

UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

PAULO CESAR FLÔRES JUNIOR

FERRAMENTAS BIOMÉTRICAS APLICADAS À SELEÇÃO GENÉTICA DE *Pinus taeda* L. VISANDO PRODUTIVIDADE E QUALIDADE DA MADEIRA

CURITIBA

2019

PAULO CESAR FLÔRES JUNIOR

FERRAMENTAS BIOMÉTRICAS APLICADAS À SELEÇÃO GENÉTICA DE *Pinus taeda* L. VISANDO PRODUTIVIDADE E QUALIDADE DA MADEIRA

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

Orientador: Prof. Dr Antonio Rioyei Higa
Coorientador: Prof. Dr. Diego T. Martinez e
Prof. Dr. Jorge Luis Monteiro de Matos

CURITIBA

2019

FICHA CATALOGRÁFICA

A large, empty rectangular box with a thin blue border, intended for entering cataloging data. It occupies the lower half of the page.

TERMO DE APROVAÇÃO

*Dedico esta tese ao meu pai, Paulo César Flôres
e minha mãe, Abigail Vasconcelos Flôres,
por sempre acreditarem que o conhecimento aliado à educação
são agentes transformadores, individuais e globais.*

AGRADECIMENTOS

Ao meu pai, meu muito obrigado, por me apoiar constantemente nesta fase e em todas as escolhas da minha vida que me trouxeram até aqui. Se houve erros em algum momento da caminhada, foram eles que nos uniram e nos trouxeram tão longe, muito mais do que pudéssemos imaginar.

À minha mãe, agradeço seu amor, colo, carinho, compreensão em todos os momentos que precisei. Você me ensinou que para seguir em frente, seja o momento que for, coragem e alegria são fundamentais. Obrigado por cada risada farta que me proporcionou e pelos ensinamentos que nunca cansou de passar.

À minha irmã, Andressa e minha sobrinha, Antônia, meu obrigado pelo amor e compreensão nas ausências e nos maravilhosos momentos que me proporcionam sempre que podemos nos encontrar.

Ao meu orientador, Prof. Antonio R. Higa, sempre me faltarão palavras para expressar minha admiração, respeito e carinho. Obrigado por me ensinar, entender e por me proporcionar em todos os encontros aprender algo novo. Você é o cara!

Aos meus coorientadores, Prof. Diego T. Martinez e Prof. Jorge L. M. Mattos, agradeço à disposição, paciência e todo o apoio e conhecimento para a realização desse trabalho.

À minha grande e eterna amiga, Vanessa Ishibashi, que tanto me auxiliou nessa caminhada e que foi a mola propulsora nos momentos de desânimo, meu eterno agradecimento. Que sorte a minha ter te encontrado na vida! Ao meu ombro amigo e companheira de pesquisa, Angela Ikeda, obrigado por todo carinho, paciência e colo nesses seis anos. Vocês foram fundamentais em todo o processo!

À empresa Valor Florestal e Conselho Nacional de Pesquisa (CNPq), agradeço ao apoio logístico e financeiro para o desenvolvimento deste trabalho.

Aos meus amigos queridos: Carmen Ceccon, Camile Ormianin, Marcos Alede, Melrian Schetz, Roberto Massignan Neto, Victor Lima, e todos que me acompanharam nesta linda caminhada, obrigado por tudo e por todos os incentivos, essa conquista tem muito de vocês!

Aos alunos e professores, coordenação de pós-graduação e todos aqueles que fizeram parte deste momento tão importante, meus sinceros agradecimentos.

"Eu apenas queria dizer
A todo mundo que me gosta
Que, hoje, eu me gosto muito mais
Porque me entendo muito mais também

E que a atitude de recomeçar
é todo dia, toda hora
é se respeitar na sua força e fé..."

(Gonzaguinha)

RESUMO

A seleção genética é a principal ferramenta usada na formação de pomares de sementes de gerações avançadas. A prática de correção de dados quando detectado efeito de competição não tem sido incorporada nos programas de melhoramento, sendo que para eficiência da seleção genética é de grande importância. Quando busca-se selecionar materiais genéticos em idade precoce, compreender a correlação entre idade juvenil e adulta é fundamental para maximização de ganhos em menor tempo. A densidade básica tem sido utilizada como indicador da qualidade da madeira, a incorporação desta característica em programas de melhoramento e processos seletivos, necessita avaliação. Sendo assim, o objetivo geral desse estudo é estabelecer estratégias de melhoramento genético de *P. taeda* verificando a necessidade de correção de dados, para seleção genética em menor tempo e estimar ganhos genéticos através de seleção para variáveis de crescimento e densidade básica da madeira. O teste foi implantado em 1997 com 120 progênies em delineamento de blocos casualizados, com cinco repetições, parcelas lineares de cinco plantas e espaçamento 2,5m x 2,5m. Aos seis, 10 e 20 anos foi realizada mensuração do DAP (cm), ALT (m) e VOL (m³) de todos os indivíduos do teste e aos 20 anos, após uma pré-seleção realizou-se a retirada de baguetas no DAP. Primeiramente, procedeu-se o estudo da qualidade experimental do teste baseada nos coeficientes de autocorrelação residual, que teve sua significância testada pelo teste de Durbin-Watson. A análise espacial foi utilizada também para validar a eficiência do uso de covariáveis no ajuste dos dados fenotípicos. Após foram realizadas as estimativas dos parâmetros genéticos para as variáveis do estudo, nas diferentes idades. No final do ciclo de rotação da espécie, foi determinado os parâmetros e a correlação entre DAP e densidade básica. As análises foram efetuadas no software Selegen REML/BLUP®. O uso de covariáveis e a análise espacial são importantes na análise de dados, e possibilitam acurácia no processo seletivo, sendo que aos 20 anos foi detectada a necessidade de correção dos dados para DAP. A correlação genética entre as variáveis de crescimento possibilita a seleção indireta, sendo que na idade juvenil de 10 anos podemos realizar a seleção precoce. Já para DAP e densidade básica da madeira observou-se correlação genética nula aos 20 anos. Os resultados indicaram baixa variabilidade genética para densidade básica da madeira, mas com possibilidade de ganhos genéticos com a utilização de índices de seleção e níveis independentes.

Palavras-chave: REML/BLUP. análise espacial. seleção precoce. índice de seleção.

ABSTRACT

Genetic selection is the main tool used in the formation of seed generations of advanced generations. The practice of data correction when detected competition effect has not been incorporated in the improving programs, and for efficiency of genetic selection is of great importance. When seeking to select genetic materials at an early age, understanding the correlation between youth and adulthood is critical to maximizing gains in a shorter time. Basic density has been used as an indicator of wood quality, the incorporation of this characteristic in breeding programs and selective processes, needs evaluation. Thus, the general objective of this study is to establish strategies for the genetic improvement of *P. taeda* verifying the need for data correction, for genetic selection in less time and estimating genetic gains through selection for growth variables and basic wood density. The test was implemented in 1997 with 120 progenies in a randomized block design with five replications, linear plots of five plants and 2.5m x 2.5m spacing. At six, 10 and 20 years, the DBH (cm), ALT (m) and VOL (m³) were measured for all test subjects and at the age of 20, after a pre-selection, baggage was removed from the DBH. Firstly, the experimental quality of the test based on residual autocorrelation coefficients was studied, and its significance was tested by the Durbin-Watson test. Spatial analysis was also used to validate the efficiency of using covariates in adjusting phenotypic data. After this, genetic parameters were estimated for the study variables at different ages. At the end of the species rotation cycle, the parameters and the correlation between DBH and basic density were determined. The analyzes were performed using the Selegen REML / BLUP® software. The use of covariates and spatial analysis are essential in data analysis, and enable accuracy in the selection process, and at 20 years the need for data correction for DBH was detected. The genetic correlation between growth variables allows for indirect selection, and at the age of 10 years we can perform early selection. For DBH and basic wood density, there was no genetic correlation at 20 years. The results indicated low genetic variability for basic wood density, but with the possibility of genetic gains through the use of selection indices and independent levels.

Keywords: REML / BLUP. spatial analysis. early selection. selection index.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO GERAL	12
1.1 HIPÓTESE DE ESTUDO	14
1.2 OBJETIVO GERAL	14
1.3 OBJETIVOS ESPECÍFICOS	14
2 REVISÃO DE LITERATURA	15
2.1 A espécie <i>Pinus taeda</i>	15
2.1.1 Importância da espécie	15
2.1.2 <i>Pinus taeda</i> no Brasil	16
2.1.3 Aumento da produtividade volumétrica em função do melhoramento genético	17
2.1.4 Densidade básica como indicador da qualidade da madeira	18
2.2 MELHORAMENTO GENÉTICO FLORESTAL.....	20
2.2.1 Teste de progênies	20
2.2.2 Parâmetros genéticos	21
2.2.3 Correlações genéticas	22
2.2.4 Tamanho efetivo populacional	23
2.2.5 Seleção precoce em testes genéticos.....	24
2.3 ANÁLISE DE DADOS VIA REML/BLUP	25
3 MÉTODO DE CORREÇÃO DO EFEITO DE COMPETIÇÃO POR COVARIÁVEL EM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>Pinus taeda</i> L. EM DIFERENTES IDADES	27
3.1 INTRODUÇÃO	29
3.2 MATERIAL E MÉTODOS	30
3.2.1 Área experimental e material genético.....	30
3.2.2 Estimativa da autocorrelação espacial.....	30
3.3 Estimativa de parâmetros genéticos	31
3.3.1 Análise de deviance	31
3.3.2 Análise de covariância	32
3.3.2.1 Índice de Competição de Hegyi (IC)	32
3.3.2.2 Média da Autocompetição (MAT).....	33
3.3.2.3 Média 8 (M8).....	33
3.3.2.4 Número de Plantas Vizinhas (NV).....	33
3.3.2.5 Índice de Falha (IF)	33
3.3.2.6 Índice de Falha Modificado (IF _{MOD})	34
3.3.3 Ajuste dos valores fenotípicos.....	34
3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	34

3.3.1 Estimativa da autocorrelação espacial.....	34
3.3.2 Estimativa dos parâmetros genéticos e análise da covariância	36
3.4 CONCLUSÃO	42
3.5 REFERÊNCIAS.....	42
4 VIABILIDADE DE SELEÇÃO PRECOCE DE <i>Pinus taeda</i> L PARA VARIÁVEIS DE CRESCIMENTO EM TESTE DE PROGÊNIES.....	45
4.1 INTRODUÇÃO	47
4.2 MATERIAL E MÉTODOS	48
4.2.1 Área experimental e material genético.....	48
4.2.2 Estimativa de parâmetros genéticos	49
4.2.3 Análise de deviance	52
4.2.4 Correlações genéticas entre as variáveis de crescimento e idades.....	52
4.2.5 Formação de pomares de sementes.....	52
4.2.6 Tamanho efetivo populacional (Ne)	53
4.2.7 Ganho genético.....	53
4.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	53
4.4 CONCLUSÃO	67
4.5 REFERÊNCIAS.....	68
5 SELEÇÃO GENÉTICA DE <i>Pinus taeda</i> L, PARA DIÂMETRO A ALTURA DO PEITO E DENSIDADE BÁSICA ATRAVÉS DE SELEÇÃO SIMULTÂNEA.....	71
5.1 INTRODUÇÃO	73
5.2 MATERIAL E MÉTODOS	74
5.2.1 Área experimental e material genético.....	74
5.2.2. Estimativa de parâmetros genéticos	76
5.2.3 Análise de deviance	78
5.2.4 Correlações genéticas entre diâmetro e densidade básica da madeira	79
5.2.5 Seleção simultânea de várias características	79
5.2.6 Tamanho efetivo populacional (Ne)	80
5.2.7 Ganho genético.....	81
5.2.8 Coeficiente de coincidência de Cohen (K)	81
5.2.9 Divergência genética.....	81
5.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	82
5.4 CONCLUSÃO	95
5.5 REFERÊNCIAS.....	95
6. CONSIDERAÇÕES FINAIS E RECOMENDAÇÕES	98
7. REFERÊNCIAS.....	99

1 INTRODUÇÃO GERAL

A área de árvores plantadas para fins industriais no Brasil totalizou 7,84 milhões de hectares em 2018 com representativa importância para a economia nacional pois participa de 1,1% do PIB nacional e 6,1% do PIB industrial (IBÁ, 2017), sendo que do território nacional, menos de 1% é coberto por florestas plantadas. Os gêneros *Eucalyptus* e *Pinus*, tem papel de destaque no setor. Os plantios de *Pinus* sp. ocupam 1,6 milhão de hectares e se concentram no Paraná (42%) e em Santa Catarina (34%). *Pinus taeda* é a conífera de maior importância comercial no Brasil, principalmente para produção de celulose de fibra longa, serraria e laminação, com aproximadamente um milhão de ha plantados e produtividade média de $30,5 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$ (IBÁ, 2017).

A expressividade do *P. taeda* deve-se principalmente pelas características edafoclimáticas da região sul do Brasil aliado a silvicultura. Dentro dos procedimentos silviculturais, a escolha certa das procedências e a avaliação das interações de genótipos com ambiente estão diretamente ligados aos programas de melhoramento genético da espécie. O melhoramento genético do pinus no Brasil vem sendo conduzido desde a década de 1960 por empresas florestais, instituições públicas federais e estaduais e universidades que resultaram em um aumento substancial em produtividade (AGUIAR *et al.*, 2011).

Apesar do expressivo êxito dos programas de melhoramento de *P. taeda*, quanto à avaliação, seleção e recomendação de progênies, a superação dos níveis atuais de produtividade apresentados não é tarefa fácil para os melhoristas. A seleção recorrente intrapopulacional é um processo cíclico de melhoramento que envolve, basicamente, a obtenção de progênies e a avaliação e o intercruzamento dos melhores indivíduos para formar a população melhorada (KRAUSE *et al.*, 2012).

O resultado do programa de melhoramento genético de espécies florestais é a produção de sementes melhoradas e clones com boa produtividade e qualidade da matéria-prima produzida pela floresta, proporcionando ganhos significativos quando comparados com a população original. Entretanto para atingir esses resultados, ciclos longos de avaliação são necessários. Para *P. taeda* ciclos de rotação variam de acordo com a final da madeira, sendo que o tempo de avaliação para recomendação de material genético. O tempo é um fator crítico na cadeia produtiva e alternativas

para reduzir e prever ganhos, com eficiência, são uma realidade e necessidade para os silvicultores da espécie.

Para viabilizar a redução do tempo na seleção de materiais superiores, a estimativa de correlação genética nas diferentes idades mostra-se de grande utilidade (LIMA *et al.*, 2011). Na seleção precoce, os caracteres avaliados em idades mais jovens da rotação são usados como preditores na idade de rotação da cultura, antecipando os ganhos genéticos no tempo (MASSARO *et al.*, 2010; ZIMBACK *et al.*, 2011; BELTRAME *et al.*, 2012). O uso de índices de seleção para múltiplos caracteres possibilita a obtenção de genótipos mais produtivos e adaptados, pela reunião de diversas características favoráveis (KRAUSE *et al.*, 2012) ao programa de melhoramento. De forma geral, um índice de seleção deve permitir a classificação correta dos genótipos e considerar diversos caracteres simultaneamente (CRUZ *et al.*, 2014).

O programa de melhoramento genético de *P. taeda* foi durante um longo período focado na interação de genótipo com ambientes e recomendação de progênies com alta produtividade. Atualmente é necessário atrelar produtividade com a qualidade madeira, visto que temos florestas plantadas com alta produtividade e baixa qualidade do ponto de vista madeireiro.

Uma característica diretamente ligada à qualidade madeira é a densidade básica e é utilizada como uma característica de determinação do uso final da madeira. Para *Pinus*, essa característica se mostra variável dentro da espécie e tem sido priorizada para processos seletivos dentro de programas de melhoramento. Zobel (1956) observou uma baixa correlação genética entre densidade e crescimento, sendo que Loo-Dinkins *et al.*, (1984) observaram uma forte correlação negativa entre densidade, altura e diâmetro. Selecionar material genético para produtividade e qualidade da madeira é um desafio do melhoramento florestal.

Sendo assim, os programas de melhoramento genético devem assegurar a produtividade dos plantios, bem como, avaliar a possibilidade de redução do tempo nos processos seletivos. A qualidade da madeira deve ser inserida nos processos de seleção juntamente com as variáveis de crescimento.

1.1 HIPÓTESE DE ESTUDO

Se variáveis de crescimento não apresentam correlação genética com densidade básica da madeira, então podemos estabelecer estratégias de melhoramento através de métodos seleção que contemplem a produtividade e qualidade da madeira.

1.2 OBJETIVO GERAL

Estabelecer estratégias de melhoramento genético de *P. taeda* verificando a necessidade de correção de dados para seleção genética em menor tempo e estimar ganhos genéticos através de seleção para variáveis de crescimento e densidade básica da madeira.

1.3 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Estimar os parâmetros genéticos de progênies de polinização aberta de *P. taeda* para variáveis de crescimento em diferentes idades no decorrer do ciclo de rotação da espécie.
- Estimar as correlações genéticas entre idade juvenil e adulta de um teste de progênies de *P. taeda* e sua eficiência de predição de ganhos genéticos.
- Seleção genética simultânea de variáveis de crescimento e qualidade da madeira para estimativa de ganhos genéticos através de diferentes índices de seleção.

2 REVISÃO DE LITERATURA

Esse capítulo tem o intuito de mostrar o estado da arte sobre a espécie *P. taeda* relatando sua importância para o setor florestal, a qualidade da madeira e sua importância dentro do melhoramento florestal, e relatar os principais pontos que serão abordados nos capítulos posteriores relacionados ao melhoramento florestal.

2.1 A espécie *Pinus taeda*

2.1.1 Importância da espécie

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

A espécie é monóica, onde os estróbilos masculinos se formam nas extremidades dos ramos desenvolvidos no ano anterior e os estróbilos femininos desenvolvidos no ano corrente. Os estróbilos masculinos se formam em grupos, na base das novas brotações na parte média da copa de árvores adultas. No Brasil, o pólen é liberado de agosto a setembro. Além da temperatura, a formação dos estróbilos também é influenciada pela altitude. Regiões com menores altitudes são propícias para a antecipação da maturação reprodutiva (FERREIRA, 2005).

As sementes estão maduras para colheita a partir do final de fevereiro. A produção anual de sementes de *P. taeda* é variável, com picos de produtividade a cada ciclo de 3 a 6 anos (BAKER e LANGDON, 1990). No Brasil, os pomares clonais de *P. taeda* apresentam produtividades médias variando de 0,3 a 1,0 Kg de sementes por árvore em pomares com mais de 15 anos. Isso equivale a cerca de 30 Kg a 80 Kg de sementes por hectare. Cones maduros podem conter entre 20 e 200 sementes cada, com viabilidade variando de 15% a 100%. O número de sementes por quilograma pode variar de 27.000 a 58.000, dependendo da matriz e condições edafo-

climáticas, mas normalmente está entre 30.000 a 35.000 sementes/Kg (FERREIRA, 2005).

2.1.2 *Pinus taeda* no Brasil

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

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

A área com árvores plantadas para fins industriais no Brasil totalizou 7,74 milhões de hectares em 2014. Os plantios de pinus ocupavam 1,59 milhão de hectares, sendo *P. taeda* a espécie mais plantada, e concentram-se no Paraná (42,4%) e em Santa Catarina (34,1%) (IBÁ, 2015). A espécie proporciona bom crescimento, elevada qualidade da madeira, utilizada na produção de celulose de fibra longa pelo processo Kraft, na produção de madeira serrada, laminados, chapas e compensados, com ampla adaptação nas regiões de plantio (MARTINEZ *et al.*, 2012).

Segundo o estudo de Vidal e Hora (2014) a redução da área plantada de pinus no Brasil pode ser explicada por três principais fatores:

- A produtividade dos eucaliptos é bastante superior à dos pinus;
- O ciclo de corte do eucalipto é inferior ao de pinus o que reduz o retorno do investimento;
- Boa parte do aumento da demanda por madeira de eucalipto provém dos grandes projetos de celulose que estão em crescimento. Para o pinus, a maior parcela da demanda é oriunda da indústria madeireira,

especialmente na produção de serrados e compensados, que vem perdendo espaço na produção nacional para a indústria de painéis reconstituídos.

2.1.3 Aumento da produtividade volumétrica em função do melhoramento genético

Na América do Sul, onde não existe ocorrência natural de *P. taeda*, esta espécie se desenvolve melhor entre as latitudes 24°S a 32°S, em altitudes entre 500 m e 1.500 m (MACHADO, 1984). As condições edafo-climáticas da região Sul do Brasil, nos Estados do Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul, assim como as províncias de Misiones e Corrientes na Argentina, têm se caracterizado como áreas de maior potencial de crescimento de *P. taeda* no mundo (FERREIRA, 2004).

As plantações inicialmente estabelecidas no sul do Brasil foram formadas a partir de sementes importadas de diversas regiões do Sul dos Estados Unidos, principalmente da Flórida, Geórgia, Alabama, Louisiana, Mississippi, Carolina do Sul e Carolina do Norte. No final da década de 70, ocorreram também, introduções de material genético de pomares clonais da África do Sul, que foram constituídos de material genético proveniente de programas de melhoramento dos Estados Unidos. Devido à diversidade de origem do material genético utilizado na composição dos povoamentos, esses plantios se tornaram as principais fontes de genótipos selecionados em programas locais de melhoramento da espécie (FERREIRA, 2005).

O aumento de produtividade dos plantios florestais se deve aos programas de melhoramento e ao uso de sementes e clones de espécies e procedências selecionados, da exploração da interação do genótipo com o ambiente e aos tratamentos silviculturais adequados (MARTINEZ, 2010). As principais características avaliadas em programas de melhoramento de *P. taeda* são relacionadas à produtividade (volume, dap, altura) e à qualidade da madeira (densidade da madeira, proporção de lenho juvenil, adulto e forma) (MARTINEZ *et al.*, 2012).

Na década de 1970, os povoamentos de pinus apresentavam baixa qualidade de fuste e produtividade de apenas 20 a 25 m³.ha⁻¹.ano⁻¹ (AGUIAR *et al.*, 2014). Atualmente, a produtividade média dos povoamentos é de 31 m³.ha⁻¹.ano⁻¹ (IBÁ, 2015), podendo alcançar 45 m³ ha⁻¹.ano⁻¹ com aplicação de técnicas de melhoramento genético (AGUIAR *et al.*, 2011).

A população base dos programas de melhoramento iniciados no Brasil, na década de 70, foi composta de indivíduos provenientes das procedências mais adaptadas localmente. Progênes de APS (Área de Produção de Sementes) local e material genético de programas de melhoramento dos Estados Unidos, também fizeram parte dessa população base. Com esse material genético foram estabelecidos testes de progênes, assim como os primeiros pomares clonais de sementes (PCS) de *P. taeda* no Brasil (FERREIRA, 2005).

O material genético de PCS de 1º geração no Brasil propiciou ganhos em 12% em volume em relação ao material proveniente de APS. Com base nas análises de testes genéticos de progênes de 2º geração de *P. taeda*, estima-se que os ganhos genéticos da mesma ordem poderão ser também obtidos no próximo ciclo de melhoramento (FERREIRA, 2005), a exemplo dos obtidos pelos programas de melhoramento nos Estados Unidos (LI *et al.*, 1996).

Estudos de seleção de *P. taeda* com base em variáveis de crescimento podem ser vistos em Paludzyszyn Filho *et al.* (2002), Paludzyszyn Filho *et al.* (2003), Ferreira (2005), Martinez *et al.* (2012), Vagaes (2013) e Ishibashi (2017).

2.1.4 Densidade básica como indicador da qualidade da madeira

A densidade básica é a relação entre a massa de madeira seca e o seu volume verde, expressa normalmente em quilo para massa seca, e metro cúbico para o volume da madeira. Por ser de fácil determinação, possuir alta herdabilidade e se relacionar com um número muito grande de outras propriedades, a densidade básica é considerada um dos mais importantes índices de qualidade da madeira (PADUA, 2009).

A densidade influencia nas características da madeira, como higroscopicidade, retratibilidade, resistência mecânica, elétricas e acústicas. Comumente, com o aumento da densidade há uma maior resistência mecânica e durabilidade da madeira.

Em espécies arbóreas, a densidade básica da madeira é a propriedade mais observada na avaliação da qualidade de produtos sólidos da madeira e fibras (LARSON *et al.*, 2001). A densidade básica da madeira tem sido amplamente estudada em programas de melhoramento genético, devido à sua forte correlação com produção de fibras e qualidade da madeira. Essa característica apresenta grande

variância genética, alta herdabilidade e herança independente de características de crescimento e forma (ZOBEL; JETT, 1995).

Para coníferas o aumento de densidade ocorre de dentro para fora no lenho juvenil, tendendo se estabilizar a partir da formação do lenho adulto. Peças estruturais que contenham uma determinada quantidade de madeira juvenil apresentam classes de resistências inferiores, sendo esse o motivo pelo qual as diferenças entre as propriedades da madeira juvenil e adulta são importantes para a utilização racional da madeira (BALLARIN e NOGUEIRA, 2005).

A densidade varia entre espécies, bem como dentro da mesma espécie e da mesma árvore, tanto no sentido longitudinal como no sentido radial. Essa variabilidade se deve ao fato de que as espécies apresentam estruturas internas distintas, com ocorrência de elementos anatômicos em diferentes tamanhos e proporções, e nos mais variados arranjos estruturais, assim como pela complexa combinação, quantidade e distribuição dos componentes químicos do lenho (BOWYER *et al.*, 2007).

Um dos fatores que exerce considerável influência na densidade e sua variabilidade é o percentual de lenho tardio: inicial, que está relacionado ao crescimento da árvore de acordo com o período vegetativo anual. Em períodos de intensa atividade fisiológica, o crescimento é acentuado, formando células de lumens grandes e paredes celulares finas, que dão origem ao lenho inicial. Com a aproximação do fim do período vegetativo, as paredes celulares vão se tornando gradualmente mais espessas e os lumens menores, dando origem ao lenho tardio (BURGUER; RICHTER, 1991).

A idade de transição da madeira juvenil para adulta em *P. taeda* variou de 10 anos (LOO *et al.*, 1985), do 11° ao 13° anel de crescimento Zobel (1971) e a partir do 18° anel de crescimento (BALLARIN; PALMA, 2003).

Ballarin e Palma (2003) concluíram em seu estudo que as propriedades de resistência e rigidez à flexão estática foram superiores e menos variáveis na madeira adulta do que na madeira juvenil, a densidade aparente da madeira adulta foi maior do que na madeira juvenil e que os valores médios do módulo de elasticidade (MOE) e módulo de ruptura (MOR) da adulta foram sensivelmente maiores.

A qualidade somente pode ser alterada durante o processo de formação da madeira. Porém através de seleção, melhoramento genético e tratamentos silviculturais

pode-se melhorar ou minimizar fatores relacionados à qualidade (ZOBEL, 1981 apud por BALLARIN e PALMA, 2003).

2.2 MELHORAMENTO GENÉTICO FLORESTAL

2.2.1 Teste de progênies

A variação genética natural, em nível de espécies, procedências, progênies e indivíduos, é a principal fonte de variabilidade explorada pelos melhoristas nos programas de melhoramento genético de espécies florestais. Assim, a instalação de populações base constituídas por origens-progênies com uma grande variabilidade genética (LOPEZ, 1994) é necessária para assegurar uma população base que servirá para a formação da população de melhoramento e com isso, assegurar ganhos genéticos contínuos nas gerações avançadas de melhoramento.

A obtenção de estimativas de parâmetros genéticos é fundamental, por permitir identificar a natureza da ação dos diferentes genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos e avaliar a eficiência da manutenção de uma base genética adequada. Entre os parâmetros de maior importância destacam-se as variâncias genéticas aditiva e não aditiva, as correlações e as herdabilidade (CRUZ *et al.*, 2014).

Um dos delineamentos mais usuais em programas de melhoramento genético é o teste de progênies, no qual são avaliadas famílias, normalmente constituídas por meios-irmãos, irmãos completos ou por plantas obtidas pela autofecundação (CRUZ *et al.*, 2014). Os testes que envolvem famílias de polinização livre são amplamente utilizados dado o seu baixo custo e grande número de informações recebidas, assim como a possibilidade de serem transformados em pomares de sementes por mudas (KITZMILLER, 1983).

O estudo em nível de variação genética e da sua distribuição, entre e dentro das populações de espécies florestais, tem importância tanto para o direcionamento das estratégias de melhoramento a serem adotadas, maximizando os ganhos genéticos através de ciclos de seleção, quanto para o manejo de populações naturais usando a conservação genética (DIAS;KAGEYAMA, 1991).

Os testes de progênies são realizados quando se deseja testar a superioridade que certo indivíduo apresenta visualmente. Pelo teste de progênies, é possível saber

se certo indivíduo, aparentemente superior, é devido à sua constituição genética ou à condição ambiental favorável (ASSIS, 1996).

As avaliações genéticas dos testes de progênes baseiam-se nas estimativas dos parâmetros genéticos que vão tutorear o melhor método de seleção entre e dentro da família através de seleção genotípica. A seleção genotípica baseia-se na avaliação dos genitores com base no desempenho dos descendentes via sementes ou via clonagem (PIRES *et al.*, 2011). Com isso, obtêm-se eficiência na estimativa das informações genéticas para as características desejadas na seleção.

2.2.2 Parâmetros genéticos

A variação biológica é a base para o trabalho do geneticista ou melhorista de plantas. Para que se possa conhecer e compreender as bases hereditárias dos caracteres em plantas e animais, é necessário distinguir os dois componentes da variabilidade: o genético e o não genético ou ambiental, e a proporção de seus efeitos. Métodos estatísticos apropriados são utilizados, especialmente no estudo da variação dos caracteres quantitativos de importância econômica (BUENO *et al.*, 2001).

O estudo da herança de uma característica requer o conhecimento do seu nível de controle genético, isto é, se é herdável, determinada por genes. Os genes que a determinam são transmitidos dos pais para os filhos (PIRES *et al.*, 2011).

Os parâmetros genéticos são valores numéricos que permitem fazer inferências sobre a estrutura genética de uma população e variam para diferentes características, populações e idades diferentes. Nos programas de melhoramento florestal, os parâmetros genéticos de maior importância são as variâncias genéticas e seus componentes aditivos e não aditivos, o coeficiente de herdabilidade, tanto no sentido amplo como restrito e as correlações genéticas entre as características (DUDA, 2003).

O conhecimento da variabilidade fenotípica, resultado da ação conjunta dos efeitos genéticos e de ambiente, é de grande importância para o melhorista na escolha dos métodos de melhoramento, dos locais para condução dos testes de avaliação e do número de repetições, bem como na predição dos ganhos de seleção (BORÉM e MIRANDA, 2013).

A herdabilidade diz respeito à proporção relativa das influências genéticas e ambientais na manifestação fenotípica dos caracteres e indica, portanto, o grau de facilidade ou dificuldade para melhorar determinados caracteres (RESENDE, 2015).

O coeficiente de herdabilidade varia de 0 a 1, sendo que características com alto valor de herdabilidade têm alto controle genético, enquanto características de baixa herdabilidade são ditas altamente influenciadas pelo meio ambiente (PIRES *et al.*, 2011).

O controle genético é decorrente da magnitude da magnitude da variância genética aditiva e da variância genética não aditiva e pode ser estimada como herdabilidade no sentido amplo ou restrito (FERREIRA, 2005). A herdabilidade no sentido amplo (h^2_a) é a proporção da variância genética total e a variância fenotípica (LUSH, 1936). Essa também, é descrita como o quadrado da correlação entre o valor genotípico e o valor fenotípico, ou regressão do valor genotípico sobre o valor fenotípico ou, ainda, como o coeficiente de determinação do valor genotípico sobre o fenótipo (RESENDE, 2002).

A herdabilidade no sentido amplo é empregada em programas de melhoramento direcionado à propagação clonal, nos quais o ganho genético é manifestado no desempenho dos genótipos selecionados e propagados vegetativamente (FERREIRA, 2005). A herdabilidade no sentido restrito (h^2_r) é a proporção da variância genética e variância fenotípica. De forma análoga, a herdabilidade no sentido restrito pode ser descrita como o quadrado da correlação entre o valor genético aditivo e o valor fenotípico, ou regressão do valor genético aditivo sobre o valor fenotípico, ou, ainda, como o coeficiente de determinação do valor genético aditivo sobre o fenótipo (RESENDE, 2002).

2.2.3 Correlações genéticas

O conhecimento da associação entre caracteres é de grande importância nos trabalhos de melhoramento, principalmente se a seleção em um deles apresenta dificuldades, em razão da baixa herdabilidade ou tenha problemas de medição e identificação (CRUZ *et al.*, 2012).

As correlações são medidas padrão da covariância entre dois caracteres e podem ser estimados fenotípica ou geneticamente. As correlações fenotípicas são causadas por uma combinação entre covariâncias genéticas e ambientais. A covariância genética é devida aos efeitos pleiotropicos, onde alguns genes apresentam um efeito sobre um ou mais caracteres (FALCONER, 1996).

Se dois caracteres apresentam correlação genética favorável, é possível obter ganhos para um deles por meio da seleção indireta no outro associado. Em alguns casos, a seleção indireta, com base na resposta correlacionada, pode levar a progressos mais rápidos do que a seleção direta do caráter desejado. Entretanto, se um caráter se correlacionar negativamente com alguns e positivamente com outros, deve-se tomar cuidado de, ao selecioná-lo esse, não provocar mudanças indesejáveis em outros (CRUZ *et al.*, 2012).

O ambiente torna-se causa de correlações quando dois caracteres são influenciados pelas mesmas diferenças de condições ambientais. Valores negativos dessa correlação indicam que o ambiente favorece um caráter em detrimento do outro, e valores positivos, que os dois caracteres são beneficiados ou prejudicados pelas mesmas causas de variações ambientais. De maneira geral, as correlações genéticas e ambientais apresentam o mesmo sinal; entretanto, nos casos em que isso não ocorre, há indicativo de que as causas da variação genética e ambiental influenciam os caracteres por meio de diferentes mecanismos fisiológicos (FALCONER, 1981). Os sinais dos coeficientes de correlação fenotípica e genotípica podem eventualmente ser diferentes, sendo o fato, em geral atribuído a erros de amostragem (CRUZ *et al.*, 2012).

2.2.4 Tamanho efetivo populacional

Em termos genéricos, pode-se dizer que o tamanho efetivo populacional se refere ao tamanho genético de uma população reprodutiva e não ao número de indivíduos que a compõe. Assim, diz respeito à representatividade genética de amostras de animais, plantas e sementes. Conforme implícito no próprio conceito de Wright, na situação de um tamanho efetivo pequeno, um reduzido número de indivíduos participa efetivamente do intercruzamento com vistas à regeneração da nova população, conduzindo a ocorrência de dois eventos: mudança aleatória das frequências alélicas (oscilação ou deriva genética); aumento da endogamia na nova população (PIRES *et al.*, 2011).

Segundo Rawlings (1970) preconiza um tamanho efetivo populacional em torno de trinta, com o valor adequado à maioria dos sistemas genéticos. Entretanto, para capturar alelos com frequências a 5%, uma amostragem de vinte famílias de

polinização aberta, não aparentadas, com cem indivíduos por família, é o suficiente para representar uma população (RESENDE e VENCOVSKY, 1990).

2.2.5 Seleção precoce em testes genéticos

Maior rapidez nos programas de melhoramento florestal pode ser obtida diminuindo-se o tempo gasto para realizar o ciclo de seleção, de modo a maximizar os ganhos por unidade de tempo (PEREIRA *et al.*, 1997; GONÇALVES *et al.*, 1998). A seleção precoce de árvores e famílias superiores em testes genéticos é fundamental na redução do ciclo de melhoramento genético florestal e antecipação na predição de ganhos genéticos com a disponibilização do material selecionado para uso operacional.

Reduzindo o período de testes pode-se detectar mais rapidamente o material inferior, a recomendação de novos clones para o plantio comercial será realizada mais prontamente, o ciclo de melhoramento será reduzido, o programa de clones mais produtivos será acelerado e o tempo entre as gerações será menor (WU, 1998). Os programas de melhoramento genético de perenes são onerosos e de ciclos longos, que torna a prática de seleção de materiais superiores uma atividade de extrema importância e que deve ser realizada com todo rigor possível, a fim de ter-se experimentos cada vez mais eficientes e métodos de seleção mais precisos (MASSARO *et al.*, 2012).

A eficiência de um programa de melhoramento genético e a obtenção de ganho genético por ciclo de melhoramento tendem a aumentar, quanto menor for o tempo necessário para obtenção dos cruzamentos e a realização da seleção. Cada ciclo de melhoramento contemplando as etapas de cruzamentos, testes e seleção genética em *P. taeda* duram de 15 a 20 anos. A implementação da seleção precoce em testes genéticos possibilita redução do ciclo de melhoramento em programas de gerações avançadas. Além das vantagens da disponibilização precoce de produtos de melhoramento genético para plantios operacionais, a redução do ciclo de seleção possibilita maior adaptabilidade às mudanças nas demandas do setor florestal. Para usufruir das vantagens da seleção precoce, as herdabilidades das características de interesse em idades juvenis e adultas devem ser altas, assim como suas correlações genéticas. A eficiência da seleção precoce e a idade ótima para seleção somente poderão ser determinadas a partir do conhecimento das herdabilidade e das

correlações genéticas entre idades para as características de interesse (FERREIRA, 2005).

Estudos sobre seleção precoce têm sido investigados em algumas espécies florestais, tal como: *Eucalyptus* sp. (MASSARO *et al.*, 2010; CHAVES *et al.*, 2004), *Sclerobium paniculatum* (FARIAS NETO, 2003), *Hevea brasiliensis* (GONÇALVES *et al.*, 1998), *Pinus taeda* (XIANG *et al.*, 2002; PALUDZYSZYN *et al.*, 2003; FERREIRA, 2005) e *Pinus banksiana* (WENG *et al.*, 2007).

2.3 ANÁLISE DE DADOS VIA REML/BLUP

A estimativa de parâmetros genéticos possibilita a obtenção de informações sobre a natureza da ação genética envolvida na herança dos caracteres e fornece a base para avaliação dos planos de melhoramento. Dessa forma, o sucesso de um esquema seletivo de plantas vai depender da quantidade e do valor relativo da variação genética, assim como dos efeitos não genéticos que originam o valor fenotípico observado (FERREIRA, 2005).

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

O melhoramento genético depende do emprego de procedimentos precisos de seleção, utilizados para estimar os componentes de variância e predizer os valores genéticos para seleção. Isso normalmente se faz com análise de dados balanceados e desbalanceados. Para outros casos usam-se procedimentos de melhor predição linear não viciada (*Best Linear Unbiased Prediction* ou BLUP) de variáveis aleatórias. O BLUP foi desenvolvido para modelos mistos por Henderson em 1973. Essa metodologia foi desenvolvida para ajustes de dados para efeitos ambientais identificáveis e predição simultânea de valores genéticos de indivíduos (HENDERSON, 1973).

Anteriormente, as covariâncias entre parentes eram estimadas e interpretadas em termos de suas esperanças matemáticas, igualando-as aos seus valores esperados e gerando componentes de variância. Atualmente, os componentes de

variância podem ser estimados diretamente como as variâncias dos efeitos aleatórios do modelo linear misto (FERREIRA, 2005). Essas estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos a partir de dados desbalanceados são geradas através do método de máxima verossimilhança restrita (*Restricted Maximum Likelihood* ou REML). A utilização do REML vinculado ao BLUP individual se justifica pelo fato de suas propriedades estatísticas serem superiores às propriedades dos estimadores de quadrados mínimos (SEARLE *et al.*, 1992).

As principais vantagens práticas do REML/BLUP permite: comparar indivíduos ou variedades através do tempo (gerações, anos) e espaço (locais, blocos); corrigi simultaneamente os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos; permite lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos); ser aplicado a dados desbalanceados e a delineamentos não ortogonais. No caso de dados desbalanceados, a ANOVA conduz imprecisas estimativas de componentes de variância e conseqüentemente a inaccuradas predições de valores genéticos (RESENDE, 2004).

Com as informações referentes a este tópico da tese, pode-se observar que estudos a respeito da silvicultura da espécie e melhoramento genético aplicado apresentam uma literatura atual e que para dados aplicados à qualidade da madeira em programas de melhoramento, a bibliografia se concentra da década de 70 e 80.

3 MÉTODO DE CORREÇÃO DO EFEITO DE COMPETIÇÃO POR COVARIÁVEL EM TESTE DE PROGÊNIES DE *Pinus taeda* L. EM DIFERENTES IDADES

RESUMO

Testes de progênies são utilizados para estimativas de parâmetros genéticos e determinação dos processos seletivos. Sendo que a verificação da existência de competição não tem sido utilizada, com a atenção devida, dentro dos programas de melhoramento florestal. O objetivo deste trabalho é avaliar o efeito de competição em um teste de progênies com dados coletados em três idades utilizando seis covariáveis sobre o diâmetro a altura do peito via análise espacial para correta seleção de material genético. O teste foi implantado em 1997 com 120 progênies em delineamento de blocos casualizados, com cinco repetições, parcelas lineares de cinco plantas e espaçamento 2,5m x 2,5m. Aos seis, dez e vinte anos foi realizada mensuração do diâmetro a altura do peito de todos os indivíduos do teste. A avaliação da competição foi feita pelo teste de autocorrelação residual pelo teste de Durbin-Watson. Com uso de seis covariáveis apenas uma corrigiu o efeito de competição, sendo ela o Índice de Falha Modificado. Utilizando os dados do teste ajustado pela covariável observou-se que a classificação pelo valor genético sofreu uma alteração do ranqueamento dos melhores indivíduos, sendo observado apenas 67% de correspondências entre dados com e sem ajuste. Conclui-se que não foi detectada competição até 10 anos de idade, sendo que foi detectada apenas aos 20 anos. Isso demonstra que o uso de modelos fenotípicos com uso de covariável é de grande importância nas análises de dados em idade final de cultivo. Através desta metodologia é possível garantir maior eficiência na seleção dos melhores materiais genéticos.

Palavras-chave: autocorrelação espacial. REML/BLUP. índice de falha. seleção individual.

CORRECTION METHOD OF COVARIABLE COMPETITION EFFECT IN TEST OF *Pinus taeda* L IN DIFFERENT AGES

ABSTRACT

Progeny tests are used for estimation of genetic parameters and determination of selective processes. Since the verification of competition exists has not been used, with due attention, within the forest improvement programs. The objective of this work is to evaluate the effect of competition in a progeny test with data collected at three ages using six covariates on diameter at breast height via spatial analysis for correct selection of genetic material. The test was implemented in 1997 with 120 progenies in a randomized block design with five replications, linear plots of five plants and 2.5m x 2.5m spacing. At six, ten and twenty years, the diameter was measured at the breast height of all test subjects. Competition was assessed by residual autocorrelation test by Durbin-Watson test. Using six covariates, only one corrected the competition effect, which was the Modified Failure Index. Using the covariate-adjusted test data, it was observed that the classification by genetic value underwent a change in the ranking of the best individuals, with only 67% of correspondence between data with and without adjustment. It is concluded that there is no competition until 10 years of age, being detected only at 20 years. This shows that the use of phenotypic models with the use of covariates is of great importance in the data analysis at final cultivation age. Through this methodology it is possible to guarantee greater efficiency in the selection of the best genetic materials.

Keywords: spatial autocorrelation. REML / BLUP. failure rate. Individual selection.

3.1 INTRODUÇÃO

O sucesso do melhoramento genético depende da escolha dos melhores indivíduos para serem os genitores das próximas gerações, de modo a reduzir esforços e abreviar o tempo necessário para obtenção de materiais genéticos superiores. Uma das maneiras de identificar os indivíduos superiores portadores de genes desejáveis é na avaliação morfogenética dos candidatos à seleção. No caso da instalação de pomares clonais de sementes a seleção deve ser feita com base nos valores genéticos aditivos dos indivíduos que serão utilizados na recombinação para produção de sementes e nos valores genotípicos dos indivíduos que serão clonados. Nesse sentido, uma eficiente estimativa dos parâmetros genéticos constitui base fundamental para o sucesso de qualquer programa de melhoramento (FARIAS NETO *et al.*, 2013).

Os testes de progênies, instrumentos importantes para o trabalho do melhorista, têm sido usados na estimativa de parâmetros genéticos e seleção de indivíduos. São empregados quando se procura avaliar a magnitude e a natureza da variância genética disponível com vistas a quantificar e maximizar os ganhos genéticos, utilizando-se procedimento de seleção adequado (COSTA *et al.*, 2008). Entretanto, a maioria dos experimentos florestais de seleção não leva em conta as variáveis de competição causando, desta forma, um viés que não condiz com o evento biológico e que pode acarretar uma seleção incorreta (PAVAN *et al.*, 2012).

Nos modelos utilizados para análise de testes de progênies com objetivo de seleção não é comum considerar os efeitos de competição, por não haver rotinas estabelecidas e a definição de variáveis para se corrigir esse efeito. Deste modo, é necessário o estabelecimento de rotinas de análise e a escolha de covariáveis de correção que melhor representem testes genéticos (PAVAN *et al.*, 2012).

Assim, com uso de modelos de competição espera-se isolar de forma mais eficiente a variação devida ao ambiente, fazendo com que a análise de dados do teste de progênies expresse de forma mais consistente a realidade experimental (LEONARDECZ-NETO *et al.*, 2003). No entanto, saber qual covariável e como ela se ajusta de forma a representar o efeito biológico com fidelidade, é uma incógnita (PAVAN *et al.*, 2012).

Quando existe efeito de competição para diferentes idades de *P. taeda* deve-se estimar a autocorrelação espacial para assegurar eficiência seletiva de genótipos

superiores. Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito de competição em um teste de progênies com dados coletados em três idades, utilizando seis covariáveis sobre o diâmetro à altura do peito via análise espacial.

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

3.2.1 Área experimental e material genético

O teste de progênies está localizado no município Rio Negrinho, no Estado de Santa Catarina, na região do Planalto Norte. O clima é classificado como Cfb segundo Köppen, subtropical úmido com verão ameno, sem estação seca e com geadas severas frequente (ALVARES *et al.*, 2013). A temperatura média anual varia de 15,5°C a 17,0°C. No mês mais quente (janeiro) a temperatura média oscila de 20°C a 22°C e no mês de julho (mês mais frio) a temperatura média varia de 12°C a 14°C (BOGNOLA *et al.*, 2008). O tipo de solo é cambissolo húmico alumínico típico (EMBRAPA, 2006).

O teste de progênies foi instalado com delineamento em blocos ao acaso com 120 progênies, com cinco repetições e parcelas lineares com 5 plantas no espaçamento de 2,5 m x 2,5 m. O material genético utilizado é proveniente de um Pomar Clonal e o teste instalado em 1997 com 19 procedências da Flórida, 41 de Geórgia, 27 de Louisiana e 28 de Zimbábue, além de cinco testemunhas comerciais. Aos seis, 10 e 20 anos foi efetuada a mensuração direta da variável diâmetro à altura do peito (DAP, cm) de todos os indivíduos.

3.2.2 Estimativa da autocorrelação espacial

Os coeficientes de autocorrelação entre resíduos nos sentidos: das linhas ou entre colunas (ρ_L) e das colunas ou entre linhas (ρ_C), e o valor da estatística d para o teste de independência de resíduos de Durbin-Watson foram obtidos com auxílio do modelo estatístico 113 do *software* SELEGEN – REML/BLUP® (RESENDE, 2007a). O valor da estatística d é definido conforme descrito na equação 1, sendo L a ordem de posicionamento da parcela no experimento e r_i os resíduos ordenados no espaço. Os resíduos (r_i) foram obtidos via modelo 1 (equação 3) do *software* SELEGEN – REML/BLUP® considerando zero não significativo na análise. A relação entre d e ρ é expressa pela equação 2.

$$(1) \quad d = \frac{\sum_{i=1}^n (r_i - r_{i-1})^2}{\sum_{i=1}^n r_i^2}$$

$$(2) \quad d = 2(1 - \rho)$$

O valor calculado de d foi comparado com valores teóricos com $(n-1)$ graus de liberdade, em que n é o número de dados. Os valores de dL (d inferior) e dU (d superior) são fornecidos em tabelas associadas a certos níveis de significância. Para hipótese $H_0: \rho = 0$ não existe autocorrelação de resíduos. Para hipótese $H_a: \rho > 0$ a regra de decisão d é dada por: se $d \leq dL$, rejeita H_0 e a autocorrelação é positiva; se $d \geq dU$, aceita H_0 e a autocorrelação é nula e se $dL < d < dU$ o teste é inconclusivo. Para hipótese $H_a: \rho < 0$ a regra de decisão é equivalente, porém utilizando $(4-d)$ em vez de d (RESENDE, 2007b).

3.3.3 Estimativa de parâmetros genéticos

As análises genéticas dos testes de progênies foram efetuadas com o uso do *software* SELEGEN – REML/BLUP®. Para seleção de indivíduos e genitores em progênies de polinização aberta, no delineamento utilizado foi utilizado o modelo estatístico 1 (equação 3) em que y é o vetor de dados, 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), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), e ε é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos (RESENDE, 2007a). Para as estimativas dos parâmetros genéticos não foram considerados os zeros nas análises.

$$(3) \quad y = Xr + Za + Wp + \varepsilon$$

3.3.3.1 Análise de deviance

Para testar a significância dos efeitos aleatórios do modelo realizou-se a análise de deviance (ANADEV), empregando-se o teste da razão da máxima verossimilhança (LTR) cuja significância foi avaliada pelo teste qui-quadrado com um grau de

liberdade. O LTR substitui a ANOVA e o teste F da análise de variância nos casos de modelos com dados desbalanceados (RESENDE, 2016).

3.3.4 Análise de covariância

As análises de covariâncias dos testes de progênies foram efetuadas por meio do *software* SELEGEN – REML/BLUP® utilizando o modelo estatístico 131 (equação 5), em que y é o vetor de dados, 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), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), ε é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente β refere-se à regressão associada à covariável. As letras romanas maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos (RESENDE, 2007a). Para análise de covariância não foram considerados os zeros.

$$(4) \quad y = Xr + \beta Cov + Za + Wp + \varepsilon$$

Os pressupostos para análise de covariância são: (I) os valores da covariável são fixos, medidos sem erro e independente dos tratamentos; (II) a regressão entre a covariável e a variável de interesse, após remoção das diferenças de blocos e tratamentos, é linear e independente de blocos e tratamentos; (III) o resíduo é normalmente e independentemente distribuído, com média zero e variância comum (PALLANT, 2010; RAMALHO *et al.*, 2012).

Testaram-se seis covariáveis para este estudo, sendo elas:

3.3.4.1 Índice de Competição de Hegyi (IC)

Média de competição (IC) por meio das distâncias e do desempenho dos oito possíveis vizinhos da planta alvo i (LEONARDECZ-NETO *et al.*, 2003). A expressão para cálculo é dada pela equação 5, em que IC_i é o índice de competição da planta alvo i , Y_i é o valor observado da planta alvo i ; Y_j é o valor observado da planta competidora j e D_{ij} é a distância entre as plantas i e j .

$$(5) \quad IC_i = (\sum_{j=1}^8 Y_j/Y_i)/D_{ij}$$

3.3.4.2 Média da Autocompetição (MAT)

Média aritmética da característica silvicultural das árvores autocompetidoras (PAVAN *et al.*, 2012), pertencentes ao mesmo material genético (Equação 6), sendo Y_j o valor observado da planta autocompetidora j e n o número de plantas autocompetidoras.

$$(6) \quad MAT = (\sum_{j=1}^n Y_j)/n$$

3.3.4.3 Média 8 (M8)

Para a determinação da média 8 foram consideradas as oito (Média 8 – M8) árvores vizinhas mais próximas, sendo determinada a média aritmética dos diâmetros das árvores competidoras em questão à árvore (PAVAN *et al.*, 2012)

3.3.4.4 Número de Plantas Vizinhas (NV)

Soma algébrica do número de plantas vizinhas sobreviventes (Equação 7), sendo n a planta vizinha sobrevivente (RESENDE, 2002).

$$(7) \quad NV = \sum (n) 8_{j=1}$$

3.3.4.5 Índice de Falha (IF)

$$(8) \quad IF: P1.NFL + P2.NFC + P3.NFD$$

Sendo:

$$P1 = 1$$

$$P2 = \frac{EL}{EC}$$

$$P3 = \frac{EL}{\sqrt{EC^2 + EL^2}}$$

3.3.4.6 Índice de Falha Modificado (IF_{MOD})

Por ser um espaçamento quadrado criou-se uma nova covariável para dar um peso maior ao espaçamento a planta alvo e assim verificar a influência de falhas no desenvolvimento dos indivíduos próximos.

$$(9) \text{IF}_{\text{MOD}} = 2,5 (\text{NFL} + \text{NFC}) + \frac{EL}{\sqrt{(EC^2 + EL^2)}} \cdot \text{NFD}$$

Sendo que: NFL é o número de falha na linha, NFC é o número de falha na coluna, NFD é o número de falha na diagonal, EL é o espaçamento na linha e EC espaçamento na coluna.

3.3.5 Ajuste dos valores fenotípicos

Com base no valor da covariável de cada indivíduo (x_{ij}), do valor médio da covariável (\bar{x}) e do coeficiente de regressão residual (β) entre covariável e dados de DAP foram ajustados os valores fenotípicos para cada indivíduo sobrevivente conforme equação 11 para as covariáveis IC, MAT, M8, NV, IF e IF_{MOD} e equação 12 (RESENDE, 2007b) para covariável NV, sendo o valor fenotípico medido para cada indivíduo e o valor fenotípico ajustado para cada indivíduo.

$$(10) Y_{ijc} = Y_{ij} - \beta (x_{ij} - \bar{x})$$

$$(11) Y_{ijc} = Y_{ij} - \beta (x_{ij} - 8)$$

3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.3.1 Estimativa da autocorrelação espacial

Observou-se um declínio da sobrevivência com o decorrer da idade do teste de progênies (TABELA 1). Uma explicação para o efeito de competição poderia ser através da análise de deviance para a sobrevivência (TABELA 2), mas esta não foi significativa para nenhuma das idades, logo não explicaria o efeito de competição atrelado à mortalidade.

TABELA 1. ESTIMATIVA DA AUTOCORRELAÇÃO ESPACIAL PELO TESTE DE DEPENDÊNCIA DE DURBIN-WATSON PARA TESTE DE PROGÊNIES DE *Pinus taeda* NO ESTADO DE SANTA CATARINA COM DIFERENTES IDADES

	Seis anos	10 anos	20 anos
Sobrevivência (%)	98,47	88,27	71,83
Autocorrelação entre colunas (ρ_C)	0,03 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	-0,07*
DWC	1,97	2,03	2,13
Autocorrelação entre linhas (ρ_L)	0,01 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	-0,08*
DWL	1,94	2,04	2,18

Fonte: o autor (2019).

Nota: ^{ns} e * : não significativo e significativo a 5% de probabilidade.

Onde: DWC: Durbin-Watson entre colunas; DWL: Durbin-Watson entre linhas.

Apesar dos valores de ρ_C e ρ_L negativos e significativos serem indicativos da presença de competição nos testes de progênies, como observado aos 20 anos de idade, efeitos de competição entre plantas vizinhas causam autocorrelações negativas e valores da estatística d maiores que dois. Já a heterogeneidade espacial causa correlações positivas (CAPPÁ *et al.*, 2016). Com isso, podemos observar que neste teste de progênies de *P. taeda* aos seis e 10 anos, não há significância pelo teste Durbin-Watson e apenas na idade de 20 anos há heterogeneidade espacial detectada (TABELA 1). Deste modo, as falhas no experimento ocasionadas pela mortalidade dos indivíduos auxiliam em um desempenho maior das progênies próximas e contribuem positivamente para o crescimento devido à ausência de competição. No entanto, Ishibashi *et al.* (2017) observaram que em testes de progênies localizados no Estado de Santa Catarina o efeito de competição ocorre aos 10 anos de idade, sendo que esse efeito é aleatório e não responde a uma tendência para uma família específica. Sendo assim, para o teste de progênies do presente estudo deve ser feito ajuste fenotípico apenas para a idade de 20 anos.

TABELA 2. ANÁLISE DE DEVIANCE PARA SOBREVIVÊNCIA EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* EM TRÊS IDADES, LOCALIZADO NO MUNICÍPIO DE RIO NEGRINHO, ESTADO DE SANTA CATARINA

Idade (anos)	Sobrevivência (%)	LTR
Seis	98,47	1,57 ^{ns}
Dez	82,27	2,27 ^{ns}
Vinte	71,84	3,14 ^{ns}

Fonte: o autor (2019).

Onde: LTR: Teste da razão da verossimilhança e ^{ns}: não significativo a 5% e 1% pelo teste do qui-quadrado com 1 grau de liberdade, respectivamente.

Das covariáveis testadas para este estudo, as pressuposições para seu uso e para posterior análise do ajuste do conjunto de dados foram atendidas. Leonardecz-Neto *et al.* (2003) e Pavan *et al.* (2012) informam que quando os pressupostos para análise de covariância não são integralmente satisfatórios, nem sempre se deve descartar a covariável. A escolha adequada do local para realização do experimento, a redução da variância do erro experimental e de blocos são tão ou mais importantes do que o erro associável a covariável. Neste trabalho, optou-se por utilizar apenas covariáveis que atendiam aos pressupostos estatísticos da análise de covariância, ou seja, aquelas nas quais o coeficiente de regressão linear foi significativo ou que apresentaram interação não significativa com os tratamentos (Ishibashi *et al.*, 2017).

3.3.2 Estimativa dos parâmetros genéticos e análise da covariância

Foram estimados os parâmetros genéticos do teste de progênes sem o uso de covariável e com o uso de seis covariáveis (TABELA 3). Após o ajuste para cada covariável foi estimada a autocorrelação espacial pelo teste de dependência de Durbin-Watson. Pode-se observar que apenas pela covariável IF_{MOD} foi possível corrigir o conjunto de dados do teste.

As covariáveis MAT e NV não foram suficientes para correção no sentido entre colunas e entre linhas, pois se mostraram significativas. Já a covariável IC ajustou apenas entre colunas e as covariáveis NV e IF entre linhas. Demonstra-se assim que não existe uma tendência no teste para predizer quais as possíveis causas do efeito de competição. As covariáveis IC e NV resultaram em ρ_C não significativo e ρ_L significativo e positivo, indicando ausência de competição entre linhas e heterogeneidade ambiental entre colunas, respectivamente.

A heterogeneidade ambiental demonstrada pelo teste de Durbin-Watson é expressa numericamente através dos parâmetros genéticos para a covariável IC, pois a σ^2_{parc} aumentou consideravelmente e a σ^2_f diminuiu quase um terço quando comparadas aos dados sem ajuste. Isso é demonstrado através do aumento do coeficiente de determinação dos efeitos da parcela (C^2_{parc}). Assim como Ishibashi *et al.* (2017) também é possível verificar uma alta redução na variância residual dentro da parcela (σ^2_e) demonstrando a razão pela ausência da correlação entre linhas. Através desta covariável observa-se que houve uma diminuição da σ^2_a que aponta que

os dados ajustados diminuíram a variação entre os melhores e piores materiais genéticos e aumentaram consideravelmente a h^2_a .

TABELA 3. COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS, COEFICIENTES DE AUTOCORRELAÇÃO DE RESÍDUOS ENTRE COLUNAS (ρ_C) E ENTRE LINHAS (ρ_L) E VALOR DA ESTATÍSTICA D PARA LINHAS E COLUNAS; COM E SEM USO DA COVARIÁVEL PARA O VARIÁVEL DIÂMETRO A ALTURA DO PEITO (DAP) COM SEUS RESPECTIVOS COEFICIENTES DE REGRESSÃO (β) E VALOR MÉDIO DA COVARIÁVEL (\bar{x}_{COV}) EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* COM 20 ANOS, PLANTADO EM RIO NEGRINHO, NO ESTADO DE SANTA CATARINA

	Sem Ajuste	IC	MAT	M8	NV	IF	IF _{MOD}
σ^2_a	5,84	4,33	5,31	5,81	5,21	5,30	6,02
σ^2_{parc}	0,93	2,35	0,50	0,38	0,14	0,50	0,20
σ^2_e	24,03	6,75	24,46	21,39	22,44	24,45	22,13
σ^2_f	30,80	13,43	30,27	27,58	27,79	30,26	28,35
h^2_a	0,19+/- 0,05	0,32+/- 0,06	0,18+/- 0,05	0,21+/- 0,5	0,19+/- 0,05	0,17+/- 0,05	0,21+/- 0,05
c^2_{parc}	0,03	0,18	0,02	0,01	0,01	0,01	0,01
h^2_{mp}	0,52	0,55	0,52	0,57	0,55	0,51	0,58
A_{Cprog}	0,72	0,74	0,72	0,75	0,74	0,72	0,76
h^2_{ad}	0,15	0,33	0,14	0,17	0,15	0,14	0,17
$CV_{gi\%}$	8,42	7,30	8,04	8,42	7,98	8,03	8,57
$CV_{e\%}$	4,21	3,65	4,02	4,21	3,99	4,01	4,29
CV_r	0,47	0,49	0,70	0,68	0,68	0,50	0,52
u	28,68	28,50	28,67	28,62	28,61	28,67	28,61
ρ_C	-9,98*	-0,66 ^{ns}	-0,06*	-0,04*	-0,05 ^{ns}	-5,52*	-0,03 ^{ns}
d_C	2,13	2,01	2,12	2,08	2,1	2,09	2,07
ρ_L	-14,07*	5,36*	-0,08*	-0,03 ^{ns}	-0,04*	-3,42 ^{ns}	-0,02 ^{ns}
d_L	2,18	1,92	2,17	2,07	2,09	2,07	2,04
β	-	-6,35*	-0,06*	-0,39*	-1,16*	-0,06*	0,65*
\bar{x}_{COV}	-	2,02	20,87	20,73	5,71	20,87	3,25

Fonte: o autor (2019).

Nota: * e ^{ns}: valores significativos e não significativos a 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste de Durbin-Watson.

Onde: IC: índice de competição de Hegyi; MAT: média da autocompetição; M8: média aritmética dos diâmetros das árvores competidoras; NV: número de plantas vizinhas; IF: índice de falhas; IFAJ: índice de falhas ajustado; σ^2_a : variância genética aditiva; σ^2_{parc} : variância ambiental entre parcelas; σ^2_e : variância residual dentro da parcela (ambiental + genética não aditiva); σ^2_f : variância fenotípica individual; h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito; c^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; h^2_{mp} : herdabilidade média de progênie; A_{Cprog} : acurácia da seleção de progênies; h^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro de parcela; $CV_{gi\%}$: coeficiente de variância genotípica; $CV_{e\%}$: coeficiente de variação residual; CV_r : coeficiente de variação relativo; u = Média geral do experimento.

De acordo com Pavan *et al.* (2012) o IC é uma covariável que proporcionou as alterações pronunciadas, o que indica que grande parte da diferenciação dos materiais genéticos em testes de progênies é devida a competição entre e dentro de famílias, fato também observado por Ishibashi *et al.* (2017).

Para a covariável NV a σ^2_{parc} diminuiu consideravelmente comparada aos dados não ajustados e a σ^2_f sofreu uma pequena diminuição, sendo que o c^2_{parc} também diminuiu e conseqüentemente o $CV_{e\%}$ seguiu a mesma tendência com o aumento Ac_{prog} e h^2_a . Em teste de progênies com 10 anos avaliado em quatro locais, dois foram ajustados com esta covariável (Ishibashi *et al.*, 2017) demonstrando assim que a utilização de uma covariável não segue um padrão, sendo necessário testar diferentes covariáveis para cada material genético e local.

A média da autocompetição (MAT) proporcionou uma pequena diminuição das σ^2_a e σ^2_f , a σ^2_{parc} reduziu cerca da metade, o c^2_{parc} diminuiu e o $CV_{e\%}$ manteve-se igual. A obtenção desta covariável detecta apenas a competição intragenotípica mas não corrige a competição intergenotípica. A média dos oito vizinhos mais próximos (M8) manteve a σ^2_a , mas a σ^2_{parc} diminuiu 60% quando comparada com os dados sem ajuste, sendo que a σ^2_f decresceu. O c^2_{parc} diminuiu e o $CV_{e\%}$ manteve-se igual, a h^2_a aumentou ligeiramente, mas embora atue na detecção das competições intra e intergenotípica, não foi satisfatória para este teste.

Com a covariável IF a σ^2_a diminuiu e a σ^2_f se manteve, a σ^2_{parc} reduziu aproximadamente pela metade e conseqüentemente o $CV_{e\%}$ também diminuiu. Coutinho *et al.* (2017) utilizaram esta covariável em progênies de meios-irmãos de *P. taeda* em teste com 8 e 15 anos em três locais, com objetivo de aumentar a acurácia e mitigar os efeitos das árvores vizinhas mortas com o intuito de observar a possibilidade de seleção precoce. Os autores não relatam o teste das pressuposições estatísticas para utilização da covariável, mas observam a necessidade do ajuste do modelo para seus testes.

Com a utilização do IF_{MOD} a σ^2_a apresentou um pequeno aumento, acarretando assim em uma melhor distribuição entre os melhores e piores materiais genéticos. A σ^2_{parc} diminuiu aproximadamente 80% demonstrando uma alta correção dos dados para competição intragenotípica, que acaba se refletindo na melhora do c^2_{parc} que reduziu em 30%. O coeficiente de variação experimental ($CV_{e\%}$) teve um pequeno aumento mas apresentou baixa magnitude e a acurácia da seleção de progênies (Ac_{prog}) aumentou mais que as demais covariáveis testadas, indicando um expressivo controle genético.

A herdabilidade individual no sentido restrito (h^2_a) aumentou de 0,19 para 0,21, sendo considerada de média magnitude. Coutinho *et al.* (2017) realizaram um levantamento sobre esse importante parâmetro genético e relatam que para espécie

P. taeda, 0,14 é um valor referência, os referidos autores verificaram uma variação deste parâmetro entre 0,08 a 0,26 e relatam que a herdabilidade individual diminui o decorrer do desenvolvimento do povoamento, possivelmente devido ao efeito ambiental de competição entre plantas que se expressa mais com o aumento da idade.

Para este material genético, e nesta idade é indicada a utilização da covariável Índice de Falha Modificado que eliminou os efeitos de autocorrelação entre linhas e entre colunas oferecendo maior valor de herdabilidade individual (h^2_a), baixo coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (σ^2_{parc}) e um coeficiente de variação experimental ($CV_{e\%}$) aceitável.

O coeficiente de regressão associado à covariável (β) apresentou valores negativos e significativos para cinco covariáveis (IC, MAT, M8, NV e IF) indicando uma redução para o DAP à medida que a competição intergenotípica aumenta, como observado por Leonardecz Neto *et al.* (2003) e Ishibashi *et al.* (2017). Para este trabalho, a covariável IF_{MOD} foi a única covariável que apresentou valor de β positivo com conseqüente aumento do valor genético predito para DAP.

Dentre as formas de competição inter e intragenotípica, a intergenotípica é a mais importante para testes genéticos, uma vez que aumenta a amplitude entre os materiais assim como o erro entre parcelas. Essa é uma importante contribuição para futuros testes genéticos na seleção de genótipos superiores, pois como a competição influencia no desempenho dos materiais de maneira diferenciada, pode acarretar na supressão de alguns genótipos promissores, ou ainda, na supervalorização de materiais altamente competitivos (PAVAN *et al.*, 2012).

A predição para DAP utilizando a covariável satisfatória (IF_{MOD}) demonstraram um aumento do valor genético predito dos indivíduos, sendo que com o ajuste fenotípico apenas 67% encontraram-se no conjunto de dados originais (TABELA 4) (FIGURA 1). Pode-se observar também que o ordenamento dos dados ajustados sofreu alterações.

A ausência de competição ocasionada pelas falhas subestima os valores do efeito genético predito, sendo que os materiais genéticos próximos a essa falha não conseguem compensar a falta de plantas do mesmo material ou de material genético distinto. Materiais genéticos podem apresentar aptidões diferenciadas aumentando ou não o crescimento ocasionado pela ausência de competição nas falhas (PAVAN *et al.*,

2012). Esse comportamento foi detectado neste teste de progênies para idade de 20 anos, o que Ishibashi *et al.* (2017) verificaram em teste com 10 anos em quatro locais.

TABELA 4. CLASSIFICAÇÃO DOS TRINTA MELHORES INDIVÍDUOS POR EFEITOS GENÉTICOS PARA DIÂMETRO A ALTURA DO PEITO (DAP) SEM E COM AJUSTE E PARA ÍNDICE DE FALHA MODIFICADO EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* COM 20 ANOS, PLANTADO EM RIO NEGRINHO, NO ESTADO DE SANTA CATARINA

SEM AJUSTE				COM AJUSTE			
BL	FAM	ARV	a	BL	FAM	ARV	a
3	94	1	5,4248	3	94	1	6,1684
4	91	3	4,7089	5	94	5	5,0368
5	94	5	4,1121	4	91	3	4,6095
5	76	5	3,9721	2	94	5	4,3443
3	74	1	3,7385	3	94	4	4,2543
1	53	2	3,7280	5	76	5	4,0964
3	94	4	3,6836	5	94	3	3,9578
1	110	3	3,6711	2	94	4	3,9065
2	46	3	3,6013	1	57	3	3,9040
1	118	4	3,5469	4	94	2	3,7999
2	94	5	3,5022	3	94	2	3,7952
2	10	3	3,4898	1	94	4	3,7791
2	94	4	3,3558	3	74	1	3,7140
1	68	5	3,3488	5	94	1	3,6343
4	118	1	3,3335	3	94	5	3,6046
4	94	2	3,3038	1	22	2	3,5868
2	118	4	3,2969	5	94	2	3,5401
3	94	2	3,2660	2	10	3	3,4668
1	116	5	3,2529	3	37	3	3,4450
1	94	4	3,2347	5	94	4	3,3818
1	118	1	3,2033	1	53	2	3,3664
1	57	3	3,1802	1	68	5	3,3434
4	118	5	3,1609	5	19	3	3,3379
5	94	3	3,1305	4	94	4	3,3079
4	94	4	3,1081	3	46	5	3,1789
5	118	3	3,0640	2	46	3	3,1542
2	30	3	3,0512	2	3	5	3,1461
5	10	3	3,0430	1	94	2	3,1142
3	94	5	3,0210	3	80	2	3,0937
1	22	2	3,0100	5	10	3	3,0674

Fonte: o autor (2019),

Onde: BL: bloco; FAM: família; ARV: árvore; a: efeito genético predito,

Resende *et al.*, (2016) estudando povoamentos comerciais de clones de eucalipto constataram que um determinado clone replicado, embora seja material

genético idêntico, demonstra o potencial de competição diferenciado quando comparado a outros clones, o que pode ser decorrente do espaçamento entre plantas das árvores e características ambientais específica.

FIGURA 1, DETALHE DO TESTE DE PROGÊNIES EM QUE DEMONSTRA OS INDIVÍDUOS QUE SERIAM SELECIONADOS ANTES DO AJUSTE, APÓS O AJUSTE E QUE PERMANECERAM SELECIONADOS APÓS O AJUSTE DOS DADOS

0	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
X	X	X	0	X	X	X	0	0	X	X	X	0	X	X	0	0	X	0	X
X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	0	X	X
X	0	X	X	0	X	X	X	0	X	X	X	X	X	X	0	X	X	0	X
X	X	X	X	0	X	X	X	X	X	X	X	X	X	0	X	X	0	X	X
0	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	0	0	X
X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	0	0	X	X
X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	0	0	0	0	X	X	X	X
0	0	X	0	0	X	X	X	X	X	X	0	X	X	X	X	X	X	X	0
X	X	X	X	X	X	X	X	0	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	0
X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	0	X	X	X	0	X
X	X	0	0	0	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X

Legenda

0	Falha
X	Indivíduo selecionado após o ajuste
X	Indivíduo selecionado antes e após o ajuste
X	Indivíduo selecionado antes do ajuste

Fonte: o autor (2019),

No presente trabalho foi utilizado o espaçamento de 2,5 x 2,5 m, semelhante a Ishibashi *et al.*, (2017) que utilizaram espaçamento de 2,5 x 2m em estudo de competição iniciado aos 10 anos. Os autores encontraram que a mortalidade não foi determinante no experimento e uma hipótese a ser verificada em estudos futuros é a observação do efeito de competição em diferentes espaçamentos para os mesmos materiais genéticos, uma vez que o espaçamento pode atuar diretamente sobre os componentes de variância e parâmetros genéticos.

Belaber *et al.*, (2018) utilizaram um modelo misto espacial autoregressivo para estimar parâmetros genéticos de 429 famílias de polinização aberta de *P. elliotii* e ajuste de valores fenotípicos. Os autores observaram considerável melhora dos dados

após o ajuste, pois as análises espaciais reduziram significativamente a variação residual, fato também observado por Ye e Jayawickrama (2008) e Cappa *et al.*, (2015).

Nunes *et al.*, (2018) estudando um teste clonal de eucalipto em *single tree-plot* nas fases iniciais e parcelas quadradas nas fases finais, observaram que o efeito de competição atua diretamente sobre os indivíduos na fase final. Sendo assim, avaliação do efeito de competição deve ser realizada em testes genéticos e clonais para assegurar uma seleção genética adequada e eficiente. De acordo com os autores esse ajuste para competição deve ocorrer nas fases finais do ciclo de rotação da espécie de estudo, corroborando com as afirmações propostas pelo presente trabalho. Logo, ajustes de modelos fenotípicos devem ser priorizados dentro das estratégias envolvidas nos programas de melhoramento para assegurarem os ganhos genéticos preditos para a próxima geração.

3.4 CONCLUSÃO

O efeito de competição atua na idade de 20 anos neste teste de progênes de *P. taeda*. O ajuste é efetivo com a utilização da covariável Índice de Falha Modificado.

O ajuste de modelos fenotípicos auxilia na eficiência da seleção dos melhores materiais genéticos com correta seleção para a próxima geração de melhoramento.

3.5 REFERÊNCIAS

ALVARES, C. A.; STAPE, J. L.; SENTELHAS, P. C.; de MORAES, G.; LEONARDO, J.; SPAROVEK, G. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v. 22, n. 6, p. 711-728, 2013.

BELABER, E.C.; GAUCHAT, M.E.; RODRÍGUEZ, G.H.; BORRALHO, N.M.; CAPP, E.P. Estimation of genetic parameters using spatial analysis of *Pinus elliottii* Engelm. var. *elliottii* second-generation progeny trials in Argentina. **New Forests** (2018).

BOGNOLA, I.A.; RIBEIRO JUNIOR, P.J.; SILVA, E.A.A.; LINGNAU, C.; HIGA, A.R. Modelagem uni e bivariada da variabilidade espacial de rendimento de *Pinus taeda* L. **Floresta**, v. 38, n. 2, p. 373-385, 2008.

CAPPA, E. P., STOEHR, M. U., XIE, C. Y., & YANCHUK, A. D. 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. 6, p. 102, 2016.

CAPPA, E.P.; YANCHUK, A.D.; CARTWRIGHT, C.V. Estimation of genetic parameters for height using spatial analysis in *Tsuga heterophylla* full-sibling family trials in British Columbia. **Silvae Genetic**, v. 64, p.59–73. 2015.

COSTA, R.B.; RESENDE, M.D.V.; GONÇALVES, P.S.; CHICHORRO, J.F.; ROA, R.A.R. Variabilidade genética e seleção para caracteres de crescimento da seringueira. **Bragantia**, Campinas, v.67, n.2, p.299-305, 2008.

COUTINHO, R.T.; BESPALHOK FILHO, J.C.; FRITSCH NETO, R.; CAROLINE FRIZZO, C. Viabilidade da seleção precoce de *Pinus taeda* L. em diâmetro a altura do peito em programa de melhoramento genético. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 45, n. 113, p. 205-219, 2017.

EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Solos. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília: EMBRAPA-SPI; Rio de Janeiro: EMBRAPA-CNPS, 2006. 2ª ed.rev.306p.

FARIAS NETO, J.T.F.; CLEMENT, C.R.; RESENDE, M.D.V. Estimativas de parâmetros genéticos e ganho de seleção para produção de frutos em progênies de polinização aberta de pupunheira no Estado do Pará, Brasil. **Bragantia**, v.72, n.2, p.122-126, 2013.

ISHIBASHI, V.; MARTINEZ, D.T.; HIGA, A.R. Phenotypic models of competition for *Pinus taeda* L. genetic parameters estimation. **Cerne**, v.23, n.3, p. 349-358, 2017.

LEONARDECZ-NETO, E.; VENCOVSKY, R.; SEBBENN, A. M. Ajuste para a competição entre plantas em teste de progênies e procedências de essências florestais. **Scientia Forestalis**, n. 63, p. 136-149, 2003.

MARTINEZ, D.T.; RESENDE, M. D. V.; COSTA, R. B. da; HIGA, A. R.; SANTOS, G. A. dos; FIER, I. S. N. Estudo da interação genótipo x ambiente em progênies de *Pinus taeda* por meio da análise de parâmetros genéticos. **Floresta**, v. 42, n. 3, p. 539 - 552, 2012.

NUNES, A.C.P.; SANTOS, O.P.; SANTOS, G.A.; RESENDE, M.D.V. Statistical strategies design based on competition classes of Eucalyptus clones. **Industrial Crops & Products**, v. 124, p. 66 -73, 2018.

PALLANT, J. **SPSS survival manual: A step by step guide to data analysis using SPSS**. Maidenhead, 2010. 354 p.

PAVAN, B. E.; DE PAULA, R. C.; PERECIN, D.; CANDIDO, L. S.; SCARPINATI, E. A. Efeito competitivo em testes de progênies de eucalipto. **Ciência Florestal**, v. 22, n. 3, p. 433-443, 2012.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 3ª Ed. Lavras: Editora UFLA, 2012. 305 p.

RESENDE, M. D. V. **Selegen-Reml/Blup: Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 361 p.

RESENDE, M.D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b. 362p.

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 Genetics & Genomes**, v. 4, n. 4, p. 677–692, 2008.

4 VIABILIDADE DE SELEÇÃO PRECOCE DE *Pinus taeda* L PARA VARIÁVEIS DE CRESCIMENTO EM TESTE DE PROGÊNIES

RESUMO

Programas de melhoramento genético de espécies florestais demandam um grande período até que as plantas atinjam idade adequada de seleção de genótipos superiores, sendo esse um fator crítico no processo seletivo. Assim, objetivou-se estimar parâmetros genéticos em idade juvenil e adulta (seis, 10 e 20 anos), verificar a correlação genética entre as variáveis nas diferentes idades e nas idades; e determinar se na idade juvenil é possível realizar a seleção precoce com eficiência. O teste foi implantado em 1997 com 120 progênies em delineamento de blocos casualizados, com cinco repetições, parcelas lineares de cinco plantas e espaçamento 2,5m x 2,5m. Aos seis, 10 e 20 anos foi realizada mensuração do DAP (cm), ALT (m) e VOL (m³) de todos os indivíduos do teste. As estimativas de componentes de variância, parâmetros genéticos, correlação genética entre variáveis e entre idades foram efetuados utilizando o software Selegen REML/BLUP®. As estimativas dos parâmetros genéticos demonstraram superioridade aos 10 anos em relação aos seis e 20 anos. A variável DAP demonstrou alta correlação genética com altura e volume (VOL), sendo que a correlação genética entre DAP x VOL demonstrou-se de alta magnitude (0,98) aos 10 anos de idade. A correlação genética entre idades, demonstrou que aos 10 anos, temos correlações de média magnitude com seis e 20 anos. A seleção precoce é indicada para 10 anos, para ciclos de 20 anos, sendo que nesta idade temos maior eficiência de seleção para a predição de ganhos em relação à idade adulta.

Palavras-chave: parâmetros genéticos. REML/BLUP. idade juvenil. seleção individual.

FEASIBILITY OF EARLY SELECTION OF *Pinus taeda* L FOR GROWTH TESTING VARIABLES FOR PROGENES

ABSTRACT

Genetic improvement programs of forest species take a long time before the plants reach the appropriate age of selection of superior genotypes, which is a critical factor in the selection process. Thus, we aimed to estimate genetic parameters in juvenile and adult age (six, 10 and 20 years), to verify the genetic correlation between the variables at different ages and ages; and determine whether at an early age it is possible to perform early selection effectively. The test was implemented in 1997 with 120 progenies in a randomized block design with five replications, linear plots of five plants and 2,5m x 2,5m spacing. At six, 10 and 20 years, DBH (cm), HGT (m) and VOL (m³) measurements were performed for all test subjects. Estimates of variance components, genetic parameters, genetic correlation between variables and between ages were made using Selegen REML / BLUP® software. Estimates of genetic parameters showed superiority at 10 years compared to six and 20 years. The variable DBH showed high genetic correlation with height and volume (VOL), and the genetic correlation between DBH x VOL was high magnitude (0,98) at 10 years of age. The genetic correlation between ages showed that at 10 years of age we have medium magnitude correlations with six and 20 years. Early selection is indicated for 10 years, for 20-year cycles, and at this age we have greater selection efficiency for predicting gains relative to adulthood.

Keywords: genetic parameters. REML / BLUP. juvenile age. individual selection.

4.1 INTRODUÇÃO

A área de árvores plantadas no Brasil totalizou 7,84 milhões de hectares em 2016 com crescimento de 0,5% em relação ao ano de 2015 devido exclusivamente ao aumento das áreas com eucalipto. As áreas com pinus nos últimos cinco anos vêm caindo a uma taxa de 0,7% a.a. devido, principalmente, à substituição por plantio de eucalipto nos estados onde está cultura não é tradicional. Nos Estados da região sul do Brasil que possuem melhores condições de solo e clima, a área com plantios de pinus tem se mantido constante neste período (IBÁ, 2017). De acordo com a Associação Catarinense de Empresas Florestais (2016) Santa Catarina detém 660,7 mil hectares com florestas plantadas, o que coloca o estado como o 6º maior no país, sendo que a grande maioria destas (82%, ou equivalente a 541,2 mil ha) é com espécies do gênero *Pinus*. Segundo a IBÁ (2017) a taxa de crescimento média deste gênero é de 30,5 m³/ha.ano no Brasil, sendo considerada referência mundial no quesito produtividade.

O melhoramento genético da espécie *Pinus taeda* no Brasil vem sendo conduzido desde a década de 1960 por empresas florestais, instituições públicas federais e estaduais e universidades que resultaram em um aumento substancial em produtividade (AGUIAR *et al.*, 2011). O programa de melhoramento genético da Mobasa (Modo Battistella Reflorestamento S.A.), teve seu início na década de 70 e foi o pioneiro do Brasil no intuito de produção de sementes melhoradas de *P. taeda*, com enfoque em seleção individual para produtividade.

Altas taxas de ganho genético foram obtidas para a produção volumétrica de caracteres em *Pinus* e tem sido possível produzir florestas com fustes mais retos, menor número de bifurcações e menor número de galhos grossos, o que leva a uma melhor utilização industrial da madeira, especialmente para fabricação de móveis (ASSIS; RESENDE, 2011).

Em programas de melhoramento genético de espécies perenes é importante o conhecimento do controle genético de caracteres de interesse, nas diversas etapas de avaliação das progênies com o propósito de definir a melhor estratégia de melhoramento e de ganho genético com a seleção (FARIAS NETO *et al.*, 2012). O tempo é um fator crítico, pois a exploração envolve ciclos longos, demorados e onerosos (BELTRAME *et al.*, 2012).

A estratégia mais comum nos programas de melhoramento de espécies de *Pinus* tem sido a seleção recorrente intra-populacional, mas os cruzamentos controlados intra-específicos também se tornaram uma prática comum em alguns programas (ASSIS; RESENDE, 2011). São necessárias alternativas que visam à diminuição do tempo para que se complete uma geração de melhoramento e é vantajoso aos programas de melhoramento praticar seleção de genótipos superiores com base nos primeiros anos de produção. Uma das alternativas encontradas é o emprego da seleção precoce (MASSARO *et al.*, 2010).

Para verificar a eficiência da seleção precoce através dos ganhos indiretos que teremos na idade juvenil em relação a idade adulta, é importante verificar a correlação genética entre as variáveis no decorrer do tempo. Essa projeção de ganhos no curto prazo deve ser avaliada criteriosamente para sua execução e efetivo ganho na idade adulta. Isso é possível pelo fato das variáveis diâmetro, altura e volume apresentarem correlações significativas entre si em diferentes idades, o que viabiliza a eficiência na seleção precoce do material genético (MASSARO *et al.*, 2010).

A hipótese desse estudo é que se existe correlação genética entre variáveis de crescimento, é possível estimar a correlação entre idades juvenil e adulta para determinar o melhor período para a seleção precoce. Sendo assim, os objetivos foi estimar parâmetros genéticos em idade juvenil e adulta (seis, 10 e 20 anos), verificar a correlação genética entre as variáveis nas diferentes idades; e determinar se na idade juvenil é possível realizar a seleção precoce com eficiência.

4.2 MATERIAL E MÉTODOS

4.2.1 Área experimental e material genético

O teste está localizado no município Rio Negrinho, no Estado de Santa Catarina, em região de Planalto Norte. O clima é classificado como Cfb segundo Köppen, subtropical úmido com verão ameno, sem estação seca e com geadas severas frequente (ALVARES *et al.*, 2013). A temperatura média anual varia de 15,5° C a 17,0° C. No mês mais quente (janeiro) a temperatura média oscila de 20° C a 22° C e no mês de julho (mais frio) a temperatura média varia de 12° C a 14° C (BOGNOLA *et al.*, 2008). O tipo de solo é cambissolo húmico alumínico típico (EMBRAPA, 2006).

O teste de progênies foi instalado com delineamento em blocos ao acaso com 120 progênies, com cinco repetições e parcelas lineares com 5 plantas no espaçamento de 2,5 m x 2,5 m. O material genético utilizado é proveniente de um Pomar Clonal (rametes) e o teste (sementes) instalado em 1997 com 19 procedências da Flórida, 41 de Geórgia, 27 de Louisiana e 28 de Zimbábue, além de cinco testemunhas comerciais. Aos seis, 10 e 20 anos foi efetuada a mensuração direta da variável diâmetro à altura do peito (DAP, cm) e altura (m) de todos os indivíduos e com esses dados foi estimado o volume das árvores com casca através da seguinte expressão:

$$\text{Volume}_{cc} = \frac{\pi (DAP)^2 \times \text{Altura}}{40000} \times ff$$

Onde:

Volume_{cc} = volume da árvore com casca em metro cúbico;

DAP = diâmetro a altura do peito (1,30 m do solo) em centímetros;

Altura = altura total da árvore em metros, e;

ff = fator de forma da árvore.

4.2.2 Estimativa de parâmetros genéticos

As análises genéticas dos testes de progênies foram efetuadas com o auxílio do *software* SELEGEN – REML/BLUP®. Para seleção de indivíduos e genitores em progênies de meios irmãos no delineamento utilizado foi utilizado o modelo estatístico 1 (RESENDE, 2016):

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

em que:

y: vetor de dados;

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

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

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

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

Distribuição e estruturas de médias e variâncias (RESENDE, 2000):

$$y|b, V \sim N(Xb, V)$$

$$a|A, \sigma_a^2 \sim N(0, A\sigma_a^2)$$

$$c|\sigma_c^2 \sim N(0, I\sigma_c^2)$$

$$e|\sigma_e^2 \sim N(0, I\sigma_e^2)$$

$Cov(a, c') = 0$; $Cov(a, e') = 0$; $Cov(c, e') = 0$, ou seja:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ ce \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \text{ e } Var \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZG & WC & R \\ GZ' & G & 0 & 0 \\ CW' & 0 & C & 0 \\ R & 0 & 0 & R \end{bmatrix} \text{ em que:}$$

$$G = A\sigma_a^2$$

$$R = I\sigma_c^2$$

$$C = I\sigma_e^2$$

$$V = ZA\sigma_a^2Z' + WI\sigma_c^2W' + I\sigma_e^2 = ZGZ' + WCW' + R$$

Equações do modelo misto:

$$\begin{bmatrix} XX' & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix} \text{ em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1 - h^2 - c^2}{h^2}; \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_c^2} = \frac{1 - h^2 - c^2}{c^2}$$

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

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

σ_a^2 = variância genética aditiva;

σ_c^2 = variância entre parcelas;

σ_e^2 = variância residual (ambiental dentro de parcelas + não aditiva);

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

A = matriz de correlação genética aditiva entre indivíduos em avaliação;

I = matriz identidade;

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

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

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

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

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

Neste modelo, os componentes de média (BLUP individual) resultam na classificação individual e por progênies de acordo com os valores genéticos aditivos preditos, este modelo resulta nos seguintes componentes de variância (REML individual) (RESENDE, 2007):

σ^2_a : variância genética aditiva;

σ^2_{parc} : variância ambiental entre parcelas;

σ^2_e : variância residual dentro de parcelas (ambiental + genética não aditiva);

σ^2_f : variância fenotípica individual;

h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito no bloco (efeitos aditivos);

h^2_{aj} : herdabilidade individual no sentido restrito, ajustada para os efeitos de parcela;

c^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

h^2_{mp} : herdabilidade da média de progênie;

AC_{prog} : acurácia da seleção de progênies e genitores;

h^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro da parcela;

$CV_{gi\%}$: coeficiente de variação genética aditiva individual;

$CV_{gp\%}$: coeficiente de variação genotípica entre progênies;

$CV_{e\%}$: coeficiente de variação residual;

CV_r : coeficiente de variação relativa (CV_{gp}/CV_e);

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênie;

SEP: desvio padrão do valor genotípico predito de progênie,

4.2.3 Análise de deviance

Para testar a significância dos efeitos aleatórios do modelo realizou-se a análise de deviance (ANADEV), empregando-se o teste da razão da máxima verossimilhança (LTR) cuja significância foi avaliada pelo teste qui-quadrado com um grau de liberdade. O LTR substitui a ANOVA e o teste F da análise de variância nos casos de modelos com dados desbalanceados (RESENDE, 2016).

4.2.4 Correlações genéticas entre as variáveis de crescimento e idades

Foram efetuadas correlações genéticas para as variáveis DAP, ALT e VOL com finalidade de nortear as estratégias de melhoramento bem como a correlação entre idades. As correlações foram estimadas conforme descrito abaixo por Pires *et al*, (2011). Para a análise foi empregado o modelo 1 do programa SELEGEN REML/BLUP.

As análises de correlações genéticas, realizada para caracteres de crescimento (DAP, ALT e VOL), foram baseadas na seguinte expressão:

$$ra(x,y) = \frac{COVa(x,y)}{\sigma ax \sigma ay}$$

Em que:

$ra(xy)$: correlação genética aditiva entre caracteres x e y;

COV : covariância genética aditiva entre os caracteres x e y;

σax : desvio padrão genético aditivo para o caráter x, e;

σay : desvio padrão genético aditivo para o caráter y.

4.2.5 Formação de pomares de sementes

Nas três idades foram aplicadas intensidades de seleção apenas para os indivíduos com valor genético aditivo positivo, ou seja, que poderiam representar ganho genético em relação à população base.

Para formação de pomares de sementes aplicaram-se intensidades de seleção decrescentes, sendo que para seis anos foram utilizadas sete intensidades (5%, 8%, 10%, 15%, 20%, 30% e 45%) para 10 anos, cinco (5%, 8%, 10%, 15% e

20%) e para 20 anos, três intensidades (5%, 8% e 10%). Com restrição de cinco indivíduos por família.

4.2.6 Tamanho efetivo populacional (N_e)

Para cálculo do tamanho efetivo populacional foi utilizada a expressão para seleção em populações experimentais monóicas alógamas com variados números de indivíduos selecionados por família de meios irmãos, onde N_f é o número de famílias selecionadas, K_f é o número médio de indivíduos selecionados por família (RESENDE, 2015).

$$N_e = \frac{4N_f, K_f}{K_f + 3}, \text{ em que:}$$

N_e = Tamanho efetivo populacional;

N_f = Número de famílias selecionadas; e

K_f = número de indivíduos selecionados por família.

4.2.7 Ganho genético

O cálculo do ganho genético foi efetuado conforme a equação:

$$G_{\%} = (\bar{a}_s / \bar{\mu}) \times 100, \text{ em que:}$$

\bar{a}_s = Média do valor genético dos indivíduos selecionados e,

μ = Média do teste.

4.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

De acordo com os resultados das estimativas dos parâmetros para DAP (TABELA 4), pode-se observar que a σ^2_a (variância genética aditiva) aos seis anos apresentou o menor valor, sendo seu maior valor aos 10 anos, com uma pequena diminuição aos 20 anos. Para o melhoramento florestal este parâmetro é importante pois é o componente que se transmite à descendência, ou seja, às progênies.

Em uma população sob seleção é importante observar o declínio deste parâmetro, pois ele ocorre devido ao aumento da endogamia e a movimentos direcionais nas frequências gênicas, refletindo no aumento da média genética dessa

população (REIS *et al.*, 2009). De acordo com Ishibashi *et al.*, (2017) este parâmetro apresentou valores que variavam de 0,377 a 3,201.

TABELA 4. COMPOENTES DA VARIÂNCIA E ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS DA VARIÁVEL DAP (cm) DE UM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* AOS SEIS, 10 E 20 ANOS EM RIO NEGRINHO, ESTADO DE SANTA CATARINA.

Parâmetros	Idade (anos)		
	Seis	Dez	Vinte
σ^2_a	2,7562	9,2688	6,0108
σ^2_{parc}	0,5228	0,5316	0,1989
σ^2_e	6,1319	13,1437	22,1419
σ^2_f	9,4110	22,9441	28,3516
h^2_a	0,2929 +/- 0,06	0,4040 +/- 0,07	0,2120 +/- 0,05
h^2_{ajus}	0,3101	0,4136	0,2135
c^2_{parc}	0,0556	0,0232	0,0070
h^2_{mp}	0,6144	0,7180	0,5761
Ac_{prog}	0,7838	0,8473	0,7590
h^2_{ad}	0,2521	0,3459	0,1692
$CV_{\text{gi}\%}$	8,9129	13,5964	8,5683
$CV_{\text{gp}\%}$	4,4565	6,7982	4,2842
$CV_{\text{e}\%}$	7,8951	9,5268	8,2177
CV_r	0,5645	0,7136	0,5213
PEV	0,2657	0,6535	0,6370
SEP	0,5155	0,8084	0,7981
u	18,6267	22,3918	28,6135

Fonte: o autor (2019).

Nota: σ^2_a : variância genética aditiva; σ^2_{parc} : variância ambiental entre parcelas; σ^2_e : variância residual dentro da parcela (ambiental + genética não aditiva); σ^2_f : variância fenotípica individual; h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito; h^2_{ajus} : herdabilidade individual no sentido restrito, ajustada para os efeitos de parcela; c^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; h^2_{mp} : herdabilidade média de progênie; Ac_{prog} : acurácia da seleção de progênies; h^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro de parcela; $CV_{\text{gi}\%}$: coeficiente de variação genética aditiva individual; $CV_{\text{gp}\%}$: coeficiente de variação genotípica entre progênies; $CV_{\text{e}\%}$: coeficiente de variação residual; CV_r : coeficiente de variação relativo; PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênie, assumindo sobrevivência completa; SEP: desvio padrão do valor genotípico predito de progênie, assumindo sobrevivência completa; u = Média geral do experimento.

Além disso, também pode-se esperar uma diminuição na herdabilidade a cada geração. A herdabilidade individual restrita encontrada foi de 0,21 a 0,40 sendo que Ishibashi *et al.*, (2017) observaram valores de 0,12 a 0,26, o que significa que uma vez utilizado material proveniente de um PCS de 1ª geração, é notório que a população possa estar atingindo um gargalo seletivo.

A h^2_a (herdabilidade individual no sentido restrito) explica o quanto do genótipo está sendo expresso no fenótipo, e de acordo com Resende (2015) temos três classes de magnitude: baixa, quando a variação é $0,01 \leq h^2_a \leq 0,15$; média ou moderada, quando $0,15 < h^2_a < 0,50$ e alta, na condição de $h^2_a \geq 0,50$. Aos seis, 10 e 20 anos encontramos herdabilidades individuais de média magnitude, sendo o maior valor observado para os 10 anos do teste (0,40). Ishibashi *et al.*, (2017) encontraram valores que variaram de 0,24 a 0,43, já Coutinho *et al.*, (2017) visando seleção precoce em teste de progênies no Estado do Paraná com oito e 15 anos, encontrou valores de herdabilidade variando de 0,08 a 0,26.

No decorrer do desenvolvimento do teste o valor desse parâmetro diminui no último período de avaliação, possivelmente decorrente do efeito de competição entre as plantas. Selecionar indivíduos quando apresentam o máximo de valor de herdabilidade pode ser um direcionamento no processo seletivo para maximizar os ganhos genéticos da população, desde que a idade de seleção seja altamente correlacionada com a idade de colheita.

A herdabilidade ajustada (h^2_{ajus}) indica a acurácia dos valores obtidos para a herdabilidade individual dos efeitos aditivos no sentido restrito, demonstrando a eficiência deste cálculo de ajuste no experimento. Os valores encontrados foram muito próximos nos três períodos avaliados, pois para seis anos houve uma variação de 5,8%, para 10 anos 2,4% e 20 anos 0,7% de variação da herdabilidade individual.

O c^2_{parc} (coeficiente de determinação dentro da parcela) variou de 5,56% aos seis anos, 2,32% aos 10 anos e 0,07% aos 20 anos após o ajuste do modelo fenotípico, sendo que este parâmetro é uma medida da qualidade experimental. Valores baixos do coeficiente de determinação dentro da parcela significam baixa variabilidade entre parcelas e dentro dos blocos, e baixa correlação ambiental entre as observações na parcela. Assim, a variabilidade ambiental entre parcelas dentro dos blocos e a correlação ambiental entre observações dentro da parcela, foram baixas.

Ac_{prog} (acurácia da seleção de progênies) obtida aos seis anos (0,7838) apresentou seu valor máximo aos 10 anos (0,8430) e o menor valor aos 20 anos de idade (0,7590), sendo que este parâmetro representa a qualidade das informações preditas. Essa medida está associada à precisão da seleção e refere-se à correlação entre valores genéticos preditos e verdadeiros dos indivíduos. Quanto maior a acurácia seletiva na avaliação de um indivíduo, maior é a confiança no valor genético predito para o indivíduo (PIMENTEL *et al.*, 2014).

O $CV_{gi\%}$ (coeficiente de variação genética aditiva individual) apresentou seu maior valor aos 10 anos (13,60%) mostrando que essa tendência se repete para o $CV_{e\%}$ (coeficiente de variação experimental) (9,53%) e CV_r (coeficiente de variação relativa), sendo estes parâmetros importantes para quantificar a variação genética dentro do experimento passível de seleção no programa de melhoramento genético e a variação da característica dentro do teste.

Para a variável altura (TABELA 5) a σ^2_{parc} apresentou seu menor valor (0,2918) aos 10 anos, sendo que aos seis anos (0,4165) foi menor que aos 20 anos (0,4633) e as maiores variações observadas dentro da parcela. Esse fato pode estar diretamente relacionado ao maior número de falhas no teste nesta idade, que acaba por representar uma maior variação deste parâmetro genético. É importante ressaltar que o mesmo padrão foi observado para DAP, o que sugere que aos 10 anos, para esse conjunto de dados, temos a maior potencialidade da variância genética aditiva. A σ^2_{parc} (variância ambiental entre parcelas) acompanha essa tendência, sendo o melhor valor encontrado para a avaliação do décimo ano.

O c^2_{parc} aos seis anos foi de 0,25 sendo que aos 10 anos reduziu-se pela metade (0,13) e manteve-se com um valor ligeiramente abaixo aos 20 anos. Este parâmetro reflete a qualidade experimental e valores maiores que 10% indicam que houve heterogeneidade ambiental dentro das parcelas. Recomenda-se, nesse caso, a diminuição do número de plantas por parcela e o aumento dos blocos (KUBOTA *et al.*, 2015).

De acordo com Coutinho *et al.* (2017) a herdabilidade para altura de árvores varia entre 0,18 a 0,37. A h^2_a (TABELA 5), apresentou estimativa de 0,41 aos 10 anos de idade, sendo o melhor valor quando comparado aos seis (0,38) e 20 anos (0,05). De acordo com Resende (2015) a herdabilidade no decorrer do tempo apresentou intensidade de moderada a baixa. Martinez *et al.*, (2012) encontraram variação de 0,09 a 0,53 para teste de progênies de *P. taeda* com seis anos de idade. A herdabilidade ajustada apresentou uma variação aproximada de 32% aos seis anos, 13% aos 10 e 10% aos 20 anos.

TABELA 5. COMPONENTES DA VARIÂNCIA E ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS DA VARIÁVEL ALT (m) DE UM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* AOS SEIS, 10 E 20 ANOS EM RIO NEGRINHO, ESTADO DE SANTA CATARINA.

Parâmetros	Idades (anos)		
	Seis	Dez	Vinte
σ^2_a	0,6405	0,9348	0,2109
σ^2_{parc}	0,4165	0,2918	0,4633
σ^2_e	0,5998	1,0220	3,2009
σ^2_f	1,6568	2,2485	3,8750
h^2_a	0,3866 +/- 0,07	0,4157 +/- 0,07	0,0544 +/- 0,03
h^2_{ajus}	0,5164	0,4777	0,0618
c^2_{parc}	0,2514	0,1298	0,1196
h^2_{mp}	0,5587	0,6474	0,1884
Ac_{prog}	0,7474	0,8046	0,4341
h^2_{ad}	0,4447	0,4069	0,0471
$CV_{\text{gi}\%}$	6,9668	5,7798	1,5652
$CV_{\text{gp}\%}$	3,4834	2,8899	0,7826
$CV_{\text{e}\%}$	6,9229	4,7689	3,6315
CV_r	0,5032	0,6060	0,2155
PEV	0,0707	0,0824	0,0428
SEP	0,2658	0,2871	0,2068
u	11,4880	16,7278	29,3373

Fonte: o autor (2019).

Nota: σ^2_a : variância genética aditiva; σ^2_{parc} : variância ambiental entre parcelas; σ^2_e : variância residual dentro da parcela (ambiental + genética não aditiva); σ^2_f : variância fenotípica individual; h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito; h^2_{ajus} : herdabilidade individual no sentido restrito, ajustada para os efeitos de parcela; c^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; h^2_{mp} : herdabilidade média de progênie; Ac_{prog} : acurácia da seleção de progênies; h^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro de parcela; $CV_{\text{gi}\%}$: coeficiente de variação genética aditiva individual; $CV_{\text{gp}\%}$: coeficiente de variação genotípica entre progênies; $CV_{\text{e}\%}$: coeficiente de variação residual; CV_r : coeficiente de variação relativo; PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênie, assumindo sobrevivência completa; SEP: desvio padrão do valor genotípico predito de progênie, assumindo sobrevivência completa; u = Média geral do experimento.

Já a acurácia da seleção de progênies (Ac_{prog}) aos seis anos foi de 0,74, aos 10 anos 0,80 e aos 20 anos 0,43. Observa-se aqui um declínio do parâmetro na última medição, sendo que a herdabilidade também sofreu um decréscimo expressivo. A média geral para altura foi de 29,33 m e por esses parâmetros serem importantes na tomada de decisão no processo de seleção é necessário rever as metodologias utilizadas na execução das medidas desta variável.

O $CV_{\text{gi}\%}$ apresentou valor mínimo de 1,56% aos 20 anos, 5,78% aos 10 anos e 6,97% aos seis anos, o que demonstra uma baixa variabilidade passível de seleção

no ciclo final de rotação. Quanto maior o valor de $CV_{gi\%}$, maior as chances de se encontrar indivíduos superiores ou com maiores valores para a característica (MIRANDA *et al.*, 2015). Observa-se assim, um baixo potencial para a seleção individual e entre progênies (CV_{gp}) para a variável altura neste teste. Existe um padrão que se repete do $CV_{gi\%}$ para o $CV_{e\%}$ e CV_r para esta variável, sendo que o coeficiente de variação experimental se apresentou baixo para todas as idades.

Para o volume (TABELA 6) a variância ambiental entre parcelas (σ^2_{parc}) apresentou baixos valores para todas as idades, sendo que aos 10 anos (0,0003) foi observado o menor valor corroborando com o c^2_{parc} . Já o coeficiente de variação experimental ($CV_{e\%}$) foi maior para os seis anos de idade (21,12%) e com a menor variação aos 20 anos (16,98%). Valores de coeficiente de variação experimental na ordem de 10% a 20% podem ser considerados baixos para experimentos onde ocorre competição entre plantas (PIMENTEL-GOMES; GARCIA, 2002). Para 10 anos o coeficiente foi de 19,31%, sendo um valor aceitável para as condições do experimento. A acurácia de seleção foi de melhor representada aos 10 anos de idade (0,8046) e para as demais idades, os valores obtidos também são passíveis de seleção de materiais genéticos de alto potencial produtivo.

Valores próximos do coeficiente de variação genética aditiva individual ($CV_{gi\%}$) foram encontrados para seis (18%) e 20 anos (18,31%), sendo que aos 10 anos (25,42%) este parâmetro foi superior em 40% comparado às idades dos limites da análise. Essa superioridade também foi observada para o coeficiente de variação genotípica entre progênies (CV_{gp}). A herdabilidade individual do sentido restrito (h^2_a) foi de 0,33 aos 10 anos de idade, apresentando-se dentro da tendência dos outros parâmetros, ou seja, superior aos seis e 20 anos.

A herdabilidade média de progênie (h^2_{mp}) foi de 0,48; 0,68 e 0,59 para seis, 10 e 20 anos, respectivamente, indicando um expressivo controle genético. Nesse sentido, vale ressaltar que a mais importante função da herdabilidade no estudo genético do caráter métrico é o seu papel preditivo, expressando a confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genético, ou o grau de correspondência entre o valor fenotípico e o valor genético (VENCOVSKI; BARRIGA, 1992). Indica-se assim, concordância com o coeficiente de variabilidade genética individual devido ao forte controle genético da variável VOL nas três idades avaliadas.

TABELA 6. COMPONENTES DA VARIÂNCIA E ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS DA VARIÁVEL VOL (m³) DE UM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* AOS SEIS, 10 E 20 ANOS EM RIO NEGRINHO, ESTADO DE SANTA CATARINA.

Parâmetros	Idades (anos)		
	Seis	Dez	Vinte
σ^2_a	0,0011	0,0068	0,0290
σ^2_{parc}	0,0007	0,0003	0,0015
σ^2_e	0,0036	0,0131	0,0954
σ^2_f	0,0054	0,0202	0,1259
h^2_a	0,2097 +/- 0,05	0,3363 +/- 0,06	0,2301 +/- 0,06
h^2_{ajus}	0,2394	0,3409	0,2329
c^2_{parc}	0,1242	0,0135	0,0119
h^2_{mp}	0,4758	0,6843	0,5923
Ac_{prog}	0,6898	0,8272	0,7696
h^2_{ad}	0,1910	0,2795	0,1855
$CV_{\text{gi}\%}$	18,0020	25,4199	18,3108
$CV_{\text{gp}\%}$	9,0010	12,7100	9,1554
$CV_{\text{e}\%}$	21,1274	19,3056	16,9846
CV_r	0,4260	0,6584	0,5390
PEV	0,0001	0,0005	0,0030
SEP	0,0122	0,0231	0,0543
u	0,1871	0,3238	0,9295

Fonte: o autor (2019).

Nota: σ^2_a : variância genética aditiva; σ^2_{parc} : variância ambiental entre parcelas; σ^2_e : variância residual dentro da parcela (ambiental + genética não aditiva); σ^2_f : variância fenotípica individual; h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito; h^2_{ajus} : herdabilidade individual no sentido restrito, ajustada para os efeitos de parcela; c^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; h^2_{mp} : herdabilidade média de progênie; Ac_{prog} : acurácia da seleção de progênies; h^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro de parcela; $CV_{\text{gi}\%}$: coeficiente de variação genética aditiva individual; $CV_{\text{gp}\%}$: coeficiente de variação genotípica entre progênies; $CV_{\text{e}\%}$: coeficiente de variação residual; CV_r : coeficiente de variação relativo; PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênie, assumindo sobrevivência completa; SEP: desvio padrão do valor genotípico predito de progênie, assumindo sobrevivência completa; u = Média geral do experimento.

De acordo com os parâmetros genéticos estimados para as três variáveis: DAP, ALT e VOL observa-se que aos 10 anos ocorrem os melhores resultados dentro de cada parâmetro. A ALT foi o parâmetro que se mostrou mais frágil, principalmente para coeficiente de determinação dos efeitos de parcela, herdabilidade individual no sentido restrito, acurácia de seleção e coeficiente de variação genética aditiva individual para a avaliação aos 20 anos. Isso, como já comentado, pode estar relacionado à dificuldade de mensuração da variável a campo.

A variável VOL é uma variável dependente, ou seja, é produto matemático da relação DAP e ALT, sendo que, do ponto de vista genético de seleção dentro do melhoramento, esta característica tem importância fundamental. Por representar a produtividade das progênes, deve-se obter estimativas de volume dentro dos níveis aceitáveis e coordenar as informações com as variáveis independentes.

A significância dos efeitos genotípicos foi avaliada pela análise de deviance (TABELA 7). Foi observada significância para os efeitos de progênes a 1% de probabilidade para as variáveis DAP, ALT e VOL para os seis e 10 anos, sendo que aos 20 anos apenas para ALT não foi significativa. O efeito de parcela foi significativo para todos os caracteres avaliados indicando que há diferenças dentro das parcelas aos seis anos, e para ALT aos 10 e 20 anos. Esses resultados revelam existência de variabilidade entre progênes para essas características, permitindo sucesso na resposta com a seleção. Aos 20 anos, o efeito não significativo para ALT pode estar ocorrendo devido não haver competição para esta característica.

TABELA 7. ANÁLISE DE DEVIANCE PARA AS CARACTERÍSTICAS DAP (cm), ALTURA (m), VOLUME (m³) EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* AOS SEIS, 10 E 20 ANOS DE IDADE.

Idade (anos)	Variável	LTR	
		Progênes	Parcelas
Seis	DAP	33,58**	10,31**
	ALT	27,07**	193,79**
	VOL	14,71**	47,41**
Dez	DAP	68,23**	2,18 ^{ns}
	ALT	45,22**	59,57**
	VOL	58,02**	0,71 ^{ns}
Vinte	DAP	28,58**	0,11 ^{ns}
	ALT	1,24 ^{ns}	29,06**
	VOL	24,48**	0,26 ^{ns}

Fonte: o autor (2019).

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

Segundo Sturion e Resende (2010) a seleção pode ser realizada em vários níveis: entre populações, dentro de populações e simultaneamente entre e dentro de populações, combinando os valores genéticos de populações e de indivíduos dentro

de populações. A melhor estratégia depende do valor de cada população para as variáveis de interesse.

Com base na estimativa de parâmetros genéticos para as três variáveis de crescimento avaliados (diâmetro a altura do peito, altura e volume) e com base na análise de deviance, pode-se observar que a altura não apresenta variabilidade nas progênes, sendo inviável a seleção genética por esta característica. Já DAP e VOL, se mostram como variáveis potenciais para a seleção genética de indivíduos.

As correlações genéticas são resultantes principalmente ao pleiotropismo e às ligações gênicas em desequilíbrio. O pleiotropismo é o fenômeno pelo qual um gene afeta simultaneamente duas ou mais características de forma que, se estiver os alelos segregam, ocorre variação simultânea nas características envolvidas. O desequilíbrio de ligação gênica é causa transitória da correlação e poderá ser alterado em gerações avançadas por quebra nos conjuntos gênicos por permutas (CRUZ, 2012).

Segundo Falconer (1989) uma das importâncias do estudo das correlações entre caracteres é a quantificação das alterações que ocorrem em outros caracteres, quando a seleção é praticada em uma determinada característica. De acordo com Resende (2015) os coeficientes de correlação podem ser classificados de acordo com sua magnitude, sendo que de 0,0 a 0,33 são consideradas baixas, de 0,34 a 0,66 são consideradas médias e de 0,67 a 1,0 são de alta magnitude.

Avaliando as correlações genéticas aditivas (TABELA 8), a correlação entre as variáveis DAP e VOL apresentam-se com alta magnitude nas diferentes idades e a maior correlação (0,98) entre as variáveis na idade de 10 anos. As correlações genéticas entre DAP e ALT apresentam valores menores, sendo a menor correlação encontrada aos 20 anos (0,54) e todos os valores apresentaram média magnitude. Já para ALT e VOL a maior correlação foi aos 10 anos (0,76) e é importante salientar que nessa idade foram observados os maiores valores de correlações entre as variáveis e suas combinações, observando-se alta magnitude entre as variáveis (RESENDE, 2015).

Correlações altas entre características de crescimento também foram encontradas por Paludzyszyn Filho *et al.*, (2002) e por Martinez *et al.*, (2012) em *P. taeda*. Segundo Xiang *et al.*, (2003) o DAP e o volume em *P. taeda*, apresentaram maior correlação genética ao longo dos oito anos de estudo, variando de 0,8 a 0,9.

TABELA 8. CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE AS VARIÁVEIS DAP (cm), ALTURA (m) e VOLUME (m³) DE UM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda*, EM DIFERENTES IDADES LOCALIZADO EM RIO NEGRINHO, ESTADO DE SANTA CATARINA.

Variáveis	Idade (anos)		
	Seis	Dez	Vinte
DAP X ALT	0,61	0,73	0,54
DAP X VOL	0,92	0,98	0,91
ALT X VOL	0,75	0,76	0,68

Fonte: o autor (2019).

A seleção de árvores superiores em diferentes idades é um aspecto importante a ser considerado em programas de melhoramento genético. A seleção precoce é uma forma de seleção indireta, em que caracteres em idades prévias à de rotação são utilizados como preditores de caracteres economicamente importantes na idade de rotação (FONSECA *et al.*, 2010; PIRES *et al.*, 2011).

A adoção da seleção precoce tem visado principalmente a redução da duração do ciclo de melhoramento diminuindo o tempo requerido para a avaliação e seleção, maximizando os ganhos genéticos por unidade de tempo (ano). Caracteres avaliados em idades prévias à de rotação final da espécie desejada são utilizados como preditores de caracteres economicamente importantes.

Para *P. taeda* determinar a correlação genética entre idade juvenil e idade adulta é importante para seleção em menor período em anos. Levando-se em consideração o ciclo de rotação do *P. taeda*, onde comercialmente temos ciclos variando entre 14 e 22 anos, diminuir o tempo requerido para a avaliação e seleção maximizando os ganhos genéticos por unidade de tempo (ano), é uma necessidade dentro dos programas de melhoramento genético de espécies de ciclos longos.

Pelas informações dos componentes de variância, parâmetros genéticos e correlação genética entre DAP, ALT e VOL, é importante verificar a correlação entre idades da característica DAP devido sua preponderância. Na tabela 8, podemos observar que aos 20 anos temos uma correlação de média magnitude com seis e 10 anos. Entre 10 anos (idade juvenil) e 20 anos (idade adulta) observa-se uma maior magnitude, entre 10 e seis anos a correlação também foi superior, mas em menor valor (0,60) quando comparada a 10-20 (0,64).

TABELA 8. CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE IDADES PARA A VARIÁVEL DAP EM PROGÊNIES DE *P. taeda*, EM TESTE DE PROGÊNIES LOCALIZADOS NO MUNICÍPIO DE RIO NEGRINHO, ESTADO DE SANTA CATARINA.

	DAP6	DAP10	DAP20
DAP6	1		
DAP10	0,60	1	
DAP20	0,39	0,64	1

Fonte: o autor (2018).

As correlações em idades precoces e tardias sugerem que diferentes mecanismos fisiológicos estão envolvidos em distintos estágios de desenvolvimento, o que pode ser atribuído à diferentes genes e mecanismos de expressão. No entanto, a expressão desses genes vai se estabilizando ao longo dos anos, o que é revelado pela alta correlação entre idades de meia rotação com idades de rotação (DIAS *et al.*, 2016). Independentemente da idade indicada para colheita (6, 10 ou 20 anos) a correlação entre as idades foi decrescente, com menores valores quando a seleção realizada em idades juvenis.

Dias *et al.*, (2016) trabalhando com três idades (1, 3 e 4 anos) de *P. taeda* propagados via embriogênese somática, observaram que as menores correlações entre variáveis de crescimento (DAP, ALT e VOL) foram entre a menor e a maior idade de avaliação. Isso também foi observado no presente trabalho com avaliação ao longo do ciclo de rotação, possivelmente, esse comportamento seja um padrão onde, a menor idade apresenta menores correlações com as avaliações finais.

A fenotipagem da população de estudo em rotação média ou posterior, como realizada no melhoramento tradicional de árvores (WHITE *et al.*, 2007) é necessária para uma previsão precisa do desempenho de crescimento. Os resultados refletem as mudanças fisiológicas significativas que ocorrem na transição das coníferas do estágio juvenil para o estágio maduro, que se traduzem em diferenças notáveis nas taxas de crescimento e outras propriedades (RESENDE JR *et al.*; 2012). No teste de progênies avaliado no presente trabalho, a idade de 10 anos é a ideal para seleção precoce com predição dos melhores indivíduos ao final do ciclo de rotação.

Gwaze *et al.*, (2001) também observaram a eficiência da seleção precoce em relação a seleção tardia para os parâmetros genéticos de diâmetro a altura do peito, altura e densidade da madeira. Analisando quatro ensaios genéticos de *P. taeda* em Arkansas avaliados nas idades de 5, 10, 15, 20 e 25 anos, os pesquisadores

concluíram que a seleção nas idades jovens foi eficiente e a correlação genética entre as idades para o diâmetro a altura do peito foi maior que 0,89 entre as idades de 10 a 20 anos, permitindo recomendações genéticas com excelente acurácia em uma década de antecedência.

Jansson *et al.*, (2003) buscando a melhor idade para seleção de *P. sylvestryis* detectaram que a melhor resposta seletiva é entre 13 e 17 anos. Já para *P. abies*, a melhor idade para seleção é de 17 anos podendo ser reduzida até aos 13 anos, com predição dos melhores indivíduos e com alta acurácia dos dados (ISIK *et al.*, 2010).

É importante destacar que dentro dos programas de melhoramento genético de *P. taeda* os ciclos específicos de corte final ocorrem aproximadamente aos 14 e 20 anos de idade. Por serem ciclos longos, o avanço do programa de melhoramento subsidiado por uma seleção precoce deve levar em conta os ganhos genéticos e a melhor idade para maximização da produtividade e consequente retorno financeiro ao silvicultor (TABELA 9).

TABELA 9. GANHOS GENÉTICOS E TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL COM DIFERENTES INTENSIDADES DE SELEÇÃO PARA TRÊS IDADES DE UM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* NO ESTADO DE SANTA CATARINA, MUNICÍPIO DE RIO NEGRINHO, PARA FORMAÇÃO DE POMARES CLONAIIS DE SEMENTES VIA DIÂMETRO A ALTURA DO PEITO (DAP).

Idades		Intensidade de Seleção						
		5%	8%	10%	15%	20%	30%	45%
SEIS ANOS	NF	65	104	130	195	260	390	525
	NE	43	62	70	90	108	144	172
	μ Pop. Sel.	20,63	20,53	20,46	20,31	20,2	20,04	19,9
	G%	10,97	10,23	9,85	9,05	8,47	7,58	6,86
DEZ ANOS	NF	73	116	145	218	290		
	NE	50	68	79	103	126		
	μ Pop. Sel.	26,5	26,22	26,08	25,78	25,56		
	G%	18,35	17,1	16,47	15,14	14,13		
VINTE ANOS	NF	55	87	109				
	NE	20	34	43				
	μ Pop. Sel.	31,95	31,66	31,5				
	G%	11,68	10,65	10,1				

Fonte: o autor (2018).

Nota: NF: número de indivíduos NE: tamanho efetivo populacional; μ Pop. Sel.: média da população selecionada; G%: ganho genético (%).

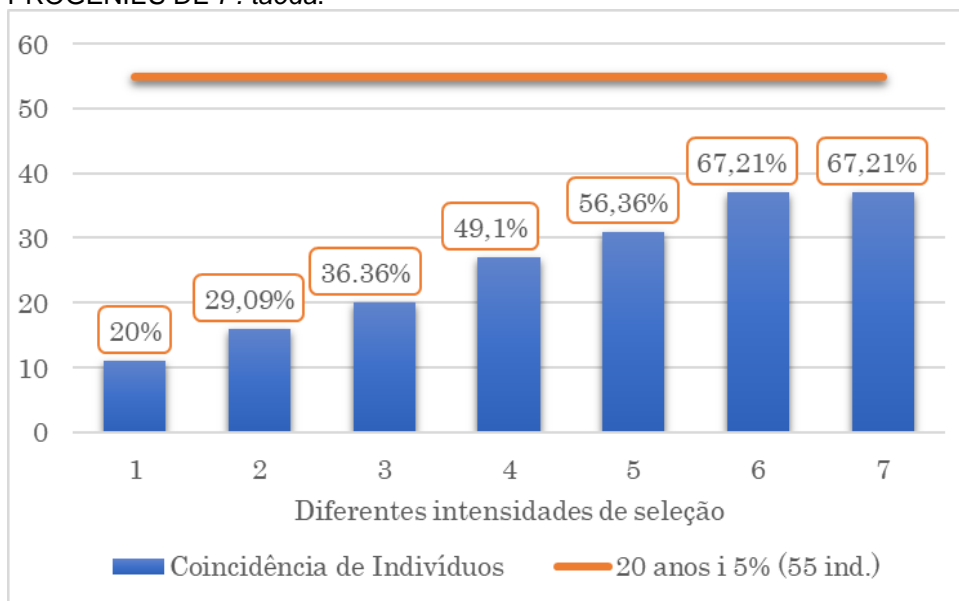
Nas simulações apresentadas na TABELA 7 são para verificação dos ganhos obtidos com diferentes idades e intensidades de seleção. Quanto maior a intensidade de seleção, menor o tamanho efetivo populacional que estará relacionado com a representatividade genética da população. O tamanho efetivo populacional deve ser considerado de modo a delimitar um valor mínimo de seleção para evitar a erosão genética e gargalo seletivo da população. Dvorak (2012) considera que um tamanho efetivo populacional de 30 é suficiente para conservar a maioria dos alelos que ocorrem em uma frequência de 5%, em populações de *Pinus*.

Verificando os ganhos genéticos no tempo ($G_s\%/t$) para as maiores intensidades de seleção, aos seis anos temos um ganho de 1,82%/ano, aos 10 anos temos 1,83%/ano e aos 20 anos temos 0,58%/ano. Em idades juvenis, temos os maiores ganhos genéticos por unidade de tempo mas para identificar o melhor período para execução da seleção de material genético deve-se verificar os fatores econômicos relacionados a atividade silvicultura e seu retorno ao silvicultor.

Pensando em estratégias que contemplem o ganho em produtividade, a intensidade de seleção foi o parâmetro utilizado na execução da seleção para garantir variabilidade genética e novos ciclos de seleção dentro da população. Para formação de pomares que atendam as demandas do silvicultor e para comercialização de sementes, pode-se utilizar diferentes estratégias como, por exemplo, restrição de indivíduos por família, assim garante-se uma base genética que suporte sucessivos ciclos seletivos.

Aos seis anos de idade, o maior ganho é relacionado à maior intensidade de seleção e ao menor tamanho efetivo populacional. A variação do ganho genético (maior intensidade/menor intensidade) foi de 62,5% com um tamanho efetivo populacional de ampla magnitude. Paludzyszyn Filho *et al.*, (2002), Martinez *et al.*, (2012) e Dias *et al.*, (2016) selecionaram materiais genéticos em idades próximas, mas sem avaliar o desenvolvimento da população ao longo do ciclo de rotação. A seleção em idade juvenil é possível e representa ganhos em relação ao teste, mas é importante ressaltar que, quando comparado ao ciclo de rotação da espécie, essa seleção não se torna efetiva pois os indivíduos selecionados nas idades iniciais não representam os melhores indivíduos ao final do ciclo (GRÁFICO 1).

GRÁFICO 1. COMPARATIVO ENTRE AS DIFERENTES INTENSIDADES DE SELEÇÃO AOS SEIS E 20 ANOS PARA INTENSIDADE DE 5% EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda*.



Fonte: o autor (2019).

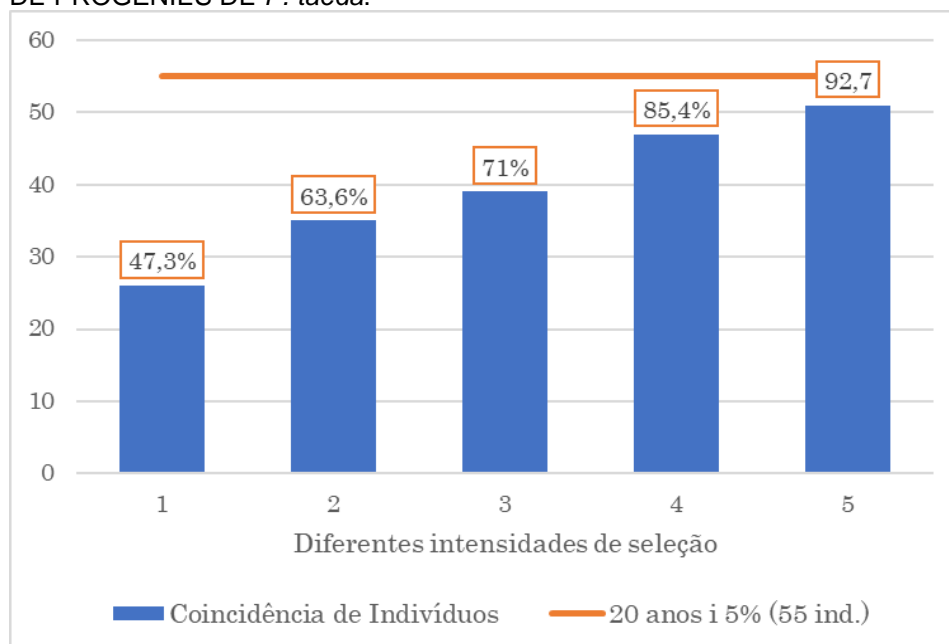
Nota: Em azul, 1 – Intensidade de seleção de 5% aos 6 anos, 2 - Intensidade de seleção de 8% aos 6 anos, 3 - Intensidade de seleção de 10% aos 6 anos, 4 - Intensidade de seleção de 15% aos 6 anos, 5 - Intensidade de seleção de 20% aos 6 anos, 6 - Intensidade de seleção de 30% aos 6 anos e 7 - Intensidade de seleção de 45% aos 6 anos Em laranja, Intensidade de seleção de 5% aos 20 anos.

Mesmo utilizando-se altas intensidades de seleção (30% e 45%) a correspondência máxima é de 67,21% entre indivíduos, sendo necessário muitos indivíduos para alcançar um ganho na população selecionada, de 7,58%. De acordo com Giordani *et al.*, (2012) uma abordagem mais sólida para o ganho genético com seleção se refere à proporção dos indivíduos ou famílias selecionadas em determinado caráter e ano, que se manterá entre os selecionados quando esta seleção for feita tendo como base o mesmo ou outro caráter em anos subsequentes.

A idade de avaliação da metade do ciclo de rotação (10 anos) merece destaque por representar a melhor idade para realizar a seleção precoce, pois confere confiabilidade e acurácia da seleção dos melhores indivíduos. Comparando as diferentes intensidades de seleção utilizadas (5%, 8%, 10%, 15% e 20%) com a maior intensidade de seleção (5%) aos 20 anos, podemos verificar a correspondência entre os melhores indivíduos ao final do ciclo e os indivíduos selecionados aos 10 anos (GRÁFICO 2).

Se aos seis anos é necessária uma intensidade de 30% para correspondência de 67% de indivíduos, aos 10 anos com uma intensidade de 8% assegura-se um ganho de aproximadamente 9,5% maior em relação a primeira avaliação.

GRÁFICO 2. COMPARATIVO ENTRE AS DIFERENTES INTENSIDADES DE SELEÇÃO AOS 10 ANOS E 20 ANOS PARA INTENSIDADE DE 5% EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda*.



Fonte: o autor (2019).

Nota: Em azul, 1 – Intensidade de seleção de 5% aos 10 anos, 2 - Intensidade de seleção de 8% aos 10 anos, Intensidade de seleção de 10% aos 10 anos, Intensidade de seleção de 15% aos 10 anos e Intensidade de seleção de 20% aos 10 anos, Em laranja, Intensidade de seleção de 5% aos 20 anos.

4.4 CONCLUSÃO

A estimativa de parâmetros genéticos para as três idades (seis, 10 e 20 anos) demonstra que aos 10 anos obtém-se as melhores estimativas com altas acurácias para as três variáveis. A correlação genética é alta entre as três variáveis. Na idade de 10 anos as correlações entre idade juvenil e adulta têm maior magnitude. A seleção precoce realizada na metade do ciclo (10 anos) apresenta eficiência seletiva de progênies na predição dos ganhos em relação ao final do ciclo de rotação.

4.5 REFERÊNCIAS

AGUIAR, A. V.; SOUSA, V. A., FRITZSONS, E.; PINTO JUNIOR, J. E. Programa de melhoramento de *Pinus* da Embrapa Florestas. **Documento 233**. Embrapa Florestas, Colombo, PR, 2011. 83 p.

ALVARES, CA; STAPE, JL; SENTELHAS, PC; de MORAES, G; LEONARDO, J; SPAROVEK, G Köppen's climate classification map for Brazil, **Meteorologische Zeitschrift**, v. 22, n. 6, p. 711-728, 2013.

ASSIS, T. F.; RESENDE, M. D. V. Genetic improvement of forest tree species. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, S1, p. 44 -49, 2011.

Associação Catarinense de Empresas Florestais. **Anuário Estatístico de Base Florestal para o Estado de Santa Catarina 2016 (Ano Base 2015)**. Lages, 2016.

BELTRAME, R.; BISOGNIN, D. A.; MATTOS, B. D.; CARGNELUTTI FILHO, A.; HASELEIN, C. R.; GATTO, D. A.; SANTOS, G. A. Desempenho silvicultural e seleção precoce de clones de híbridos de eucalipto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, n.6, p.791-796, 2012.

BOGNOLA, I.A.; RIBEIRO JUNIOR, P.J.; SILVA, E.A.A.; LINGNAU, C.; HIGA, A.R. Modelagem uni e bivariada da variabilidade espacial de rendimento de *Pinus taeda* L. **Floresta**, v. 38, n. 2, p. 373-385, 2008.

COUTINHO, R. T.; BESPALHOK FILHO, J. C.; FRITSCH NETO, R.; FRIZZO, C. Viabilidade da seleção precoce de *Pinus taeda* L. em diâmetro a altura do peito em programa de melhoramento genético. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 45, n. 113, p. 205-219, 2017.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v. 1, 4. Ed.Viçosa: UFV, 2012. 514 p.

DIAS, P. C.; XAVIER, A.; RESENDE, M. D. V.; BIERNASKI, F.; ESTOPA, R. A.; PIRES, I. E. Juvenile-mature genetic correlations in *Pinus taeda* clones propagated via somatic embryogenesis. **Revista Árvore**, v.40, n.2, p.255-267, 2016.

DVORAK, W. S. The strategic importance of applied tree conservation programs to the forest industry in South Africa. **Southern Forests: a Journal of Forest Science**, v. 74, n. 1, p. 1-6, 2012.

EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Solos. Sistema brasileiro de classificação de solos. Brasília: EMBRAPA SPI; Rio de Janeiro: EMBRAPA CNPS, 2ª ed.rev., 306p, 2006.

FALCONER, D. S. **Introdução a genética quantitativa**. Tradução de Martinho de Almeida e Silva e José Carlos Silva. Viçosa, UFV, 1987, 279 p.

FARIAS NETO, J. T.; OLIVEIRA, M. S. P.; RESENDE, M. D. V.; RODRIGUES, J. C. Parâmetros genéticos e ganhos com seleção de progênies de *Euterpe oleracea* na fase juvenil. **Cerne**, v. 18, n. 3, p. 515 -524, 2012.

FONSECA, S. M.; RESENDE, M. D. V.; ALFENAS, A. C.; GUIMAEÃES, L. M. S.; ASSIS, T. F.; GRATTAPAGLIA, D. **Manual prático de melhoramento genético do eucalipto**. Viçosa: UFV, 2010, p. 200.

GIORDANI, S. C. O.; FERNANDES, J. S. C.; TITON, M.; SANTANA, R. C. Parâmetros genéticos para caracteres de crescimento em pequizeiro em estágio precoce. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 43, n. 1, p. 146-153, 2012.

GWAZE, D. P.; BRIDGWATER, F. E.; BYRAM, T. D.; LOWE, W. J. Genetic Parameter estimates for growth and wood density in loblolly pine (*Pinus taeda* L.). **Forest Genetics**, v. 8, n.1, p.47-55, 2001.

ISIK, K.; KLEINSCHMIT, J.; STEINER, W. Age–Age Correlations and Early Selection for Height in a Clonal Genetic Test of Norway Spruce. **Forest Science**, v. 56, n. 2, p. 212 -221, 2010.

INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES (IBÁ) **Relatório IBÁ 2017 ano base 2016**. Brasília: IBÁ. 2017. 80 p.

ISHIBASHI, V.; MARTINEZ, D.T.; HIGA, A.R. Phenotypic models of competition for *Pinus taeda* L. genetic parameters estimation. **Cerne**, v.23, n.3, p. 349-358, 2017.

JANSSON, G., B. LI, AND B. HANNRUP. 2003. Time trends in genetic parameters for height and optimal age for parental selection in Scots Pine. **Forest Genetics**, v. 49, n. 5, p. 696–705, 2003.

KUBOTA, T. Y. K.; MORAES, M. A.; SILVA, E. C. B.; PUPIN, S.; AGUIAR, A. V.; MORAES, M. L. T.; FREITAS, M. L. M.; SATO, A. S.; MACHADO, J. A.; SEBBEN, A. M. Variabilidade genética para caracteres silviculturais em progênies de polinização aberta de *Balfourodendron riedelianum* (Engler). **Scientia Forestalis**, v. 43, n. 106, p. 407-415, 2015.

MARTINEZ, D. T.; RESENDE, M. D. V.; COSTA, R. B.; HIGA, A. R.; SANTOS, G. A.; FIER, I. S. N. Estudo da interação genótipo x ambiente em progênies de *Pinus taeda* por meio da análise de parâmetros genéticos, **Floresta**, v. 42, n. 3, p. 539 – 552, 2012.

MASSARO, R. A. M.; BONINE, C. A. V.; SCARPITANI, E. A.; DE PAULA, R. C. Viabilidade de aplicação da seleção precoce em testes clonais de *Eucalyptus spp*. **Ciência Florestal**, v.20, p.597-609, 2010.

MIRANDA, A. C.; MORAES, M. L. T.; SILVA, P. H. M.; SEBBEN, A. M. Ganhos genéticos na seleção pelo método do índice multi-efeitos em progênies polinização livre de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Scientia Forestalis**, 43, n. 105, p. 203-209, 2015.

PIMENTEL, A. J. B.; GUIMARÃES, J. F. R.; SOUZA, M. A.; RESENDE, M. D. V.; MOURA, L. M.; ROCHA, J. R. A. S. C.; RIBEIRO, G. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 49, n.11, p.882-890, 2014.

PIMENTEL-GOMES, F.; GARCIA, C.H. **Estatística aplicada a experimentos agrônômicos e florestais: exposição com exemplos e orientações para uso de aplicativos**. Piracicaba: FEALQ, 2002. 309p.

PIRES, I. E.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, R. L.; RESENDE JUNIOR, M.F.R. **Genética Florestal**. Viçosa, MG: Arka, 2011. 318 p.

REIS, R. L.; MUNIZ, J. A.; FONSECA E SILVA, F.; AQUINO, L. H. Estimativas de variância genética aditiva em populações selecionadas e não-selecionadas via simulação Monte Carlo utilizando o software R. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 33, n. 1, p. 285-291, 2009.

RESENDE JR, M. F. R.; MUNÓZ, P.; ACOSTA, J. J.; PETER, G. F.; DAVIS, J. M.; GRATTAPAGLIA, D.; RESENDE, M. D. V. Accelerating the domestication of trees using genomic selection: accuracy of prediction models across ages and environments. **New Phytologist**, v. 193, p. 617–624, 2012.

RESENDE, M. D. V. **Genética quantitativa e de populações**. Viçosa, MG: Suprema. 463 p. 2015.

RESENDE, M. D. V. **Selegen-Rem/Blup: Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos**. Colombo: Embrapa Florestas. 361 p. 2007.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.16, n. 4, p. 330-339, 2016.

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

STURION, J. F.; RESENDE, M.D.V. Avaliação genética e análise de *deviance* em um teste desbalanceado de procedência e progênie de *Ilex paraguariensis*. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 30, n. 62, p. 157 – 160, 2010.

VENCOVSKI, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

XIANG, B.; LI, B.; ISIK, F. Time Trend of Genetic Parameters in Growth Traits of *Pinus taeda* L. **Silvae Genetica**, V. 52, p. 114-121, 2003.

WHITE, T. L.; ADAMS, W.T.; NEALE, D. B. **Forest genetics**. Wallingford, UK and Cambridge, MA, USA: CABI Publishing. 2007. 500 p.

5 SELEÇÃO GENÉTICA DE *Pinus taeda* L, PARA DIÂMETRO A ALTURA DO PEITO E DENSIDADE BÁSICA ATRAVÉS DE SELEÇÃO SIMULTÂNEA

RESUMO

Determinar a melhor forma de seleção e ganhos genéticos está diretamente relacionada com as estimativas de parâmetros genéticos e correlação genética entre variáveis. Assim, o objetivo foi determinar parâmetros genéticos para a variável diâmetro à altura do peito (DAP) e densidade básica da madeira, sua correlação genética e estimar ganhos genéticos através de diferentes índices de seleção. O teste foi implantado em 1997 com 120 progênies em delineamento de blocos casualizados, com cinco repetições, parcelas lineares de cinco plantas e espaçamento 2,5m x 2,5m. Aos 20 anos foi realizada mensuração do DAP (cm) de todos os indivíduos do teste e retiradas baguetas de indivíduos pré-selecionados. As estimativas de componentes de variância, parâmetros genéticos, correlação genética entre variáveis foram efetuados utilizando o *software* Selegen REML/BLUP® e foram estimados ganhos genéticos através dos índices de seleção por diferentes estratégias (individual, entre e dentro): Multiplicativo, Soma de Postos, Índice Clássico de Smith e Hazel e Níveis Independentes. As estimativas dos parâmetros genéticos demonstraram variabilidade baixa para densidade básica e moderada para DAP. Para as duas variáveis foi observada correlação genética negativa. A seleção através de índices de seleção pelos métodos BLUP e BLUP HET foram semelhantes, sendo que o índice Clássico de Smith e Hazel priorizou os ganhos para densidade básica em detrimento do DAP, o índice multiplicativo maximizou os ganhos para DAP e o de soma de postos demonstrou ganhos mais homogêneos para as variáveis assim como os níveis independentes. A melhor estratégia de seleção, é com a utilização do índice de soma de postos e níveis independentes, devido apresentarem melhor distribuição de ganhos para ambas as variáveis.

Palavras-chave: parâmetros genéticos. correlação genética. seleção individual. seleção entre e dentro.

GENETIC SELECTION OF *Pinus taeda* L, DIAMETER CHEST HEIGHT AND BASIC DENSITY THROUGH SIMULTANEOUS SELECTION

ABSTRACT

To determine the best selection and genetic gains is directly related to the estimates of genetic parameters and genetic correlation between variables. Thus, the objective was to determine genetic parameters for the variable diameter breast height (DBH) and basic wood density, its genetic correlation and to estimate genetic gains through different selection indices. The test was implemented in 1997 with 120 progenies in a randomized block design with five replications, linear plots of five plants and 2,5m x 2,5m spacing. At the age of 20, DBH measurement (cm) was performed for all test subjects and baggage was removed from pre-selected individuals. Estimates of variance components, genetic parameters, genetic correlation between variables were made using Selegen REML / BLUP® software and genetic gains were estimated through selection indices by different strategies (individual, between and between and within): Multiplicative, Sum Posts, Smith and Hazel Classic Index, and Independent Levels, Estimates of genetic parameters showed low variability for basic and moderate density for DBH. For both variables, a negative genetic correlation was observed, Selection through selection indices by the BLUP and BLUP HET methods were similar, with the Smith and Hazel Classic index prioritizing gains over basic density over DBH, the multiplicative index maximizing gains for DBH and sum of posts, demonstrated more homogeneous gains for the variables as well as the independent levels. The best selection strategy is to use the rank sum index and independent levels, because they have a better distribution of earnings for both variables.

Keywords: genetic parameters. genetic correlation. individual selection. selection between and within.

5.1 INTRODUÇÃO

Nos programas de melhoramento genético é necessária a utilização de metodologias específicas para avaliação de características desejadas que apresentem parâmetros genéticos, como herdabilidade e acurácia, adequados e passíveis de seleção. Portanto, uma alternativa para seleção de plantas perenes, é a utilização de valores genéticos preditos pela metodologia REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada).

O aumento da produtividade florestal tem sido o grande norteador dos programas de melhoramento de *Pinus*, sendo que a melhoria das propriedades tecnológicas da madeira é uma necessidade para inserção no processo de seleção. Tanto produtividade quanto a qualidade da madeira contribuem para a redução de custos operacionais, para a melhoria da performance da matéria-prima no processo industrial, bem como para a adequação dessa matéria-prima à fabricação de produtos de alta qualidade para diferentes segmentos de mercado (FONSECA *et al.*, 2010).

A maioria dos caracteres tecnológicos ainda não foi considerada em programas de melhoramento genético, exceto a densidade básica. Esse caráter tem importância fundamental, uma vez que é determinante para adequar o uso da madeira para as diferentes finalidades, motivo pelo qual ele vem sendo submetido ao melhoramento genético em muitos programas (SANTOS *et al.*, 2003). O melhoramento e o manejo florestal são cruciais para o aumento da qualidade da madeira para fins de desdobro (SANTOS *et al.*, 2003).

Para atender o nicho de mercado para madeira sólida, as estratégias de melhoramento para *Pinus taeda* devem visar produtividade e qualidade da madeira. Dentre as características relacionadas à produtividade, o DAP é a variável mais utilizada para fins de seleção. Em *P. taeda* a herdabilidade é de magnitude moderada a elevada para caracteres ligados ao crescimento (ISHIBASHI *et al.*, 2017; COUTINHO *et al.*, 2017; MARTINEZ *et al.*, 2012); já para densidade básica da madeira, varia de baixa a elevada (WILLIAMS; MEGRAW, 1994). A correlação genética entre diâmetro e densidade é negativa (LOO *et al.*, 1984; GWAZE *et al.*, 2001) a moderadamente positiva (WILLIAMS; MEGRAW, 1994).

O uso de índices de seleção para múltiplos caracteres possibilita a obtenção de genótipos mais produtivos e adaptados, pela reunião de diversos atributos favoráveis (KRAUSE *et al.*, 2012). De forma geral, um índice de seleção deve permitir

a classificação correta dos genótipos e considerar diversos caracteres simultaneamente (CRUZ *et al.*, 2014). Para realizar-se a prática da seleção, torna-se necessário escolher os métodos que dependeram das magnitudes e dos sentidos dos ganhos genéticos preditos e da facilidade de aplicação para maximizar ganhos de características sem correlação genética, é um desafio ao melhoramento genético de *P. taeda*.

Nossa hipótese de estudo é que, se diâmetro a altura do peito não tem correlação genética com a densidade básica, então através de índices de seleção simultânea haverá ganhos genéticos para ambas as características. Sendo assim, o objetivo foi definir estratégias de seleção genética em *Pinus taeda* L. para diâmetro à altura do peito e densidade básica da madeira.

5.2 MATERIAL E MÉTODOS

5.2.1 Área experimental e material genético

O teste está localizado no município Rio Negrinho, no Estado de Santa Catarina, em região de Planalto Norte. O clima é classificado como Cfb segundo Köppen, subtropical úmido com verão ameno, sem estação seca e com geadas severas frequente (ALVARES *et al.*, 2013). A temperatura média anual varia de 15,5° C a 17,0° C. No mês mais quente (janeiro), a temperatura média oscila de 20° C a 22° C e no mês de julho (mês mais frio), a temperatura média varia de 12° C a 14° C (BOGNOLA *et al.*, 2008). Sendo que, o tipo de solo é cambissolo húmico alumínico típico (EMBRAPA, 2006).

O teste de progênies foi instalado com delineamento em blocos ao acaso com 120 progênies, com cinco repetições e parcelas lineares com 5 plantas no espaçamento de 2,5 m x 2,5 m. O material genético utilizado é proveniente de um Pomar Clonal (rametes) e o teste (sementes) instalado em 1997 com 19 procedências da Flórida, 41 de Geórgia, 27 de Louisiana e 28 de Zimbabwe, além de cinco testemunhas comerciais. Aos 20 anos foi efetuada a mensuração direta da variável diâmetro à altura do peito (DAP, cm). Para aumentar a acurácia e mitigar os efeitos das árvores vizinhas mortas, foi realizado a correção da variável através do índice de falhas modificado (IF_{MOD}).

$$IF_{MOD} = 2,5 (NFL + NFC) + \frac{EL}{\sqrt{(EC^2 + EL^2)}}, NFD$$

em que:

NFL: número de falha na linha;

NFC: número de falha na coluna;

NFD: número de falha na diagonal;

EL: espaçamento na linha; e

EC: espaçamento na coluna.

Por meio do *software* SELEGEN – REML/BLUP® através do modelo 131 foram efetuadas as correções da variável DAP, Em que y é o vetor de dados, 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), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), ε é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios) (RESENDE, 2007).

$$y = Xr + \beta Cov + Za + Wp + \varepsilon$$

Aos vinte anos, após a correção da variável DAP através do uso de covariável, nos indivíduos com valor genético aditivo com possibilidade de ganho, foram coletadas baguetas no DAP, para determinação da densidade básica da madeira. As amostras foram acondicionadas em sacos plásticos com a identificação e foram acondicionadas após a coleta, em tubos de ensaio com água destilada por 30 dias para obtenção de peso úmido saturado. Após, foram secas em estufa a $103^{\circ} \pm 2^{\circ}$ C por sete dias para verificar o peso seco de cada amostra. A densidade básica foi determinada através do método de teor máximo de água para pequenas amostras (SMITH, 1954):

$$Db = \frac{1}{\frac{(Pu - PS)}{Ps} + \frac{1}{S.M.}}$$

em que:

Db: densidade básica;

Pu: peso úmido saturado;

Ps: peso seco, e

S.M.: constante da substância madeira para coníferas (0,346).

Foi testada a homogeneidade das variâncias residuais para as duas variáveis.

5.2.2. Estimativa de parâmetros genéticos

As análises genéticas dos testes de progênes foram efetuadas com o auxílio do software SELEGEN – REML/BLUP®. Para seleção de indivíduos e genitores em progênes de meios irmãos no delineamento utilizado foi utilizado o modelo estatístico 1 (RESENDE, 2016):

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

em que:

y: vetor de dados;

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

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

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

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

Distribuição e estruturas de médias e variâncias (RESENDE, 2000):

$$y|b, V \sim N(Xb, V)$$

$$a|A, \sigma_a^2 \sim N(0, A\sigma_a^2)$$

$$c|\sigma_c^2 \sim N(0, I\sigma_c^2)$$

$$e|\sigma_e^2 \sim N(0, I\sigma_e^2)$$

$$Cov(a, c') = 0; Cov(a, e') = 0; Cov(c, e') = 0 \quad , \text{ ou seja:}$$

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ ce \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad e \quad Var \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZG & WC & R \\ GZ' & G & 0 & 0 \\ CW' & 0 & C & 0 \\ R & 0 & 0 & R \end{bmatrix} \quad , \text{ em que:}$$

$$G = A\sigma_a^2$$

$$R = I\sigma_c^2$$

$$C = I \sigma_e^2$$

$$V = ZA \sigma_a^2 Z' + WI \sigma_c^2 W' + I \sigma_e^2 = ZGZ' + WCW' + R$$

Equações do modelo misto:

$$\begin{bmatrix} XX' & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1 - h^2 - c^2}{h^2}; \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_c^2} = \frac{1 - h^2 - c^2}{c^2}$$

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

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

σ_a^2 = variância genética aditiva;

σ_c^2 = variância entre parcelas;

σ_e^2 = variância residual (ambiental dentro de parcelas + não aditiva);

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

A = matriz de correlação genética aditiva entre indivíduos em avaliação;

I = matriz identidade;

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

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

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

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

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

Neste modelo, os componentes de média (BLUP individual) resultam na classificação individual e por progênes, de acordo com os valores genéticos aditivos preditos para dados balanceados. Quando observado que o conjunto de dados não é balanceado (heterogeneidade das variâncias), as estimativas podem ser tomadas através do BLUP HET. Para verificar as diferenças das estimativas foram comparados BLUP com BLUP HET para efeitos seletivos. Este modelo resulta, também, nos seguintes componentes de variância (REML individual) (RESENDE, 2007):

σ^2_a : variância genética aditiva;

σ^2_{parc} : variância ambiental entre parcelas;

σ^2_e : variância residual dentro de parcelas (ambiental + genética não aditiva);

σ^2_f : variância fenotípica individual;

h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito no bloco (efeitos aditivos);

h^2_{aj} : herdabilidade individual no sentido restrito, ajustada para os efeitos de parcela;

c^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

h^2_{mp} : herdabilidade da média de progênie;

AC_{prog} : acurácia da seleção de progênes e genitores;

h^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro da parcela;

$CV_{g_i\%}$: coeficiente de variação genética aditiva individual;

$CV_{g_p\%}$: coeficiente de variação genotípica entre progênes;

$CV_{e\%}$: coeficiente de variação residual;

CV_r : coeficiente de variação relativa (CV_{g_p}/CV_e);

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênie;

SEP: desvio padrão do valor genotípico predito de progênie.

5.2.3 Análise de deviance

Para testar a significância dos efeitos aleatórios do modelo, realizou-se a análise de deviance (ANADEV) empregando-se o teste da razão da máxima verossimilhança (LTR), cuja significância foi avaliada pelo teste qui-quadrado com um

grau de liberdade. O LTR substitui a ANOVA e o teste F da análise de variância nos casos de modelos com dados desbalanceados (RESENDE, 2016).

5.2.4 Correlações genéticas entre diâmetro e densidade básica da madeira

Foram efetuadas correlações genéticas para as variáveis DAP e DB com finalidade de nortear as estratégias de melhoramento. As correlações foram estimadas conforme descrito abaixo por Pires *et al.*, (2011). Para a análise foi empregado o modelo 1 do programa SELEGEN REML/BLUP.

As análises de correlações genéticas, realizada para caracteres de crescimento e qualidade da madeira (DAP e DB), foram baseadas na seguinte expressão:

$$ra(x, y) = \frac{COVa(x, y)}{\sigma_{ax}\sigma_{ay}}$$

em que:

$ra(xy)$: correlação genética aditiva entre caracteres x e y;

COV : covariância genética aditiva entre os caracteres x e y;

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

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

5.2.5 Seleção simultânea de várias características

Além da seleção direta e indireta, foram empregados três métodos de seleção simultânea para as variáveis DAP e DB. Foi realizada para seleção individual, entre famílias e entre e dentro de famílias, para BLUP e BLUP HET.

a) Índice multiplicativo (IM)

Os valores genéticos de cada variável foram multiplicados para formação do índice de seleção multiplicativo (IM).

b) Índice com base em soma de postos (MM)

O índice proposto por Mulamba e Mock (1978) classifica os genótipos em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento, e somadas às ordens de cada material, referente a cada caractere, resultando no índice de seleção (CRUZ *et al.*, 2014). Os indivíduos foram classificados pelo seu valor genético individual.

c) Índice clássico de Smith e Hazel (IH)

O índice clássico de Smith e Hazel considera as covariâncias genéticas e fenotípicas entre os n caracteres e um peso econômico para cada caráter. O índice é dado por meio do somatório de n variáveis, ponderadas por seus respectivos coeficientes b , em que I é o índice calculado para cada progênie da população-base; b é o coeficiente de ponderação do índice e y o valor fenotípico do caráter (PIRES *et al.*, 2011).

$$I = \sum_{i=1}^n b_i \times y_i$$

Para estimação do índice de seleção de cada progênie, é necessária a estimação do vetor b , o qual é obtido de forma que a correlação entre I e H seja maximizada, em que b coeficiente de ponderação do índice; G é a matriz de variâncias e covariâncias genéticas entre os caracteres e P^{-1} é a inversa da matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas entre os caracteres (CRUZ *et al.*, 2014).

$$b = P^{-1} \times G \times w$$

O peso econômico (w) adotado foi o método de igual ênfase, calculado com o inverso do desvio padrão fenotípico de cada caráter.

d) Níveis independentes (NI)

No método de níveis independentes de eliminação, foram selecionados 60 melhores indivíduos com valores genéticos individuais para DAP e após realizou-se a seleção dos melhores indivíduos também pelo valor genético aditivo para DB.

5.2.6 Tamanho efetivo populacional (N_e)

Para cálculo do tamanho efetivo populacional foi utilizado a expressão para seleção em populações experimentais monóicas alógamas com variados números de indivíduos selecionados por família de meios irmãos, onde N_f é o número de famílias selecionadas, K_f é o número médio de indivíduos selecionados por família (RESENDE, 2015).

$$N_e = \frac{4N_f, K_f}{K_f + 3}, \text{ em que:}$$

N_e = Tamanho efetivo populacional;

N_f = Número de famílias selecionadas; e

K_f = número de indivíduos selecionados por família.

5.2.7 Ganho genético

O cálculo do ganho genético foi efetuado conforme a equação:

$$G_{\%} = (\bar{a}_s / \bar{\mu}) \times 100, \text{ em que:}$$

\bar{a}_s = Média do valor genético dos indivíduos selecionados e,

$\bar{\mu}$ = Média do teste.

5.2.8 Coeficiente de coincidência de Cohen (K)

Para verificar a concordância entre os indivíduos selecionados em cada método de seleção foi utilizado o Coeficiente de coincidência de Cohen (K), calculado conforme equação 10, em que N_o é o número de concordâncias observadas, N_a é o número de concordâncias esperadas ao acaso e N_p o número de pares de dados (RESENDE, 2015). Para N_a foi considerado a intensidade de seleção.

$$k = \frac{[N_o - N_a]}{[N_p - N_a]}$$

5.2.9 Divergência genética

Os valores da distância estatística de Mahalanobis em nível genotípico e a realização dos agrupamentos pelo método de Tocher foram obtidos por meio do

modelo estatístico 104 do software SELEGEN REML/BLUP® (RESENDE, 2007). A distância generalizada de Mahalanobis considera as correlações entre as variáveis e é invariante aos efeitos de escala de medição dos caracteres. A técnica de agrupamento de Tocher adota o critério de que a média das medidas de distâncias dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre grupos (RESENDE, 2007).

5.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

De acordo com a estimativa de parâmetros genéticos e componentes de variância para as variáveis a σ^2_a (variância genética aditiva) apresentou-se ser alta para produtividade e baixos para a densidade básica (DB) (TABELA 11). Ou seja, para a densidade básica temos genes fixados para essa população, e com isso baixa variação nos descendentes, no contraponto, essa população tem um grande potencial para a variável diâmetro a altura do peito (DAP). Essa variável tem alta correlação genética com a produtividade ($m^3.ha.ano^{-1}$) e com isso podemos explorar ganhos genéticos na população de estudo.

O c^2_{parc} (coeficiente de determinação dos efeitos de parcela) foi baixo para ambas variáveis (0,007 e 0,057; 0,59, para DAP e DB BLUP; DB BLUP HET, respectivamente) demonstrando baixa variabilidade entre parcelas, dentro dos blocos e baixa correlação ambiental entre as observações na parcela. De acordo com Resende (2002), um experimento com plantas perenes, bem controlado, deve apresentar coeficientes de determinação ambientais em torno de 10% da variação fenotípica dentro dos blocos, proporcionada pela variação ambiental das parcelas. Ambas variáveis (DAP e DB), apresentação baixa variabilidade ambiental (0,07% e 6,2%; 5,7%).

Os coeficientes de variação genética individual (CVgi%) que expressam em porcentagem da média geral, a quantidade de variação genética existente, tiveram valores 85,68% para DAP e 3,32%; 3,48% para DB. Isso mostra que é possível obter ganhos expressivos para produtividade, mas com baixos ganhos para DB. O coeficiente de variação genotípica entre progênies (CVgp%), para DAP e DB foram, respectivamente, 42,84% e 1,66%; 1,74%. Já o CV_e (coeficiente de variação residual), foi de 8,21% e 5,36%; 5,32%, para DAP e DB. O coeficiente de variação relativo (CVr), foi de 0,52 para DAP e 0,31; 0,32 para DB. Estes parâmetros quantificam a variação

genética dentro do experimento passível e a variação da característica dentro do teste. Embora a DB apresente baixos valores, podemos maximizar ganhos para esta característica.

TABELA 11. COMPOENTES DA VARIÂNCIA E ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS DA VARIÁVEL DAP (cm) e DB (g.cm³) DE UM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* AOS 20 ANOS, EM RIO NEGRINHO, ESTADO DE SANTA CATARINA.

	DAP	DB	
		BLUP	BLUP HET
σ^2_a	6,0108	0,0002	0,0002
σ^2_{parc}	0,1989	0,0001	0,0001
σ^2_e	22,1419	0,0018	0,0017
σ^2_f	28,3516	0,0021	0,0020
h^2_a	0,2120 +/- 0,05	0,0940 +/- 0,06	0,1034 +/- 0,06
h^2_{ajus}	0,2135	0,1002	0,1097
c^2_{parc}	0,0070	0,0622	0,0577
h^2_{mp}	0,5761	0,3241	0,3490
Ac_{prog}	0,7590	0,5693	0,5907
h^2_{ad}	0,1692	0,0771	0,0846
$CV_{\text{gi}\%}$	8,5683	3,3247	3,4840
$CV_{\text{gp}\%}$	4,2842	1,6624	1,7423
$CV_{\text{e}\%}$	8,2177	5,3684	5,3205
CV_r	0,5213	0,3097	0,3274
PEV	0,6370	0,00003	0,00003
SEP	0,7981	0,0057	0,0059
u	28,61	0,4201	0,4201

Fonte: o autor (2019).

Nota: σ^2_a : variância genética aditiva; σ^2_{parc} : variância ambiental entre parcelas; σ^2_e : variância residual dentro da parcela (ambiental + genética não aditiva); σ^2_f : variância fenotípica individual; h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito; h^2_{ajus} : herdabilidade individual no sentido restrito, ajustada para os efeitos de parcela; c^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; h^2_{mp} : herdabilidade média de progênie; Ac_{prog} : acurácia da seleção de progênies; h^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro de parcela; $CV_{\text{gi}\%}$: coeficiente de variação genética aditiva individual; $CV_{\text{gp}\%}$: coeficiente de variação genotípica entre progênies; $CV_{\text{e}\%}$: coeficiente de variação residual; CV_r : coeficiente de variação relativo; PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênie, assumindo sobrevivência completa; SEP: desvio padrão do valor genotípico predito de progênie, assumindo sobrevivência completa; u = Média geral do experimento.

A h^2_a (herdabilidade individual no sentido restrito), foi de 0,21 (DAP) e 0,9; 0,10 densidade básica (DB), sendo consideradas de baixa magnitude. Infere-se baixa herança do caráter na próxima população indicando também, que grande parte da variabilidade fenotípica dessa característica se deve a variação experimental. É necessário utilizar métodos de seleção mais elaborados, a fim de potencializar os ganhos para estas características através da seleção recorrente, buscando aumentar a concentração de alelos favoráveis das características de interesse a cada ciclo (ASSUNÇÃO *et al.*, 2015).

Há relatos de estimativas não contrastantes para a variável DB, sendo que, Resende Junior *et al.*, (2012) encontraram herdabilidade de 0,09, Fries (2012) observou valores entre 0,22 e 0,34, Isik *et al.*, (2011) encontraram variação entre 0,13 e 0,26, Paludzyszyn Filho *et al.*, (2003) de 0,19 a 0,27, Gwaze *et al.*, (2001) observaram maior variação desse parâmetro, de 0,15 a 0,72.

Ac_{prog} (acurácia da seleção de progênies) está associada à precisão da seleção e refere-se à correlação entre valores genéticos preditos e valores genéticos verdadeiros dos indivíduos. Quanto maior a acurácia seletiva na avaliação de um indivíduo, maior é a confiança no valor genético predito para o indivíduo (PIMENTEL *et al.*, 2014). Para DAP observou-se 0,75 e DB 0,56; 0,59, acurácia determinada foi alta e moderada respectivamente, podendo ainda estimar com segurança nos valores genéticos preditos e de herdabilidade.

A significância dos efeitos genotípicos foi avaliada pela análise de deviance (TABELA 12). Foi observada significância para os efeitos de progênies a 1% de probabilidade para as variáveis DAP aos 20 anos e não foi significativo para DB. O efeito de parcela não foi significativo para as variáveis avaliadas, indicando não existir variabilidade entre parcelas. Esses resultados, demonstram a possibilidade de ganhos diretamente sobre DAP por apresentar variabilidade dentro das progênies e possibilidades de ganhos através da seleção.

Segundo Sturion; Resende (2010), a seleção pode ser realizada em vários níveis: entre populações, dentro de populações e simultaneamente entre e dentro de populações, combinando os valores genéticos de populações e de indivíduos dentro de populações. A melhor estratégia depende do valor de cada população para as variáveis de interesse. Esse teste de progênie foi instalado a partir de um Pomar Clonal, sendo que para a seleção foi considerada a produtividade, por esta razão, a característica densidade básica foi negligenciada no primeiro processo seletivo.

TABELA 12. ANÁLISE DE DEVIANCE PARA AS CARACTERÍSTICAS DAP e DB (DENSIDADE BÁSICA) EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* AOS VINTE ANOS DE IDADE, NO ESTADO DE SANTA CATARINA.

Variável	Efeito	Deviance	LTR	Componente Variância	Coefficiente de determinação
DAP	Progênies	9362,22	28,58**	60,108	0,2120
	Parcelas	9333,75	0,11 ^{ns}	0,1989	0,007
	Modelo completo	9333,64			
DB	Progênies	4734,18	1,95 ^{ns}	0,0002	0,1034
	Parcelas	4734,26	1,87 ^{ns}	0,0001	0,0578
	Modelo completo	4736,13			

Fonte: o autor (2019).

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

A correlação genética entre a variável DAP e DB foi de $-0,17$. Correlações negativas sugerem que a seleção para um caráter não leva a uma resposta consistente em outro caráter. Sendo assim, não é possível realizar a seleção indireta entre elas, sendo ela negativa e de baixa magnitude. Como a correlação genética é praticamente nula, a seleção para uma característica não leva a ganhos diretos para outra característica. Loo *et al.*, (1984) encontrou baixas correlações genéticas entre altura, diâmetro e densidade aos 20 anos de idade. Dada a correlação negativa, praticamente nula, entre as variáveis analisadas e a baixa herdabilidade da DB, populações específicas para qualidade da madeira podem ser estabelecidas se este for o intuito para esta população.

Para estabelecimento da população selecionada, além de uma equilibrada distribuição dos ganhos entre as características, visou-se a manutenção da diversidade genética baseada no tamanho efetivo populacional (N_e). Para isso, buscou-se um N_e próximo ou acima de 30, pois Dvorak (2012) considera que um tamanho efetivo populacional de 30 é suficiente para conservar a maioria dos alelos que ocorrem em uma frequência de 5%.

De forma geral, os índices de seleção visam, sobretudo, a melhorar gradativamente as frequências dos alelos favoráveis para o conjunto de características de maior importância, o que os torna úteis nos programas de seleção recorrente e permite a obtenção de populações com melhor valor genotípico (GARCIA; SOUZA JÚNIOR, 1999). Mesmo atributos negativamente correlacionados, que podem surgir de ligações genéticas ou pleiotropia (SANTOS *et al.*, 2007), podem

apresentar pequenos ganhos genéticos simultâneos com o emprego dos índices de seleção.

As estratégias de seleção foram baseadas por diferentes métodos e índices de seleção e, para diferentes estimativas de parâmetros (BLUP e BLUP HET) (TABELA 13). Devido a variável DB apresentar heterogeneidade das variâncias residuais, a estimativa da herdabilidade individual por progênie torna-se mais precisa (MARTINEZ *et al.*, 2012) ao se utilizar o BLUP HET.

Na seleção individual, os maiores ganhos foram obtidos através do Índice Multiplicativo, tanto BLUP quanto para BLUP HET, sendo que a variável DAP foi priorizada para os ganhos quando comparada a DB, mas o tamanho efetivo populacional ficou abaixo do recomendado (TABELA 13). Comparando os diferentes índices de seleção utilizados, o de soma de postos (MM) apresentou um melhor ganho para ambas características, diminuindo o ganho DAP (30% menor que no IM) mas maximizando o ganho para DB (GRÁFICO 3). Já no Índice clássico de Smith e Hazel (IH), a densidade básica obteve maior ganho em detrimento do DAP. Tanto no índice de MM quanto IH, o tamanho efetivo populacional ficou acima de 30.

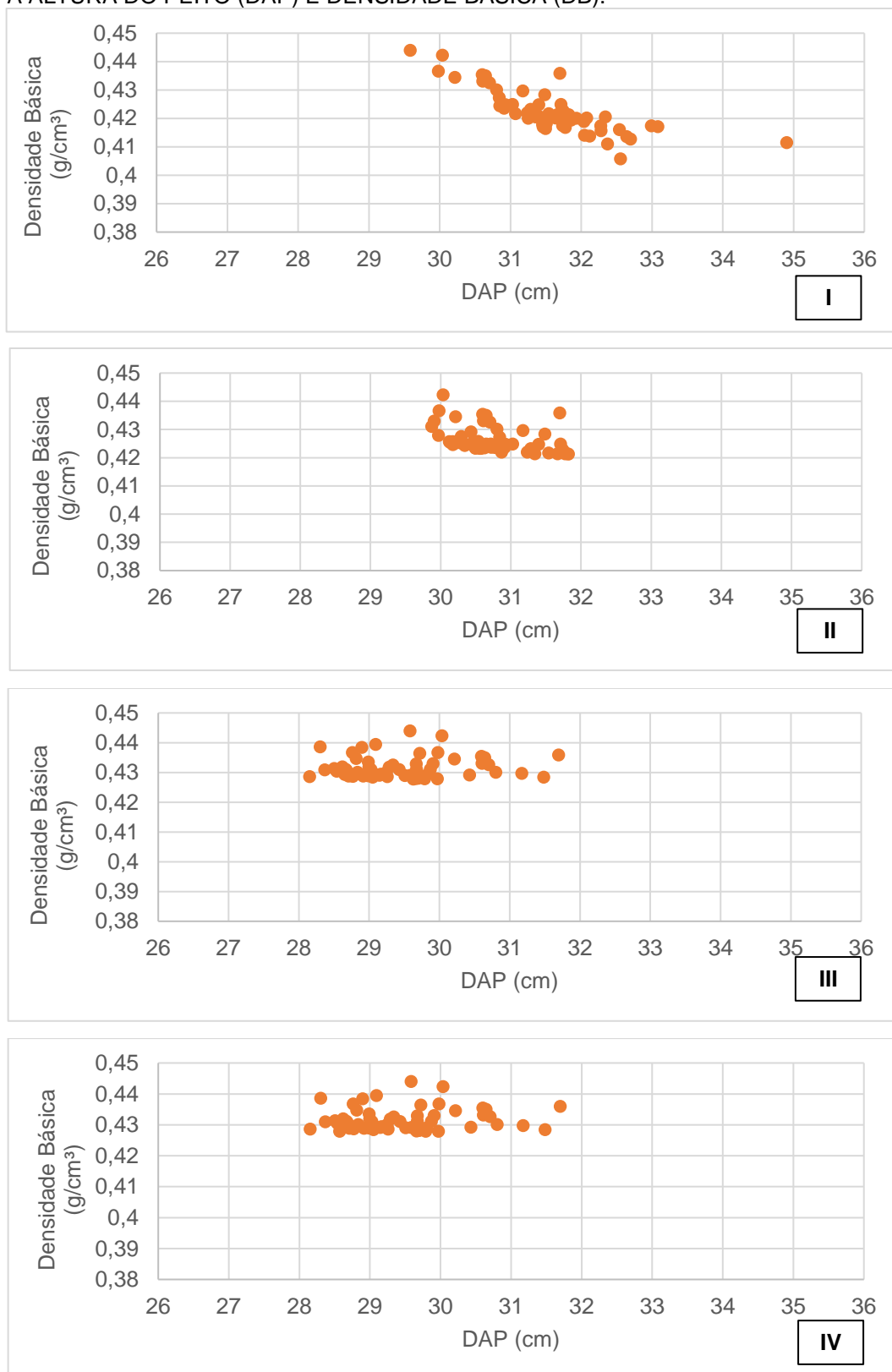
TABELA 13. GANHOS GENÉTICOS E TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL PARA SELEÇÃO INDIVIDUAL SIMULTÂNEA PARA AS VARIÁVEIS DAP E DENSIDADE BÁSICA (DB) EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda*, NO MUNICÍPIO DE RIO NEGRINHO, ESTADO DE SANTA CATARINA PARA FORMAÇÃO DE POMAR CLONAL DE SEMENTES.

		Seleção individual				
		Ganho genético (%)		Nf	N	Ne
Método	Índice	DAP	Db			
BLUP	IM	10,1	0,6	24	60	27
	MM	7,4	1,8	24	60	35
	IH	3,1	2,9	34	60	40
	NI	3	2,7	35	60	40
BLUP-HET	IM	10.3	0.6	24	60	27
	MM	7.5	1.5	23	60	33
	IH	2.9	2.8	37	60	44
	NI	3	2.9	36	60	43

Fonte: o autor (2019)

Nota: IM, Índice Multiplicativo; MM, Índice com base em soma de postos; IH, Índice clássico de Smith e Hazel; NI, Níveis Independentes, NF, número de famílias; N, número de indivíduos; Ne, tamanho efetivo populacional.

GRÁFICO 3. DISPERSÃO DA SELEÇÃO INDIVIDUAL ATRAVÉS DO BLUP HET PARA DIFERENTES MÉTODOS DE SELEÇÃO PARA SELEÇÃO SIMULTÂNEA DE DIÂMETRO À ALTURA DO PEITO (DAP) E DENSIDADE BÁSICA (DB).



Fonte: O autor (2019)

Nota: I, Índice Multiplicativo; II, Soma de Postos; III, Índice clássico de Smith e Hazel e IV, Níveis Independentes.

Para maximizar os ganhos genéticos entre as duas variáveis, delineou-se estratégias de seleção entre famílias, sendo selecionadas 30 famílias, para os diferentes métodos e índices de seleção. Ganhos baixos para ambas características foram encontrados (TABELA 14), sendo que o índice MM mais indicado para este tipo de estratégia pois apresenta maiores ganhos genéticos para ambas características.

TABELA 14. GANHOS GENÉTICOS E TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL DE SELEÇÃO DE FAMÍLIAS PARA SELEÇÃO SIMULTÂNEA DAS VARIÁVEIS DAP E DENSIDADE BÁSICA (DB) EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda*, NO MUNICÍPIO DE RIO NEGRINHO, ESTADO DE SANTA CATARINA PARA FORMAÇÃO DE POMAR CLONAL DE SEMENTES.

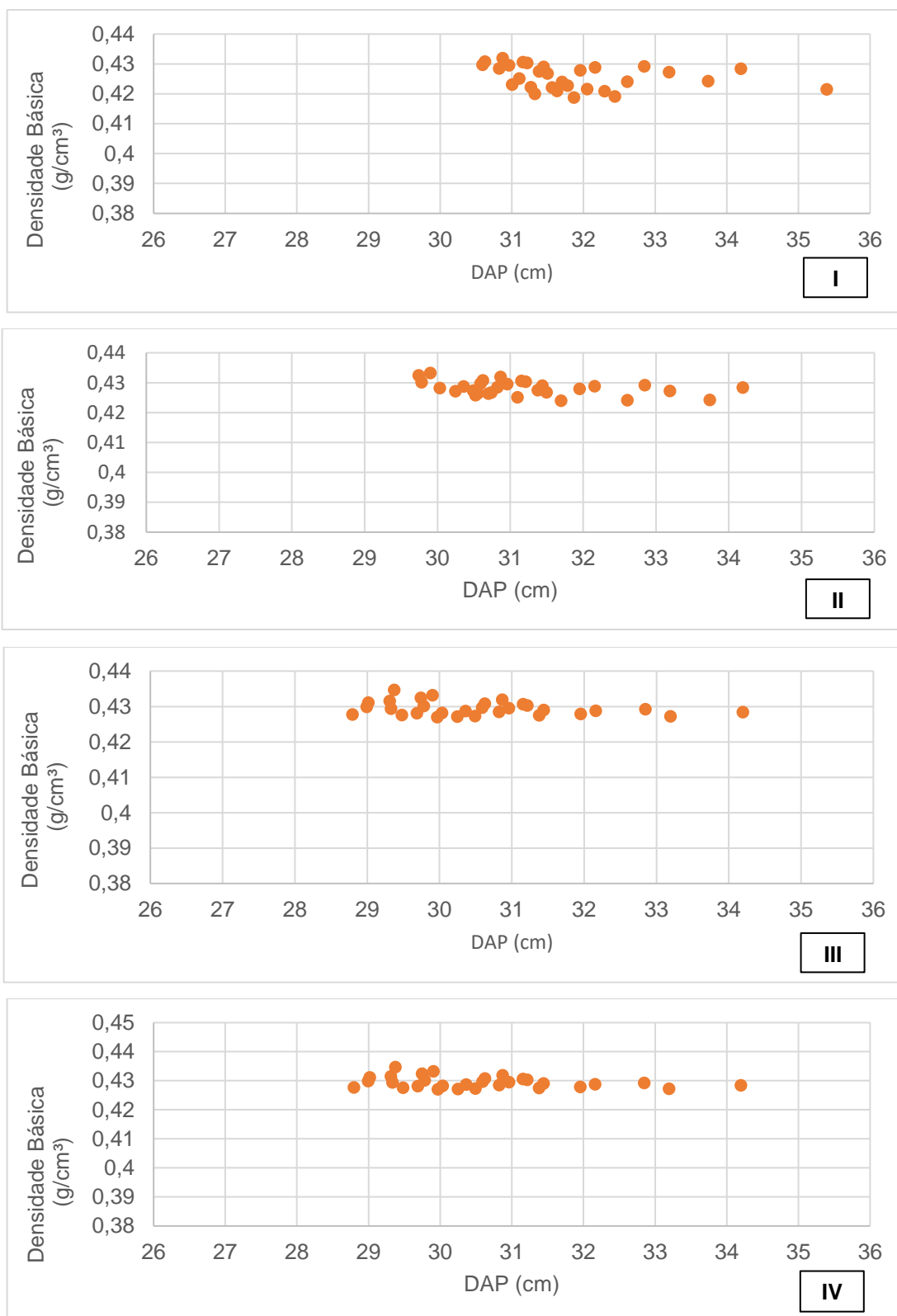
Método	Índice	Seleção de famílias				
		Ganho genético (%)		Nf	N	Ne
		DAP	Db			
BLUP	IM	4,7	1,1	30	227	66
	MM	4,9	1	30	231	66
	IH	0.8	1,6	30	279	77
	NI	1	1.5	30	285	84
BLUP-HET	IM	7.6	0.2	30	232	96
	MM	5	1.2	30	358	89
	IH	1.8	1.6	30	289	78
	NI	1.9	1.7	30	283	80

Fonte: o autor (2019)

Nota: IM, Índice Multiplicativo; MM, Índice com base em soma de postos; IH, Índice clássico de Smith e Hazel; NI, Níveis Independentes, NF, número de famílias; N, número de indivíduos; Ne, tamanho efetivo populacional.

As estimativas dos ganhos genéticos através do método de BLUP HET mostraram-se superiores as obtidas pelo método BLUP principalmente para a característica DAP. Para a DB, o índice Multiplicativo (IM) mostrou-se bem inferior através da estimativa BLUP HET por priorizar os ganhos para DAP. Sendo que o índice de seleção MM demonstrou agrupar melhor as melhores famílias para os ganhos genéticos tanto para DAP quanto DB (GRÁFICO 4). A seleção por níveis independentes distribuiu mais os genótipos selecionados, assim como o Índice Clássico de Smith e Hazel, diminuindo os ganhos para a produtividade (GRÁFICO 4).

GRÁFICO 4. DISPERSÃO DA SELEÇÃO DE FAMÍLIA ATRAVÉS DO BLUP HET PARA DIFERENTES MÉTODOS DE SELEÇÃO PARA SELEÇÃO SIMULTÂNEA DE DIÂMETRO À ALTURA DO PEITO (DAP) E DENSIDADE BÁSICA (DB).



Fonte: O autor (2019)

Nota: I, Índice Multiplicativo; II, Soma de Postos; III, Índice clássico de Smith e Hazel e IV, Níveis Independentes.

Na estratégia de seleção entre e dentro de famílias, obtiveram-se ganhos mais pronunciados para a característica DB para o índice Clássico de Smith e Hazel e Níveis Independentes, com ganhos muito menores para a característica DAP (TABELA 15). Os ganhos concentrados em DAP acabam por diminuir os ganhos em produtividade com a utilização desses métodos de seleção (GRÁFICO 5). É importante salientar que a melhor estratégia deve ser aquela que maximize os ganhos do silvicultor para a finalidade de mercado do seu produto.

Através dos outros índices (IM e MM), os ganhos são maiores para a característica DAP. É importante ressaltar que o IM prioriza o ganho em produtividade diminuindo o ganho para DB quando comparado ao MM. Observando a dispersão dos indivíduos selecionados (GRÁFICO 5) podemos observar que a característica DAP concentram o processo seletivo através dessa seleção. Quando a estratégia de melhoramento a ser aplicada a este material genético priorizar a qualidade da madeira como característica de interesse, o índice de seleção MM deve ser o norteador da formação da população selecionada.

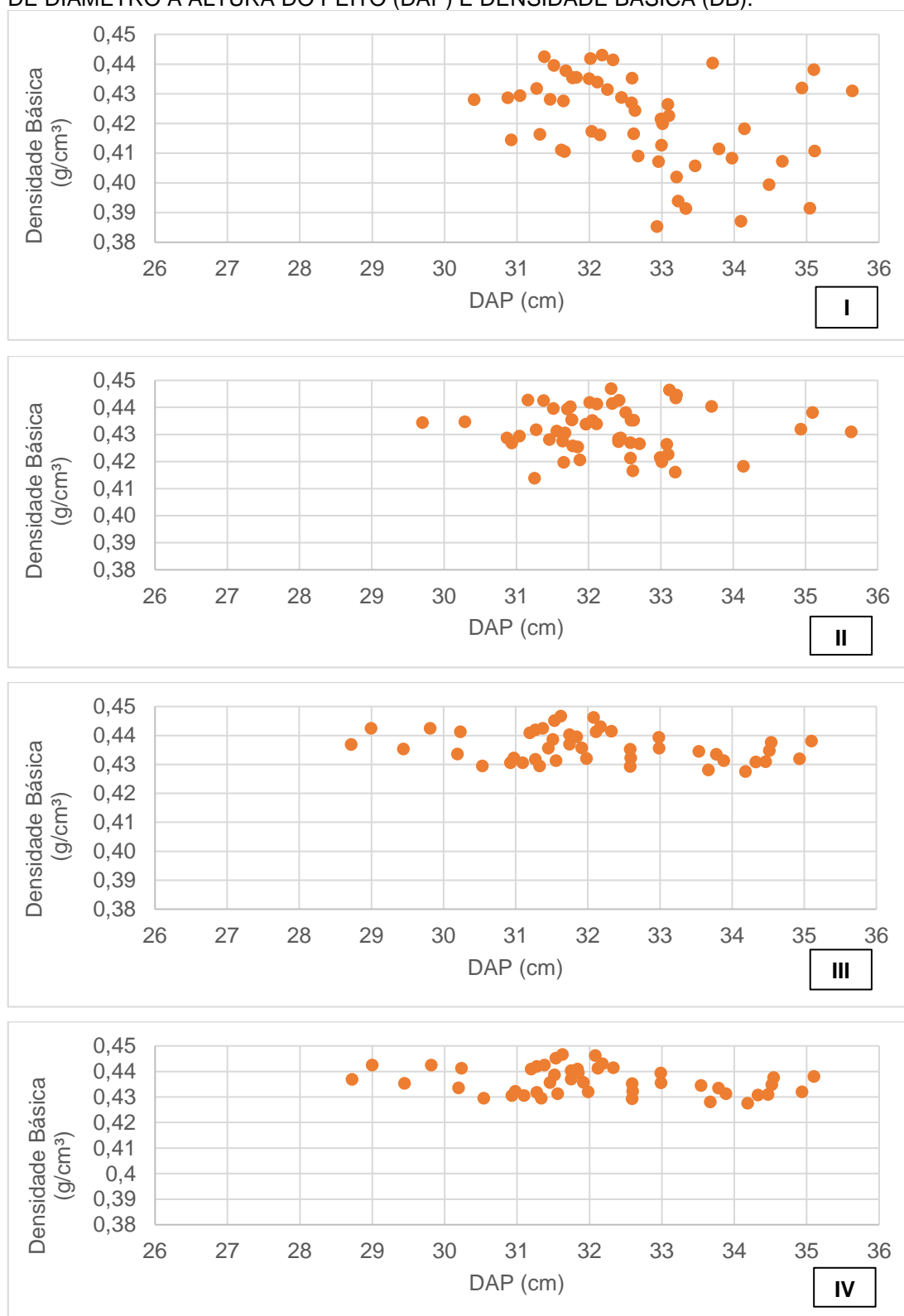
TABELA 15. GANHOS GENÉTICOS E TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL DE SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS PARA SELEÇÃO SIMULTÂNEA DAS VARIÁVEIS DAP E DENSIDADE BÁSICA (DB) EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda*, NO MUNICÍPIO DE RIO NEGRINHO, ESTADO DE SANTA CATARINA PARA FORMAÇÃO DE POMAR CLONAL DE SEMENTES.

		Seleção entre e dentro				
		Ganho genético (%)		Nf	N	Ne
Método	Índice	DAP	Db			
BLUP	IM	7,9	1,6	30	60	48
	MM	8,7	1,1	30	60	48
	IH	0.6	2,9	30	60	48
	NI	0.2	3.1	30	60	48
BLUP-HET	IM	11.1	0.3	30	60	48
	MM	8	1.3	30	60	48
	IH	2	2.8	30	60	48
	NI	1.9	2.6	30	60	48

Fonte: o autor (2019)

Nota: IM, Índice Multiplicativo; MM, Índice com base em soma de postos; IH, Índice clássico de Smith e Hazel; NI, Níveis Independentes, NF, número de famílias; N, número de indivíduos; Ne, tamanho efetivo populacional.

GRÁFICO 5. DISPERSÃO DA SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIA ATRAVÉS DO BLUP HET PARA DIFERENTES MÉTODOS DE SELEÇÃO PARA SELEÇÃO SIMULTÂNEA DE DIÂMETRO À ALTURA DO PEITO (DAP) E DENSIDADE BÁSICA (DB).



Fonte: O autor (2019)

Nota: I, Índice Multiplicativo; II, Soma de Postos; III, Índice clássico de Smith e Hazel e IV, Níveis Independentes.

Os índices de seleção utilizados (Smith Hazel, multiplicativo e soma dos postos) apresentaram coeficiente de coincidência de Cohen (k) altos quando comparados BLUP com BLUP HET (TABELA 16). Ou seja, houve uma concordância substancial entre os indivíduos selecionados por esses índices para os diferentes métodos de estimativa. A baixa coincidência entre os diferentes métodos de estimativa e diferentes índices demonstram que de acordo com o método são priorizados indivíduos distintos.

TABELA 16. COEFICIENTE DE COINCIDÊNCIA DE COHEN (K) ENTRE OS DIFERENTES MÉTODOS DE SELEÇÃO E ÍNDICES EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* NO ESTADO DE SANTA CATARINA PARA FORMAÇÃO DE POMAR CLONAL DE SEMENTES (PCS), PARA SELEÇÃO INDIVIDUAL E ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS.

Seleção	Método	Índ,	INDIVIDUAL								ENTRE E DENTRO								
			BLUP				BLUP-HET				BLUP				BLUP-HET				
			IM	MR	IH	NI	IM	MR	IH	NI	IM	MR	IH	NI	IM	MR	IH	NI	
Individual	BLUP	IM	1	0,46	0,16	0,24	0,86	0,45	0,14	0,38	0,29	0,27	0,16	0,12	0,46	0,30	0,14	0,29	
		MR		1	0,27	0,31	0,48	0,91	0,20	0,40	0,18	0,14	0,23	0,24	0,41	0,39	0,21	0,37	
		IH			1	0,60	0,16	0,25	0,82	0,79	0,09	-0,02	0,52	0,51	0,14	0,11	0,45	0,61	
		NI				1	0,25	0,32	0,71	0,95	0,10	0,05	0,41	0,59	0,20	0,16	0,24	0,77	
	BLUP-HET	IM					1	0,46	0,14	0,19	0,23	0,21	0,16	0,30	0,46	0,30	0,16	0,15	
		MR						1	0,20	0,23	0,18	0,14	0,21	0,22	0,39	0,41	0,20	0,26	
		IH							1	0,70	0,11	0,00	0,57	0,50	0,13	0,09	0,50	0,44	
		NI								1	0,19	0,09	0,48	0,60	0,18	0,28	0,33	0,58	
	Entre e Dentro	BLUP	IM								1	0,79	0,16	0,21	0,43	0,25	0,13	0,20	
			MR										1	0,05	0,30	0,32	0,32	0,02	0,26
BLUP-HET		IH											1	0,3	0,16	0,14	0,79	0,51	
		NI													1	0,11	0,18	0,60	0,71
		IM														1	0,43	0,13	0,09
		MR															1	0,13	0,15
BLUP-HET	IH																1	0,45	
	NI																		1,00

Fonte: o autor (2019)

Nota: IM, Índice Multiplicativo; MM, Índice com base em soma de postos; IH, Índice clássico de Smith e Hazel e NI, Níveis Independentes.

O coeficiente de coincidência de Cohen (k) foram baixos demonstrando que as famílias variam de acordo com o método de seleção utilizado (TABELA 17). Mesmo as estimativas do BLUP com BLUP HET apresentaram menores coincidências entre as famílias selecionadas. Sendo que o índice clássico (IH) apresenta a maior concordância entre BLUP e BLUP HET.

TABELA 17. COEFICIENTE DE COINCIDÊNCIA DE COHEN (K) ENTRE OS DIFERENTES MÉTODOS DE SELEÇÃO E ÍNDICES EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* NO ESTADO DE SANTA CATARINA PARA FORMAÇÃO DE POMAR CLONAL DE SEMENTES (PCS), PARA SELEÇÃO ENTRE FAMÍLIAS.

Método	Índice	BLUP				BLUP-HET			
		IM	MR	IH	NI	IM	MR	IH	NI
BLUP	IM	1	0,04	0,04	0,04	0,19	0,11	0,07	0,08
	MR		1	0,30	0,37	0,00	0,15	0,22	0,33
	IH			1	0,58	0,15	0,41	0,56	0,55
	NI				1	0,14	0,47	0,58	0,59
BLUP-HET	IM					1	0,37	0,19	0,11
	MR						1	0,44	0,36
	IH							1	0,54
	NI								1

Fonte: o autor (2019)

Nota: IM, Índice Multiplicativo; MM, Índice com base em soma de postos; IH, Índice clássico de Smith e Hazel e NI, Níveis Independentes.

As estimativas de ganhos genéticos para DAP e DB demonstraram-se muito semelhantes entre a utilização do BLUP ou BLUP HET, sendo que a precisão de seleção deve sempre nortear as estratégias de melhoramento na formação da população de melhoramento. A utilização do BLUP HET é indicada na seleção de progênies/famílias para DB.

A utilização da característica da densidade básica diminui os ganhos em produtividade. Logo, para se determinar o quanto é preciso avançar para a próxima geração, é preciso definir qual é meu limite de perda em produção em detrimento da DB. Sendo que para a maioria dos usos da madeira, densidade básica mais alta é melhor. Estratégias que compreendam essa necessidade são necessárias para um melhor aproveitamento da madeira para diferentes nichos de mercado.

Para ampliar os ganhos genéticos advindos da seleção, a seleção combinada entre e dentro é eficaz por priorizar o mérito individual, simultaneamente com informações adicionais relativos aos valores da sua respectiva família, dando maior acurácia ao processo seletivo (CRUZ *et al.*, 2014). Realizou-se a seleção entre as famílias selecionando-se 30 famílias e dentro realizou-se a seleção dos dois melhores indivíduos. O índice de soma de postos foi o melhor para ganhos de DAP e DB assim como nas estratégias de seleção individual e entre famílias.

A coincidência de Cohen, se refere as comparações entre os diferentes métodos de seleção e na coincidência de indivíduos. Para este método de seleção, os valores foram menores quando comparados a seleção individual (TABELA 16), é esperada essa resposta devido à restrição de indivíduos por famílias e pelo menor número de famílias selecionadas (30).

A avaliação da divergência genética entre progênes, com base em caracteres quantitativos, é importante para direcionar a estratégia de melhoramento a ser adotada. Quando se tem uma população com base genética restrita, como é o caso desta população para DB, de acordo com Silva *et al.*, (2012), identificar os grupos distintos de progênes divergentes para a característica de interesse para realização de cruzamentos controlados pode ampliar a variação genética e contribuir para a maximização da produtividade.

De acordo com o agrupamento de Tocher (TABELA 18), observa-se a formação de cinco grupos, considerando as duas variáveis. Devido baixos ganhos para DB, conduzir uma população através de reprodução controlada pode ser uma medida importante para melhoria da característica. Pois quanto mais divergentes forem os genitores, maior a possibilidade de ocorrer à variabilidade na população segregante e maior possibilidade de reorganização dos alelos com novas combinações favoráveis (MANFIO *et al.*, 2012).

As marcações em laranja referem-se as 10 melhores famílias para DB e em azul as 10 melhores famílias para DAP, demonstrando que é possível maximizar ganhos através de cruzamentos controlados entre progênes que apresentem ambas características de interesse.

TABELA 18. AGRUPAMENTO (TOCHER) PELAS DISTÂNCIAS DE MAHALANOBIS EM *P. taeda* ENVOLVENDO AS VARIÁVEIS DAP E DB DE UM TESTE DE PROGÊNES AVALIADO NO MUNICÍPIO DE RIO NEGRINHO, ESTADO DE SANTA CATARINA, AOS 20 ANOS DE IDADE.

Grupos	Famílias																	
	1	2	3	5	6	7	9	11	13	14	15	16	17	18	20	22 ⁽¹⁰⁾	23	24
	25	26	27 ⁽⁹⁾	28	29 ⁽¹⁰⁾	30	31	34	35 ⁽⁸⁾	36	37	39	40	41	42	43	44	45
I	49	50 ⁽⁷⁾	52	53	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68
	70	71	73	75	78	79	81	84	85	86	87	88	90	91	93	95	97	98
	99	100	101 ⁽⁸⁾	102	103	104	105	107	108	109	110	111	112	113	114	116	117	119
II	4 ⁽¹⁾	10 ⁽²⁾	38 ⁽⁹⁾	46 ⁽³⁾	51 ⁽⁴⁾	83 ⁽³⁾	89 ⁽²⁾	115 ⁽⁵⁾										
III	19	54	74 ⁽⁵⁾	76 ⁽⁶⁾	77	80 ⁽⁷⁾												
IV	21	47 ⁽⁶⁾	106															
V	94 ⁽¹⁾	118 ⁽⁴⁾																

Fonte: o autor (2019)

5.4 CONCLUSÃO

Estimativa de parâmetros por BLUP HET demonstram melhor predição de parâmetros genéticos. A melhor estratégia de seleção, é através da seleção individual. O melhor índice de seleção é a Soma de Posto, devido apresentar ganhos genéticos preditos mais equalizados para DAP e DB.

5.5 REFERÊNCIAS

ALVARES, CA; STAPE, JL; SENTELHAS, PC; de MORAES, G; LEONARDO, J; SPAROVEK, G Köppen's climate classification map for Brazil, **Meteorologische Zeitschrift**, v. 22, n. 6, p. 711-728, 2013.

ASSUNÇÃO, M .P .; KRAUSE, W.; DALACORT, R.; SANTOS, P. R. J.; NEVES, G. L. Seleção individual de plantas de maracujazeiro azedo quanto à qualidade de frutos via REML/BLUP. **Revista Caatinga**, v. 28, n. 2, p. 57 – 63, 2015.

BOGNOLA, I.A.; RIBEIRO JUNIOR, P.J.; SILVA, E.A.A.; LINGNAU, C.; HIGA, A.R. Modelagem uni e bivariada da variabilidade espacial de rendimento de *Pinus taeda* L. **Floresta**, v. 38, n. 2, p. 373-385, 2008.

COUTINHO, R. T.; BESPALHOK FILHO, J. C.; FRITSCH NETO, R.; FRIZZO, C. Viabilidade da seleção precoce de *Pinus taeda* L. em diâmetro a altura do peito em programa de melhoramento genético. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 45, n. 113, p. 205-219, 2017.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v. 1, 4. Ed.Viçosa: UFV, 2012. 514 p.

CUMBIE, W. P.; ISIK, F. and MCKEAND, S. E. Genetic improvement of sawtimber potential in loblolly pine. **Forest Science**, v. 58, n. 2, p. 168-177, 2012.

DVORAK, W. S. The strategic importance of applied tree conservation programs to the forest industry in South Africa. **Southern Forests: a Journal of Forest Science**, v. 74, n. 1, p. 1-6, 2012.

DVORAK, W. S. The strategic importance of applied tree conservation programs to the forest industry in South Africa. **Southern Forests: a Journal of Forest Science**, v. 74, n. 1, p. 1-6, 2012.

EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Solos. Sistema brasileiro de classificação de solos. Brasília: EMBRAPA SPI; Rio de Janeiro: EMBRAPA CNPS, 2ª ed.rev., 306p, 2006.

FONSECA, R.R.G.; GONÇALVES, F.M.A.; ROSSE, L.N.; RAMALHO, M.A.P.; BRUZI, A.T.; REIS, C.A.F. Realized heritability in the selection of *Eucalyptus* spp. trees through progeny test. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.10, p.160-165, 2010.

GARCIA, A.A.F.; SOUZA JÚNIOR, C.L. de. Comparação de índices de seleção não paramétricos para a seleção de cultivares. **Bragantia**, v.58, p.253-267, 1999.

GWAZE, D. P.; BRIDGWATER, F. E.; BYRAM, T. D.; LOWE, W. J. Genetic parameter estimates for growth and wood density in loblolly pine (*Pinus taeda* L.). **Forest Genetics**, v. 8, n. 1, p. 47-55, 2001.

ISHIBASHI, V.; MARTINEZ, D.T.; HIGA, A.R. Phenotypic models of competition for *Pinus taeda* L. genetic parameters estimation. **Cerne**, v.23, n.3, p. 349-358, 2017.

ISIK, K.; KLEINSCHMIT, J.; STEINER, W. Age–Age Correlations and Early Selection for Height in a Clonal Genetic Test of Norway Spruce. **Forest Science**, v. 56, n. 2, p. 212 -221, 2011.

KRAUSE, W.; SOUZA, R. S.; NESES, L. G.; CARVALHO, M. L. S.; VIANA, A. P. FALEIRO, F.G. Ganho de seleção no melhoramento genético intrapopulacional do maracujazeiro-amarelo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, n.1, p.51-57, 2012.

LOO, J. A.; TAUER, C. G.; BUIJTENEN, J. P. van. Juvenile-mature relationships and heritability estimates of several traits in loblolly pine (*Pinus taeda*). **Canadian Journal of Forest Research**, v. 14, p. 822-825, 1984.

MANFIO, C. E.; MOTOIKE, S. Y.; RESENDE, M. D. V.; dos SANTOS, C. E. M.; E SATO, A. Y. Avaliação de progênies de macaúba na fase juvenil e estimativas de parâmetros genéticos e diversidade genética. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 32, n. 69, p. 63-68, 2012.

MARTINEZ, D. T.; RESENDE, M. D. V.; COSTA, R. B.; HIGA, A. R.; SANTOS, G. A.; FIER, I. S. N. Estudo da interação genótipo x ambiente em progênies de *Pinus taeda* por meio da análise de parâmetros genéticos, **Floresta**, v. 42, n. 3, p. 539 – 552, 2012.

PALUDZYSZYN FILHO, E.; SHIMOYAMA, V.R.S. Seleção Precoce para Incremento Simultâneo do Crescimento e da Qualidade da Madeira em *Pinus taeda* L. **Boletim da Pesquisa Florestal**, n.46, p. 31 – 46, 2003.

PIMENTEL, A. J. B.; GUIMARÃES, J. F. R.; SOUZA, M. A.; RESENDE, M. D. V.; MOURA, L. M.; ROCHA, J. R. A. S. C.; RIBEIRO, G. Estimacão de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 49, n.11, p.882-890, 2014.

PIRES, I. E.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, R. L.; RESENDE JUNIOR, M.F.R. **Genética Florestal**. Viçosa, MG: Arka, 2011. 318 p.

RESENDE JR, M. F. R.; MUNÓZ, P.; ACOSTA, J. J.; PETER, G. F.; DAVIS, J. M.; GRATTAPAGLIA, D.; RESENDE, M. D. V. Accelerating the domestication of trees using genomic selection: accuracy of prediction models across ages and environments. **New Phytologist**, v. 193, p. 617–624, 2012.

RESENDE, M. D. V. **Genética quantitativa e de populações**. Viçosa, MG: Suprema. 463 p. 2015.

RESENDE, M. D. V. **Selegen-Reml/Blup**: Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos. Colombo: Embrapa Florestas. 361 p. 2007.

RESENDE, M. D. V. **Selegen-Reml/Blup**: Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos. Colombo: Embrapa Florestas. 361 p. 2007.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.16, n. 4, p. 330-339, 2016.

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

SANTOS, F.S.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; FREITAS JÚNIOR, S. de P.; RANGEL, R.M.; PEREIRA, M.G. Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na população de milho-pipoca UNB-2U sob seleção recorrente. **Bragantia**, v.66, p.389-396, 2007.

SANTOS, P.E.T.; GERALDI, I.O.; GARCIA, J.N. Estimativas de parâmetros genéticos de propriedades físicas e mecânicas da madeira em *Eucalyptus grandis*. **Scientia Forestalis**, n.63, p.54-64, 2003.

SMITH, D. M. Maximum moisture content method for determining specific gravity of small samples. **Madison: Forest Products Laboratory**, 1954. 8 p.

STURION, J. F.; RESENDE, M.D.V. Avaliação genética e análise de *deviance* em um teste desbalanceado de procedência e progênie de *Ilex paraguariensis*. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 30, n. 62, p. 157 – 160, 2010.

VENCOVSKI, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

WILLIAMS, C. G.; MEGRAW, R. A. Juvenile-mature relationship for wood density in *Pinus taeda*. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 24, p. 714-722, 1994.

6. CONSIDERAÇÕES FINAIS E RECOMENDAÇÕES

A qualidade experimental sempre deve ser priorizada em teste genéticos para avaliação de genótipos. Metodologias de avaliação experimental devem ser adotadas em todas as avaliações para assegurar a predição de ganhos genéticos. A avaliação que demonstrar autocorrelação espacial deve ser corrigida através de uso de covariável para assegurar eficiência aos processos seletivos. Ou ainda buscar soluções com utilização de modelos genotípicos para correção das variáveis.

Reduzir o tempo de avaliações é de grande importância dentro do melhoramento florestal visto os longos ciclos e compreender o desenvolvimento da espécie de estudo é fundamental para determinar a possibilidade de ganhos em idades precoces. Identificar as correlações genéticas entre variáveis de interesse e correlações genéticas entre idades são fundamentais para reduzir o tempo de seleção com predição de ganhos assegurados ao final do ciclo de rotação.

Saber qual é o melhor método de seleção entre variáveis, seja por seleção direta ou indireta é de fácil obtenção quando existem correlações genéticas entre as variáveis. Para ganhos genéticos com características sem correlação, como neste trabalho, índices de seleção ou níveis independentes devem ser utilizados. A melhor estratégia de seleção será aquela que melhor apresentar os ganhos que se busca para a população de estudo. Neste trabalho observamos ganhos baixos para a densidade básica da madeira devido sua baixa variabilidade. Esses ganhos podem ser decorrentes dos processos seletivos já realizados na população. Em estudos futuros recomenda-se coleta de material de todos os indivíduos dos testes genéticos.

Recomenda-se a utilização de populações múltiplas de melhoramento, podendo assim, conduzir populações com ganhos específicos para densidade básica e produtividade. Inserção de novos genótipos com densidade básica conhecida e possibilidade de ganhos genéticos maiores podem ser obtidos através de cruzamentos controlados de genótipos.

Utilização de hibridações interespecíficas devem ser estudadas e desenvolvidas para características de interesse pois através dessa técnica é possível maximizar os ganhos genéticos para produtividade e qualidade da madeira. A seleção genômica ampla é uma ferramenta que auxilia as execuções das estratégias de melhoramento auxiliando a seleção de genótipos superiores para formação da população de melhoramento da próxima geração.

7. REFERÊNCIAS

- AGUIAR, A. V.; SOUSA, V. A., FRITZSONS, E.; PINTO JUNIOR, J. E. Programa de melhoramento de *Pinus* da Embrapa Florestas. **Documento 233**. Embrapa Florestas, Colombo, PR, 2011.
- AGUIAR, A. V. de; SOUSA, V. A. de; SHIMIZU, J. Y. **Cultivo de *Pinus***. Embrapa Florestas, Sistemas de Produção, 2ª edição, Jun de 2014.
- ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Plant Breeding**, v.46, p.269-278, 1992.
- ASSIS, T.F. Melhoramento genético do eucalipto. **Informe agropecuário**, 189: 32-52. 1996.
- BAKER, J.B.; LANGDON, O.G. **Silvics of North America Vol. 1 Conifers: *Pinus taeda* L. Loblolly pine**. USA Department of Agriculture and Forest Service. 1990. 654 p.
- BASTOS, I.T.; BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V. de; PETERNELLI, L.A.; SILVEIRA, L.C.I. da; DONDA, L.R.; FORTUNATO, A.A.; COSTA, P.M. de A.; FIGUEIREDO, I.C.R. de. Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.37, p.195-203, 2007.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de plantas**. 6º ed. ver. e ampl. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2013. 523 p.
- BUENO, L.C.S.; MENDES, A.N.G.; CARVALHO, S.P. **Melhoramento de plantas: princípios e procedimentos**. Lavras: UFLA. 2001. 282 p.
- CARBONELL, S.A.M.; CHIORATO, A.F.; RESENDE, M.D.V. de; DIAS, L.A. dos S.; BERARDO, A.L.A.; PERINA, E.F. Estabilidade em cultivares e linhagens de feijoeiro e diferentes ambientes no Estado de São Paulo. **Bragantia**, v.66, p.193-201, 2007.
- CHAVES, J.H. et al. Seleção precoce de clones de eucalipto para ambientes com disponibilidade diferenciada de água no solo: relações hídricas de plantas em tubetes. **Revista Árvore**, v.28, n.3, p. 333-341, 2004.
- CRUZ, C.D.; RAGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Volume 1. 4 ed. Viçosa: Ed. UFV, 2012. 514 p.
- CRUZ, D.G.; CARNEIRO, P.C.S.; RAGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Volume 2. 3 ed. Viçosa: Ed. UFV, 2014. 668 p.
- DIAS, L.A.S.; KAGEYAMA, P.Y. Variação genética em espécies arbóreas e consequências para o melhoramento florestal. **Agrotrópica**: v.3, n.3, p 119-127. 1991.

DIAS, P.C. **Avaliação genética de clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática.** Tese (Doutorado). Universidade Federal de Viçosa – MG, 2013.

DUDA, L.L. **Seleção genética de árvores de *Pinus taeda* L.** na região de Arapoti, Paraná. 2003. 50 p. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

FALCONER, D. S. **Introdução a genética quantitativa.** Tradução de Martinho de Almeida e Silva e José Carlos Silva. Viçosa, UFV, 1987, 279 p.

FARIAS NETO, J.T.; CASTRO, A.W.V.; BIANCHETTI, A. Aplicação da seleção precoce em famílias de meio-irmãos de taxi-branco. **Acta Amazônica**, Manaus, v.33, n.1, p.85-91, 2003.

FERREIRA, A. R. **Análise genética e seleção em testes dialélicos de *Pinus taeda* L.** 2005. 196 p. Tese (Doutorado em Engenharia Florestal) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

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

GONÇALVES, P. S. et al. Early selection for growth vigor in rubber tree genotypes in northwestern São Paulo State (Brazil). **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 21, n. 4, p. 620-630, 1998.

GWAZE, D. P.; BRIDGWATER, F. E.; BYRAM, T. D.; LOWE, W. J. Genetic parameter estimates for growth and wood density in loblolly pine (*Pinus taeda* L.). **Forest Genetics**, v. 8, n. 1, p. 47-55, 2001.

HARTMAN, K.A. National register of big trees. **American Forests**, v.88, n.4, p.1731/24-38, 1982.

HENDERSON, C.R. Sire evaluation and genetic trends. In: ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOR OF J. LUSH. Campaign, 1973. Champaign: **American Society of Animal Science**, 1973, p. 10-41.

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

ISIK, F. et al. Prediction of wood density breeding values of *Pinus taeda* elite parents from unbalanced data: A method for adjustment of site and age effects using common checklots. **Annals of forest science**, v. 65, n. 4, p. 1, 2008.

KITZMILLER, J.H. Progeny testing - objectives and design. In.: SERVICEWIDE GENETIC WORKSHOP, 1983, Charleston. **Proceedings...** Charleston: Sout Carolina, 1983. 231-247p.

LARSON, P.R. et al. Formation and properties of juvenile wood in southern pines: a synopsis 129. Madison, Wisconsin: U.S. Department of Agriculture, Forest Service, **Forest Products Laboratory**, 2001. 42 p. Technical Report.

LI, B.; MICKEAND, S.E.; WEIR, R.J. Genetic parameter estimates and selection efficiency for the loblolly pine breeding in the south-eastern US. In: PROCEEDINGS OF QFRI-IUFRO CONFERENCE, Caloundra, Australia. **Tree Improvement for sustainable tropical forestry**. 1996. p. 164-168.

LIN, C.S.; BINNS, M.R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, v.68, p.193-198, 1988.

LITTLE, S.; TREW, I.F. Pitch x loblolly pine hybrids: loblollies for the north? **Journal of Forestry**, v.77, n.11, p. 709-716, 1979.

LOPEZ, J.A. Nociones sobre mejoramiento genético forestal. Estratégias y selección de árboles superiores. **Informe Técnico Número 6**. INTA: EEA Balla Vista – Centro Regional Corrientes. 1994. 17p.

LUSH, J.L. Genetic aspects of the Danish system of progeny testing swine. Iowa **Research Bulletin**, n. 204, 1936. 17p.

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

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

MASSARO, R.A.M.; BONNIE, C.A.V.; SCARPINATI, E.A.; PAULA, R.C. Viabilidade de aplicação da seleção precoce em testes clonais de *Eucalyptus* spp. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 20, n.4, p. 597-609, 2010.

MORAES, M.L.T. **Varição genética de densidade básica da madeira em progênies de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden e suas relações com as características de crescimento**. Piracicaba, 1987. 115 p. (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

PALUDZYSZYN FILHO, E.; SHIMOYAMA, V.R.S.; MORA, A.L. Seleção Precoce para Incremento Simultâneo do Crescimento e da Qualidade da Madeira em *Pinus taeda* L. **Boletim Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 46, p. 31- 46 jan./jun. 2003.

PALUDZYSZYN FILHO, E.; FERNANDES, J.S.C.; RESENDE, M.D.V. Avaliação e seleção precoce para crescimento de *Pinus taeda*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 12, p. 1719-1726, dez. 2002.

PEREIRA, A. B.; MARQUES JUNIOR, O.G.; RAMALHO, M.A.P.; ALTHOFF, P.. Eficiência da seleção precoce em famílias de meios-irmãos de *Eucalyptus*

camaldulensis Dehnh., avaliadas na região noroeste do estado de Minas Gerais. **Cerne**, Lavras, v. 3, n. 1, p. 67-81, 1997.

PINTO JÚNIOR, J.E. **REML/BLUP para análise de múltiplos experimentos, no melhoramento genético de *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden**. 2004. 113 f. Tese (Doutorado em Ciências Florestais) – Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

PIRES, I. E.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, R. L.; RESENDE JUNIOR, M.F.R. **Genética Florestal**. Viçosa, MG: Arka, 2011. 318 p.

RAWLINGS, J.O. Present status of research on long and short-term recurrent selection in finite populations: choice of population size. In: MEETING OF WORKING GROUP ON QUANTITATIVE GENETICS, 2, 1970, New Orleans. Proceedings...New Orleans: USDA. **Forest Service**, Southern Forest Experiment Station, 1970. 15p.

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

RESENDE, M.D.V. de. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 65p. (Embrapa Florestas. Documentos, 100).

RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes**. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília, DF, 2002. 975 p.

RESENDE, M.D.V. **Novas abordagens estatísticas na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 60 p. (Embrapa Florestas Documentos 100).

RESENDE, M.D.V.; PRATES, D.F.; JESUS, A.; YAMADA, C.K. Melhor predição linear não viciada (BLUP) de valores genéticos no melhoramento de Pinus. **Embrapa Floresta – Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n.32/33, p.3-22, 1996.

RESENDE, M.D.V.; VENCOSKY, R. Condução e utilização de bancos de conservação genética de espécies de eucalipto. In: CONGRESSO FLORESTAL BRASILEIRO, 6, 1990, Campos do Jordão. **Anais...** São Paulo: Sociedade Brasileira de Silvicultura, 1990. p. 434-439.

REZENDE, G.D.S.P.; BERTOLUCCI, F.L.G. Uso da seleção combinada na determinação da eficiência da seleção precoce em progênies de meio-irmão de *Eucalyptus urophylla*. In: **Anais do I Congresso Florestal Panamericano e VII Congresso Florestal Brasileiro**. Sociedade Brasileira de Silvicultura/ Sociedade Brasileira de Engenheiros Florestais, São Paulo, p.158-160. 1993.

SEARLE, S.R.; CASELLA, G.; McCULLOCH, C.E. **Variance components**. New York: J. Wiley, 1992. 528 p.

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

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

VERARDI, C. K.; RESENDE, M.D.V.; COSTA, R.B.; GONÇALVES, P.S. Adaptabilidade e estabilidade da produção de borracha e seleção em progênies de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.44, n.10, p.1277-1282. 2009.

WENG, Y. H.; TOSH, K. J.; PARKY, Y.S.; FULLARTON, M. S. Age-related trends in genetic parameters for jack pine and their implications for early selection. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v.56, n.5, p.242-252, 2007.

WILLIAMS, C. G.; MEGRAW, R. A. 1994: Juvenile-mature relationships for wood density in *Pinus taeda*. **Canadian Journal of Forest Research**, 1994, 24(4): 714-722, 10.1139/x94-095.

WU, H. X. Study of early selection in tree breeding. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 47, n. 2-3, p.146-155, 1998.

XIANG, B.; LI, B.; ISIK, F. Time trend of genetic parameters in growth traits of *Pinus taeda* L. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v.52, n.3-4, p. 114-121, 2002.

ZOBEL, B.L; JETT, J.B. **Genetics of wood production**. Berlin: Springer-Verlag, 1995. 304 p.