). O coeficiente Kappa entre os indivíduos selecionados atinge o máximo de 65% quando se utiliza 30% de intensidade de seleção (TABELA 4.4). Desta forma, a estratégia que equilibra ganhos genéticos, tamanho efetivo populacional e coincidência de indivíduos é a seleção para volume aos cinco anos utilizando 30% de intensidade de seleção.

Tabela 4.4 - Ganho genético, tamanho efetivo populacional, nova média e coeficiente Kappa para diferentes intensidades na seleção individual em teste de progênies de irmãos completos de *P. caribaea* var. *hondurensis*.

Intensidade de seleção	10%	20%	30%
Nº indivíduos selecionados	62	123	185
Tamanho efetivo	16,24	29,03	35,55
K <sub>5-11</sub>	21%	15%	65%
GS <sub>VOL</sub>	7,8%	6,4%	5,4%
Nova média <sup>VOL</sup> (dm <sup>3</sup> )	169,21	166,92	165,35
GS <sub>DAP</sub>	5,6%	4,5%	3,8%
Nova média DAP (cm)	19,23	19,04	18,91
GS <sub>H</sub>	1,5%	0,3%	0,0%
Nova média H (m)	13,40	13,49	13,55

Onde: K<sub>5-11</sub> é o número de indivíduos coincidentes nas idades de 5 e onze anos; GS<sub>VOL</sub> é o ganho genético em volume; GS<sub>DAP</sub> é o ganho genético em DAP; GS<sub>H</sub> é o ganho genético em altura total.

Fonte: o autor (2022)

## 1.19. DISCUSSÃO

Componentes de variância e herdabilidade caracterizam o grau de controle genético da variação de características e seguem várias tendências para todo o período de crescimento da árvore (DONG et al., 2019). No presente estudo, as estimativas dos coeficientes de variação genética aditiva e de  $\hat{h}_a^2$  são consideradas baixas, o que, conforme Souza et al. (2017), deve implicar na obtenção de pequenos ganhos com a seleção. Esses valores são inferiores aos encontrados no trabalho de Sampaio et al. (2000) em testes de progênies de *P. caribaea* var. *hondurensis* das procedências de Isla de Guanaja (Honduras) e Poptún (Guatemala) avaliados aos cinco anos de idade, sendo que as estimativas de  $\hat{h}_a^2$  para procedência Isla de Guanaja foram maiores que para procedência Poptún. Souza et al. (2017) também encontraram maiores valores de  $\hat{h}_a^2$  em teste combinado de procedências e progênies avaliado aos cinco anos de idade para H e VOL. Os autores obtiveram estimativas de  $\hat{h}_a^2$  de 0,23 para altura, 0,06 para DAP e 0,08 para volume na análise conjunta considerando as cinco procedências do teste. Já na análise individual por procedências houve muita variação desse parâmetro conforme a procedência analisada, mas no geral seguiram a mesma tendência.

Uma hipótese para os baixos valores de  $\hat{h}_a^2$ , é que o desbaste reduziu a variabilidade genética da população, uma vez que a análise contemplou, em todas as idades, somente os indivíduos remanescentes após o segundo desbaste (615 indivíduos). Porém, quando efetuada a análise com todos os indivíduos aos cinco anos de idade (1138 indivíduos), houve aumento na estimativa da variância de famílias e redução na variância residual e/ou espacial, enquanto a variância genética aditiva e  $\hat{h}_a^2$  tiveram estimativas aproximadas (TABELA 4.2), indicando que a baixa variabilidade genética é uma característica da população em estudo e não decorrente dos desbastes.

Silva et al. (2011) e Moraes et al. (2007) avaliaram testes genéticos de *P. caribaea* antes e depois do desbaste e, nesses trabalhos, os valores de  $\hat{h}_a^2$  para altura reduziram dois anos após a realização do desbaste, mas para DAP e VOL a estimativa para esse parâmetro aumentou. Em Silva et al. (2011), com *P. caribaea* var. *caribaea*, os valores encontrados foram inferiores aos do presente trabalho (TABELA 4.2) e em Moraes et al. (2007), com *P. caribaea* var. *hondurensis*, foram superiores. Esses autores não utilizaram nas análises modelos mistos com componentes espaciais, contrapondo o exposto por Belaber et al. (2018), que ressaltam a importância do ajuste de modelos mistos que identifiquem e quantifiquem os efeitos da competição e da heterogeneidade ambiental na análise de experimentos em idades mais maduras, em que há maior variação nos ensaios, como efeitos de competição ou desbastes. Os modelos espaciais consideram uma variação ambiental contínua e modelos, como os autorregressivos, refletem a existência de erros correlacionados entre o indivíduo e seus vizinhos, contemplando, no ajuste, tendências ambientais e efeitos de competição (STRINGER et al. 2011, SILVA e KERR, 2013, HERNÁNDEZ et al., 2019).

Belaber et al. (2018) e Tambarussi et al. (2018) estimaram correlações genéticas entre idades mais precoces, enquanto Coutinho et al. (2017), Flores Jr. et al. (2021) e Kurt; Isik (2021), estimaram correlações genéticas entre idades mais próximas a idade final de ciclo. Assim como no presente trabalho, pode-se observar que quanto maior o intervalo entre idades menor a correlação entre elas. Outro fator interessante, é no estudo de Coutinho et al. (2017), em que os autores encontraram correlações de ordenamento acima de 0,80 entre

as idades de oito e quinze anos. Contudo, a seleção precoce de indivíduos foi eficaz somente para os ambientes com mesmo clima e fitogeografia do local de seleção das matrizes.

As correlações genéticas aditivas para VOL entre a idade de três anos e as idades de cinco, seis, sete, oito e 11 anos foram moderadas, diferente da tendência encontrada para DAP e H entre as mesmas idades (FIGURA 4.1). Esse fato não era o esperado, uma vez que VOL é dependente de DAP e H.

Observa-se ainda que as correlações entre H e as variáveis DAP e VOL também não foram usuais, pois, espera-se, que árvores mais grossas sejam também mais altas (TABELA 4.3). Resultados semelhantes foram encontrados por Silva et al. (2019), analisando um povoamento de *P. caribaea* var. *hondurensis* com 30 anos de idade e que teve 50% dos indivíduos desbastados aos 14 anos. Nesse trabalho, foram encontradas correlações fenotípicas fortes entre DAP e volume individual, porém a altura não apresentou correlação com as variáveis volume e DAP. Os autores atribuíram isso a maturidade fisiológica do plantio e a existência de competição intraespecífica, em que houve estagnação do crescimento.

Segundo Flores Jr. et al. (2021), a seleção deve ser efetuada quando a  $\hat{h}_a^2$  apresentar seu valor máximo, visando maximizar os ganhos genéticos, e que os valores genéticos encontrados na idade de seleção sejam altamente correlacionados com os da idade de colheita. Sendo assim, os autores recomendaram a seleção aos dez anos de idade, pois nessa idade foram identificadas maiores estimativas de  $\hat{h}_a^2$  e ganhos genéticos. O índice eficiência de seleção, utilizada no presente trabalho e em Dong et al. (2019), com *Larix principis*, considera as estimativas de  $\hat{h}_a^2$  e as correlações genéticas. Diferente do encontrado no presente trabalho, em Dong et al. (2019) a H atingiu seu valor máximo de seleção em idade mais tardia que para DAP e, para ambas, a eficiência aumentou rapidamente até um máximo e, em seguida, diminuiu. O DAP apresentou valor máximo de eficiência de seleção aos seis anos de idade e H ao oito a nove anos de idade. Kurt; Isik (2021) ponderaram a eficiência de seleção como a razão do ganho por ano entre a seleção precoce e a seleção no ano de colheita. Os autores definiram idades ótimas de seleção precoce entre as idades de quatro a seis anos para *P. brutia*. No presente trabalho, o

valor máximo de eficiência de seleção de indivíduos para VOL foi aos cinco anos de idade e sendo esse objetivo principal do programa de melhoramento, pode-se indicar a seleção precoce para essa variável aos cinco anos de idade. No caso de seleção de famílias, como as correlações foram significativas, altas e positivas a seleção pode ser efetuada aos três anos de idade, o que pode ratificar a condução dos desbastes realizados.

Os ganhos para DAP são superiores aos encontrados por Silva et al. (2011) com *P. caribaea* var. *caribaea*, mas com tamanhos efetivos populacionais inferiores. Os tamanhos efetivos populacionais variaram de 16 a 35,5 (TABELA 4.4). Ao que tudo indica, um tamanho efetivo populacional de 30 é suficiente para condução de um programa de melhoramento genético a longo prazo (ISHIBASHI et al., 2020). Um tamanho efetivo populacional de 40 é capaz de capturar alelos com frequência de 6% (NUNES et al., 2021) e acarreta 10% de probabilidade de perder alelos com frequência de 5% na população fonte (INGVARSSON; DAHLBERG, 2018). Tamanhos efetivos populacionais pequenos podem ocasionar acúmulo de alelos deletérios, endogamia, depressão por endogamia e redução da capacidade de uma população de responder às mudanças do ambiente. Problemas que são agravados em florestas comerciais com longos tempos de rotação, pois os efeitos de mudanças ambientais futuras são muito incertos (INGVARSSON; DAHLBERG, 2018).

## 1.20. CONCLUSÕES

- Correlações genéticas aditivas fortes e significativas foram identificadas para DAP e H entre todas as idades analisadas. Para volume correlações fortes foram estimadas somente a partir dos quatro anos. A eficiência de seleção para volume atingiu o valor máximo aos cinco anos.
- A estratégia que equilibra ganhos genéticos, tamanho efetivo populacional e coincidência de indivíduos, é a seleção de indivíduos para volume aos cinco anos utilizando 30% de intensidade de seleção.

## REFERÊNCIAS

- AKAIKE, H. A new look at the statistical model identification. **IEEE Trans on Automat Contr**, v. 19, n. 6, p. 716–723, 1974.
- AGUIAR, A. V. et al. Ferramentas aplicadas no melhoramento genético de pinus para otimizar o ganho esperado. **Série Técnica IPEF**, v. 19, n. 40, p. 40-42, 2015.
- ALVARES, C. A. et al. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v. 22, n. 6, p. 711-728, 2013. Disponível em: doi 10.1127/0941-2948/2013/0507. Acesso em: 10 de fev. 2022.
- ALVES, R. S. et al. Multiple-trait BLUP: a suitable strategy for genetic selection of *Eucalyptus*. **Tree Genetics & Genomes**, v. 14, n. 5, p. 1-8, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s11295-018-1292-7>. Acesso: em 10 de jan. 2022.
- ALVES, R. S. et al. Multiple-trait BLUP in longitudinal data analysis on *Jatropha curcas* breeding for bioenergy. **Industrial Crops and Products**, v. 130, p. 558-561, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2018.12.019>. Acesso em: 10 de jan. 2022.
- AMARAL, F. C. S. et al. **Mapeamento de solos e aptidão agrícola das terras do Estado de Minas Gerais**. Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 2004. (Embrapa Solos. Boletim de pesquisa e desenvolvimento, 63). Disponível em: <http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/965988>
- APIOLAZA, L. A.; GARRICK D. J. Analysis of longitudinal data from progeny tests: some multivariate approaches. **Forest Science**, v. 47, n. 2, p. 129-140, 2001. <https://doi.org/10.1093/forestscience/47.2.129>
- BELABER, E. C. et al. Accounting for competition in multi-environment tree genetic evaluations: a case study with hybrid pines. **Annals of Forest Science**, v. 78, n. 2, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s13595-020-01015-2>. Acesso em: 10 de jan. 2022.
- BELABER, E. C. et al. Genetic parameters for growth, stem straightness, and branch quality for *Pinus elliottii* var. *elliottii* × *Pinus caribaea* var. *hondurensis* F1 hybrid in Argentina. **Forest Science**, v. 64, n. 6, p. 595-608, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/forsci/fxy021>. Acesso em: 10 de jan. 2022.
- COHEN, J. A coefficient of agreement for nominal scales. **Educational and Psychological Measurement**, v. 20, p. 213–220, 1960.
- COUTINHO R. T. et al. Viabilidade da seleção precoce de *Pinus taeda* L. em diâmetro à altura do peito em programa de melhoramento genético. **Scientia Forestalis**, v. 45, n. 113, p. 205-219, 2017. Disponível em: doi: [dx.doi.org/10.18671/scifor.v45n113.21](https://doi.org/10.18671/scifor.v45n113.21). Acesso em: 10 de jan. 2022.

DONG, M. et al. Age–age correlations and early selection for growth traits in 40 half-sib families of *Larix principis-rupprechtii*. **Journal of Forestry Research**, v. 30, n. 6, p. 2111-2117, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s11676-018-0706-6>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

FLORES JUNIOR, P. C. et al. Feasibility of early *Pinus taeda* L. selection to assess growth variables in progeny test. **Floresta**, v. 51, n. 4, p. 980-989, 2021. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.5380/rf.v51i4.74441>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

GILMOUR, A. R. et al. **ASReml User Guide Release 4.1 Structural Specification**. Hemel Hempstead: VSN International, 2015.

HAYATGHEIBI, H. et al. Genetic analysis of fiber-dimension traits and combined selection for simultaneous improvement of growth and stiffness in lodgepole pine (*Pinus contorta*). **Canadian Journal of Forest Research**, v. 49, n. 5, p. 500-509, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1139/cjfr-2018-0445>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

HERNÁNDEZ, M. A.; LÓPEZ, J. A.; CAPPÀ, E. P. Improving Genetic Analysis of *Corymbia citriodora* subsp. *variegata* with Single- and Multiple-Trait Spatial-Competition Models, **Forest Science**, v. 65, n. 5, p. 570-580, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/forsci/fxz020>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

INGVARSSON, P. K.; DAHLBERG, H. The effects of clonal forestry on genetic diversity in wild and domesticated stands of forest trees. **Scandinavian Journal of Forest Research**, v. 34, n. 5, p. 370-379, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1080/02827581.2018.1469665>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

ISHIBASHI, V. et al. Genetic selection of *Pinus taeda* L. through multi-environment trial. **Floresta** 51 (1): 211-219, 2020. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.5380/rf.v51i1.68057>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

KURT, Y.; ISIK, K. Age-age correlations and prediction of early selection age for diameter growth in a 35-years old *Pinus brutia* Ten. genetic experiment. **Forest systems**, v. 30, n. 3, p. 2-12, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.5424/fs/2021303-17745>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

LUO, D.; THOMAS, B. R. An analysis of age-age correlations in white spruce and lodgepole pine and how it applies to the growth and yield projection system (GYPSY) in Alberta. **Forest Ecology and Management**, v. 482, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2020.118865>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

MARIGUELE, K. H. et al. Métodos de análise de dados longitudinais para o melhoramento genético da pinha. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, p. 1657-1664, 2011. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2011001200011>. Acesso em: 02 de fev. 2022.

MORAES, M. L. T. D. et al. Efeito do desbaste seletivo nas estimativas de parâmetros genéticos em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var. *hondurensis*. **Scientia Forestalis**, p. 55-65, 2007.

MUÑOZ F.; SANCHEZ L. **BreedR: statistical methods for forest genetic resources analysts**. R package version 0.12-4, 2019. Disponível em: <https://github.com/famuvie/breedR>. <https://doi.org/10.5281/zenodo.546023>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

NUNES, A. C. P. et al. Conservação genética de espécies florestais nativas: número de progênies e indivíduos a conservar para garantir a perpetuação da espécie no ambiente. **Boletim Técnico SIF**, v. 5, n. 1, p. 1-7, 2021. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.53661/2763-686020210000005>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. Vienna, Áustria: Foundation for Statistical Computing, 2019. Disponível em: <https://www.R-project.org/>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

RESENDE, M. D. V. **Genética quantitativa e de populações**. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2015.

RWEYONGEZA, D. M. A new approach to prediction of the age-age correlation for use in tree breeding. **Annals of Forest Science**, v. 73, n. 4, p. 1099-1111, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s13595-016-0570-5>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

SAMPAIO, P. D. T. B.; RESENDE, M. D. V.; ARAUJO, A. J. D. Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 11, p. 2243-2253, 2000. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2000001100017>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

SILVA, J.M. et al. Variação genética e ganho esperado na seleção de progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea* em Selvíria, MS. **Scientia Forestalis**, v. 39, n. 90, p. 241-252, 2011.

SILVA, J. C.; KERR, R. J. Accounting for competition in genetic analysis, with particular emphasis on forest genetic trials. **Tree Genetics & Genomes**, v. 9, n. 1, p. 1-17, 2013. Disponível em: doi: 10.1007/s11295-012-0521-8. Acesso em: 10 de jan. 2022.

SILVA, V. E. et al. Produtividade de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* e suas relações com atributos químicos dos solos na região do Cerrado brasileiro. **Ciência Florestal**, v. 29, p. 292-306, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.5902/1980509829367>. Acesso em: 03 de out. 2022.

SOUZA, T. D. S. et al. Variação genética em caracteres quantitativos em *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 45, n. 113, p.

177-185, 2017. Disponível em: [dx.doi.org/10.18671/scifor.v45n113.18](https://doi.org/10.18671/scifor.v45n113.18). Acesso em: 10 de jan. 2022.

STRINGER, J. K.; CULLIS, B. R.; THOMPSON, R. Joint modeling of spatial variability and within-row interplot competition to increase the efficiency of plant improvement. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, v. 16, n. 2, p. 269-281, 2011. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s13253-010-0051-5>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

TAMBARUSSI, E. V. et al. Análise dialélica na avaliação do potencial de híbridos de *Pinus elliottii* x *Pinus caribaea* para a formação de populações de melhoramento. **Scientia Forestalis**, v. 46, n. 119, p. 55-65, 2018. Disponível em: [dx.doi.org/10.18671/scifor.v46n119.07](https://doi.org/10.18671/scifor.v46n119.07). Acesso em: 10 de jan. 2022.

## 5 ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO GENÉTICA PARA SILVICULTURA CLONAL EM *Pinus caribaea* var. *hondurensis*

### RESUMO

Um dos fatores que limitam a expansão de florestas clonais de *Pinus* spp. é a dificuldade de propagação vegetativa de material genético adulto, idade em que a seleção de árvores é mais efetiva. Uma alternativa, neste caso, é a seleção e clonagem de famílias de irmãos completos selecionadas geneticamente, o que permite que as plantas se multipliquem ainda juvenis e com alta predisposição ao enraizamento. Neste contexto, o objetivo do presente trabalho foi o de determinar as capacidades específicas de combinação, além de obter estimativas de parâmetros genéticos, em um teste de progênies de irmãos completos de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*, com vistas ao desenvolvimento de estratégias para uma silvicultura clonal. O teste de progênies foi instalado em 2006, com 79 famílias de irmãos completos, e foi conduzido sob delineamento de blocos completos casualizados, com 15 repetições. As parcelas foram constituídas por uma única planta. Para análise foi utilizado o modelo autorregressivo de primeira ordem para os efeitos residuais combinado com o modelo que inclui os efeitos de competição entre indivíduos. As estimativas de  $CV_{gp}\%$  foram superiores às de  $CV_{gi}\%$  para DAP e VOL. As estimativas de  $\hat{h}_A^2$  foram de alta magnitude para DAP e VOL aos onze anos de idade. Os efeitos não aditivos foram predominantes no controle genético das variáveis analisadas em todas as idades. Houve pouco efeito das CGC sobre a variação genética das variáveis analisadas em todas as idades. A seleção dos cinco melhores cruzamentos para formação de florestas clonais propicia ganhos de 12,7 a 29,6% em volume, nas futuras florestas clonais. Para novos ciclos de seleção, é recomendável a manutenção de bancos ativos de germoplasma. Neste sentido, sugere-se que a melhor estratégia seja selecionar o melhor indivíduo de cada cruzamento, substituindo-se as 14 progênies por seus genitores.

Palavras-chave: Clonagem, Capacidade Específica de Combinação, *Pinus* tropical, Híbridação.

## ABSTRACT

One of the factors that limit the expansion of *Pinus sp.* clonal forests is the difficulty of vegetatively propagating adult genetic material, age when tree selection is more effective. An alternative, in this case, is the selection and cloning of genetic selected full-sib families, which allows the plants to be multiplied when they are still juveniles and with a high predisposition to rooting. In this context, the objective of the present work was to estimate genetic parameters and the specific combining abilities, in a test of full-sib progenies of *Pinus caribaea var. hondurensis*. The progeny test was installed in 2006, with 79 full-sib families, planted under a randomized complete block design, with 15 replications and single tree plot. For analysis, the first order autoregressive model was used for residual effects combined with the model that includes the effects of competition between individuals. Estimates of  $CV_{gp\%}$  were higher than those of  $CV_{gi\%}$  for DAP and VOL. The  $\hat{h}_A^2$  estimates were of high magnitude for DAP and VOL at 11 years of age. Non-additive effects were predominant in the genetic control of the traits analyzed at all ages. There was little effect of CGC on the genetic variation of the variables analyzed at all ages. The selection of the five best crosses for the formation of clonal forests provides genetic gains of 12.7 to 29.6% in volume in future clonal forests. For new selection cycles, the maintenance of active germplasm banks is recommended. In this sense, it is suggested that the best strategy is to select the best individual from each cross, except in the case of 14 progenies which performed worst than their parents.

Keywords: Cloning, Specific Combining Ability, Tropical Pine, Hybridization.

## 1.21. INTRODUÇÃO

A crescente demanda de madeira tem resultado na necessidade de escolha de espécies de rápido crescimento, que produzam matéria-prima que atenda às demandas de abastecimento das indústrias do setor florestal. Várias espécies do gênero *Pinus* têm sido plantadas, em todo o mundo, em função da qualidade da madeira, resistência a pragas, doenças e adaptação às condições ambientais adversas (MUNHOZ et al., 2021).

*Pinus caribaea* var. *hondurensis* é uma das espécies mais plantadas nas regiões tropicais do mundo (AGUIAR et al., 2014). Os autores citam que, no Brasil, a espécie é em plantios comercial em larga escala nas regiões Sudeste e Centro-Oeste e em algumas áreas das regiões Norte e Nordeste, com exceção do Semiárido. Os autores salientam que, além da produtividade e qualidade da madeira, a espécie é preferida em função de produzir resina em quantidade viável para a exploração comercial.

Considerando as limitações de ganhos genéticos em programas de melhoramento tradicionalmente desenvolvidos por propagação seminal, a clonagem tende a desempenhar papel importante na consolidação da competência das indústrias brasileiras neste mercado (DIAS et al., 2018). A clonagem proporciona homogeneização da matéria-prima, permitindo otimizar os processos, contribuindo, principalmente, para reduzir os custos de produção (ASSIS; MAFIA, 2007).

Entretanto, um grande obstáculo à silvicultura clonal de espécies do gênero *Pinus* é a dificuldade de resgate de material genético adulto, por apresentarem envelhecimento fisiológico, o que leva a baixas taxas de enraizamento de estacas e microestacas (ALCANTARA et al., 2007; DEGENHARDT-GOLDBACH, 2020). Outro ponto é a impossibilidade de se promover o rejuvenescimento por meio de brotos basais, como é feito com o eucalipto (ASSIS; RESENDE, 2011).

Os cruzamentos controlados e a existência de heterose funcional em nível de progênies são úteis para se capturar os benefícios da capacidade específica de combinação (CEC), por meio da clonagem das progênies superiores para implantação de populações florestais de alto rendimento. Por meio da clonagem de progênies, as plantas podem ser multiplicadas quando

ainda em desenvolvimento juvenil e com alta predisposição ao enraizamento (ASSIS; RESENDE, 2011).

O termo capacidade geral de combinação (CGC) é utilizado para se designar o desempenho médio de um genótipo em combinação híbrida e, fornece informações a respeito da concentração de genes de efeitos predominantemente aditivos. Por outro lado, o termo capacidade específica de combinação (CEC) é utilizado para se designar os desvios que certas combinações híbridas apresentam em relação ao desempenho médio dos genótipos envolvidos e, fornece informações acerca dos genes de efeitos não-aditivos (GRIFFING, 1956).

Neste contexto, o objetivo do presente trabalho foi determinar as capacidades específicas de combinação, além de obter estimativas de parâmetros genéticos, em um teste de progênies de irmãos completos de *P. caribaea* var. *hondurensis*, visando a seleção de genótipos para formação de florestas clonais.

## 1.22. MATERIAL E MÉTODOS

### 1.22.1. Material genético e descrição do experimento

A área de estudo está localizada município de Prata (MG), altitude média de 630 m, predominância de clima tropical com estação seca durante o inverno (Aw), com temperatura média de 22 °C e precipitação pluvial média de 1.500 mm anuais (ALVARES et al., 2013). Os solos, no geral, são ácidos e de baixa fertilidade, classificados como latossolo vermelho-escuro álico (AMARAL et al., 2004).

A população base foi constituída por indivíduos selecionados em plantios comerciais implantados com mudas produzidas com sementes oriundas da Área de Produção de Sementes (APS), procedência Agudos (SP) e origem Poptún (Guatemala). A seleção fenotípica das matrizes, na população base, foi realizada em 1993, quando as árvores estavam com quatro anos de idade, utilizando uma proporção de indivíduos selecionados de 1:5000. Os critérios de seleção utilizados foram: volume, retidão do fuste, menor

quantidade de galhos, espessura de galhos, maior distância de internódios e regularidade entre internódios.

Nos anos de 1998, 1999 e 2000 foram realizados cruzamentos controlados entre as matrizes selecionadas e, em 2006 houve a instalação do teste de progênies com 79 famílias de irmãos completos, em delineamento de blocos completos casualizados, com 15 repetições, e parcelas constituídas por uma única planta. As famílias foram obtidas de cruzamentos envolvendo 24 genitores femininos e 43 genitores masculinos, não obedecendo a um delineamento de cruzamentos pré-estabelecido. O espaçamento utilizado no experimento foi de 3 m x 2 m.

Em 2012, foi realizado um desbaste seletivo retirando-se todos os indivíduos de 20 famílias, consideradas como de desempenho inferior. Em 2014, outras 15 famílias foram desbastadas, permanecendo 44 famílias e 615 indivíduos no teste (TABELA 5.1). A distribuição espacial dos indivíduos pode ser visualizada na Figura 1.

Tabela 5.1 - Descrição geral do teste de progênies de irmãos completos de *P. caribaea* var. *hondurensis* no decorrer dos anos.

Ano	Idade	Nº Famílias	Nº Genitores Masculinos	Nº Genitores Femininos	Nº Indivíduos	Árvores remanescentes (%)
2009	3	79	43	24	1147	94,4
2013	7	59	38	21	847	69,7
2017	11	44	33	16	615	50,6

Fonte: o autor (2022)

Para a análise estatística, foram avaliadas as variáveis quantitativas: altura total (H, m), diâmetro à altura do peito (DAP, cm) e volume total (VOL, dm<sup>3</sup>) nas idades de três, sete e 11 anos. O volume foi calculado utilizando-se a equação:

$$VOL = [(\pi DAP^2 / 40)] \times H \times 0.42$$

A variável altura total, nas idades de sete e 11 anos, foi submetida à transformação de Box-Cox, pois não apresentou homogeneidade das variâncias residuais.

### 1.22.2. Análise estatística

Os dados foram primeiramente submetidos à análise estatística considerando-se o delineamento experimental e posteriormente considerando-se os cruzamentos. Na primeira etapa de análise, considerou-se o modelo misto de competição (RESENDE et al., 2005; CAPPA; CANTET, 2008):

$$y = Xb + Z_d a_d + Z_c a_c + Z_p p + \xi + \eta$$

em que,  $y$  é o vetor de observações fenotípicas ao nível de indivíduo,  $b$  é o vetor de efeitos fixos de blocos,  $a_d$  é o vetor de efeitos genéticos aditivos diretos aleatórios,  $a_c$  é o vetor de efeitos genéticos aditivos de competição aleatórios,  $p$  é o vetor de efeitos genéticos das progênies de irmãos completos aleatórios, e  $\xi$  e  $\eta$  são os vetores de erros ou resíduos aleatórios espacialmente dependentes e independentes, respectivamente, associados a cada uma das observações. As matrizes de incidência  $X$ ,  $Z_d$  e  $Z_c$  associam os efeitos fixos e aleatórios a  $y$ . Os resíduos espacialmente dependentes ( $\xi$ ) são modelados utilizando-se uma estrutura de covariância que assume um processo autorregressivo de primeira ordem separável em linhas ( $\rho_{col}$ ) e colunas ( $\rho_{row}$ ), de modo que matriz  $R$  é dada por:

$$R = \sigma_{\xi}^2 [AR1(\rho_{col}) \otimes AR1(\rho_{row})] + \sigma_{\eta}^2 I$$

em que,  $\sigma_{\xi}^2$  é a variância residual espacialmente dependente entre coluna e linhas,  $\sigma_{\eta}^2$  é a variância residual independente,  $\otimes$  é a notação de produto direto e  $AR1(\rho)$  representa o produto de primeira ordem matriz de correlação autorregressiva em direções de coluna e linha, respectivamente.

Os valores genéticos diretos e de competição estão incluídos nos vetores aleatórios  $a_d$  e  $a_c$ , e são associados aos dados fenotípicos  $y$  através

das matrizes  $Z_d$  e  $Z_c$ , respectivamente.  $Z_d$  é uma matriz identidade. Por outro lado, cada linha  $i$  da matriz  $Z_c$  tem todos os elementos iguais a zero, exceto nas posições  $j = j_{1i}, \dots, j_{m_i}$ , correspondentes aos  $m_i$  vizinhos da árvore  $i$ , com valores  $f_{ij}$ . Esses coeficientes, positivos, podem ser interpretados como intensidade da competição (IC) que cada vizinho exerce sobre o fenótipo da  $i$ -ésima árvore (CAPPA et al., 2015). Para árvores em testes genéticos, plantadas em uma grade retangular ou quadrada, a média nas direções de linha, coluna e diagonal ( $f_{iR-C}$  e  $f_{iD}$ ) são calculadas por (CAPPA; CANTET, 2008):

$$f_{iR-C} = \sqrt{\frac{2}{2n_{iR-C} + n_{iD}}}$$

$$f_{iD} = \frac{1}{\sqrt{2n_{iR-C} + n_{iD}}}$$

Para abordagem baseada em *pedigree*, os vetores de valores genéticos têm distribuição dada por (CAPPA et al., 2017):

$$\begin{bmatrix} a_d \\ a_c \end{bmatrix} \sim N \left( \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} \sigma_{Ad}^2 & \sigma_{AdAc} \\ \sigma_{AdAc} & \sigma_{Ac}^2 \end{bmatrix} \otimes A \right)$$

em que  $\sigma_{Ad}^2$  é a variância genética aditiva direta,  $\sigma_{Ac}^2$  é a variância dos valores genéticos de competição e  $\sigma_{AdAc}$  são suas covariâncias.

Para a análise de capacidade de combinação, considerou-se o modelo usando o pedigree implícito:

$$y = Xr + Za + Wf + e$$

em que  $y$  é o vetor de observações fenotípicas,  $r$  é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral,  $a$  é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios),  $f$  é o vetor dos efeitos de dominância de família de irmãos germanos (aleatórios),  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Os efeitos da capacidade geral de combinação ( $\hat{g}_{i(n)}$ ) e da capacidade específica de combinação ( $\hat{s}_{ij(n_1+n_2)}$ ) foram estimados por meio das fórmulas:

$$\begin{aligned}\hat{g}_{i(n)} &= \bar{x}_n + \mu \\ v_{ant} &= \mu + \hat{g}_{i(n_1)} + \hat{g}_{i(n_2)} \\ \hat{s}_{ij(n_1+n_2)} &= v_{obs} + v_{ant}\end{aligned}$$

em que  $\bar{x}_n$  é a média do genitor n,  $\mu$  é a média do teste,  $v_{obs}$  é o valor observado e  $v_{ant}$  é o valor antecipado.

### 1.22.3. Estimativa de parâmetros genéticos

Os componentes de variância foram estimados utilizando-se o Método de Máxima Verossimilhança Restrita (REML), utilizando-se o algoritmo expectativa-maximização (EM), implementado no software R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2019), pela função `reml90` do pacote `breedR` (MUÑOZ; SANCHEZ, 2019).

A herdabilidade no sentido restrito ( $h_a^2$ ) foi estimada utilizando-se a expressão:

$$h_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_f^2 + \hat{\sigma}_\xi^2 + \hat{\sigma}_\eta^2}$$

em que  $\hat{\sigma}_a^2$  é estimativa da variância genética aditiva,  $\hat{\sigma}_f^2$  é a estimativa da variância genética entre progênies,  $\hat{\sigma}_\xi^2$  é a estimativa da variância espacial e  $\hat{\sigma}_\eta^2$  é a estimativa da variância residual.

A herdabilidade no sentido amplo ( $h_A^2$ ) foi estimada utilizando-se a expressão:

$$h_A^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_f^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_f^2 + \hat{\sigma}_\xi^2 + \hat{\sigma}_\eta^2}$$

em que  $\hat{\sigma}_d^2$  é a variância genética devida aos efeitos de dominância.

A correlação genética ( $r_{g(x,y)}$ ) entre as variáveis foi estimada utilizando-se a expressão:

$$r_{g(x,y)} = COV_{x,y} / \sqrt{\hat{\sigma}_x^2 \cdot \hat{\sigma}_y^2}$$

em que  $\hat{\sigma}_x^2$  é a estimativa da variância genética aditiva direta da variável  $x$ ,  $\hat{\sigma}_y^2$  é a estimativa da variância genética aditiva direta da variável  $y$  e  $COV_{x,y}$  é a estimativa da covariância genética aditiva direta entre as variáveis.

O coeficiente de variação genética aditiva individual ( $CV_{ad\%}$ ) foram estimados com base na seguinte expressão:

$$CV_{ad\%} = 100 \times \sqrt{\hat{\sigma}_a^2 / \bar{x}}$$

onde  $\hat{\sigma}_a^2$  é a variância genética aditiva,  $\bar{x}$  é a média do teste.

Os coeficientes de variação genotípica ( $CV_{g\%}$ ) foram estimados com base na seguinte expressão:

$$CV_{g\%} = 100 \times \sqrt{\hat{\sigma}_f^2 / \bar{x}}$$

onde  $\hat{\sigma}_f^2$  é a variância de famílias,  $\bar{x}$  é a média do teste.

Os coeficientes de variação residual ( $CV_{e\%}$ ) foram estimados com base na seguinte expressão:

$$CV_{e\%} = 100 \times \sqrt{\hat{\sigma}_e^2 / \bar{x}}$$

onde  $\hat{\sigma}_e^2$  é a variância residual,  $\bar{x}$  é a média do teste.

Os ganhos de seleção ( $GS$ ), para cada característica, foram estimados com base na seguinte expressão:

$$GS = \sum_i VG_i/n$$

onde  $VG_i$  é o valor genético predito para o indivíduo  $i$  e  $n$  é o número de indivíduos selecionados.

Para cálculo do tamanho efetivo populacional ( $Ne$ ) foi utilizada a expressão (RESENDE, 2015):

$$Ne = (2 \times N_f \times K_f) / (K_f + 1 + (\sigma_{K_f}^2 / K_f))$$

em que:  $N_f$  é o número de famílias selecionadas,  $K_f$  é o número médio de indivíduos selecionados por família e  $\sigma_{K_f}^2$  é a variância do número de indivíduos selecionados por família.

### 1.23. RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 1.23.1. Parâmetros genéticos

Os valores estimados de incrementos médios anuais (TABELA 5.2) foram superiores aos encontrados por Moraes et al. (2007) para DAP e H, e similares aos reportados na literatura para VOL, em teste de progênies desbastado da mesma espécie. Isso demonstra o bom desempenho silvicultural do material empregado no presente estudo.

Souza et al. (2017) estudaram diferentes procedências da mesma espécie e obtiveram estimativas de coeficientes de variação genotípica ( $CV_{g\%}$ ) inferiores aos coeficientes de variação genética aditiva individual ( $CV_{ad\%}$ ) e, assim, recomendaram que a seleção em nível de indivíduos deveria ser priorizada por apresentar maiores valores.

No presente trabalho, os coeficientes de  $CV_{g\%}$  foram superiores aos  $CV_{ad\%}$  para DAP e VOL, sendo mais interessante a seleção de famílias. Com exceção da H aos 3 anos, as herdabilidades no sentido restrito ( $h_a^2$ ) e no sentido amplo ( $\hat{h}_A^2$ ) aumentaram após os desbastes para DAP e VOL, mesmo com a redução aproximadamente metade das famílias e indivíduos (TABELA 5.2). Ressalta-se que o modelo usado na análise contempla a análise espacial

e de competição, que permite que o modelo considere diferentes números de vizinhos em linhas, colunas e diagonais mesmo quando mortalidade e bordas estão presentes, usando o índice de competição (IC) como covariáveis (CAPPA; CANTET, 2008).

A estimativa de  $h_A^2$  foi de alta magnitude para DAP e VOL aos onze anos de idade (TABELA 5.2), indicando uma situação favorável a seleção genotípica ou clonal. Esse parâmetro além de expressar a proporção das características dos indivíduos que serão transmitidos de uma geração para outra é também um parâmetro que pode determinar a estratégia de seleção a ser aplicada (SOUZA et al., 2017).

Dias et al. (2018), avaliando clones de *P. taeda* propagados por embriogênese somática aos onze anos de idade, encontraram estimativas maiores de  $CV_{ad\%}$  e, estimativas menores de  $h_A^2$ , aos encontrados neste trabalho.

Tabela 5.2 - Estimativas de parâmetros para diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (H) e volume (VOL), aos 3, 7 e 11 anos de idade, no ensaio de avaliação de progênes de irmãos completos de *P. caribaea* var. *hondurensis*

Parâmetro	DAP			H			VOL		
	Idade (anos)								
	3	7	11	3	7	11	3	7	11
$\mu$	13,814	20,766	23,323	8,998	18,778	23,947	58,224	279,787	455,681
$\sigma_a^2$	0,282	0,675	3,172	0,205	0,031	0,413	0,413	401,700	6924,300
$\sigma_{ad}^2$	0,222	0,352	0,057	0,195	0,022	0,101	26,470	204,200	467,300
$\sigma_{ac}^2$	0,059	0,323	3,115	0,010	0,009	0,312	6,370	197,500	6457,000
$\sigma_f^2$	0,725	1,324	2,794	0,313	0,365	0,001	66,140	1300,000	4489,000
$\sigma_\xi^2$	2,415	10,070	0,569	0,513	0,100	0,261	8,501	5505,000	0,123
$\sigma_\eta^2$	0,246	0,413	13,890	1,293	6,163	1,642	271,000	4693,000	26270,000
$\sigma_d^2$	2,901	5,296	11,176	1,250	1,460	0,003	264,560	5200,000	17956,000
$CV_{ad\%}$	3,843	3,955	7,636	5,027	0,937	2,684	1,104	7,163	18,261
$CV_{e\%}$	3,588	3,093	15,979	12,637	13,221	5,351	28,274	24,485	35,569
$CV_{g\%}$	6,165	5,541	7,167	6,213	3,218	0,116	13,968	12,887	14,703
$h_A^2$	0,868	0,478	0,702	0,626	0,224	0,180	0,700	0,471	0,660
$h_a^2$	0,077	0,054	0,155	0,088	0,005	0,178	0,001	0,034	0,184

$\mu$ : média geral,  $\sigma_a^2$ : variância genética aditiva,  $\sigma_{ad}^2$ : variância genética aditiva direta,  $\sigma_{ac}^2$ : variância dos valores genéticos de competição,  $\sigma_f^2$ : variância genética entre progênes,  $\sigma_\xi^2$ : variância residual espacialmente dependente entre colunas e linhas,  $\sigma_\eta^2$ : variância residual independente,  $\sigma_d^2$ : variância genética dos desvios de dominância,  $CV_{ad\%}$ : coeficiente de variação genética aditiva direta,  $CV_{e\%}$ : coeficiente de variação residual,  $CV_{g\%}$ : coeficiente de variação genotípica,  $h_A^2$ : herdabilidade no sentido amplo,  $h_a^2$ : herdabilidade no sentido restrito.

Fonte: o autor (2022)

### 1.23.2. Capacidades de combinação

Os resultados da análise de deviance não mostraram diferenças significativas pelo teste de Qui-quadrado, a 95% de probabilidade, para os efeitos aditivos em todas as variáveis e idades, indicando que no controle genético dessas há pouca influência da capacidade geral de combinação (CGC) (TABELA 5.3). Diferente do encontrado por Tambarussi et al. (2018), avaliando híbridos de *Pinus elliottii* x *Pinus caribaea*, que encontrou predomínio desses efeitos na população estudada.

Inexistência de diferença significativa para os efeitos de capacidade específica de combinação (CEC) para H foi observada após o segundo desbaste. O segundo desbaste por ter provocado grande similaridade entre as médias dos indivíduos remanescentes, uma vez que a altura é pouco influenciada por desbastes (MURTA JÚNIOR et al., 2020).

Tabela 5.3 - Análise de Deviance para diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (H) e volume (VOL) aos 3, 7 e 11 anos de idade, no ensaio de avaliação de progênes de em irmãos completos de *P. caribaea* var. *hondurensis*

Efeito	DAP3		DAP7		DAP11	
	Deviance	LTR	Deviance	LTR	Deviance	LTR
Genético Aditivo	2515,36	1,14 <sup>ns</sup>	2957,43	0,04 <sup>ns</sup>	2390	0,01 <sup>ns</sup>
CEC	2599,4	85,18*	2976,59	19,2*	2401	10,97*
Completo	2514,22		2957,39		2390	
Efeito	H3		H7		H11	
	Deviance	LTR	Deviance	LTR	Deviance	LTR
Genético Aditivo	2167,88	2,06 <sup>ns</sup>	2499,17	0,02 <sup>ns</sup>	1907	0,02 <sup>ns</sup>
CEC	2199,22	33,4*	2507,87	8,68*	1909	1,74 <sup>ns</sup>
Completo	2165,82		2499,19		1907	
Efeito	VOL3		VOL7		VOL11	
	Deviance	LTR	Deviance	LTR	Deviance	LTR
Genético Aditivo	7788,53	1,4 <sup>ns</sup>	8659,89	0,01 <sup>ns</sup>	6920	0 <sup>ns</sup>
CEC	7852,5	65,37*	8682,81	22,93*	6931	11,12*
Completo	7787,13		8659,88		6920	

\* Significativo a 5% de probabilidade

Fonte: o autor (2022)

Identificou-se diferenças significativas para os efeitos de CEC para as demais variáveis e idades demonstrando que efeitos não aditivos foram predominantes no controle genético das características (TABELA 5.3). Esse fato aliado aos valores de  $h_a^2$  encontrados (TABELA 5.2), sugere que uma estratégia que pode ser recomendada para o melhoramento genético dessa população é a produção de clones dos melhores cruzamentos – a clonagem de famílias de irmãos completos.

Para DAP, os melhores cruzamentos foram o 238x507 aos três anos de idade e o 25x501 aos sete e 11 anos. Para H, o melhor cruzamento aos três anos de idade foi 22x509, o 343x399 aos 7 anos e 509x261 aos onze anos. Para VOL 22x509 aos três anos de idade, 25x501 aos 7 anos e onze anos de idade (TABELA 5.4). Aos 11 anos de idade, houve correspondência de nove entre os dez melhores cruzamentos entre DAP e VOL e seis entre H e as outras variáveis (TABELA 5.4).

Os cruzamentos que apresentaram o maior potencial para utilização foram os 25x501 e 509x261, que evidenciaram elevada CEC, e estavam presentes entre os dez melhores cruzamentos para todas as variáveis e idades (TABELA 5.4).

As correlações do ordenamento dos cruzamentos entre as variáveis na mesma idade foram de moderadas a altas (TABELA 5.5). Geralmente essas correlações genéticas são altas, como no estudo de Moraes et al. (2007), Belaber et al. (2018), Liang et al., (2019), Munhoz et al. (2021), entre outros. Nesse caso há possibilidade de utilizar o método de seleção direta, ou seja, aumentos em uma variável tendem a serem acompanhados de aumentos em outra, não necessitando de restrições na seleção para obtenção de ganhos desejados (MORAES et al., 2007).

Tabela 5.4 - Estimativa dos efeitos da capacidade específica de combinação – CEC, para diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (H) e volume (VOL) aos três, sete e 11 anos de idade, no ensaio de avaliação de progênies de irmãos completos de *P. caribaea* var. *hondurensis*. Em destaque os dez melhores cruzamentos e em negrito o melhor cruzamento por característica e idade

(continua)

Variável	DAP			H			VOL			
	Idade (anos)									
	Cruzamento	3	7	11	3	7	11	3	7	11
25x501	1,107	<b>2,529</b>	<b>2,961</b>	0,225	0,451	0,827	8,271	<b>79,313</b>	<b>92,705</b>	
22x509	1,366	2,092	2,113	<b>1,304</b>	0,424	0,899	<b>20,847</b>	70,849	67,203	
509x261	0,375	1,075	1,497	0,262	0,482	<b>1,149</b>	5,172	39,004	49,456	
238x507	<b>1,608</b>	1,214	1,349	0,167	0,379	0,987	13,535	<b>33,109</b>	49,141	
501x399	0,778	1,366	1,229	0,082	0,407	0,487	7,065	47,136	42,933	
407x261	1,565	1,745	1,545	0,366	<b>0,457</b>	0,129	14,087	56,880	42,703	
373x399	0,953	1,289	1,574	0,705	0,117	0,367	12,596	36,884	42,501	
259x430	0,952	1,478	1,368	0,427	0,482	0,634	9,017	47,501	37,942	
313x395	0,966	1,725	1,301	0,457	0,546	0,564	9,865	58,790	36,647	
342x503	0,604	0,993	1,092	0,120	-0,132	-0,115	4,482	<b>34,050</b>	32,140	
353x144	-0,012	0,706	0,249	<b>0,890</b>	0,183	0,407	4,963	25,210	18,034	
343x399	-0,455	-0,018	0,260	0,368	<b>0,604</b>	0,751	-2,223	8,030	17,061	
395x509	0,679	<b>1,348</b>	<b>1,113</b>	-0,254	-0,329	-0,970	4,405	<b>33,979</b>	15,531	
428x399	<b>1,079</b>	1,010	0,739	0,399	<b>0,413</b>	0,097	<b>9,789</b>	30,457	11,093	
243x399	0,226	0,072	-0,065	-0,200	0,324	0,166	-0,541	9,955	1,448	
273x503	0,433	0,606	0,050	-0,219	0,226	0,461	0,691	14,821	0,389	
63x509	-0,228	0,040	0,045	0,072	0,346	<b>0,683</b>	-2,281	6,021	0,118	
255x505	0,044	-0,005	-0,085	0,328	0,088	0,393	1,969	0,708	0,025	
273x509	0,380	0,405	0,131	-0,245	0,295	0,096	-0,383	17,053	-0,287	
295x293	0,528	0,110	-0,253	<b>0,762</b>	<b>0,491</b>	<b>0,656</b>	<b>8,040</b>	5,202	-0,590	
137x362	0,395	0,426	0,081	0,096	-0,150	-0,217	2,545	-1,258	-1,301	
509x505	0,363	0,407	0,005	0,073	0,100	-0,283	2,194	13,089	-1,379	
324x393	0,033	-0,338	-0,378	<b>0,514</b>	0,299	0,351	3,932	-5,907	-3,535	
30x393	0,055	-0,008	-0,477	0,014	<b>0,479</b>	0,483	-0,226	0,776	-4,052	
293x503	-0,158	-0,538	-0,334	0,078	-0,269	-0,085	-0,505	-14,025	-6,407	
302x422	0,240	0,236	-0,161	0,099	0,322	-0,029	1,670	4,915	-7,878	
343x505	0,626	-0,355	-0,604	0,119	0,107	-0,182	3,279	-8,533	-9,234	
392x261	0,725	0,001	-0,201	0,105	0,001	-0,343	5,348	1,139	-9,529	
22x501	0,069	0,526	0,535	-0,519	-0,355	-0,376	-2,249	6,399	-12,801	
25x507	-0,103	0,097	-0,368	0,361	0,245	-0,221	1,527	8,318	-18,056	
313x393	-0,220	-0,319	-0,792	<b>0,511</b>	0,305	-0,355	2,025	-6,884	-18,419	
419x261	-0,211	-0,555	-0,431	-0,394	-0,047	-0,131	-4,367	-14,313	-18,558	
255x313	-0,049	-0,247	-1,117	0,363	0,400	0,092	1,485	-0,343	-22,766	
27x501	-0,064	0,037	-0,584	-0,227	-0,372	-0,891	-1,698	-1,964	-23,712	
257x120	-0,429	-0,580	-1,069	-0,031	0,155	-0,015	-2,783	-16,808	-24,279	
375x507	-0,006	-0,718	-1,318	-0,109	-0,210	-0,559	-0,805	-20,059	-25,723	

Tabela 5.4 - Estimativa dos efeitos da capacidade específica de combinação – CEC, para diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (H) e volume (VOL) aos três, sete e 11 anos de idade, no ensaio de avaliação de progênies de irmãos completos de *P. caribaea var. hondurensis*. Em destaque os dez melhores cruzamentos e em negrito o melhor cruzamento por característica e idade

Variável	(continuação)								
	DAP			H			VOL		
	Idade (anos)								
Cruzamento	3	7	11	3	7	11	3	7	11
255x503	-0,681	-0,485	-0,852	-0,246	-0,332	-0,638	-4,271	-20,896	-26,149
357x399	-0,879	-0,521	-0,767	-0,219	0,207	-0,161	-7,974	-14,201	-27,264
243x422	0,201	-0,665	-0,986	0,191	-0,296	-0,943	2,166	-24,932	-27,516
31x509	0,265	-0,404	-0,713	-0,384	-0,307	-0,681	-1,682	-13,513	-31,024
158x430	0,288	-0,239	-0,894	-0,462	-0,453	-0,969	-2,009	-15,168	-33,750
510x501	0,151	-0,292	-1,055	0,203	0,145	0,140	1,142	-9,653	-35,202
343x261	-0,262	-0,674	-1,503	0,098	-0,367	-0,640	-0,916	-17,493	-35,606
501x507	0,048	-0,351	-1,136	-0,468	-0,268	-0,718	-2,734	-17,849	-43,846
509x399	0,010	-0,888	-1,947	-0,018	-0,449	-0,969	0,089	-27,560	-72,678
340x428	0,679	-0,842	-	-0,079	-0,836	-	3,719	-38,082	-
342x505	0,555	-	-	0,396	-	-	4,691	-	-
375x154	0,507	-0,079	-	0,388	-1,287	-	5,779	-27,067	-
28x393	0,248	-1,386	-	-0,414	-0,932	-	-1,026	-50,915	-
137x154	0,212	-	-	-1,018	-	-	-5,091	-	-
293x342	0,170	-0,662	-	-0,008	0,120	-	0,150	-22,386	-
324x428	0,121	-	-	0,205	-	-	2,536	-	-
222x503	0,002	-0,767	-	-0,134	0,004	-	-0,683	-20,971	-
222x353	0,000	-	-	0,165	-	-	1,462	-	-
153x362	-0,021	-	-	-0,457	-	-	-3,885	-	-
31x393	-0,036	-0,848	-	0,040	-0,076	-	-0,475	-21,617	-
137x507	-0,063	-	-	0,014	-	-	-1,021	-	-
259x293	-0,074	-0,912	-	0,244	-0,443	-	-0,396	-29,934	-
222x278	-0,084	-0,821	-	0,567	0,018	-	2,125	-21,313	-
293x238	-0,098	-	-	-0,205	-	-	-1,413	-	-
502x507	-0,131	-	-	-0,737	-	-	-6,254	-	-
273x430	-0,145	-0,869	-	-0,368	-0,671	-	-4,054	-32,783	-
509x428	-0,235	-1,417	-	0,349	-0,344	-	-0,430	-42,753	-
342x261	-0,311	-0,930	-	-0,170	-0,126	-	-3,513	-24,793	-
24x507	-0,321	-0,750	-	-0,235	-0,210	-	-3,653	-24,802	-
222x505	-0,430	-	-	-0,046	-	-	-4,146	-	-
222x261	-0,457	-	-	0,011	-	-	-4,511	-	-
342x501	-0,491	-1,319	-	-0,300	-0,487	-	-3,923	-35,860	-
26x48	-0,566	-1,245	-	<b>0,732</b>	0,143	-	-0,383	-33,446	-
153x144	-0,589	-	-	-0,360	-	-	-6,331	-	-
513x428	-0,669	-	-	-0,342	-	-	-6,712	-	-
507x505	-0,720	-	-	-0,278	-	-	-7,341	-	-
419x428	-0,842	-	-	-0,388	-	-	-6,553	-	-

Tabela 5.4 - Estimativa dos efeitos da capacidade específica de combinação – CEC, para diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (H) e volume (VOL) aos três, sete e 11 anos de idade, no ensaio de avaliação de progênie de irmãos completos de *P. caribaea* var. *hondurensis*. Em destaque os dez melhores cruzamentos e em negrito o melhor cruzamento por característica e idade

Variável	(conclusão)								
	DAP			H			VOL		
	Idade (anos)								
Cruzamento	3	7	11	3	7	11	3	7	11
407x509	-0,868	-0,142	-	-0,489	-0,322	-	-8,858	-12,485	-
26x507	-0,917	-	-	0,096	-	-	-6,329	-	-
29x428	-0,938	-	-	-0,509	-	-	-8,314	-	-
137x430	-0,992	-	-	-0,456	-	-	-9,541	-	-
278x422	-1,293	-	-	-0,686	-	-	-12,653	-	-
273x392	-1,420	-	-	-0,021	-	-	-9,749	-	-
259x505	-3,565	-	-	-1,512	-	-	-22,130	-	-

Fonte: o autor (2022)

Tabela 5.5 - Correlações do ordenamento dos cruzamentos para diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (H) e volume (VOL) aos 3, 7 e 11 anos de idade, no ensaio de avaliação de progênie de irmãos completos de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*

	H3	VOL3	H7	VOL7	H11	VOL11
DAP3	0,43	0,86				
H3		0,79				
DAP7			0,62	0,96		
H7				0,72		
DAP11					0,65	0,94
H11						0,77

Fonte: o autor (2022)

### 1.23.3. Seleção de genótipos

Considerando a seleção dos cinco melhores cruzamentos, as estimativas de ganhos em relação à média do experimento, com base nos valores genotípicos, variaram de 12,7 a 29,6% em volume (TABELA 5.6). Souza et al. (2017) na seleção de indivíduos de *P. caribaea* var. *hondurensis* para formação de pomares de sementes estimaram ganhos genéticos de 13% a 13,8% para intensidades de seleção de aproximadamente 8%.

Na implantação de uma silvicultura clonal, o material de propagação dos cruzamentos selecionados deve ser mantido em bancos genéticos ou jardins clonais em viveiro para posterior clonagem.

Tabela 5.6 - Ganhos genéticos estimados para seleção clonal em teste de progênies de irmãos completos de *P. caribaea* var. *hondurensis* aos 11 anos

Cruzamento	GS <sub>DAP</sub>	GS <sub>DAP%</sub>	GS <sub>H</sub>	GS <sub>H%</sub>	GS <sub>VOL</sub>	GS <sub>VOL%</sub>
25x501	3,19	13,7	0,17	0,7	134,67	29,6
509x261	1,64	7,0	0,24	1	72,68	15,9
407x261	1,66	7,1	0,05	0,2	71,51	15,7
373x399	1,73	7,4	0,16	0,7	67,39	14,8
501x399	1,36	5,8	0,11	0,5	57,77	12,7

Onde: GS<sub>VOL</sub> é o ganho genético em volume; GS<sub>DAP</sub> é o ganho genético em DAP; GS<sub>H</sub> é o ganho genético em altura total; GS<sub>VOL%</sub> é o ganho genético em volume em porcentagem; GS<sub>DAP%</sub> é o ganho genético em DAP em porcentagem; GS<sub>H%</sub> é o ganho genético em altura total em porcentagem.

Fonte: o autor (2022)

#### 1.23.4. Conservação do material genético em campo

Na seleção de clones para condições edafoclimáticas específicas, os processos naturais que afetam a diversidade genética são em grande parte ignorados (INGVARSSON; DAHLBERG, 2018). Pensando nisso, para novos ciclos de seleção, é recomendável a manutenção do material genético. Isso pode ser realizado na forma de pomares clonais de sementes. Para tal, uma alternativa é realizar a seleção de indivíduos em teste de progênies.

Nesse ponto os ganhos genéticos não são o alvo principal, mas sim um maior tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ). É relevante examinar se os indivíduos do experimento são superiores às suas matrizes, quando isso não ocorre o genitor deverá incluído no PCS e não suas progênies. Após a simulação de algumas estratégias de seleção, a que melhor se destacou foi a seleção do melhor indivíduo de cada cruzamento. Para 14 famílias o genitor materno deve ser incluído no PCS em detrimento das suas progênies (TABELA 5.7).

Tabela 5.7 - Ganhos genéticos estimados para seleção de indivíduos em teste de progênes de irmãos completos de *P. caribaea* var. *hondurensis* para formação de um Pomar Clonal de Sementes aos 11 anos de idade

Estratégia de Seleção	N	GS <sub>DAP%</sub>	GS <sub>H%</sub>	GS <sub>VOL%</sub>	$N_f$	$K_f$	$\sigma_{K_f}^2$	$Ne$
Todos os indivíduos dos dez melhores cruzamentos	131	0,0	0,5	1,0	10	13,1	2,5	18,3
5 indivíduos dos dez melhores cruzamentos	50	0,0	0,6	1,2	10	5	0,0	16,7
Um indivíduo de cada família no teste	44	0,0	0,5	0,7	44	1,0	0,0	44,0
Um indivíduo de cada família no teste incluindo genitores	44	2,0	0,0	4,0	44	1,0	0,0	44,0

Onde: N é o número de indivíduos selecionados,  $N_f$  é o número de famílias selecionadas,  $K_f$  é o número médio de indivíduos selecionados por família,  $\sigma_{K_f}^2$  é a variância do número de indivíduos selecionados por família,  $Ne$  é o tamanho efetivo populacional, GS<sub>VOL%</sub> é o ganho genético em volume em porcentagem; GS<sub>DAP%</sub> é o ganho genético em DAP em porcentagem; GS<sub>H%</sub> é o ganho genético em altura total em porcentagem.

Fonte: o autor (2022)

## 1.24. CONCLUSÕES

- Os efeitos não aditivos são predominantes no controle genético do DAP, altura e volume, analisadas nas idades três, sete e 11 anos. Há pouco efeito da CGC no controle genético das variáveis analisadas em todas as idades.
- A seleção dos cinco melhores cruzamentos para formação de florestas clonais propicia ganhos de 12,7 a 29,6% em volume, nas futuras florestas clonais.
- Para novos ciclos de seleção, recomenda-se a conservação do material genético na forma de PCS.

## REFERÊNCIAS

AGUIAR, A. V.; SOUZA, V. A.; SHIMIZU, J. Y. **Cultivo do pinus**. 2. ed. Brasília, DF: Embrapa, 2014. (Sistemas de Produção Embrapa, 5) Disponível em: <https://goo.gl/Hrj7bv>

ALCANTARA, G. B. D. et al. Efeito da idade da muda e da estação do ano no enraizamento de miniestacas de *Pinus taeda* L. **Revista Árvore**, v. 31, n. 3, p. 399-404, 2007.

AMARAL, F. C. S. et al. **Mapeamento de solos e aptidão agrícola das terras do Estado de Minas Gerais**. Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 2004. (Embrapa

Solos. Boletim de pesquisa e desenvolvimento, 63). Disponível em: <http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/965988>

ASSIS, T. F.; MAFIA, R. G. Hibridação e clonagem. In: BORÉM, A. (ed.) **Biotecnologia florestal**. Viçosa, MG: Ed. da UFV, 2007. p. 93-121.

ASSIS, T. F.; RESENDE, M. D. V. D. Genetic improvement of forest tree species. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 11, p. 44-49, 2011.

BELABER, E. C. et al. Genetic parameters for growth, stem straightness, and branch quality for *Pinus elliottii* var. *elliottii* × *Pinus caribaea* var. *hondurensis* F1 hybrid in Argentina. **Forest Science**, v. 64, n. 6, p. 595-608, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/forsci/fxy021>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

CAPPA, E. P. et al. Improving accuracy of breeding values by incorporating genomic information in spatial-competition mixed models. **Mol. Breeding**, v. 37, n. 125, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s11032-017-0725-6>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

CAPPA, E. P. et al. A novel individual-tree mixed model to account for competition and environmental heterogeneity: a Bayesian approach. **Tree Genetics & Genomes**, v. 11, n. 120, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s11295-015-0917-3>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

CAPPA, E.P. e CANTET, R.J. Direct and competition additive effects in tree breeding: Bayesian estimation from an individual tree mixed model. **Silvae Genetica**, v. 57, p. 45–55, 2008.

DEGENHARDT-GOLDBACH, J.; QUISEN, R.; ALCÂNTARA, G. B. **Micropropagação de Pinus caribaea Morelet var. hondurensis Barr. & Golf**. Colombo: Embrapa Florestas, 2020. (Embrapa Florestas. Comunicado técnico, 447). Disponível em: <http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/1123811>

DIAS, P. C. et al. Genetic evaluation of *Pinus taeda* clones from somatic embryogenesis and their genotype x environment interaction. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 18, p. 55-64, 2018.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian journal of biological sciences**, v. 9, n. 4, p. 463-493, 1956. Disponível em: <https://doi.org/10.1071/BI9560463>. Acesso em: 10 de jan. 2022

IBÁ - INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES. **2020 relatório anual = annual report**. Disponível em: <<http://www.abaf.org.br/wp-content/uploads/2020/10/relatorio-iba-2020.pdf> >. Acesso em: 29 jun. 2021.

INGVARSSON, P .K.; DAHLBERG, H. The effects of clonal forestry on genetic diversity in wild and domesticated stands of forest trees. **Scandinavian Journal**

**of Forest Research**, v. 34, n. 5, p. 370-379, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1080/02827581.2018.1469665>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

LIANG, D. et al. Analysis of genetic effects on a complete diallel cross test of *Pinus koraiensis*. **Euphytica**, v. 215, n. 5, p. 1-12, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s10681-014-1147-8>. Acesso em: 10 de jan. 2022

MORAES, M. L. T. D. et al. Efeito do desbaste seletivo nas estimativas de parâmetros genéticos em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var. *hondurensis*. **Scientia Forestalis**, p. 55-65, 2007.

MUÑOZ F.; SANCHEZ L. **BreedR: statistical methods for forest genetic resources analysts**. R package version 0.12-4, 2019. Disponível em: <https://github.com/famuvie/breedR>. <https://doi.org/10.5281/zenodo.546023>. Acesso em 10 de jan. 2022.

MUNHOZ, L. V. et al. Predicted genetic gains for growth traits and Genotype x Environment interaction in *Pinus greggii*: new perspectives for genetic improvement in Brazil. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v. 93, n. 3, p. 9-12, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/0001-3765202120201486>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

MURTA JÚNIOR, L.S. et al. Características dendrométricas de eucalipto submetido a desbaste. **Scientia Forestalis**, v. 48, n. 127, p. 1-14, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.18671/scifor.v48n127.22>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. Vienna, Áustria: Foundation for Statistical Computing, 2019. Disponível em: <<https://www.R-project.org/>>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

RESENDE, M. D. V. **Genética quantitativa e de populações**. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2015.

RESENDE, M. D. V. et al. Joint modelling of competition and spatial variability in forest field trials. **Revista de Matemática e Estatística**, São Paulo, v. 23, n. 2, p. 7-22, 2005.

ROBBINS, A. M. J. *Pinus caribaea* Morelet. Humlebaek, Dinamarca: Danida Forest Seed Centre, 1983.

SILVA, J.M. et al. Variação genética e ganho esperado na seleção de progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea* em Selvíria, MS. **Scientia Forestalis**, v. 39, n. 90, p. 241-252, 2011.

SOUZA, T. D. S. et al. Variação genética em caracteres quantitativos em *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 45, n. 113, p. 177-185, 2017. Disponível em: [dx.doi.org/10.18671/scifor.v45n113.18](https://doi.org/10.18671/scifor.v45n113.18). Acesso em: 10 de jan. 2022.

TAMBARUSSI, E. V. et al. Análise dialéctica na avaliação do potencial de híbridos de *Pinus elliottii* x *Pinus caribaea* para a formação de populações de melhoramento. **Scientia Forestalis**, v. 46, n. 119, p. 55-65, 2018. Disponível em: [dx.doi.org/10.18671/scifor.v46n119.07](https://doi.org/10.18671/scifor.v46n119.07). Acesso em 10 de jan. 2022.

## 6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Um passo inicial importante dentro de um programa de melhoramento genético é a instalação dos testes genéticos. Esses devem ser bem planejados, instalados e manejados. Desde a escolha do desenho experimental que melhor se adeque a área de implantação e a quantidade de material genético, ao preparo da área, na rastreabilidade genética, no plantio adequado e tratos silviculturais. O melhorista deve ir a campo conhecer as condições do teste e, também para validar os resultados obtidos nas análises.

Quando fatores como falhas, heterogeneidade ambiental e competição não são considerados nos modelos de análise, as estimativas dos parâmetros genéticos são prejudicadas e, pode-se incorrer em erros na seleção de genótipos. Por exemplo, na presença de falhas (ou ausência de competição), indivíduos isolados tendem a ter maior crescimento. Esse crescimento superior não é a expressão do seu potencial genético, mas das condições ambientais. É claro que podem existir genótipos que conseguem se beneficiar mais ou menos de fatores do meio, mas quando o teste genético é voltado para outros critérios de seleção, o uso de modelos que incluam esses efeitos é importante e essencial. Como pode ser visto no presente trabalho, o modelo misto de blocos casualizados foi inferior aos modelos que incluem efeitos ambientais e de competição antes e após desbastes que foram realizados.

A coleta de dados em campo também deve ser realizada dentro das metodologias existentes e, de acordo com os objetivos que foram definidos para o programa de melhoramento. É interessante a medição das variáveis ano a ano, não somente para acompanhar o desenvolvimento dos indivíduos do teste, mas também para estabelecer uma idade ótima para seleção. No presente trabalho, pode-se verificar que é possível realizar a seleção precoce para *P. caribaea* var. *hondurensis* aos cinco anos de idade, quando o objetivo é a seleção para produtividade. Porém, de acordo com informações da literatura, para o gênero *Pinus*, essa idade parece ser insuficiente se a seleção fosse para características relacionadas com a qualidade da madeira. Por exemplo, a seleção para qualidade da madeira para fabricação de lápis, devem considerar as características como densidade básica, estabilidade, orientação de grã, porcentagem de madeira juvenil e idade de transição para adulta.

O Brasil é referência em produtividade dos plantios de *Eucalyptus*, e muito se deve ao fato da possibilidade de resgate e clonagem de indivíduos adultos, tornando possíveis plantios clonais em larga escala. No caso do gênero *Pinus*, há uma grande dificuldade no resgate, rejuvenescimento e clonagem de indivíduos adultos, pois diferente do *Eucalyptus* a maioria das espécies de *Pinus* não rebrotam, tornando difícil a seleção de indivíduos para clonagem massal. No entanto, há um grande potencial para a clonagem de famílias. Nesse processo, cruzamentos controlados são realizados e famílias de irmãos completos são mantidas em jardins clonais e então clonadas. No presente trabalho a seleção para clonagem de algumas famílias resultou em ganhos de até 30% em produtividade.

Sendo assim, as florestas clonais de *Pinus* podem ocupar um local de destaque na silvicultura da espécie, assim como ocorreu com os plantios do gênero *Eucalyptus*. A experiência mostra que materiais genéticos de pinus tropicais podem ser conservados em jardins clonais em viveiro por mais de 15 anos, e, se manejados corretamente, não perdem a capacidade de enraizamento de estacas. Esse tipo de conservação tem um custo baixo quando comparado a criopreservação e uma taxa de conversão para mudas muito superior.

Outra vantagem é que enquanto estão conservados em jardins clonais em viveiro, esse material genético que foi selecionado para produtividade pode ser continuamente testado em campo para diversos fins e situações específicas, como por exemplo, implantar testes clonais para qualidade da madeira para lápis, onde serão avaliados critérios de seleção como densidade básica, madeira juvenil, transição e adulta. Ou ainda, frente as dificuldades de aquisição e preço de adubos, pode-se testar e selecionar clones mais eficientes nutricionalmente. Isso abre uma gama de possibilidades para estudos futuros e reduz o tempo para seleção de novos clones para áreas ou fins específicos. Desta forma a silvicultura clonal de *Pinus*, além de viável economicamente, também estará pronta para usar genótipos adaptados para enfrentar os desafios das mudanças climáticas e expansão de plantios para novas áreas.

Mas, para isso, não se pode negligenciar a base genética em detrimento de ganhos genéticos. É importante possuir uma população de

melhoramento com variabilidade, para que seja possível a seleção de genótipos para diferentes situações. A manutenção dessa variabilidade pode ser realizada em banco de germoplasmas em jardins clonais no viveiro ou em campo na forma de pomares clonais de sementes ou testes genéticos.

No estudo apresentado, verificou-se baixa variabilidade genética na população. As análises indicaram que os desbastes não reduziram a variabilidade genética da população, e que, aparentemente essa é uma característica da população estudada. Isso se deve a origem Poptún – Guatemala, pois grande parte da área plantada com a espécie no Brasil tem essa mesma origem. Para aumento da base genética, pode-se recomendar a realização de novos cruzamentos controlados para tentativa de ampliar a variabilidade e ou introdução de materiais genéticos de diferentes origens.

## REFERÊNCIAS

- AGUIAR, A. V.; SOUZA, V. A.; SHIMIZU, J. Y. **Cultivo do pinus**. 2. ed. Brasília, DF: Embrapa, 2014. (Sistemas de Produção Embrapa, 5) Disponível em: <https://goo.gl/Hrj7bv>
- ANDREJOW, G. M. P.; HIGA, A. R. Potencial de enraizamento de miniestacas de *Pinus taeda* L. provenientes de brotação apical de mudas jovens. **Floresta**, Curitiba, v. 39, n. 4, p. 897-903, 2009.
- ALCANTARA, G.B. D. et al. Efeito da idade da muda e da estação do ano no enraizamento de miniestacas de *Pinus taeda* L. **Revista Árvore**, v. 31, n. 3, p. 399-404, 2007.
- ALCANTARA, G. B. D. et al. Efeitos do ácido indolilbutírico (AIB) e da coleta de brotações em diferentes estações do ano no enraizamento de miniestacas de *Pinus taeda* L. **Scientia Forestalis**, v. 36, n. 78, p. 151-156, 2008.
- ASSIS, T. F.; MAFIA, R. G. Hibridação e clonagem. In: BORÉM, A. (ed.) **Biotecnologia florestal**. Viçosa, MG: Ed. da UFV, 2007. p. 93-121.
- ASSIS, T. F.; RESENDE, M. D. V. D. Genetic improvement of forest tree species. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 11, p. 44-49, 2011.
- BAJAJ, Y. P. S. **Trees I**. Berlin: Springer-Verlag, 2012. (Biotechnology in agriculture and forestry, 1)
- CAPPA, E. P. et al. Identification and joint modeling of competition effects and environmental heterogeneity in three Douglas-fir (*Pseudotsuga menziesii* var. *menziesii*) trials. **Tree Genetics & Genomes**, v. 12, n. 102, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s11295-016-1061-4>. Acesso em: 10 de jan. 2022.
- CAPPA, E. P. et al. Improving accuracy of breeding values by incorporating genomic information in spatial-competition mixed models. **Mol. Breeding**, v. 37, n. 125, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s11032-017-0725-6>. Acesso em: 10 de jan. 2022.
- CAPPA, E. P. et al. A novel individual-tree mixed model to account for competition and environmental heterogeneity: a Bayesian approach. **Tree Genetics & Genomes**, v. 11, n. 120, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s11295-015-0917-3>. Acesso em: 10 de jan. 2022.
- CAPPA, E. P.; CANTET, R. J. Direct and competition additive effects in tree breeding: Bayesian estimation from an individual tree mixed model. **Silvae Genetica**, v. 57, p. 45–55, 2008.
- CAPPA, E. P.; MUÑOZ, F.; SANCHEZ, L. Performance of alternative spatial models in empirical Douglas-fir and simulated datasets. **Annals of Forest**

**Science**, v.76, n. 53, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s13595-019-0836-9>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

CORRÊA, P.R.R. et al. Efeito da planta matriz, estação do ano e ambiente de cultivo na miniestaquia de *Pinus radiata*. **Floresta**, v. 45, n. 1, p.65-74, 2014.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**: volume 2. 3. ed. Viçosa, MG: Ed. da UFV, 2014.

DIAS, P. C. et al. Genetic evaluation of *Pinus taeda* clones from somatic embryogenesis and their genotype x environment interaction. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 18, p. 55-64, 2018.

DEGENHARDT-GOLDBACH, J.; QUISEN, R.; ALCÂNTARA, G. B. **Micropropagação de Pinus caribaea Morelet var. hondurensis Barr. & Golf**. Colombo: Embrapa Florestas, 2020. (Embrapa Florestas. Comunicado técnico, 447). Disponível em: <http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/1123811>

FARJON, A.; DE LA ROSA, J. A. P.; STYLES, B. T. **A field guide to the pines of Mexico and Central America**. Richmond, England: Royal Botanic Gardens, Kew, 1997.

FERREIRA, M. Melhoramento e silvicultura intensiva clonal. **IPEF**, Piracicaba, v. 45, p. 22-30, 1992.

FURLAN, R. D. A. et al. Estrutura genética de populações de melhoramento de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* por meio de marcadores microssatélites. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 4, p. 553-563, 2007. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/brag/a/3p8v94rVNTJvXVnTq5cKvxm/?format=pdf&lang=pt>

GAVIDIA, A. T. Produção mundial de sementes em pinus tropicais e subtropicais. **Floresta**, Curitiba, v. 9, n. 2, p. 9-17, 1978.

GARCIA, H., MIRALLES, F. **Ikigai: os segredos japoneses para uma vida longa e feliz**. Rio de Janeiro: Intrínseca, 2018.

GILMOUR, R.; CULLIS, R.; VERBYLA, P. Accounting for natural and extraneous variation in the analysis of field experiments. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, p. 269-293, 1997.

GUTIÉRREZ, B.; ORTIZ, O.; MOLINA, M. P. (Eds.). **Clonación de raulí: estado actual y perspectivas**. Santiago, Chile: CEFOR: INFOR: UACH, 2005.

HARDING, K. J.; KANOWSKI, P. J.; WOOLASTON, R. R. Preliminary genetic parameter estimates for some wood quality traits of *Pinus caribaea* var. *hondurensis* in Queensland, Australia. **Silvae genetica**, Frankfurt, v. 40, n. 3/4, p. 152-156, 1991.

KAGEYAMA, P.Y. Melhoramento genético de pinheiros tropicais no Brasil. **Circular Técnica IPEF**, Piracicaba, n. 111, 17 p., 1980.

KAGEYAMA, P. Y. et al. Teste de progênie de meios-irmãos de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* Barr. et Golf. de árvores superiores selecionadas em populações da Austrália. **Circular Técnica IPEF**, Piracicaba, n. 114, 7 p., 1980.

IBÁ - INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES. **2020 relatório anual = annual report**. Disponível em: <<http://www.abaf.org.br/wp-content/uploads/2020/10/relatorio-iba-2020.pdf>>. Acesso em: 29 jun. 2021.

ISAGI, Y. et al. How does mast seeding happen and synchronize. **Journal of Theoretical Biology**, v. 187, n. 2, p. 231-239, 1997.

MAGNUSSEN, S. A method to adjust simultaneously for spatial microsite and competition effects. **Canadian journal of forest research**, v. 24, n. 5, p. 985-995, 1994. Disponível em: <https://doi.org/10.1139/x94-129>. Acesso em: 26 de out. 2022.

MANSON, M. **A sutil arte de ligar o f\*da-se**. Rio de Janeiro: Intrínseca, 2017.

MARIGUELE, K. H. et al. Métodos de análise de dados longitudinais para o melhoramento genético da pinha. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, p. 1657-1664, 2011. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2011001200011>. Acesso em: 02 de fev. 2022.

MARTINS, E.N.; LOPES, P.S.; AILVA, M.A.; et al. **Uso de modelos mistos na avaliação genética animal**. Viçosa: UFV, 1997. 121 p.

MORAES, M. L. T. D. et al. Efeito do desbaste seletivo nas estimativas de parâmetros genéticos em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var. *hondurensis*. **Scientia Forestalis**, p. 55-65, 2007.

MOURA, V. P. G.; PARÇA, M. L. S.; SILVA, M. A. Variação da densidade básica da madeira de espécies e procedências de *Pinus* centro-americanos em três locais na região dos cerrados. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, v. 22, n. 23, p. 29-44, 1991.

NUNES, S. et al. Somatic embryogenesis of hybrid *Pinus elliottii* var. *elliottii* × *P. caribaea* var. *hondurensis* and ploidy assessment of somatic plants. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC)**, v. 132, n. 1, p. 71-84, 2018.

OWENS, J. N. Constraints to seed production: temperate and tropical forest trees. **Tree Physiology**, v. 15, n. 7-8, p. 477-484, 1995. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/treephys/15.7-8.477>.

PINTO JR., J. E.; KAGEYAMA, P. Y.; JACOB, V. S. Centro de conservação genética e melhoramento de pinheiros tropicais: desenvolvimento do programa. **Circular Técnica IPEF**, Piracicaba, n. 51, 9 p., 1979.

PINTO JR., J. E.; JACOB, V. S. Boletim informativo da região leste. **Boletim Informativo IPEF**, v. 7, n. 23, 60 p., 1979 .

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

PURITCH, G.S. **Cone production in conifers**. Victoria, BC, Canadá: Canadian Forestry Service, 1972. 94 p.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. Vienna, Áustria: Foundation for Statistical Computing, 2019. Disponível em: <<https://www.R-project.org/>>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

RESENDE, M. D. V. **Genética quantitativa e de populações**. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2015.

RESENDE, M.D.V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo, PR: Embrapa Florestas, 2007.

RESENDE, M. D. V.; ALVES, R. S. Genética: estratégias de melhoramento e de seleção. *In*: OLIVEIRA, E.B. e PINTO JUNIOR, J. E. (Ed.). **O eucalipto e a Embrapa: quatro décadas de pesquisa e desenvolvimento**. Brasília, DF: Embrapa Florestas, 2021. cap. 3, p. 172-202. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/1131863>.

RESENDE, M.D. V. et al. Melhor predição linear não viciada (Blup) de valores genéticos no melhoramento de Pinus. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, PR, n. 32/33, p.3-22, 1996.

RESENDE, M. D. V. et al. Joint modelling of competition and spatial variability in forest field trials. **Revista de Matemática e Estatística**, São Paulo, v. 23, n. 2, p. 7-22, 2005.

RESENDE, R. T. et al. Intra-genotypic competition of eucalypts clones generated by environmental heterogeneity can optimize productivity in forest stands. **Forest Ecology and Management**, v. 380, n. 50-58, 2016.

ROBBINS, A. M. J. **Pinus caribaea Morelet**. Humlebaek, Dinamarca: Danida Forest Seed Centre, 1983.

SAMPAIO, P. D. T. B.; RESENDE, M. D. V.; ARAUJO, A. J. D. Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 11, p. 2243-2253, 2000. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2000001100017>. Acesso em: 10 de jan. 2022.

SANTOS, P. E. T.; MARITINI, S. L.; SANTOS, M. M. F. B. Centro de conservação genética e melhoramento de pinheiros tropicais. **Circular Técnica IPEF**, Piracicaba, n. 161, 8 p., 1988.

SILVA, L. D. et al. Diagnóstico de plantações florestais no cerrado brasileiro. *In*: SILVA, L. D. (org.). **Sistema de informações para planejamento florestal no cerrado brasileiro**. Piracicaba: ESALQ/USP, 2021. v. 2, cap. 5, p. 53-95.

SHIMIZU, J. Y. **Pinus na silvicultura brasileira**. Colombo: Embrapa Florestas, 2008. 223 p.

SOUZA, T. D. S. et al. Variação genética em caracteres quantitativos em *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 45, n. 113, p. 177-185, 2017. Disponível em: [dx.doi.org/10.18671/scifor.v45n113.18](https://doi.org/10.18671/scifor.v45n113.18). Acesso em: 10 de jan. 2022.

TAMBARUSSI, E. V. et al. Análise dialéctica na avaliação do potencial de híbridos de *Pinus elliottii* x *Pinus caribaea* para a formação de populações de melhoramento. **Scientia Forestalis**, v. 46, n. 119, p. 55-65, 2018. Disponível em: [dx.doi.org/10.18671/scifor.v46n119.07](https://doi.org/10.18671/scifor.v46n119.07). Acesso em 10 de jan. 2022.

WREGE, M. S. et al. Pinus tropical com potencial para uso em plantios comerciais no Brasil. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, SP, v. 26, n. 2, p. 137-145, 2014.

WU, H. X. Benefits and risks of using clones in forestry: a review. **Scandinavian Journal of Forest Research**, Oslo, Noruega, v. 34, n. 5, p. 352-359, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1080/02827581.2018.1487579>

## APÊNDICE 1 – CRUZAMENTOS REALIZADOS

### GENITORES FEMININOS E MASCULINOS

Quadro 1 – Genitores femininos e masculinos antes da realização dos desbastes

mãe/ pai	28	100	124	134	218	241	258	273	293	322	333	342	372	373	379	402	408	410	481	483	485	487	489	375	Total
2																			1				1		2
4																							1		1
5																				1			1		2
6	1																						1		2
7																				1					1
8														1											1
9																	1								1
10																									1
11															1									1	2
43																								1	1
117			1									1						1					1		4
133			1									1													2
138																			1						1
202						1	1				1										1	1			5
218																							1		1
223															1	1									2
235									1												1				2
237	1																								1
239								1										1			1				3
253													1					1		1				1	4
258																1									1
273				1						1											1				3
275								1																	1
282																1							1		2
293																								1	2
304																1									2
320																	1								1
322																				1	1	1			4
323																						1			3
333			1																						1
337																1									1
353																1									1
355				1																			1		2
372																									1
375																								1	1
387																								1	2
390																					1				1
393																									1
399																									2
408																									1
481																									2
487																									1
489																									4
	1	1	3	1	1	7	1	2	1	1	1	2	1	5	7	3	6	4	5	5	6	8	6	1	79

Quadro 2 – Genitores femininos e masculinos após o primeiro desbaste

mãe/ pai	28	100	124	134	241	258	273	293	322	342	373	375	379	402	408	410	481	483	485	487	489	Total
2																	1				1	2
4																					1	1
5																	1				1	2
6	1																					1
7																	1					1
8											1											1
10											1											1
11											1											2
43																						1
117										1												1
138																1						1
202						1													1			2
218																					1	1
223														1	1							2
235								1											1			2
237	1																					1
239							1										1					2
253																	1		1			3
273									1										1			2
275							1															1
282																1						1
293											1	1										2
304											1											1
320																1						1
322						1												1	1			3
323					1								1							1		3
333		1																				1
337													1									1
353													1									1
355				1																	1	2
372					1																	1
387					1																	2
390																		1				1
399					1																	1
408													1									1
481													1								1	2
489					1								1		1					1		4
375																						1
Total	1	1	1	1	6	1	2	1	1	1	5	1	7	2	2	3	5	5	2	5	6	59

Quadro 3 – Genitores femininos e masculinos após o segundo desbaste

mãe/ pai	100	124	241	273	342	373	375	379	402	410	481	483	485	487	489	293	Total
2											1				1		2
5											1			1			2
7											1						1
10						1											1
11															1		1
43															1		1
117					1												1
138										1							1
218														1			1
237	1																1
239										1							1
253												1			1		2
275				1													1
282									1								1
293						1	1										2
304						1											1
322												1					1
323			1					1					1				3
333		1															1
337								1									1
355														1			1
390											1						1
481								1						1			2
489			1					1					1				3
372			1														1
375															1		1
273												1					1
387			1														1
235												1				1	2
223								1	1								2
353								1									1
408								1									1
399			1														1
Total	1	1	5	1	1	3	1	7	2	2	4	4	2	4	5	1	44

1.1.