



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
"JÚLIO DE MESQUITA FILHO"
Campus de Ilha Solteira

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA "JÚLIO DE MESQUITA FILHO"
FACULDADE DE ENGENHARIA
CAMPUS DE ILHA SOLTEIRA

DANIELE FERNANDA ZULIAN

MÉTODOS DE SELEÇÃO PARA OTIMIZAR O GANHO E A DIVERSIDADE
GENÉTICA EM POMARES DE SEMENTES POR MUDA DE *Pinus caribaea* var.
caribaea

Ilha Solteira
2017

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

DANIELE FERNANDA ZULIAN

**MÉTODOS DE SELEÇÃO PARA OTIMIZAR O GANHO E A
DIVERSIDADE GENÉTICA EM POMARES DE SEMENTES POR
MUDA DE *Pinus caribaea* var. *caribaea***

Dissertação apresentada à Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira – UNESP como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em agronomia – Especialidade: Sistemas de Produção.

Prof^a. Dra. Ananda Virginia de Aguiar

Orientador

Dra. Patrícia Alves Ferreira

Coorientador

FICHA CATALOGRÁFICA
Desenvolvido pelo Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação

Z94m Zulian, Daniele Fernanda.
Métodos de seleção para otimizar o ganho e a diversidade genética em pomares de sementes por muda de *Pinus caribaea* var. *caribaea* / Daniele Fernanda Zulian. -- Ilha Solteira: [s.n.], 2017
68 f. : il.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. Área de conhecimento: Sistemas de Produção, 2017

Orientador: Ananda Virginia de Aguiar
Co-orientador: Patrícia Alves Ferreira
Inclui bibliografia

1. Melhoramento florestal.. 2. Parâmetros genéticos. 3. REML/BLUP.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: MÉTODOS DE SELEÇÃO PARA OTIMIZAR O GANHO E A DIVERSIDADE GENÉTICA EM POMARES DE SEMENTES POR MUDA DE *Pinus caribaea* var. *caribaea*

AUTORA: DANIELE FERNANDA ZULIAN

ORIENTADORA: ANANDA VIRGÍNIA DE AGUIAR

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Mestra em AGRONOMIA, especialidade: SISTEMAS DE PRODUÇÃO pela Comissão Examinadora:



Dra. PATRÍCIA FERREIRA ALVES

Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio Economia / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira



Prof. Dr. ALAN RODRIGO PANOSSO

Departamento de Matemática / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira



Dra. MARCELA APARECIDA DE MORAES

. / .

Ilha Solteira, 09 de fevereiro de 2017

A minha mãe Ivanete e meu pai Laurindo pelo amor, paciência, carinho e incentivo,
aos meus irmãos, Eliseu e Franciele pelo amor, compreensão e apoio.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

À DEUS, pela minha vida, por sempre estar comigo me mostrando o caminho, dando-me sempre forças, fé e muita perseverança nesses anos, e acima de tudo ter me dado muita saúde e disposição para ter vencido mais uma etapa da minha vida.

À pesquisadora Prof. Dra. Ananda Virginia Aguiar pela orientação, dedicação ao trabalho, pela paciência e confiança;

Ao Prof. Dr. Mario Luiz Teixeira de Moraes pelos ensinamentos, pelos auxílios e colaborações prestados no desenvolvimento deste trabalho;

À Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira -UNESP, pela oportunidade de realização desse trabalho;

Aos funcionários da instituição UNESP- Ilha Solteira

À empresa de fomento CAPES pela concessão da bolsa de estudos;

Ao Centro de Conservação Genética e Melhoramento de Pinheiros Tropicais (CCGMPT) e ao Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais (IPEF), pelo fornecimento das sementes das progênies, e à Duratex S.A. (Agudos, SP) pela formação das mudas;

À banca examinadora composta por Dra. Marcela Aparecida de Moraes, Dr. Alan Rodrigo Panosso e Dr. Ananda Virginia de Aguiar;

Aos Funcionários da Fazenda de Ensino e Pesquisa da FEIS/UNESP: Alexandre Marques da Silva, Alonso A. da Silva, José Cambuim, pela amizade e apoio na coleta de dados;

À Selma Maria Bozzite de Moraes pelos ensinamentos, pelo carinho e amizade;

Aos colegas, Carla Pinotti, Danilla Lemos, Francine Souza, Silvelize Pupin, Murilo Serra, Thaisa Y. K. Kubota, Vanessa Zaffani, pelo apoio na coleta de dados. Em especial, ao meu esposo Andre Thiago C. Stuari pela imensa ajuda no campo, companheirismo, carinho e dedicação.

À todos que direta e indiretamente contribuíram para a realização deste trabalho, minha imensa gratidão.

RESUMO

Pinus caribaea var. *caribaea*, é uma espécie de importância para regiões tropicais do Brasil, pouco exigente em solo e com boa produção de madeira. A proposta desse trabalho foi estimar a variabilidade genética em pomares de *Pinus caribaea* var. *caribaea* e analisar qual melhor método de seleção. O estudo foi conduzido em dois Pomares de Sementes por Mudanças de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, o primeiro com 76 progênies e 4 testemunhas (área 1) e o segundo com 99 progênies e uma testemunha (área 2), ambos de polinização aberta. Foram avaliados os caracteres quantitativos: altura total de plantas (m); diâmetro à altura do peito - DAP (cm) e calculado o volume (m^3/arv^{-1}). A análise de deviance e as estimativas dos parâmetros genéticos foram realizadas pelo procedimento REML/BLUP. Foram propostas oitenta estratégias de seleção: quatro métodos e dez intensidades de seleção para a área 1 e quatro métodos e dez intensidades para a área 2 com base nos valores de BLUP's individuais. Para determinar a intensidade de seleção que maximiza tanto o Ganho de seleção (GS) quanto a diversidade genética (D), foi utilizado os valores de GS e D usando uma escala relativa de 0,0 – 0,1. Equações quadráticas foram utilizadas para estimar as linhas de regressão a partir dos pontos de dados, e determinar o ponto de intersecção das linhas, o qual foi considerado como o número ideal de indivíduos para cada método de seleção nas duas áreas. Os efeitos de progênies não foram significativos para nenhum dos caracteres. Variação significativa foi observada somente entre plantas dentro de parcelas para altura na área 1 e todos caracteres na área 2. As maiores estimativas de variação genética e herdabilidade foram obtidas para a área 1. Sem a otimização da seleção, o maior ganho obtido (4,8%) foi na seleção entre e dentro com uma intensidade de seleção de 52%, para a área 1. Na área 2 o maior ganho (2,86%) foi na seleção individual, porém ambas apresentaram a menor diversidade genética, a área 1 com 0,08 e área 2 com 0,07. Em ambas as áreas, foi possível otimizar ganho de seleção e a diversidade genética em apenas três métodos de seleção. Concluímos que existe baixa variabilidade genética nos Pomares de Sementes por Mudanças de *Pinus caribaea* var. *caribaea* a ser explorada. O método de seleção que maximiza o ganho e a diversidade genética para a área 1 foi a seleção entre e dentro de progênies na intensidade de seleção de 30%. E para a área 2 é o método de seleção individual com uma intensidade de seleção de 8,1%. Recomenda-se a infusão de novos materiais genéticos para prosseguir com um programa de melhoramento florestal, visto que foi encontrado baixa variabilidade e baixos ganhos na seleção de *Pinus caribaea* var. *caribaea*.

Palavras-chave: Melhoramento florestal. Parâmetros genéticos. REML/BLUP.

ABSTRACT

Pinus caribaea var. *caribaea*, is a species of particular importance for tropical regions of Brazil. It is not very demanding on soil and is a good wood for production and manufacturing. The proposal of this work was to estimate the genetic variability in orchards of *P. caribaea* var. *caribaea* and to analyze the best methods of selection. This study was conducted in two Seed Orchards of *P. caribaea* var. *caribaea*. The first (area 1) consisted of 76 progenies and 4 controls and the second (area 2) was comprised of 99 progenies and one control. Both test orchards were open pollinated. Quantitative traits were evaluated: total plant height (m); Diameter at breast height - DAP (cm) and calculated volume (m^3 / arv-1). Deviance analysis and estimates of genetic parameters were performed using the REML / BLUP procedure. Eighty selection strategies were proposed; four methods and ten selection intensities for area 1 and four methods and ten intensities for area 2 each based on individual BLUP values. To determine the selection intensity that maximizes both the Gain (GS) and the genetic diversity (D), GS and D values were analyzed using a relative scale of 0.0 - 0.1. Quadratic equations were analyzed to estimate the regression lines from the data points. Additionally, applying the same SigmaPlot computational methods, we were able to determine the point of intersection of the lines, which were considered as the ideal number of individuals for each selection method in the two respective areas. Progeny effects were not significant for any of the traits. Significant variation was observed only between plants within the plots for height in area 1 and all traits in area 2. The highest estimates of genetic variation and heritability were obtained for area 1. Without selection optimization, the highest gain (4.8%) was in the selection between and within with a selection intensity of 52%, for area 1. In area 2 the highest gain (2.86%) was in individual selection. But both each area showed low genetic diversity, area 1 with 0.08 and area 2 with 0.07. In both areas, it was possible to optimize selection gain and genetic diversity utilizing only three selection methods. The selection method that maximized gain and genetic diversity for area 1 was the selection between and within progenies at the selection intensity of 30%. And for area 2 is the individual selection method with a selection intensity of 8.1%. It is recommended the infusion of new genetic material to proceed with a forest improvement program, since it was found to have low variability and low gains in the selection of *Pinus caribaea* var. *caribaea*. We concluded low genetic variability exists in seed orchards by seedlings of *Pinus caribaea* var. *caribaea*; thereby identifying the need for further exploration.

Keywords: Tree improvement. Genetic parameters. REML/BLUP.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1	- Áreas de árvores plantadas no Brasil por estado e gênero.....	14
Figura 2	- Acículas de <i>Pinus caribaea</i> var <i>caribaea</i>	16
Figura 3	- Cones secos e sementes de <i>Pinus caribaea</i> var <i>caribaea</i>	16
Figura 4	- Vista aérea do local de instalação dos dois Pomares de semente por mudas de <i>P. caribaea</i> var <i>caribaea</i> , Selvíria-MS.....	22
Figura 5	- Pomar de semente por muda de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> (área 1), Selvíria – MS.....	23
Figura 6	- Pomar de semente por muda de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> (área 2), Selvíria – MS.....	23
Figura 7	- Estratégias de seleção aplicadas no Pomar de Sementes por Mudanças de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> (área 1 e 2).....	28
Figura 8	- Porcentagens de ganho de seleção estimado (GS) para <i>Pinus caribaea</i> var <i>caribaea</i> (área 1), com quatro diferentes métodos e intensidades de seleção (7% a 52%).....	38
Figura 9	- Diversidade genética para <i>Pinus caribaea</i> var <i>caribaea</i> (área 1), com quatro diferentes métodos e intensidades de seleção (7% a 52%).....	38
Figura 10	- Porcentagens de ganho de seleção estimado (GS) para <i>Pinus caribaea</i> var <i>caribaea</i> (área 2), com quatro diferentes métodos e intensidades de seleção (7% a 52%).....	39
Figura 11	- Diversidade genética para <i>Pinus caribaea</i> var <i>caribaea</i> (área 2), com quatro diferentes métodos e intensidades de seleção (7% a 52%).....	39
Figura 12	- Relação entre o ganho de seleção e a diversidade genética para otimização de seleção no Pomar de sementes por mudas de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> (área 1) em quatro métodos de seleção.....	47
Figura 13	- Relação entre o ganho de seleção e a diversidade genética para otimização de seleção no Pomar de sementes por mudas de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> (área 2) em quatro métodos de seleção.....	48

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	- Análise de deviance de dois pomares de semente por muda de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> com 28 e 27 anos respectivamente, em Selvíria - MS.....	33
Tabela 2	- Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres silviculturais em dois pomares de sementes por muda de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , com 28 e 27 anos em Selvíria-MS.....	35
Tabela 3	- Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres silviculturais em dois pomares de sementes por muda de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	36
Tabela 4	- Estimativas de parâmetros para quatro diferentes métodos e dez intensidades de seleção para um pomar de sementes por mudas de <i>Pinus caribaea</i> var <i>caribaea</i> , área 1.....	43
Tabela 5	- Estimativas de parâmetros para quatro diferentes métodos e dez intensidades de seleção para um pomar de sementes por mudas de <i>Pinus caribaea</i> var <i>caribaea</i> , área 2	45
Tabela 6	- Intensidade de seleção, número de indivíduos selecionados, estimativa do ganho de seleção (GS) e diversidade genética (D) no ponto de otimização do GS e D para cada método de seleção em dois pomares de sementes por mudas de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i>	49
Tabela 7	- Estimativas de medidas de distância (Mahalanobis - D^2) entre pares de progênies, para os caracteres estudados, em progênies de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> (Área 1) em Selvíria-MS.....	51
Tabela 8	- Estimativas de medidas de distância (Mahalanobis - D^2) entre pares de progênies, para os caracteres estudados, em progênies de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> (Área 2) em Selvíria-MS.....	52
Tabela 9	- Agrupamento com base no método de aglomeração otimização de Tocher para caracteres de crescimento em progênies de <i>Pinus caribaea</i> var <i>caribaea</i> da área 1, em Selvíria-MS.....	54
Tabela 10	- Agrupamento com base no método de aglomeração otimização de Tocher para caracteres de crescimento em progênies de <i>Pinus caribaea</i> var <i>caribaea</i> da área 2, em Selvíria-MS.....	55

ANEXOS

Figura 1A	- Croqui do pomar de sementes por mudas de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> (área 1), Selvíria-MS.....	65
Figura 2A	- Croqui do pomar de sementes por mudas de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> (área 2), Selvíria-MS.....	66
Tabela 1A	- Estimativas das Distâncias Generalizadas de Mahalanobis (D^2) da progênie 1 em relação as demais progênies de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> (área 1), em Selvíria-MS, envolvendo os caracteres: DAP, altura e volume	67
Tabela 2A	- Estimativas das Distâncias Generalizadas de Mahalanobis (D^2) da progênie 1 em relação as demais progênies de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> (área 2), em Selvíria-MS, envolvendo os caracteres: DAP, altura e volume.....	68

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	11
2	REVISÃO DE LITERATURA.....	13
2.1	PRODUÇÃO DE PINUS NO BRASIL	13
2.2	CARACTERÍSTICAS GERAIS DA ESPÉCIE <i>Pinus caribae</i> var. <i>caribaea</i>	15
2.3	MELHORAMENTO GENÉTICO DE <i>Pinus</i>	17
2.4	ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO.....	19
2.5	DIVERSIDADE GENÉTICA	20
3	MATERIAL E MÉTODOS.....	21
3.1	MATERIAL.....	21
3.2	MÉTODOS.....	21
3.2.4	Estratégias de seleção	28
3.2.5	Distâncias generalizada de Mahalanobis (D^2) e método de otimização de Tocher.....	30
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	32
4.1	ANÁLISE DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS	32
4.2	GANHOS DE SELEÇÃO E DIVERSIDADE GENÉTICA.....	37
4.3	ESTUDO DAS MEDIDAS DE DISSIMILARIDADE	49
5	CONCLUSÕES	57
	REFERÊNCIAS	58
	ANEXOS.....	65

1 INTRODUÇÃO

O melhoramento genético tem contribuído para os avanços no setor florestal brasileiro. As estratégias de seleção são fundamentais para obtenção de materiais produtivos e adaptáveis às condições pedoclimáticas do país. Espécies exóticas, como pinus e eucalipto estão sendo cada vez mais cultivadas para manter o fornecimento de produtos madeireiros e não madeireiros para indústrias de base florestal.

De acordo com IBÁ (2016), no ano de 2015 os plantios de pinus ocupam 1,59 milhão de hectares e concentram-se no Paraná (42,4%) e em Santa Catarina (34,1%). O estado de São Paulo possui 123.996 ha de área plantada. Espécies tropicais como *Pinus caribaea* e suas três variedades *caribaea*, *hondurensis* e *bahamensis* são plantadas nas regiões quentes do país com objetivo econômico, devido ao seu rápido crescimento, boa forma e adaptação às condições climáticas e de solo do país (SEBBENN; VILAS BÔAS; MAX, 2008a). Nestas áreas, as variedades de *P. caribaea* são as mais indicadas, tanto para produção de madeira quanto de resina (AGUIAR; SOUZA; SHIMIZU, 2011). A variedade *hondurensis* é muito plantada comercialmente a nível mundial. Por outro lado, plantios comerciais das variedades *bahamensis* e *caribaea* ainda não foram difundidos no Brasil, existe apenas ensaios experimentais para fim de pesquisa.

Diferentes testes de progênies das três variedades de *Caribaea* foram instalados no Brasil com essa espécie na década de 1980. O Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais (IPEF), juntamente com o Departamento de Ciências Florestais da ESALQ/USP, estabeleceram as bases para a instalação do Centro de Conservação Genética e Melhoramento de Pinheiros Tropicais (CCGMPT), implantado em Aracruz–ES. O objetivo foi a conservação do material genético e produção de sementes melhoradas das três variedades de *P. caribaea* (SANTOS; MARTINI; SANTOS, 1988). A meta dessa proposta foi atingida já que muitos destes testes foram preservados e caracterizados geneticamente. E atualmente, estão sendo utilizados tanto em melhoramento quanto em plantios comerciais. A importância desse material para o setor florestal é alta, principalmente se considerarmos o desenvolvimento de híbridos interespecíficos.

Se considerar os resultados dos ensaios das três variedades têm observado que os da variedade *caribaea* são os que têm apresentados mais baixa variação genética (SILVA et al., 2011). Isso deve-se ao fato de suas populações naturais ocorrerem em áreas restritas em Cuba, diferente das variedades *hondurensis* e *bahamensis*. Essa condição gerou a necessidade de caracterizar mais testes de progênies dessa espécie com objetivo de verificar se os resultados eram similares. Bem como aplicar vários métodos de seleção para definir a melhor proposta para explorar a pouca variação genética existente.

A variação genética é a matéria prima do melhoramento genético. Uma população com baixa variação genética pode levar a ganhos insignificantes e gastos desnecessários com recursos e tempo. Para qualquer espécie, essa condição é esperada em gerações mais avançadas, em que várias intensidades de seleção já foram aplicadas. Como a situação da variedade *caribaea* tem se mostrado atípica, baixa variabilidade genética, é importante além da conservação de variação genética na população, realizar cruzamentos ou infusões de materiais para aumentar a variação genética da população nas próximas gerações. Assim, após estimar os parâmetros genéticos várias propostas de seleção devem ser avaliadas visando principalmente manter a variabilidade genética. A seleção pode ser praticada em nível de indivíduos, de médias de progênies e entre e dentro de progênies (SILVA et al., 2011). A definição do melhor método irá depender da diversidade genética que se pretende manter dentro da população e a finalidade da seleção.

Dentro desse contexto, o objetivo deste estudo foi estimar a variabilidade genética existente em pomares de *Pinus caribaea* var. *caribaea* e analisar os efeitos de diferentes métodos e intensidades de seleção sob a diversidade genética dos pomares, bem como estimar os possíveis ganhos na seleção.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 PRODUÇÃO DE PINUS NO BRASIL

Ao longo dos anos, com a redução da disponibilidade de madeira das florestas tropicais e com as restrições impostas à utilização indiscriminada destas florestas no fornecimento de madeira para uso industrial, novas espécies passaram a ser plantadas e utilizadas, constituindo assim, uma alternativa de suprimento de matéria prima para as indústrias madeireiras. (TRIANOSKI, 2012). A introdução de espécies florestais exóticas no Brasil proporcionou grandes benefícios para o desenvolvimento socioeconômico no país, principalmente em áreas cujas características de solo e clima desestimulavam a atividade agrícola, solos com baixa fertilidade e/ou com stress hídrico (SAMPAIO; RESENDE; ARAÚJO, 2000).

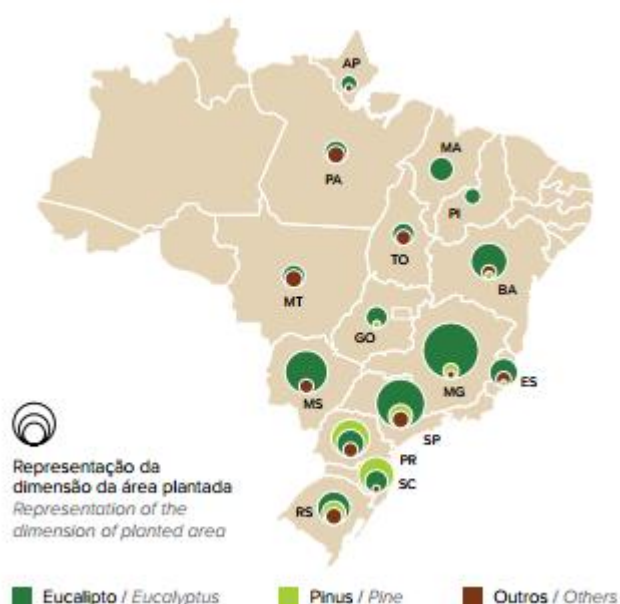
Essas espécies se desenvolveram bem nas regiões onde foram introduzidas, o Eucalipto nos cerrados paulistas e o Pinus no sul do Brasil (BRACELPA, 2015). O gênero *Pinus* foi introduzido no Brasil por imigrantes europeus em meados de 1936 (ASSIS; RESENDE, 2011), com a finalidade ornamental e produção de madeira, porém não obteve sucesso devido à má adaptação ao clima do país (SILVA, 2005). O plantio de pinus no país em escala comercial ocorreu a partir dos anos de 1960, com a introdução de espécies provenientes dos Estados Unidos, México, Ásia, América central. Extensas áreas foram plantadas nas regiões Sul e Sudeste (SHIMIZU, 2008), intensificando após os incentivos fiscais durante a década de 1970 a 1980. Sendo as espécies de pinus de clima temperado como *P. elliottii* e *P. taeda*, introduzidas dos Estados Unidos e as de clima subtropical e tropical como o *P. caribaea* e *P. oocarpa*, provenientes do México, América Central, Ilhas Caribenhas e Ásia as mais utilizadas nos plantios (SILVA, 2005; WHEGE et al., 2014). Essas introduções de materiais possibilitaram a expansão da cultura de pinus em todo o país, utilizando-se a espécie adequada para cada região ecológica (AGUIAR; SOUSA; SHIMIZU, 2011).

As espécies de *Pinus* destacam-se como uma das mais importantes para plantios comerciais no Brasil, principalmente pela produção de madeira serrada, papel, celulose (SILVA et al., 2012) e resina (SHIMIZU; SPIR, 1999). As características morfológicas e silviculturais de pinus, além do rápido crescimento e

diversidade de espécies, têm promovido a expansão da distribuição geográfica das florestas plantadas com esse gênero, considerado uma importante fonte de matéria prima para a indústria de base florestal (SILVA et al., 2012, JUIZO et al., 2015).

A área de árvores plantadas no Brasil totalizou 7,8 milhões de hectares em 2015, no qual os plantios de pinus ocupam 1,6 milhão de hectares e concentram-se no Paraná (42%), Santa Catarina (34%), Rio Grande do Sul (11%) e São Paulo (8%) (Figura 1) (IBÁ, 2016). A concentração nessas regiões se deve as condições edafoclimáticas e a localização dos principais centros processadores desse tipo de madeira (ABRAF, 2013).

Figura 1 - Áreas de árvores plantadas no Brasil por estado e gênero, 2015.



Fonte: (IBÁ, 2016).

Nos últimos anos, houve um decréscimo da área plantada com esse gênero, devido, principalmente, à substituição das áreas plantadas por *Eucalyptus* (IBÁ, 2016), o qual apresenta maior rendimento em volume de madeira e o ciclo de corte é inferior ao de pinus. Mesmo diante da redução da área de plantio de pinus, o consumo da madeira desse gênero para o uso industrial em 2015 foi de 42,46 milhões de m³, o que representa aumento de 1,64% em relação ao consumo de 2014. Destacando principalmente o segmento da indústria madeireira (23 milhões de

m³), celulose e papel (8,34 milhões de m³) e painéis reconstituídos (6,86 milhões de m³) (IBÁ, 2016).

2.2 CARACTERÍSTICAS GERAIS DA ESPÉCIE *Pinus caribaea* var. *caribaea*

Pinus caribaea é um dos pinus mais difundidos no mundo nas regiões tropicais e apresenta três variedades: *hondurensis*, *bahamensis* e *caribaea* (WHEGE et al., 2014). Estas variedades apresentam diferentes características morfológicas e diferentes regiões de origem (TRIANOSKI, 2012). Estas variedades apresentam excelentes qualidades a serem exploradas para a produção de madeira, papel e resina (AGUIAR; SOUZA; SHIMIZU, 2011; SILVA et al., 2012). O *P. caribaea* var. *caribaea* pertence à família Pinaceae, é uma conífera tropical, conhecida popularmente como pinho caribenho. As populações naturais são de distribuição restrita ao oeste de Cuba e Isla de Pinos, regiões de baixas altitudes, até 280 m, com inverno seco, temperatura média anual entre 5 °C e 25 °C, com precipitação pluviométrica média anual variando de 750 mm a 1.300 mm (FRANCIS, 1992; ZHENG; ENNOS, 1999). Esta variedade é pouco exigente em solo, pode ser amplamente cultivada em locais não aproveitados para a agricultura e pecuária (SILVA, 2005) e em solos degradados (HERAS; BONILLA; MARTÍNEZ, 2006).

No Brasil, tal variedade é plantada exclusivamente na região tropical, visto que não tolera geadas (SHIMIZU, 2008). Quando comparada as outras variedades, o *P. caribaea* var. *caribaea* apresenta crescimento mais lento, menor incremento anual, porém é a mais adequada para o processamento mecânico, por apresentar fuste reto e galhos finos e curtos (PIMENTEL, 2000). A produção de resina, embora inferior as demais variedades (COPPEN, 1993) apresenta propriedades medicinais em enfermidades respiratórias, e muitas indústrias a utilizam na produção de sabões, desinfetantes, vernizes, fármacos, borrachas e pinturas (CHUDNOFF, 1984; CONABIO, 2004).

As espécies de pinus são monóicas, apresentando flores unissexuais, distribuídas no mesmo indivíduo e polinização anemófila. O sistema reprodutivo de cruzamento ou misto, com predomínio da reprodução cruzada (MATHESON; BELL; BARNES, 1989; SHIMIZU, 2008). As estruturas reprodutivas de *P. caribaea* são do tipo estrobiliformes, com predominância das masculinas na parte inferior da copa e femininas na superior (MORAES et al., 2007). Os estróbilos femininos aparecem em

grupos de cerca de dois a cinco nos ramos superior, contendo de 30 a 60 sementes. São produzidos a partir dos quatro anos de idade. O tempo entre a polinização e a maturação dos cones varia de 18 a 21 meses. Os estróbilos masculinos são estreitos e cilíndricos, são produzidos a partir do terceiro ano, e caem pouco depois da liberação do pólen (SILVA, 2005).

As folhas são aciculadas (em forma de agulhas), agrupadas geralmente em 3 (Figura 2). As sementes são estreitamente ovóides (Figura 3), de 5 a 6 mm de comprimento, com uma asa membranosa de até 20 mm de comprimento (NIETO; RODRIGUES, 2003). A variedade *caribaea* apresenta dificuldade em produzir sementes no Brasil, assim como a variedade *bahamensis* (AGUIAR; SOUSA; SHIMIZU, 2011). As variedades de *Pinus caribaea* com seus troncos habitualmente retilíneos e ramos finos, apresentam de 20 a 30 m de altura, podendo atingir até 45 m, com o DAP entre 50-80 cm, ocasionalmente até 100 cm (GREAVEZ et al., 2015).

Figura 2 – Acículas de *Pinus caribaea* var. *caribaea*.



Fonte: O próprio autor.

Figura 3 – Cones secos e sementes de *Pinus caribaea* var. *caribaea*.



Fonte: O próprio autor.

Sua madeira possui estrutura grosseira com fibras verticais; cor marrom avermelhada ou marrom amarelada; anéis de crescimento largos no lenho outonal e cerne não formado até a idade dos 15 anos (WANG; MALCOLM; FLETCHER, 1999). A densidade da madeira pode variar de espécie para espécie e ainda, entre árvores de uma mesma espécie, devido principalmente à idade, sítio e o grau de competição que entre as árvores (OLIVEIRA et al., 2011). De modo geral, a madeira da variedade *caribaea* é considerada de moderadamente pesada a pesada, como observado por Wang, Malcolm e Fletcher (1999) $0,47 \text{ g/cm}^3$ (aos 10 anos), $0,58 \text{ g/cm}^3$ (aos 15 anos). A madeira é amplamente empregada em construções rurais, construções pesadas e construção de navios, assim como na carpintaria, laminados, aglomerados, como combustível (lenha), móveis, cercas, chapas, ladrilhos, dormentes de via férrea, tinas, celulose (CHUDNOFF, 1984).

2.3 MELHORAMENTO GENÉTICO DE *Pinus*

O melhoramento genético de espécies florestais é uma ciência relativamente nova no país, apresentando maior desenvolvimento a partir de 1950. Em meados de 1967, iniciaram-se os primeiros projetos de melhoramento genético de pinus no Brasil, devido principalmente a potencialidade dessas espécies exóticas e aos incentivos fiscais. Provavelmente as primeiras espécies a serem melhoradas em larga escala foram *Pinus ellioti* e *Pinus taeda* nos Estados Unidos (TONELLO, 2004). A partir de 1970 no Brasil, foram instalados os primeiros testes de progênies e procedências de pinus. Implementados por empresas florestais, principalmente indústrias de celulose e papel, instituições públicas federais e estaduais, como o Programa de melhoramento de pinus da Embrapa Florestas Embrapa, Ibama, IFSP e as universidades UNESP, ESALQ/USP, UFPR, UFV e UFLA. Visando como objetivo principal a produção de madeira para atender o consumo existente. Para tanto, foi considerado a escolha de sementes de origens mais adequadas para estabelecimento, tanto de plantios comerciais como de populações base, afim de prosseguir com programas de melhoramento genético das espécies (MISSIO, 2004; AGUIAR; SOUZA; SHIMIZU, 2011).

Atualmente no Brasil, as espécies de pinus que tem sido mais utilizadas nos programas de melhoramento são o *P. ellioti* e o *P. taeda*. Merecendo destaque para

o pinheiro tropical, o *P. caribaea* que tem suas variedades amplamente estudadas seja pela análise de caracteres quantitativos e por marcadores moleculares visando principalmente a melhor adaptabilidade e produção para florestamentos nas regiões mais quentes (SILVA et al., 2011; SEBBENN et al, 2010; PIRES et al., 2013; SILVA, 2005; FURLAN et al., 2007).

O objetivo da maioria dos programas de melhoramento é produzir árvores superiores, bem adaptadas e que produzam madeira de alta qualidade com características desejáveis para atender as demandas do mercado. Modificando assim, a estrutura genética de uma espécie a fim de que esta adquira características buscadas pelo melhorista (FOELKEL, 2011). Assegurando ainda a manutenção da variabilidade genética, requisito fundamental para a obtenção de ganhos genéticos a longo prazo (MORI, 1993). A informação sobre a variabilidade genética é essencial para o conhecimento do processo de transferência de genes desejáveis de uma geração para outra, propiciando a adoção de estratégias corretas no programa de melhoramento genético a ser empregada para a espécie (COTTERILL, 1986). No qual, a variação genética pode ser encontrada nos níveis hierárquicos: procedências, progênies, indivíduos e dentro de indivíduos (AGUIAR; SOUSA; SHIMIZU, 2011).

Assim para qualquer programa de melhoramento é de extrema importância que haja considerável variação genética na população. Essa condição é esperada em gerações mais avançadas, em que várias intensidades de seleção já foram aplicadas. Como a situação da variedade *caribaea* tem se mostrado atípica, baixa variabilidade genética, é importante além da conservação de variação genética na população, realizar cruzamentos ou infusões de materiais para aumentar a variação genética da população nas próximas gerações.

Para o gênero *pinus*, o melhoramento genético é aplicado principalmente para aumentar a produção de madeira e resina, de modo a atender as demandas das indústrias de papel e celulose de fibra longa, de madeira serrada e do setor resinífero, aumento da produção de breu e terebintina (SANTOS, 2014). Para tanto, se faz necessário a aplicação de técnicas adequadas que visem melhorar a produtividade dos plantios florestais. Existem várias etapas que envolvem a produção de sementes e mudas de *pinus* melhoradas geneticamente. Isso se consegue pela variabilidade genética existente em populações do gênero,

permitindo cruzamentos controlados para a obtenção de novos genótipos melhorados a partir de cruzamentos inter e intra-específicos (FOELKEL, 2011).

2.4 ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO

Na seleção de árvores em um programa de melhoramento genético, podem ser usadas características de crescimento e forma, de adaptação e de qualidade da madeira. Estas características são de fundamental importância para o conhecimento da estrutura genética da população estudada de forma a facilitar a escolha do método de seleção mais adequado com a finalidade de explorar a variabilidade existente (MORAES et al., 1997).

Após a constatação da existência de variabilidade genética, devem-se utilizar diferentes estratégias para selecionar os melhores genótipos e obtenção de ganhos genéticos (OLIVEIRA et al., 2008). A maneira mais rápida e prática de obter ganhos em relação a uma única característica é praticar a seleção diretamente sobre ela. No entanto, a seleção praticada em apenas uma característica poderá ocorrer modificações em outras, ou seja, podendo ocorrer respostas favoráveis ou desfavoráveis nos caracteres de importância secundária (PAULA et al., 2002).

A estimação de parâmetros genéticos e a seleção de indivíduos nos diversos métodos de seleção existentes buscam avaliar a magnitude e a natureza da variância genética disponível, com vistas a quantificar os ganhos com a seleção, e prever o melhor método de seleção a ser utilizado (COSTA et al., 2000). Inúmeros métodos de seleção são descritos na literatura, entre eles podemos citar a seleção dentro de progênies, seleção entre progênies, seleção entre e dentro de progênies e a seleção individual.

A seleção dentro de progênies consiste na seleção de um mesmo número de indivíduos em cada uma das progênies. A seleção entre progênies baseia-se na escolha das progênies com melhor desempenho, considerando todos os indivíduos das mesmas. (KAGEYAMA, 1980). Na seleção entre e dentro de progênies, inicialmente selecionam-se as melhores progênies e, em seguida, os melhores indivíduos dentro delas. Na seleção individual os melhores indivíduos são selecionados de acordo com seu valor genético, definidos pelo ranking. As

individualidades dos mesmos são mantidas no decorrer do programa (COTTERILL; DEAN, 1990).

Os ganhos com seleção provêm da variação genética herdável existente nas populações, bem como, do controle genético dos caracteres que se deseja melhorar além da acurácia seletiva. Portanto, é de fundamental importância estimar parâmetros genéticos a fim de prever os ganhos com a seleção (BERTI, 2010).

2.5 DIVERSIDADE GENÉTICA

Estudos sobre diversidade genética e o nível de diferenciação genética entre as populações das espécies são essenciais para definir os estoques genéticos, subsidiar políticas de exploração e manejo desses recursos, traçar estratégias de conservação em escala regional e geográfica e para o estabelecimento de estratégias de amostragem para fins de melhoramento, possibilitando a formação de amostras significativas (GANDARA, 1996; BUENO, 2001). No melhoramento genético, o conhecimento sobre a diversidade genética de uma espécie auxilia na escolha dos melhores indivíduos para os cruzamentos, na definição de estratégias adequadas de seleção e no mapeamento genético.

Segundo Ratnam e Boyle (2000) as atividades humanas modificam o tamanho e a estrutura da população, tanto da espécie manejada como das outras espécies associadas a ela, alterando sua estrutura genética e seus níveis de diversidade. Uma população sob manejo também está sujeita a alterações no seu tamanho e a sua estrutura. Para tanto é necessário evitar o manejo inadequado, que poderá resultar na perda de alelos raros, ocasionando o afinamento da base genética da população.

De acordo com Kageyama (1987) a diversidade genética ou variabilidade, devida a diferenças nos alelos pode ocorrer nos seguintes níveis: i) espécies dentro de ecossistemas; ii) populações dentro de espécies e iii) indivíduos dentro de populações da espécie. Essa caracterização também é necessária para a compreensão dos padrões de distribuição da variabilidade genética existente em populações naturais na floresta tropical (PAIVA, 1994).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 MATERIAL

Sementes de 175 clones de *P. caribaea* var. *caribaea* de um pomar de sementes clonal do Centro de Conservação Genética e Melhoramento de Pinheiros Tropicais - CCGMPT, localizado em Aracruz-ES foram coletadas pelo Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais (IPEF-ESALQ/USP), Piracicaba – SP para estabelecimento de dois testes de progênies. As mudas foram produzidas na Companhia Agro-florestal “Monte Alegre” – CAFMA, atual Duratex S.A., em Agudos-SP.

3.2 MÉTODOS

3.2.1 Instalação do ensaio

Dois testes, um com 76 e outro com 99 progênies de polinização aberta foram implantados na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da Universidade Estadual de Engenharia de Ilha Solteira – UNESP (Figura 4), localizada no município de Selvíria-MS (20°20' de latitude Sul; 51°24' de longitude Oeste e 370 m acima do nível mar). O primeiro teste (Área 1) foi instalado em maio de 1988, e o segundo (Área 2) em fevereiro de 1989.

O clima do local de plantio é considerado tipo Aw conforme a classificação de Köppen; temperatura média anual de 25,1 °C e precipitação média anual de 1.305 mm (SANTOS; HERNANDEZ, 2013). O solo do local foi classificado, segundo o Sistema Brasileiro de Classificação de Solos, como LATOSSOLO VERMELHO Distrófico típico argiloso (EMBRAPA, 2013).

Figura 4 - Vista aérea do local de instalação dos dois Pomares de semente por mudas de *P. caribaea* var. *caribaea*, Selvíria-MS.



Fonte: Google Earth (2016)

O delineamento experimental utilizado para área 1 foi o de blocos completos casualizados contendo 80 tratamentos (quatro testemunhas comerciais e 76 progênies), quatro blocos, parcelas lineares com dez plantas no bloco I e II, nove plantas no bloco III e cinco plantas no bloco IV (Figura 1A). Aos 15 anos após o plantio foi realizado um desbaste de 50% de intensidade e o teste foi transformado em um pomar de sementes por mudas (Figura 5). Na área 2 foi utilizado o delineamento em látice 10 x 10, contendo 100 tratamentos (uma testemunha comercial e 99 progênies), três blocos, três repetições, parcelas lineares com dez plantas. Nas duas áreas foi utilizado o espaçamento de 3 x 3 m (Figura 2A). Na área 2, aos 14,3 anos após o plantio sofreu um desbaste de 50% de intensidade (Figura 6). No teste permaneceram cinco plantas por parcela. Após o desbaste, o teste foi transformado em um pomar de sementes por muda (SILVA et al., 2011).

Figura 5 – Pomar de semente por muda de *Pinus caribaea* var. *caribaea* (área 1), Selvíria – MS.



Fonte: o próprio autor.

Figura 6 – Pomar de semente por muda de *Pinus caribaea* var. *caribaea* (área 2), Selvíria – MS.



Fonte: o próprio autor.

3.2.2 Coleta de dados

Os caracteres quantitativos foram mensurados aos 28 e 27 anos após o plantio na área 1 e 2, respectivamente. Os caracteres considerados foram: altura total de plantas (ALT - m); Circunferência à altura do peito (CAP - cm), sobrevivência (SOB) e volume de madeira (VOL - m³ árvore⁻¹). Com base no CAP foi calculado o diâmetro à altura do peito (DAP - cm) conforme a expressão a seguir:

$$DAP = \frac{CAP}{\pi}$$

Para determinar o volume (m^3) foi considerada a equação de volume obtida após cubagem rigorosa para espécie, conforme fórmula abaixo. Para isso foram derrubados oito indivíduos da bordadura da área 2.

$$V=0,0798+0,33 \times DAP_i^2 \times H_i$$

Onde:

V= Volume em m^3 ;

DAP_i = Diâmetro a altura do peito;

H_i = Altura total da árvore;

A circunferência à altura do peito foi mensurada com uma fita métrica graduada em 0,1 cm e a avaliação da altura foi realizada com o hipsômetro vertex III.

3.2.3 Análise de deviance e estimativa dos componentes de variação e parâmetros genéticos

Para análise de deviance, estimativa dos componentes de variância e predição dos parâmetros genéticos foi utilizado o método REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada). Primeiramente, procedeu-se as análises os dados da área 2 com base no modelo experimental de blocos incompletos. Como não se observou diferença significativa entre blocos para o delineamento experimental em látice foi adotado o mesmo modelo usado na área 1. Para as duas áreas foram considerados o modelo linear misto de blocos completos, considerando progênies de meias-irmãs, várias plantas por parcela, um só local e uma única população (Modelo 93). Conforme modelo abaixo proposto por Resende (2007):

$$y = Xb + Za + Wc + e$$

em que: y = vetores de dados; b = vetores dos efeitos de blocos (fixos); a = vetores dos efeitos genéticos aditivos (aleatórios); c = vetores dos efeitos de parcela (aleatórios); e = vetores dos efeitos de erros aleatórios. X , Z e W = matrizes de incidência para os referidos efeitos.

As distribuições e estruturas da média e variâncias são:

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

$$a|A, \sigma_a^2 \sim N(0, A\hat{\sigma}_a^2)$$

$$c|\sigma_c^2 \sim N(0, I\hat{\sigma}_c^2)$$

$$e|\sigma_e^2 \sim N(0, I\hat{\sigma}_e^2)$$

COV (a, c') = 0; COV (a, e') = 0; COV (c, e') = 0 , ou seja, as covariâncias entre todos os efeitos aleatórios do modelo são consideradas nulas. Assim

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

$$G = A \hat{\sigma}_a^2$$

$$R = I \hat{\sigma}_c^2$$

$$C = I \hat{\sigma}_e^2$$

$$V = ZA \hat{\sigma}_a^2 Z' + WI \hat{\sigma}_c^2 W' + I \hat{\sigma}_e^2 = ZGZ' + WCW' + R.$$

As equações de modelo misto são:

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

$$\lambda_1 = \frac{\hat{\sigma}_e^2}{\hat{\sigma}_a^2} = \frac{1 - \hat{h}^2 - \hat{c}^2}{\hat{h}^2}; \quad \lambda_2 = \frac{\hat{\sigma}_e^2}{\hat{\sigma}_c^2} = \frac{1 - \hat{h}^2 - \hat{c}^2}{\hat{c}^2};$$

$$\hat{h}^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_c^2} : \text{herdabilidade individual no sentido restrito, no bloco.}$$

$$\hat{c}^2 = \frac{\hat{\sigma}_c^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2} : \text{correlação devida ao ambiente comum da parcela.}$$

$\hat{\sigma}_a^2$: variância genética aditiva.

$\hat{\sigma}_c^2$: variância entre parcelas;

$\hat{\sigma}_e^2$: variância residual (ambiental dentro de parcelas + não aditiva).

A: matriz de correlação genética aditiva entre os indivíduos em avaliação.

Demais estimativas de variâncias e parâmetros genéticos processados pelo programa:

a) Variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$):

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

b) Variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_c^2$):

$$\hat{\sigma}_c^2 = [\hat{c}' \hat{c} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr} C^{33}]/s_1;$$

c) Variância residual (ambiental + não aditiva) ($\hat{\sigma}_e^2$):

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

em que: C^{22} e C^{33} vem da inversa de C; C: matriz dos coeficientes das equações de modelo misto; tr : operador traço matricial; $r(x)$: posto da matriz X; N, q, s: números de dados, de indivíduos e de parcelas, respectivamente.

d) Variância fenotípica individual ($\hat{\sigma}_f^2$):

$$\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2;$$

e) Herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos:

$$\hat{h}_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_f^2};$$

f) Herdabilidade da média de progênies:

$$\hat{h}_m^2 = \frac{(1/4)\hat{\sigma}_a^2}{(1/4)\hat{\sigma}_a^2 + \frac{\hat{\sigma}_c^2}{r} + \frac{(0,75\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2)}{n.r}};$$

g) Herdabilidade aditiva dentro de parcela:

$$\hat{h}_{ad}^2 = \frac{0,75\hat{\sigma}_a^2}{0,75\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2};$$

h) Coeficiente de variação genética aditiva individual:

$$CV_{gi}(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_a^2}}{\hat{m}} 100;$$

i) Coeficiente de variação genotípica entre progênes:

$$CV_{gp}(\%) = \frac{\sqrt{0,25\hat{\sigma}_a^2}}{\hat{m}} 100;$$

j) Coeficiente de variação experimental:

$$CV_e(\%) = \frac{\sqrt{[(0,75\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2)/n] + \hat{\sigma}_c^2}}{\hat{m}} 100$$

k) Coeficiente de variação relativa:

$$CV_r = \frac{CV_{gp}}{CV_e};$$

l) Acurácia da seleção de progênes, assumindo sobrevivência completa:

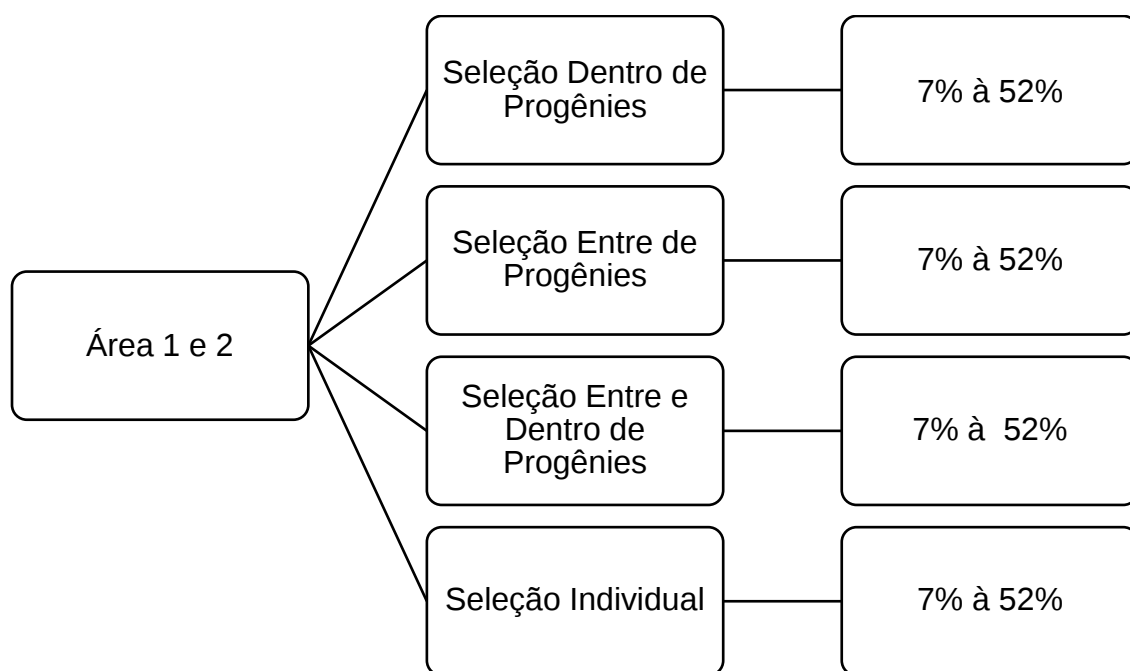
$$r_{aa} = \sqrt{\hat{h}_m^2}$$

Para realização de todas as análises foi empregado o software genético-estatístico SELEGEN, desenvolvido por Resende (2007). O teste de significância foi realizado com o cálculo do LRT (teste de razão de verossimilhança), obtido pela diferença entre as deviances para modelos sem e com efeito a ser testado. Para o teste via LTR, foi utilizado o teste de qui-quadrado.

3.2.4 Estratégias de seleção

Após a estimativas dos parâmetros genéticos. Diferentes métodos e intensidades de seleção foram analisados para definir a melhor estratégia de seleção a ser aplicada nos testes a fim de evitar a redução da variabilidade da população após desbaste seletivo e/ou coleta de sementes para compor novos testes. Os métodos de seleção foram baseados no DAP devido esse apresentar altos coeficientes de herdabilidade e correlação positiva e significativa com o volume. Para estimativa do progresso esperado com seleção foram considerados valores aditivos individuais (BLUP's) do caráter DAP tanto para área 1 quanto para a área 2, conforme metodologia proposta por Resende (2002a). Para isso foram adotados quatro métodos de seleção e dez intensidades de seleção (7%, 12%, 17%, 22%, 27%, 32%, 37%, 42%, 47%, 52%), com um total de 80 estratégias de seleção, conforme figuras abaixo (Figura 7):

Figura 7 – Estratégias de seleção aplicadas no Pomar de Sementes por Mudas de *Pinus caribaea* var. *caribaea* (área 1 e 2).



Fonte: O próprio autor.

Após aplicar os diferentes métodos e intensidades de seleção foram estimados o tamanho efetivo populacional (N_e), o ganho de seleção (GS %), e a diversidade genética (D). Para isso foi utilizada a expressão para espécies monoicas tendo como base os indivíduos remanescentes após desbaste seletivo (RESENDE, 2002):

$$N_e = (4N_f \bar{k}_f) / [\bar{k}_f + 3 + (\sigma_{kf}^2 / \bar{k}_f)]$$

em que: N_e é o tamanho efetivo populacional; N_f o número de famílias selecionadas; k_f o número de indivíduos selecionados por família; $\bar{k}_f$ é o número médio de indivíduos selecionados por família; e σ_{kf}^2 é a variância do número de indivíduos selecionados por família.

$$GS = \mu a 100 / \mu f$$

em que: GS é o ganho de seleção; μa é a média genotípica dos indivíduos selecionados; e μf é a média fenotípica dos indivíduos selecionados

A diversidade genética (D), após a seleção, foi quantificada conforme Wei e Lindgren (1996), citados por Resende (2002).

$$D = N_{ef} / N_{fo}$$

Onde: $0 < D \leq 1$, sendo N_{ef} o número efetivo de progênes selecionadas; e N_{fo} o número original de famílias.

Para determinar a intensidade de seleção que maximiza tanto o Ganho de seleção (GS) quanto a diversidade genética (D), um em relação ao outro, foram considerados valores de GS e D usando uma escala relativa de 0,0 – 0,1. Equações quadráticas foram utilizadas para estimar as linhas de regressão a partir dos pontos de dados usando SigmaPlot (SPSS 2014). Desta forma, determinou-se o ponto de intersecção das linhas. Este ponto foi considerado como o número ideal de indivíduos para cada método de seleção nas duas áreas. Os números ótimos de indivíduos selecionados foram utilizados para determinar a intensidade de seleção ideal e para estimar o GS e D no ponto de otimização.

3.2.5 Distâncias generalizada de Mahalanobis (D^2) e método de otimização de Tocher

A diversidade genética entre as progênes de *P. caribaea* var. *caribaea* da área 1 e 2 foram estimadas pela Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2). Dias (1998) considera esta distância como a mais robusta das medidas de distâncias disponíveis para a análise de dados quantitativos, tratando-se de uma distância do tipo escala-invariante, que considera a correlação entre as variáveis. A Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2), segundo Cruz e Carneiro (2003) é dada pela expressão:

$$D_{ii'}^2 = \delta' \Psi^{-1} \delta$$

em que:

$D_{ii'}^2$ = distância de Mahalanobis entre os genótipos i e i' ;

$\delta' = [d_1, d_2, \dots, d_v]$, sendo $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$;

Ψ = matriz de variâncias e covariâncias residuais;

Y_{ij} = média do i -ésimo genótipo em relação à i -ésima variável.

Com base nas matrizes de dissimilaridades obtidas na distância de Mahalanobis (D^2), foi aplicado um método de agrupamento com o objetivo de reconhecer grupos de progênes homogêneas. Para tanto, foi utilizado o Método de Otimização de Tocher, descrito por Cruz e Regazzi (2001). Este método adota como critério que a média dos valores D^2 (intracluster), deve ser menor que os valores de D^2 (inter-cluster).

Desta forma, para a aplicação deste método parte-se da matriz de dissimilaridade, sendo identificado na mesma o par de progênes mais similar. Estas progênes constituirão o grupo inicial. Depois de formado o grupo, calculam-se as medidas de dissimilaridade entre este grupo e as demais progênes. O critério de inclusão de novas progênes no grupo tem por base constatar se a distância desta progênie em relação ao grupo, dividida pelo número de progênes que já o constitui, é inferior ao máximo permitido, ou seja:

Se $(D(\text{Grupo})_i / \eta) \leq \alpha$, inclui-se a progênie no grupo.

Se $(D(\text{Grupo})_i / \eta) > \alpha$, a progênie “ i ” não deve ser incluída no grupo.

em que:

η = número de progênies que constitui o grupo original;

α = limite de acréscimo, na média da distância intragrupo, para formação ou inclusão de um novo elemento no grupo.

Para cálculo das distâncias foram obtidas as matrizes de variâncias e covariâncias pelo método REML/BLUP e o software SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2007).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 ANÁLISE DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS

Após o desbaste, a área 1 e 2 permaneceram com 729 e 1.384 plantas, correspondendo a uma taxa de sobrevivência de 54,28% e 93,12%, respectivamente. A baixa taxa de mortalidade na área 2 deve-se apenas às causas naturais e ataques de formigas cortadeiras como foi observado durante as medições a campo. Pode-se observar que depois de 11 anos a taxa de sobrevivência desta área se manteve alta e o desbaste não teve efeito negativo para a sobrevivência das plantas. A alta taxa de mortalidade observada na área 1 deve-se a presença de um sub-bosque com um grande número de lianas. As lianas podem alcançar o topo das árvores em busca de luz e isso causa o sufocamento das plantas levando à morte. Outros fatores que podem contribuir para a mortalidade das plantas são raios e ventos fortes. Portanto, o manejo da vegetação invasora em plantios de pinus, mesmo em idade adulta, é essencial para manter altas taxas de sobrevivência.

Condições semelhantes a área 2 também foi observada em ensaio de *P. caribaea* var *hondurensis* (MORAES et al., 2007). Dois anos após desbaste seletivo de 40% a sobrevivência foi de 90,44%. Os autores concluíram que houve boa condução do ensaio de campo quanto ao manejo e condições favoráveis de adaptação da espécie à região de estudo. Silva et al. (2011) encontraram taxa de sobrevivência de 96,6% dois anos após desbaste seletivo de 50% no mesmo ensaio avaliado no presente trabalho (área 2).

Não houve diferença significativa a 1% de probabilidade entre as progênes para os caracteres avaliados em ambas as áreas. Contudo, houve diferença significativa a 1% de probabilidade entre parcela para altura na área 1 e todos os caracteres avaliados na área 2 (Tabela 1). Como comentado anteriormente, as progênes são oriundas de uma área restrita de Cuba, possivelmente isso contribuiu para redução da variação genética e fenotípica e alto grau de parentesco entre indivíduos dessas ilhas. Outro fator que pode ter contribuído negativamente para diminuir a variabilidade foi a amostragem realizada durante a coleta de sementes nas populações naturais, a qual pode não ter sido apropriada, levando a um alto grau de parentesco entre os indivíduos. Por outro lado, variação significativa entre

progênies para caracteres de crescimento vem sendo observadas por vários autores para outras duas variedades *bahamensis* e *hondurensis* (PIRES et al., 2013 e MORAES et al., 2007). Isso confirma a necessidade de conduzir de maneira mais cuidadosa a seleção nesses ensaios.

Tabela 1 - Análise de deviance de dois pomares de semente por muda de *Pinus caribaea* var. *caribaea* aos 27 e 28 anos respectivamente, em Selvíria-MS.

Caracteres	Progênies	Parcela
Área 1		
DAP (cm)	2,43 ^{ns}	2,76 ^{ns}
ALT (m)	2,43 ^{ns}	22,89 ^{**}
VOL (m ³ /arv ⁻¹)	1,55 ^{ns}	1,06 ^{ns}
Área 2		
DAP (cm)	0,86 ^{ns}	25,75 ^{**}
Altura (m)	0,05 ^{ns}	64,44 ^{**}
VOL (m ³ /arv ⁻¹)	0,20 ^{ns}	13,85 ^{**}

Nota: DAP: Diâmetro a altura do peito; ALT: Altura; VOL: Volume. ** Significativo a 99% de probabilidade com 1 grau de liberdade; ns = não significativo.

Fonte: O próprio autor.

Os valores médios para os caracteres avaliados na área 1 e 2 foram 30,8 e 31,92 cm, 26,62 m e 28,81 m, 1,06 e 1,26 m³/arv⁻¹, para DAP, altura e volume, respectivamente (Tabela 2). Na área 2 os valores médios superaram os valores da área 1. Indicando um bom desenvolvimento das progênies na região de plantio. Essa espécie apresenta bom potencial de crescimento na região comparada a outras variedades de *Pinus caribaea*. Na mesma região deste estudo, em progênies de *Pinus caribaea* var *hondurensis* aos 14 anos de idade, as árvores atingiram médias de 23,2 cm, 25,04 m e 0,75 m³/arv⁻¹, para DAP, altura e volume (MORAES et al., 2007).

Os coeficientes de variação experimental (CV_e) foram baixos para todos os caracteres analisados em ambas as áreas. Os CV_e para o DAP, altura e volume na área 1 e 2 variaram de 3,27% a 16,36% (Tabela 2). Os valores são baixos se comparados com os resultados obtidos para espécies florestais. Segundo Pimentel-Gomes e Garcia (2002) valores de CV_e entre 10 e 20% podem ser considerados baixos para experimentos onde ocorre competição entre plantas. Valores baixos de coeficiente de variação experimental indicam boa precisão do método utilizado nas avaliações dos caracteres analisados (KAGEYAMA et al., 1977). O maior CV_e

encontrado foi para o caráter volume, o que era esperado, uma vez que o caráter é composto basicamente pelo produto das variáveis altura total de plantas e DAP (HOULE, 1992). Valores próximos foram encontrados para *Pinus caribaea* var *bahamensis* em um teste de progênie instalado em Selvíria, MS aos 13 de idade (MISSIO et al., 2004).

O bom controle ambiental também pode ser confirmado a partir de valores do coeficiente de determinação dos efeitos de parcela ($\hat{C}_{parc}^2$), os quais foram baixos para as duas áreas estudadas (<10%). Isso indica baixa variabilidade ambiental entre parcelas dentro de blocos, com exceção da altura, que apresentou os maiores valores de coeficientes de determinação dos efeitos de parcela (22%) (Tabela 2).

A acurácia é um parâmetro que representa a confiabilidade das estimativas dos parâmetros genéticos obtidos por meio da avaliação de caracteres quantitativos (REZENDE, 2002). A área 1 obteve valores maiores desse parâmetro para DAP (0,69), altura (0,63) e volume (0,67) (Tabela 3). Na área 2 a altura e o volume apresentaram valores baixos de acurácia, 0,21 e 0,35 respectivamente, por sua vez, o DAP apresentou uma acurácia moderada (0,45) conforme classificação proposta por Resende et al. (1995). Assim, o DAP deve ser o caráter priorizado na seleção para produção de madeira por apresentar melhor precisão na predição dos valores genéticos.

Segundo Resende (2007), a qualidade experimental também deve ser inferida pela acurácia. Verificou-se valores de baixos CV_e em ambas as áreas e valores altos de acurácia (63 a 69%), principalmente para a área 1. Ao contrário da área 2 que apresentou valores moderados a baixos de acurácia (21 a 45%). Valores do coeficiente de variação relativa ($CV_r = (CV_g / CV_e)$) também pode ser usado na avaliação genética ou genotípica. Segundo Vencovsky (1987) e Resende (2007) valores em torno da unidade são adequados para propiciar inferências com acurácias e precisões altas a muitas altas. O número de repetições acima de cinco, como observado no presente trabalho, também contribui para altas acurácias e boa precisão.

Tabela 2 - Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres silviculturais em dois pomares de sementes por muda de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, aos 27 e 28 anos em Selvíria-MS.

Parâmetros					
Caracteres	Média	$CV_{gi}(\%)$	$CV_{gp}(\%)$	$CVe(\%)$	$\hat{C}_{parc}^2$
Área 1					
DAP (cm)	30,48	6,21	3,1	3,27	0,07
ALT (m)	26,62	5,52	2,76	6,73	0,22
VOL (m ³ árvore ⁻¹)	1,06	12,57	6,28	13,94	0,05
Área 2					
DAP (cm)	31,92	4,66	2,33	7,97	0,12
Altura (m)	28,81	1,55	0,77	6,17	0,21
VOL (m ³ árvore ⁻¹)	1,26	7,09	3,55	16,36	0,09

Nota: CV_{gi} : coeficiente de variação genética aditiva individual; CV_{gp} : coeficiente de variação genética entre progênies; CVe : coeficiente de variação experimental;

Fonte: O próprio autor.

De maneira geral, os coeficientes de variação genética nas duas áreas foram baixos, comparados aos de testes de progênies do gênero *Pinus* (MOREIRA, 2013; AGUIAR; SOUSA; SHIMIZU, 2011; MORAES et al., 2007; SEBBENN et al., 2010). A área 2 apresentou os coeficientes de variação menores que a área 1. Contudo, a variação genética aditiva individual (CV_{gi}) foi maior que a variação genética entre progênies (CV_{gp}), para DAP, altura e volume. Isso era esperado visto que diferenças significativas foram observadas somente entre indivíduos dentro de progênies. Nas áreas 1 e 2 os CV_{gi} variaram de 6,21% a 12,57% e 1,55% a 7,09% para DAP e volume, e o CV_{gp} de 2,76 % a 6,28% e 0,77% e 3,55% para altura e volume, respectivamente (Tabela 2). Quanto maior o coeficiente de variação genética aditiva individual maiores chances de encontrar indivíduos superiores que irão proporcionar na seleção ganhos significativos (MOREIRA, 2013). O autor observou maiores coeficientes de variação em progênies para *P. elliottii* var. *elliottii* em idade precoce e coeficientes de variação individual e entre progênies foram de 6,55% e 18,4% para DAP e volume e de 3,27% e 9,2%, para DAP e volume, respectivamente. Os coeficientes de variação genética estimados foram menores que em um teste com 119 progênies de *P. caribaea* var. *bahamensis* em Selvíria-MS (MISSIO et al., 2004) e também em um teste com 16 progênies de *P. caribaea* var. *bahamensis* de 21 anos de idade, instalado em Assis –SP (PIRES et al., 2013). Maior variabilidade entre parcela indica que os efeitos ambientais tiveram maior

influência nos parâmetros genéticos estimados, portanto podem subestimar os resultados na seleção.

Os coeficientes de herdabilidade individual, média de progênes e aditiva dentro de parcela para os caracteres de crescimento foram moderados para área 1 e baixos para área 2 (RESENDE et al., 1995) (Tabela 3). Entre os caracteres estudados a altura apresentou maiores estimativas de herdabilidade individual ($0,20 \pm 0,09$) e dentro de parcela (0,20) e o DAP para média de progênie (0,48). Existe variabilidade genética para população remanescente da área 1. Embora não tenha sido detectada diferença significativa pelo teste de LRT, o intervalo de variação para herdabilidade individual foi significativo e ele é um indicativo de variação genética para os caracteres estudados.

Tabela 3 - Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres silviculturais em dois pomares de sementes por muda de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

Caracteres	Parâmetros				
	$\hat{h}_a^2$	$\hat{h}_m^2$	$\hat{h}_{ad}^2$	r_{aa}	CV_r
Área 1					
DAP (cm)	$0,15 \pm 0,08$	0,48	0,13	0,69	0,48
ALT (m)	$0,20 \pm 0,09$	0,40	0,20	0,63	0,41
VOL (m ³ árvore ⁻¹)	$0,11 \pm 0,07$	0,45	0,09	0,67	0,45
Área 2					
DAP (cm)	$0,07 \pm 0,04$	0,20	0,06	0,45	0,29
Altura (m)	$0,02 \pm 0,02$	0,05	0,02	0,21	0,13
VOL (m ³ árvore ⁻¹)	$0,03 \pm 0,03$	0,12	0,024	0,35	0,22

$\hat{h}_a^2$: herdabilidade individual no sentido restrito; $\hat{h}_m^2$: herdabilidade da média de progênes; $\hat{h}_{ad}^2$: herdabilidade aditiva dentro de parcela; r_{aa} : acurácia; $\hat{C}_p^2$ coeficiente de determinação dos efeitos de parcela CV_r : coeficiente de variação relativa.

Fonte: O próprio autor.

De acordo com vários autores, estudos realizados com *P. caribaea* apresentam resultados de herdabilidade variando de 0,10 a 0,56 para DAP e altura (MORAES, 2001). Esta informação permite concluir que para a área 1 as herdabilidades encontradas estão de acordo com essa variação e para a área 2 estão inferiores se comparada as estimativas encontradas em outros trabalhos para

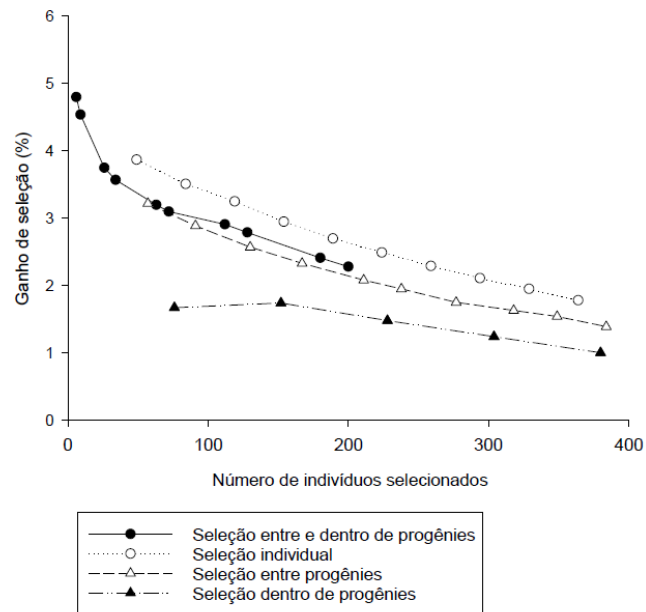
o gênero *Pinus* (ROMANELLI; SEBBENN, 2004; FREITAS et al., 2005; SEBBENN; VILAS BÔAS; MAX, 2008b; SEBBENN et al., 2010). Em progênies de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* com 14 anos de idade as estimativas de herdabilidade individual para DAP foi de 0,22, herdabilidade média de 0,43 e média de parcela de 0,19 (MORAES et al., 2007). Para progênies de *Pinus caribaea* var. *bahamensis*, as estimativas de herdabilidade foram maiores para DAP, herdabilidade individual (0,34), média de progênies (0,62) e dentro de progênie (0,26) aos 20 anos de idade em Assis - SP (SEBBENN; VILAS BÔAS; MAX, 2008a).

4.2 GANHOS DE SELEÇÃO E DIVERSIDADE GENÉTICA

O desenvolvimento das progênies em relação as testemunhas comerciais utilizadas foram satisfatórias. Na área 1 e 2 obteve-se 51,25% e 34% das progênies com melhor desenvolvimento em DAP em relação as testemunhas, respectivamente. A nível individual a área 1 apresentou 33,24% dos indivíduos com melhor desempenho e para a área 2 foram encontrados 7% dos indivíduos. Assim, genótipos superiores as testemunhas comerciais desses pomares poderão ser selecionadas para compor os plantios comerciais.

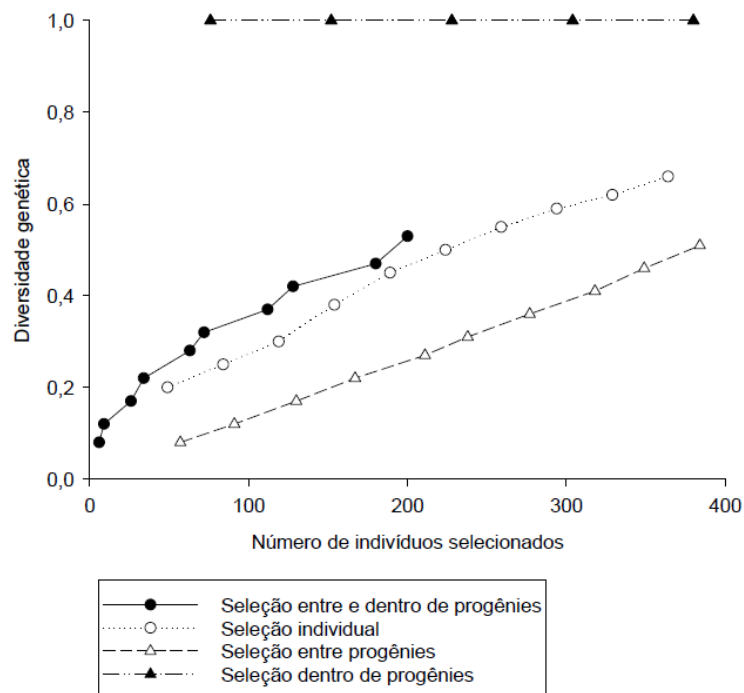
O ganho de seleção para a área 1 variou de 1% a 4,8% nos quatro métodos de seleção (Seleção dentro, entre, entre/dentro e individual) e nas dez intensidades de seleção (7%, 12%, 17%, 22%, 27%, 32%, 37%, 42%, 47%, 52%), selecionado de 6 a 384 indivíduos (Figura 8). E a diversidade genética variou de 0,08 a 1 em todas as estratégias de seleção (Figura 9). Na área 2 o ganho de seleção variou de 0,65% a 2,14% (Figura 10) e a diversidade genética variou de 0,07 a 1 em todas as estratégias de seleção analisadas, com uma variação de 7 a 720 indivíduos selecionados (Figura 11).

Figura 8 - Porcentagens de ganho de seleção estimado (GS) para *Pinus caribaea* var *caribaea* (área 1), com quatro diferentes métodos e intensidades de seleção (7% a 52%).



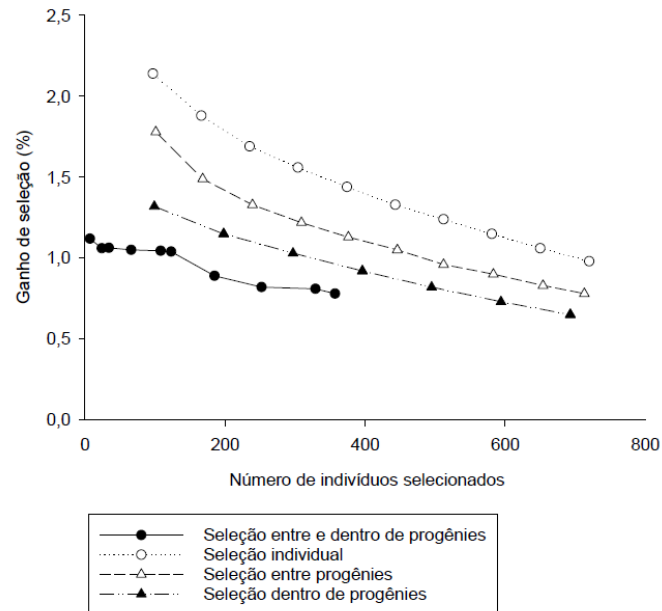
Fonte: O próprio autor.

Figura 9 - Diversidade genética para *Pinus caribaea* var *caribaea* (área 1), com quatro diferentes métodos e intensidades de seleção (7% a 52%).



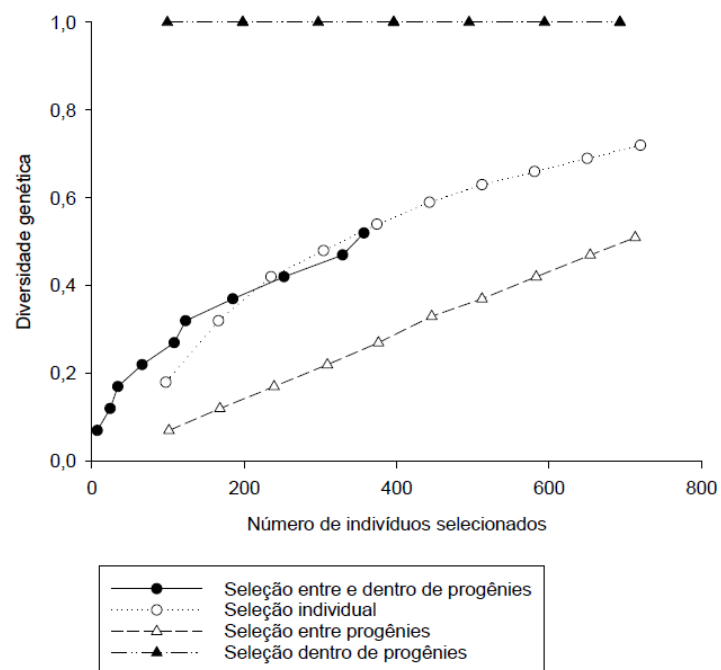
Fonte: O próprio autor.

Figura 10 - Porcentagens de ganho de seleção estimado (GS) para *Pinus caribaea* var *caribaea* (área 2), com quatro diferentes métodos e intensidades de seleção (7% a 52%).



Fonte: O próprio autor.

Figura 11 - Diversidade genética para *Pinus caribaea* var *caribaea* (área 2), com quatro diferentes métodos e intensidades de seleção (7% a 52%).



Fonte: O próprio autor.

Das estratégias de seleção que foram propostas para a área 1, a seleção que proporcionou maior ganho (4,80%) foi a seleção entre e dentro de progênies com uma intensidade de seleção de 7%. Contudo, esse método apresentou a menor diversidade genética e um tamanho efetivo populacional de 6 indivíduos. A seleção individual foi o segundo método a apresentar os maiores ganhos, variando de 3,87% a 1,78%, e diversidade variando de 0,2 a 0,66. Para os demais métodos de seleção os ganhos genéticos obtidos foram muito ínferos. Na seleção dentro de progênies a diversidade genética se manteve em 1, visto que o número de progênies será mantido no pomar de sementes por mudas (Tabela 4). No geral, o ganho tende a diminuir de acordo com o número de indivíduos selecionados, na menor intensidade o ganho foi de 2,28 %, com a maior diversidade (0,53).

Avaliando quatro métodos e diferentes intensidades de seleção em um pomar de sementes por mudas de *Pinus resinosa* aos 12 anos de idade, David, Pike e Stine (2003) relatam que o ganho genético para volume variou de 4,6% a 11,8% em todos os métodos de seleção e intensidades. O maior ganho foi na seleção combinada com uma intensidade de seleção de 7,0%. E o menor ganho encontrado foi na seleção entre e dentro de família, com 30,1% de intensidade.

Na área 2 a estratégia de seleção que apresentou maior ganho (2,14%) foi a seleção individual, com uma intensidade de seleção de 7%. Porém, a diversidade genética foi muito baixa (0,18) e um tamanho efetivo populacional de 45,5. O mesmo método de seleção com intensidades menores proporciona diversidades mais altas e ganhos de seleção menores. O método de seleção entre progênies foi o segundo com os melhores ganhos, variando de 1,78% a 0,78%, e diversidade variando de 0,07 a 0,51, (Tabela 5). Os menores ganhos foram encontrados nas seleções dentro e entre e dentro de progênies. Missio et al. (2004b) verificaram um ganho de 14,5% para DAP ao selecionar progênies de *Pinus caribaea* var. *bahamensis* aos 13 anos de idade, aplicando o método de seleção entre e dentro de progênies.

A diversidade genética encontrada por David, Pike e Stine (2003) foi alta em todos os métodos de seleção e intensidades variando de 0,98 a 1,00. Nesse trabalho o método de seleção individual foi o que proporcionou os maiores valores de diversidade, principalmente com intensidades mais elevadas. No geral, os resultados indicaram que, embora as áreas apresentaram baixa variabilidade genética e coeficientes de herdabilidade relativamente baixo, foi possível obter ganhos com a seleção e manter a diversidade genética. Os maiores ganhos obtidos

foram nas estratégias de seleção com maior intensidade, contudo a diversidade foi baixa. Desta forma, a seleção entre e dentro e seleção individual deve ser priorizada para a área 1 e 2, respectivamente.

Definir a estratégia de seleção que proporciona maiores ganhos com a seleção e diversidades torna-se uma escolha difícil apenas analisando a tabela de dados, pois, em todos os métodos de seleção avaliados, o ganho tende a diminuir e a diversidade tende a aumentar com o aumento da intensidade de seleção. Foi possível obter o ponto de otimização de seleção, o qual maximiza tanto o ganho de seleção quanto a diversidade genética, para definir qual o melhor método de seleção a ser utilizado em cada área.

O ponto de otimização foi definido pelo número de indivíduos selecionados (Figura 12 e 13). Este número de indivíduos foi utilizado para calcular a intensidade de seleção ótima, e definir o ganho e a diversidade genética para cada método de seleção. Em ambas as áreas, na seleção dentro de progênies não foi possível obter um ponto de otimização de seleção. Contudo para os demais métodos de seleção, foi possível encontrar o número de indivíduos que otimizou o ganho de seleção e a diversidade genética.

Na área 1, os pontos de otimização de seleção foram, 174, 127 e 70 indivíduos para a seleção entre progênies, seleção individual e a seleção entre e dentro de progênies, respectivamente. Para a área 2, foram encontrados pontos de otimização em 198 indivíduos (Seleção entre progênies), 112 indivíduos (seleção individual) e em 20 indivíduos (seleção entre e dentro de progênies).

Para a área 1, o método de seleção entre e dentro obteve o maior ganho (3,2%) e uma diversidade genética de 0,32, representando uma intensidade de seleção de 30%. A seleção individual, apresentou os mesmos valores que a seleção entre e dentro, entretanto com uma intensidade de seleção de 18,14% respectivamente (Tabela 6). Na área 2, o maior ganho de seleção obtido (2 %) foi na seleção individual, porém com uma diversidade genética muito baixa (0,2), representando uma intensidade de seleção de 8,1%. A seleção entre progênies, resultou em um ganho de 1,4% e diversidade genética de 0,14, com 14,14% de intensidade de seleção (Tabela 6).

Analisando todas as estratégias de seleção aplicadas no estudo, verificou-se que algumas intensidades de seleção foram próximas das intensidades do ponto de otimização, 7%, 12%, 27% e 32%. Contudo, observou-se que mesmo encontrando o

ponto de otimização de seleção não foi possível obter ganhos maiores. A seleção somente destes indivíduos para continuar um programa de melhoramento não será suficiente, necessitando da infusão de novos materiais genéticos. No entanto, para compor plantios comerciais as estratégias de seleções propostas podem ser utilizadas.

Como GS e D variam de acordo com o método de seleção e intensidade escolhidos, é necessário ter uma compreensão clara dos objetivos e limitações do Pomar. Por exemplo, se o ganho genético é a prioridade, então seleção entre e dentro ou a seleção individual deve ser escolhida, se a diversidade genética é a principal prioridade, então a seleção dentro ou entre progênie seria o melhor método de seleção. E se tanto o GS quanto a D são prioridades iguais, então uma otimização de seleção, tal como descrito aqui, é uma forma de escolher a seleção adequada.

A utilização de estratégias de seleção para verificar qual delas fornece os melhores resultados de ganho e diversidade genética para as características de interesse é fundamental importância para o melhoramento. Uma vez que auxilia na seleção do material genético disponível (BHERING et al., 2012). O melhor método de seleção é aquele que prevê ganhos satisfatórios, desta forma são eficazes na orientação para programas de melhoramento e na tomada de decisões sobre o qual método de seleção utilizar (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012), para que as melhores progênie e os melhores indivíduos dessa progênie podem ser identificados e/ou selecionados.

Tabela 4 – Estimativas de parâmetros para quatro diferentes métodos e dez intensidades de seleção para um pomar de sementes por mudas de *Pinus caribaea* var *caribaea*, área 1 (continua)

Seleção dentro										
IntS	7%	12%	17%	22%	27%	32%	37%	42%	47%	52%
IS	76	76	152	152	228	228	304	304	380	380
PS	76	76	76	76	76	76	76	76	76	76
MaIP	1	1	2	2	3	3	4	4	5	5
MiIP	1	1	2	2	3	3	4	4	5	5
GS	1,67	1,67	1,74	1,74	1,48	1,48	1,24	1,24	1,00	1,00
D	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
Ne	76	76	121,6	121,6	152	152	173,7	173,7	190	190
Seleção entre										
IntS	7%	12%	17%	22%	27%	32%	37%	42%	47%	52%
IS	57	91	130	167	211	238	277	318	349	384
PS	6	9	13	17	21	24	28	32	36	40
MaIP	10	12	12	12	12	12	12	12	12	12
MiIP	8	8	6	5	5	5	5	5	5	5
GS (%)	3,22	2,89	2,57	2,33	2,08	1,95	1,75	1,63	1,54	1,39
D	0,08	0,12	0,17	0,22	0,27	0,31	0,36	0,41	0,46	0,51
Ne	18,13	27,48	39,20	50,57	63,20	72,00	96,08	96,39	106,71	118,35
Seleção entre e dentro										
IntS	7%	12%	17%	22%	27%	32%	37%	42%	47%	52%
IS	6	9	26	34	63	72	112	128	180	200
PS	6	9	13	17	21	24	28	32	36	40
MaIP	1	1	2	2	3	3	4	4	5	5
MiIP	1	1	2	2	3	3	4	4	5	5
GS (%)	4,80	4,54	3,75	3,57	3,20	3,10	2,91	2,79	2,41	2,28
D	0,08	0,12	0,17	0,22	0,28	0,32	0,37	0,42	0,47	0,53
Ne	6,00	9,00	20,80	27,20	42,00	48,00	64,00	73,14	90,00	100,00

Tabela 4 – Estimativas de parâmetros para quatro diferentes métodos e dez intensidades de seleção para um pomar de sementes por mudas de *Pinus caribaea* var *caribaea*, área 1 (conclusão)

	Seleção individual									
IntS	7%	12%	17%	22%	27%	32%	37%	42%	47%	52%
IS	49	84	119	154	189	224	259	294	329	364
PS	22	33	36	42	49	55	61	64	65	68
MaIP	6	9	9	9	10	10	10	10	11	11
MilP	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
GS (%)	3,87	3,51	3,25	2,95	2,70	2,49	2,29	2,11	1,95	1,78
D	0,2	0,25	0,3	0,38	0,45	0,5	0,55	0,59	0,62	0,66
Ne	30,93	45,02	58,14	64,4	76,43	9	104	117,15	123,39	142,24

Nota: IntS: Intensidade de seleção; IS: Indivíduos selecionados; OS: Progenies selecionadas; MaIP: Máximo de indivíduos selecionados por progenies; MilP: Mínimo de indivíduos selecionados por progenies; GS: Ganho de seleção; D: Diversidade genética; Ne: Tamanho efetivo populacional; Fonte: O próprio autor.

Tabela 5 – Estimativas de parâmetros para quatro diferentes métodos e dez intensidades de seleção para um pomar de sementes por mudas de *Pinus caribaea* var *caribaea*, área 2 (continua)

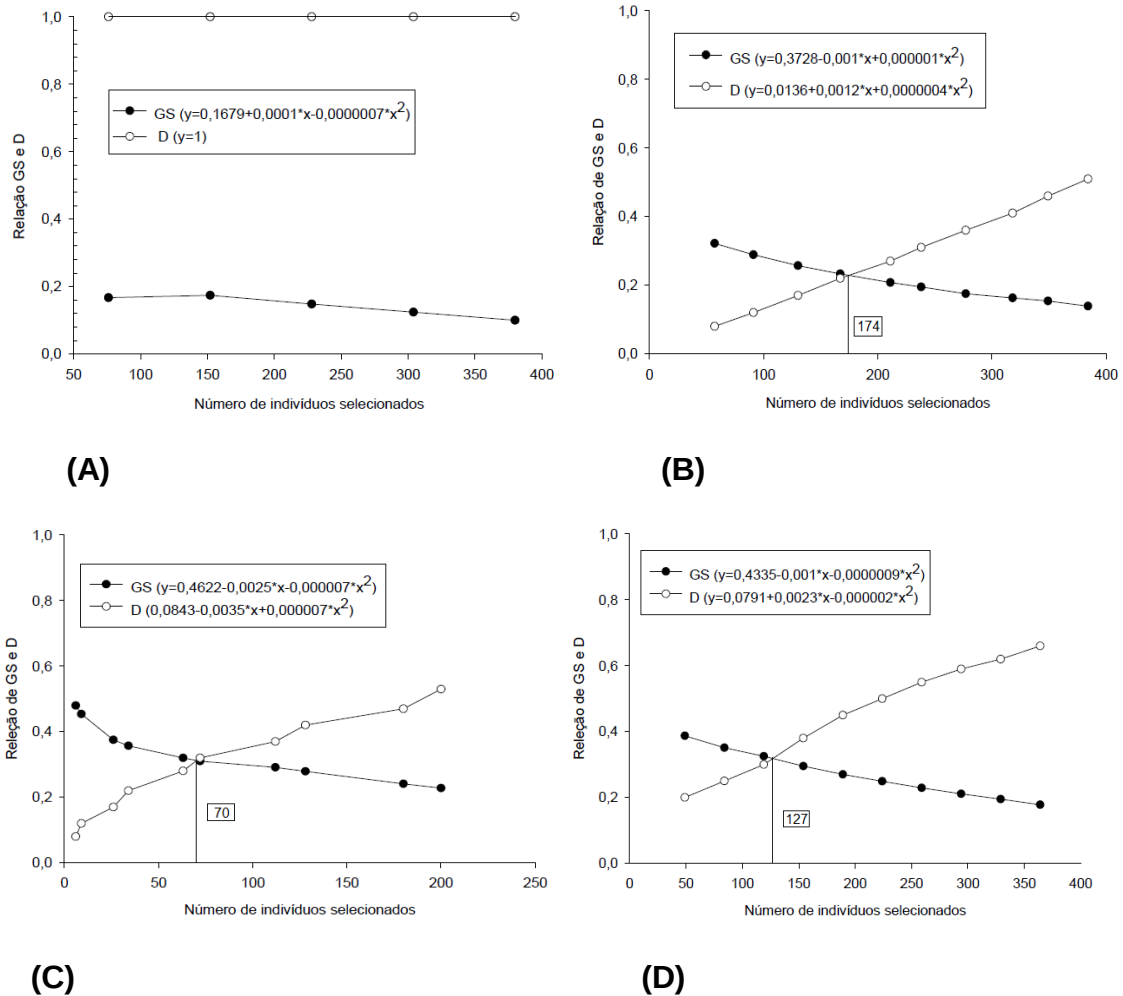
Seleção dentro										
IntS	7%	12%	17%	22%	27%	32%	37%	42%	47%	52%
IS	99	198	198	297	396	396	495	594	693	693
PS	99	99	99	99	99	99	99	99	99	99
MaIP	1	2	2	3	4	4	5	6	7	7
MilP	1	2	2	3	4	4	5	6	7	7
GS (%)	1,32	1,15	1,15	1,03	0,92	0,92	0,82	0,73	0,65	0,65
D	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
Ne	99	158,4	158,4	198	226,29	226,29	247,5	264	277,2	277,2
Seleção entre										
IntS	7%	12%	17%	22%	27%	32%	37%	42%	47%	52%
IS	101	168	239	309	376	446	512	583	654	713
PS	7	12	17	22	27	32	37	42	47	51
MaIP	15	15	15	15	15	15	15	15	15	15
MilP	14	10	10	10	10	10	9	9	9	9
GS (%)	1,78	1,49	1,33	1,22	1,13	1,05	0,96	0,90	0,83	0,78
D	0,07	0,12	0,17	0,22	0,27	0,33	0,37	0,42	0,47	0,51
Ne	23,12	39,11	55,59	71,98	88,14	104,17	120,44	136,86	153,36	166,60
Seleção entre e dentro										
IntS	7%	12%	17%	22%	27%	32%	37%	42%	47%	52%
IS	7	24	34	66	108	123	185	252	329	357
PS	7	12	17	22	27	32	37	42	47	51
MaIP	1	2	2	3	4	4	5	6	7	7
MilP	1	2	2	3	4	4	5	6	7	7
GS (%)	1,20	1,05	1,05	1,04	1,06	1,06	0,89	0,82	0,78	0,81
D	0,07	0,12	0,17	0,22	0,27	0,32	0,37	0,42	0,47	0,52
Ne	7,00	19,20	27,20	44,00	61,71	73,14	92,50	112,00	131,61	142,80

Tabela 5 - Estimativas de parâmetros para quatro diferentes métodos e dez intensidades de seleção para um pomar de sementes por mudas de *Pinus caribaea* var *caribaea*, área 2 (conclusão)

	Seleção individual									
IntS	7%	12%	17%	22%	27%	32%	37%	42%	47%	52%
IS	97	166	235	304	374	443	512	581	650	720
PS	39	55	65	71	82	86	88	91	91	91
MaIP	14	14	14	14	14	14	14	14	14	15
MilP	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
GS (%)	2,14	1,88	1,69	1,56	1,44	1,33	1,24	1,15	1,06	0,98
D	0,18	0,32	0,42	0,48	0,54	0,59	0,63	0,66	0,69	0,72
Ne	45,5	80,2	108,2	127,8	149,5	166,8	182	193,9	206,8	220,1

Nota: IntS: Intensidade de seleção; IS: Indivíduos selecionados; OS: Progenies selecionadas; MaIP: Máximo de indivíduos selecionados por progenies; MilP: Mínimo de indivíduos selecionados por progenies; GS: Ganho de seleção; D: Diversidade genética; Ne: Tamanho efetivo populacional; Fonte: O próprio autor.

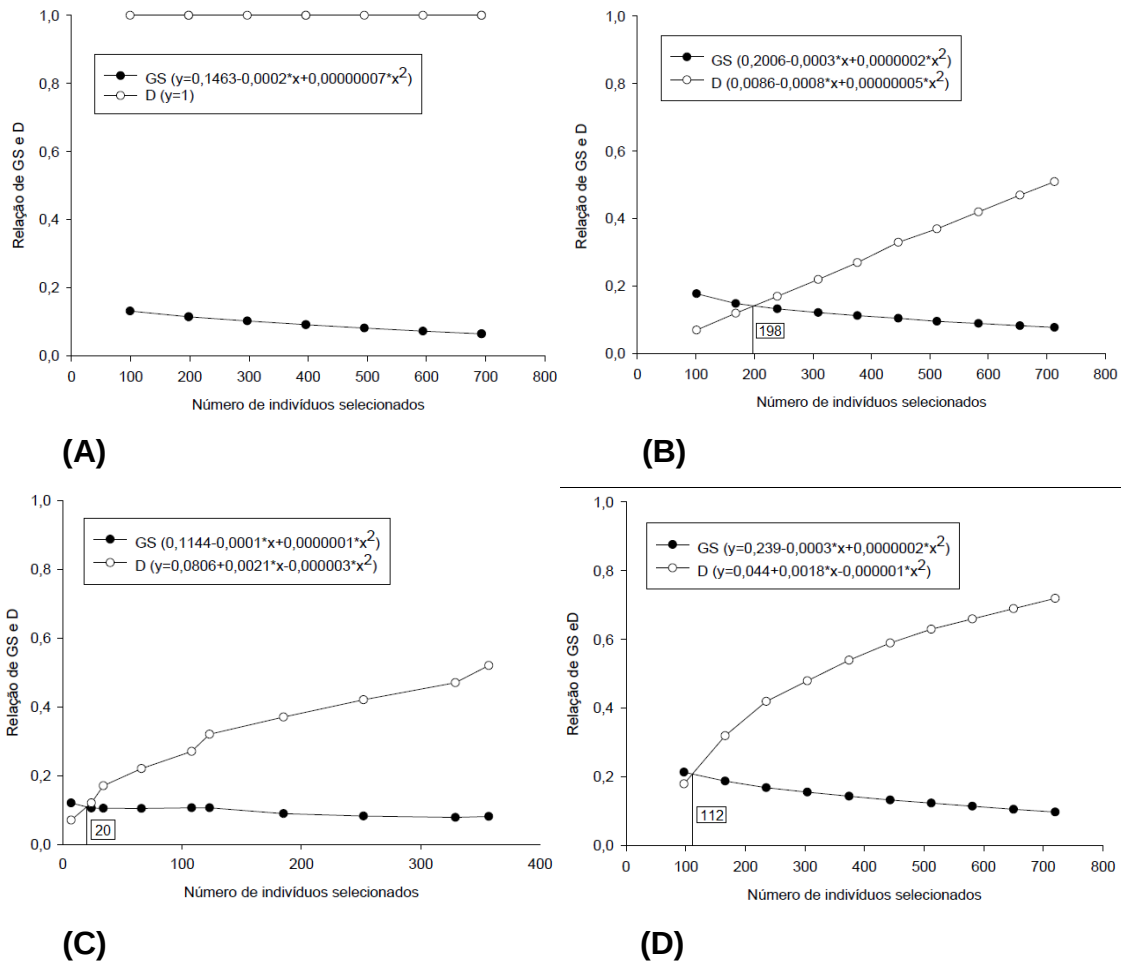
Figura 12 – Relação entre o ganho de seleção e a diversidade genética para otimização de seleção no Pomar de sementes por mudas de *Pinus caribaea* var. *caribaea* (área 1) em quatro métodos de seleção.



Nota: **(A)** Não houve ponto de otimização para GS e D na seleção dentro de progênie; **(B)** Ponto de otimização para GS e D na seleção entre progênie. **(C)** Ponto de otimização para GS e D na seleção entre e dentro de progênie. **(D)** Ponto de otimização para GS e D na seleção individual.

Fonte: o próprio autor

Figura 13 – Relação entre o ganho de seleção e a diversidade genética para otimização de seleção no Pomar de sementes por mudas de *Pinus caribaea* var. *caribaea* (área 2) em quatro métodos de seleção.



Nota: **(A)** Não houve ponto de otimização para GS e D na seleção dentro de progênie; **(B)** Ponto de otimização para GS e D na seleção entre progênies. **(C)** Ponto de otimização para GS e D na seleção entre e dentro de progênies. **(D)** Ponto de otimização para GS e D na seleção individual.

Fonte: O próprio autor.

Tabela 6 – Intensidade de seleção, número de indivíduos selecionados, estimativa do ganho de seleção (GS) e diversidade genética (D) no ponto de otimização do GS e D para cada método de seleção em dois pomares de sementes por mudas de *Pinus caribaea* var. *caribaea*.

Método de seleção	IntS	IS	GS(%)	
Área 1				
Entre progênie	22,92%	174	2,30	0,23
Entre e Dentro de progênie	30,00%	70	3,20	0,32
Individual	18,14%	127	3,20	0,32
Área 2				
Entre progênie	14,14%	198	1,40	0,14
Entre e Dentro de progênie	10,00%	20	1,05	0,10
Individual	8,1%	112	2,00	0,20

Nota: IntS: Intensidade de seleção; IS: Indivíduos selecionados; GS: Ganho de seleção;

Fonte: O próprio autor.

4.3 DIVERSIDADE GENÉTICA

A distância generalizada de Mahalanobis (D^2) evidencia para cada progênie qual a maior e menor distância em relação às demais progênies. Na área 1 (Tabela 7), por exemplo, a progênie 1 apresenta a maior distância em relação à progênie 22 ($D^2=23,025$), e a menor em relação à progênie 26 ($D^2= 0,246$), da mesma forma ocorre para as demais progênies. A distância máxima ($D^2= 35,927$) foi observada entre as progênies 21 e 61, e a mínima ($D^2= 0,0086$) entre as progênies 17 e 44. A distância média entre as progênies foi de 11,20.

Na área 2 (Tabela 8), a progênie 1 apresenta a maior distância em relação à progênie 90 ($D^2=23,779$), e a menor em relação à progênie 95 ($D^2= 0,424$), e assim por diante. A distância máxima ($D^2= 43,366$) foi encontrada entre as progênies 23 e 97; e a mínima ($D^2= 0,008$) entre as progênies 41 e 85. A distância média entre as progênies foi de 11,533.

Para simplificação na Tabela 8 e 9, foram colocadas a maior e a menor distância entre cada progênie em relação às demais para cada área separadamente. Na Tabela 1A (área 1) e 2A (área 2) do Anexo, apresentam uma relação completa das distâncias da progênie 1 em relação às demais progênies de *P. caribaea* var. *caribaea*, sendo que estimativas idênticas foram realizadas para todas as progênies em ambas as áreas.

O conhecimento dos pares de progênies de maior diversidade norteará o processo de hibridação. Assim, os pares mais divergentes devem ser utilizados para a geração de híbridos intraespecíficos mais heteróticos, enquanto os mais homogêneos, diferenciados basicamente pelo gene a ser transferido, permitem recuperar o genitor recorrente mais rapidamente por meio de retrocruzamento (DIAS, 1994).

Em um programa de melhoramento é desejável que se dê prioridade ao cruzamento de materiais que tenham elevada média e apresentem diversidade genética entre si, principalmente para espécies alógamas como as do gênero *pínus* (NASCIMENTO et al., 2014). Na área 1 as maiores médias de DAP foram 33,91, 38,82 e 33,23 cm nos grupos sete, oito e nove, respectivamente. Para altura foram os grupos dois, cinco e sete, com médias de 28,38, 29,19 e 29,59 metros. Estes são grupos mais divergentes em relação aos demais grupos formados (um, três, seis e dez). Na área 2 as maiores médias de crescimento em DAP foram 37,64 e 36,04 cm e seus respectivos grupos são sete e nove. As alturas médias no grupo cinco e oito foram 31,70 e 31,17 metros. Os indivíduos desses grupos devem ser priorizados em cruzamentos controlados para se obterem maior possibilidade de variabilidade na próxima geração. Cruzamentos entre indivíduos bons e divergentes, para identificação de bons materiais que se complementem, são indicados visto que é uma maneira de explorar a fração não aditiva existente na variância genética (NASCIMENTO et al., 2014). Quanto mais divergentes forem os genitores, maior a possibilidade de aumentar a variabilidade na população segregante e de reorganização dos alelos com novas combinações favoráveis (MANFIO et al., 2012). Entretanto, quando programas de melhoramento visam a recuperação de genes de pais recorrentes é imprescindível que cruzamentos sejam feitos com indivíduos com baixa divergência genética. O uso de progênies similares geneticamente diferencia-se pelo gene que será transferido permitindo, assim, a recuperação mais rápida (MORAES, 2001). Desse modo, sugere-se que cruzamentos de indivíduos dentro de um mesmo grupo sejam realizados.

O agrupamento de Tocher, possibilitou a formação de dez grupos com concentração de aproximadamente 63% das progênies em apenas um grupo na área 1 (Tabela 9). Para a área 2 houve a formação de onze grupos distintos, com concentração em torno de 47,47% das progênies no grupo um (Tabela 10).

A análise de agrupamento apresenta a finalidade de reunir, por algum critério de classificação, os genitores em grupos, de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre os grupos. Sendo adequada para identificar os genótipos divergentes e com maior probabilidade de sucesso nos cruzamentos (CARGNELUTTI FILHO et al., 2008). Por serem mutuamente excludentes, recomenda-se que o cruzamento seja realizado entre progênies de grupos diferentes para a obtenção de híbridos mais heteróticos.

Os cruzamentos podem ser realizados entre grupos dos dois Pomares de Sementes por Mudas de *P. caribaea* var *caribaea* (área 1 e 2). Ambas as áreas apresentaram números de grupos distintos. O maior número de grupos formados foi na área 2 (11 grupos). O número de grupos pode também estar associado as maiores distâncias, a área 2 obteve a maior distância em relação a área 1. Outra maneira, cruzamentos fundamentados entre grupos e progênies da mesma área, que apresentaram a maior D^2 . As progênies com maior D^2 foram, 21 (grupo X) e 61 (grupo VII), 23 (XI) e 97 (VII) para a área 1 e 2 respectivamente.

Tabela 7 - Estimativas de medidas de distância (Mahalanobis - D^2) entre pares de progênies, para os caracteres estudados, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea* (Área 1) em Selvíria-MS (Continua)

MAHALANOBIS (D^2)									
Distâncias					Distâncias				
prog	Maior	Prog	Menor	prog	prog	Maior	Prog	Menor	prog
1	23,025	22	0,246	26	17	18,045	61	0,009	44
2	23,764	61	0,221	54	18	19,119	61	0,449	14
3	15,110	61	0,156	32	19	18,152	45	0,150	32
4	26,473	61	0,356	33	20	20,529	61	0,157	59
5	21,317	22	0,283	39	21	35,927	61	1,713	47
6	20,818	61	0,110	27	22	25,748	21	4,225	15
7	12,138	29	0,247	32	23	23,522	45	0,608	71
8	18,566	61	0,027	30	24	14,638	61	0,373	8
9	24,273	61	0,073	57	25	23,564	61	0,039	50
10	23,048	61	0,158	31	26	21,982	22	0,035	68
11	22,114	61	0,121	59	27	23,458	61	0,110	6
12	23,746	22	0,319	36	28	23,645	61	0,307	6
13	15,784	61	0,044	44	29	26,869	40	2,722	18
14	16,799	61	0,449	18	30	17,864	61	0,027	8
15	14,654	39	0,288	49	31	20,377	61	0,158	10
16	32,627	61	0,933	52	32	15,646	45	0,081	58

Tabela 7 - Estimativas de medidas de distância (Mahalanobis - D^2) entre pares de progênies, para os caracteres estudados, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea* (Área 1) em Selvíria-MS (Conclusão)

MAHALANOBIS (D ²)									
Distâncias					Distâncias				
prog	Maior	Prog	Menor	prog	prog	Maior	Prog	Menor	prog
33	22,864	61	0,207	65	55	11,710	21	0,735	24
34	22,319	61	0,343	52	56	22,573	29	0,041	51
35	19,808	61	0,585	64	57	25,279	61	0,073	9
36	24,793	22	0,319	12	58	17,596	45	0,081	32
37	28,120	61	0,107	47	59	19,277	61	0,115	63
38	21,849	22	0,135	69	60	13,615	4	0,212	73
39	24,353	72	0,283	5	61	35,927	21	3,946	76
40	26,869	29	2,410	76	62	21,476	61	0,258	17
41	23,663	45	0,368	71	63	18,554	61	0,029	70
42	27,970	61	0,868	35	64	17,267	22	0,358	2
43	25,256	61	0,127	11	65	24,561	61	0,207	33
44	17,345	61	0,009	18	66	17,342	39	0,099	49
45	33,605	21	2,433	74	67	22,413	61	0,638	57
46	15,280	61	0,512	49	68	21,832	22	0,035	26
47	27,816	61	0,107	37	69	25,055	61	0,135	38
48	27,120	61	0,307	10	70	18,761	61	0,029	63
49	15,512	40	0,099	66	71	22,092	45	0,270	19
50	23,560	61	0,039	25	72	26,929	45	1,418	28
51	23,241	29	0,041	56	73	16,210	4	0,212	60
52	23,719	9	0,220	61	74	22,768	21	2,248	55
53	22,216	22	0,102	68	75	17,118	4	1,033	15
54	20,359	61	0,057	8	76	24,403	4	1,380	73
Máximo			35,927		Progênies			21 e 61	
Mínimo			0,0086		Progênies			17 e 44	
Média			11,20						

Fonte: O próprio autor.

Tabela 8- Estimativas de medidas de distância (Mahalanobis - D^2) entre pares de progênies, para os caracteres estudados, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea* (Área 2) em Selvíria-MS (Continua)

MAHALANOBIS (D^2)									
Distâncias					Distâncias				
prog	Maior	Prog	Menor	prog	prog	Maior	Prog	Menor	prog
1	23,779	90	0,424	95	3	37,113	97	0,367	65
2	16,515	97	0,432	96	4	18,076	25	0,179	84

Tabela 8 - Estimativas de medidas de distância (Mahalanobis - D^2) entre pares de progênies, para os caracteres estudados, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea* (Área 2) em Selvíria-MS (Continua)

MAHALANOBIS (D^2)									
Distâncias					Distâncias				
prog	Maior	Prog	Menor	prog	prog	Maior	Prog	Menor	prog
5	15,110	23	0,283	36	41	19,959	23	0,008	85
6	36,884	53	3,820	7	42	18,899	97	0,062	40
7	22,399	53	0,224	55	43	35,551	6	0,891	53
8	17,832	90	0,202	95	44	20,205	23	0,071	37
9	27,083	6	1,186	20	45	19,011	6	1,100	84
10	14,961	97	0,182	89	46	18,781	23	0,037	29
11	20,335	23	0,047	50	47	20,333	23	0,084	63
12	20,798	23	0,068	46	48	22,049	97	0,089	24
13	33,086	6	0,487	53	49	18,574	23	0,067	21
14	24,347	97	0,116	74	50	19,327	23	0,047	11
15	21,370	6	0,238	87	51	22,866	25	0,635	4
16	20,085	97	0,324	19	52	13,672	97	0,027	28
17	25,465	97	0,601	22	53	36,884	6	0,487	13
18	19,713	56	0,092	64	54	21,561	97	0,056	61
19	23,727	97	0,098	54	55	19,370	23	0,037	46
20	30,884	6	0,902	69	56	34,146	90	1,786	95
21	20,381	23	0,067	49	57	25,182	56	0,355	25
22	21,175	97	0,550	89	58	25,386	97	0,271	19
23	43,366	97	2,020	3	59	13,558	6	0,093	77
24	23,583	97	0,030	75	60	15,786	23	0,234	37
25	29,284	56	0,355	57	61	20,415	97	0,056	54
26	26,837	6	0,192	87	62	29,482	23	1,147	71
27	21,914	6	0,292	15	63	19,753	23	0,084	47
28	14,619	97	0,027	52	64	21,907	56	0,042	32
29	18,538	23	0,041	46	65	30,157	97	0,113	93
30	20,923	23	0,011	85	66	20,944	23	0,028	79
31	27,022	6	0,266	87	67	33,508	97	0,676	38
32	21,681	23	0,042	64	68	18,976	23	0,072	29
33	31,602	97	0,188	38	69	27,432	97	0,174	65
34	20,382	53	0,204	36	70	21,768	97	0,135	96
35	29,220	97	0,655	24	71	22,535	23	0,756	41
36	17,662	53	0,204	34	72	17,409	97	0,183	42
37	18,525	23	0,071	44	73	23,753	53	0,381	34
38	33,107	97	0,188	33	74	26,588	97	0,116	14
39	29,169	97	0,929	19	75	22,627	97	0,030	24
40	18,149	97	0,062	42	76	29,084	97	0,304	74

Tabela 8 - Estimativas de medidas de distância (Mahalanobis - D^2) entre pares de progênies, para os caracteres estudados, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea* (Área 2) em Selvíria-MS (Conclusão)

MAHALANOBIS (D ²)									
Distâncias				Distâncias					
prog	Maior	Prog	Menor	prog	prog	Maior	Prog	Menor	prog
77	14,513	6	0,093	59	89	16,057	97	0,1372	78
78	14,491	97	0,137	89	90	34,146	56	1,9108	98
79	21,316	23	0,028	66	91	13,562	23	0,3381	82
80	21,582	97	0,078	61	92	12,947	23	0,0962	83
81	24,387	97	0,469	80	93	28,553	97	0,1133	65
82	15,671	23	0,260	72	94	15,134	6	0,0485	28
83	11,813	97	0,096	92	95	21,111	90	0,2018	8
84	18,959	25	0,179	4	96	18,619	97	0,1354	70
85	20,485	23	0,008	41	97	43,366	23	1,4972	62
86	15,095	23	0,1381	92	98	23,369	6	0,4202	30
87	23,930	6	0,1922	26	99	16,761	6	0,2764	77
88	19,170	97	0,1732	96	-				
Máximo			43,366	Progênies			23 e 97		
Mínimo			0,008	Progênies			41 e 85		
Média			11,533						

Tabela 9 - Agrupamento com base no método de aglomeração otimização de Tocher para caracteres de crescimento em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea* da área 1, em Selvíria-MS.

Grupo	Progênie - Área 1	Total	DAP	ALT
I	1 2 3 6 7 8 9 10 11 12 13 16 17 18 19 20 23 24 25 26 27 30 31 32 34 35 37 38 41 43 44 47 48 50 52 53 54 55 57 58 59 62 63 64 68 69 70 71	48	30,28	26,68
II	40 51 56 60 73 75 76	7	31,98	28,38
III	15 28 46 49 66 67 72	7	32,0	25,26
IV	4 5 14 33 42 65	6	28,32	26,0
V	36 39	2	29,11	29,19
VI	45 74	2	30,7	26,85
VII	61	1	33,91	29,59
VIII	29	1	32,82	24,77
IX	22	1	33,23	25,13
X	21	1	30,89	26,37
Total		76		

Nota: DAP: média de Diâmetro altura do peito de cada grupo. ALT: Altura média de cada grupo

Fonte: O próprio autor.

Tabela 10 - Agrupamento com base no método de aglomeração otimização de Tocher para caracteres de crescimento em progênies de *Pinus caribaea* var *caribaea* da área 2, em Selvíria-MS.

Grupo	Progênie - Área 2	Total	DAP	ALT
I	2 5 10 11 12 14 15 16 18 19 21 24 27 28 29 30 32 34 36 37 40 41 42 44 46 47 48 49 50 52 54 55 58 59 60 61 63 64 66 68 70 71 72 74 75 77 78 79 80 81 82 83 85 86 88 89 91 92 94 96 98 99	62	32,33	29,18
II	3 9 20 22 33 38 65 67 69 76 93	11	28,79	28,05
III	1 4 8 17 45 51 84 95	8	32,19	26,73
IV	13 26 31 43 53 87	6	31,55	29,07
V	25 35 57	3	31,17	31,17
VI	7 39 73	3	32,29	28,47
VII	62 97	2	37,64	28,22
VIII	90	1	33,89	31,70
IX	6	1	36,04	27,21
X	56	1	32,87	25,47
XI	23	1	26,18	26,45
Total		99		

Nota: DAP: média de Diâmetro altura do peito de cada grupo. ALT: Altura média de cada grupo

Fonte: O próprio autor.

5 CONCLUSÕES

Existe baixa variabilidade genética nos dois pomares de sementes por mudas de *P. caribaea* var *caribaea*. Contudo, a área 1 apresenta estimativas de parâmetros genéticos superiores à área 2, e deve ser melhor explorada.

A distância média entre todas as progênies da área 1 foi de 35,927. Sendo que a maior distância foi entre as progênies 21 e 61 e a menor distância foi observada entre as progênies 17 e 44. Para a área 2, a distância média foi de 11,53. A maior distância ficou entre as progênies 23 e 97 e a menor distância foi entre as progênies 41 e 85. O agrupamento de Tocher possibilitou separar as progênies em 10 grupos para a área 1 e 11 para a área 2. Cruzamentos entre indivíduos de grupos mais divergentes devem ser considerados visando principalmente aumentar a diversidade genética para próxima geração de melhoramento.

Os ganhos esperados com a seleção na área 1 foram superiores a área 2. A estratégia de seleção que possibilitou maiores ganhos foi a seleção entre e dentro de progênies com 7% de intensidade de seleção na área 1. E para a área 2, o maior ganho foi de 2,14% na seleção individual com 7 % de intensidade de seleção.

Em relação a otimização de seleção, na área 1, 70 indivíduos maximizam o ganho e diversidade genética na seleção entre e dentro de progênies, representando uma intensidade de seleção de 30%. Na área 2, para otimizar a seleção, 198 indivíduos devem ser selecionados na seleção individual, representando uma intensidade de seleção de 14,14%.

A infusão de novos materiais nas próximas gerações deve ser considerada para seguir com um programa de melhoramento florestal, visto que os ganhos de seleção foram baixos. Assim como, cruzamentos entre as progênies dos dois pomares de sementes por mudas de *Pinus caribaea* var. *caribaea*.

REFERÊNCIAS

- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE PRODUTORES DE FLORESTAS PLANTADAS. **Anuário estatístico da ABRAF 2013 ano base 2012**. Brasília, DF, 2013. 150 p. Disponível em: <www.abraflor.org.br/estatisticas.asp>. Acesso em: 15 set. 2016.
- AGUIAR, A. V.; SOUSA, V. A.; SHIMIZU, J. Y. Espécies de pinus mais plantadas no Brasil. **Revista da Madeira**, São Paulo, n. 35, p. 30 -31, 2011.
- AGUIAR, A. V.; SOUSA, V. A.; FRITZSON, E.; JUNIOR, J. E. P. **Programa de melhoramento de Pinus da Embrapa Florestas**. Colombo: Embrapa Floresta, 2011. 10 p. Disponível em: <<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/61074/1/Documento-233.pdf>>. Acesso em: 30 mar. 2017.
- ASSIS, T. F.; RESENDE, M. D. V. Genetic improvement of forest tree species. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viosa, MG, v. 11, n. 2, p. 44-49, 2011.
- BERTI, C. L. F. **Variação genética, herdabilidades e ganhos na seleção para caracteres de crescimento e forma, em teste de progênies de polinização aberta de *Eucalyptus cloeziana*, aos 24 anos de idade em Luiz Antônio – SP**. 2010. 79 f. Dissertações (Mestrado em Agronomia) - Faculdade de Engenharia, Ilha Solteira, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2010.
- BHERING, L. L.; LAVIOLA, B. G.; SALGADO, C. C.; SANCHEZ, C. F. B.; ROSADO, T. B.; ALVES, A. A. Genetic gains in physic nut using selection indexes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 47, n. 3, p. 402-408, 2012.
- BRACELPA. **Florestas plantadas**. São Paulo, 2015. Disponível em: <<http://bracelpa.org.br/bra2/?q=node/134>>. Acesso em: 29 dez. 2015.
- BUENO, L. C. S. **Melhoramento genético de plantas: princípios e procedimentos**. Lavras: Ed. da UFLA, 2001.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N. D.; REIS, R. C.P.; SOUZA, J. R.; JOST, E. Comparação de métodos de agrupamento para o estudo da divergência genética em cultivares de feijão. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 38, n. 8, p. 2138-2145, 2008.
- CHUDNOFF, M. Tropical Timbers of the World. **Agriculture Handbook**, Washington: USDA Forest Service, 1984. 466 p.
- COMISIÓN NACIONAL PARA EL CONOCIMIENTO Y USO DE LA BIODIVERSIDAD - CONABIO. ***Pinus caribaea***. Tralpan, 2012. Disponível em: <http://www.conabio.gob.mx/conocimiento/info_especies/arboles/doctos/55-pinac2m.pdf>. Acesso em: 15 dez. 2016.
- COPPEN, J. J. W.; GAY, C.; JAMES, D. J.; ROBINSON, J. M.; MULLIN, L. J. Xylem resin composition and chemotaxonomy of three varieties of *Pinus caribaea*. **Phytochemistry**, Grã Bretanha, v. 33, n. 5, p. 1103-1111, 1993.

COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; ARAUJO, A. J.; GONÇALVES, P. S.; BORTOLETO, N. Seleção combinada univariada e multivariada aplicada ao melhoramento genético de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, DF, v. 35, n. 2, p. 381-388, 2000.

COTTERILL, P. P. Genetic gains expected from alternative breeding strategies including simple low cost options. **Silvae Genetica**, Frankfurt Am Main, v. 35, p. 212-223, 1986.

COTTERILL, P. P.; DEAN, C. A. **Successful tree breeding with index selection**. East Melbourne: CSIRO, 1990. 80 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Ed. da UFV, 2003. v. 2, 585 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa, MG: Ed. da UFV, 2001. 390 p.

CRUZ, C. D., REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Ed. da UFV, 2012.

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa, MG: Editora da UFV, 2005. p. 394.

DIAS, L. A. **Divergência genética e fenética multivariada na predição de híbridos e preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.)**. Piracicaba, 1994. 94 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luis de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1994.

DIAS, L. A. S. Análises multidimensionais. In: ALFENAS, A. C. (Ed.). **Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins; fundamentos e aplicações em plantas e microrganismos**. Viçosa, MG: Ed. Da UFV, 1998. p. 405-475.

DAVID, A.; PIKE, C.; STINE, R. Comparison of selection methods for optimizing genetic gain and gene diversity in a red pine (*Pinus resinosa* Ait.) seedling seed orchard. **Theor Appl Genet**, Stuttgartv. v.107, n.3, p. 843–849, 2003.

EMBRAPA, EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 3. ed. Brasília, DF: Embrapa, 2013. 353 p.

FOELKEL, E. Produção de sementes geneticamente melhoradas de Pinus. **Revista da Indústria da Madeira Referência**, (Online), 2011. Disponível em: <http://www.remade.com.br/br/revistadamadeira_materia.php?num=1538&subject=Sementes&title=Produ%E7%E3o%20de%20sementes%20geneticamente%20melhoradas%20de%20Pinus>. Acesso em: 30 mar. 2017.

FRANCIS, J. K. ***Pinus caribaea* morelet**: caribbean pine. New Orleans: Departament of Agriculture, Forest Service, Southern Forest Experiment Station, 1992. 10 p.

FREITAS, M. L. M. SEBBENN, A. M.; MORAIS, E.; ZANATTO, A. C. S.; SOUSA, C. M. R.; LEMOS, S. V. Parâmetros genéticos em progênies de polinização aberta de *Pinus caribaea* var. *bahamensis*, aos 22 anos de idade. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 17, n. 1, p. 103-111, 2005.

FURLAN, R. A.; MORI, E. S.; TAMBARUSSI, E. V.; MORAES, C. B.; JESUS, F. A.; ZIMBACK, L. Estrutura genética de populações de melhoramento de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* por meio de marcadores microssatélites. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 4, p.553-563, 2007.

GANDARA, F. B. **Diversidade genética, taxa de cruzamento e estrutura espacial dos genótipos em uma população de *Cedrela fissilis* Vell. (Meliaceae)**. Piracicaba, 1996. 69 f. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba.

GREAVEZ, E. D.; MARIN, Y.; VISAEZ, F.; HERNÁNDEZ E., J. V. Forestry plantations of *Pinus caribaea* in Venezuela as a solar energy collector. **Interciencia**, Caracas, v. 40, n. 7, p. 457-464, 2015.

HERAS, J.; BONILLA, M.; MARTINEZ, L. W. Germination after heat treatments on *Pinus tropicalis* Morelet and *Pinus caribaea* Morelet var. *caribaea* seeds of west Cuban forests. **Forest Science**, Bethesda, v. 63, n. 5, p. 469-475, 2006.

HOULE, D. Comparing evolvability and variability of quantitative traits. **Genetics**, Austin, n. 30, p.195-204, 1992.

IBÁ. Indústria Brasileira de Árvores. **Relatório IBÁ**. 2015. Brasília. Disponível em: <<http://iba.org/pt/biblioteca-iba/publicacoes>>. Acesso: 26 jul. 2016.

JUIZO, C. G. F.; LOIOLA, P. L.; ZEN, L. R.; MARCHESAN, R.; CARVALHOR, D. E.; BILA, N. F.; EGAS, A. F.; ROCHA, M. P.; KLITZKE, R. J.; Variação radial das propriedades físicas da madeira de *Pinus patula* plantados em Moçambique. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 35, n. 83, p. 285-292, 2015.

KAGEYAMA, P. Y.; SPELTS, R. M.; SILVA, A. P.; FERREIRA, M. Variação genética entre e dentro de progênies de *Pinus pántula* Schiede e Deppe na região de Telêmaco Borba-PR. **Boletim Informativo IPEF**, Piracicaba, n. 15, p. 21-39, 1977.

KAGEYAMA, P.Y. **Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden**. 1980. 125 f. Tese (Doutorado em Agronomia – Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1980.

KAGEYAMA, P. Y. Conservação “in situ” de recursos genéticos de plantas. **Silvicultura**, São Paulo, v. 11, n. 41, p. 7-37, 1987.

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

MATHESON, A. C.; BELL, J. C.; BARNES, R. D. Breeding system and genetic structure in some Central American pine populations. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 38, n. 3-4, p. 107-113, 1989.

MISSIO, R. F. **Variação genética em progênes de *Pinus caribaea* Morelet var. *bahamensis***. 2004. 129 f. Dissertação (Mestrado em Sistemas de Produção) - Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2004.

MISSIO, R. F.; CAMBUIN, J.; MORAES, M. L. T.; PAULA, R. C. Seleção simultânea de caracteres em progênes de *Pinus caribaea* Morelet var. *bahamensis*. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 66, p. 161-166, 2004a.

MISSIO, R. F.; DIAS, L. A. S.; MORAES, M. L. T.; RESENDE, M. D. V. Selection of *Pinus caribaea* var. *bahamensis* progênes based on the predicted genetic value. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 4, n. 4, p. 399-407, 2004b.

MORAES, M. L. T.; MISSIO, R. F.; SILVA A. M.; CAMBUIM, J.; SANTOS, L. A.; RESENDE M. D. V. Efeito do desbaste seletivo nas estimativas de parâmetros genéticos em progênes de *Pinus caribaea* Morelet var. *hondurensis*. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 74, p. 55-65, 2007.

MORAES, M. L. T. **Variação genética e aplicação da análise multivariada em progênes de *Pinus caribaea* Morelet var. *hondurensis* Barret e Golfari**. 2001. 124 f. Tese (Livre-docência) – Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2001.

MORAES, M. L. T.; HIGA, A. R.; CAVENAGE, A.; KANO, N. K. Avaliação da densidade básica da madeira e de sua relação com os caracteres de crescimento, em uma população base de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. In: IUFRO CONFERENCE SILVICULTURE AND IMPROVEMENT OF EUCALYPS, 1997, Salvador. **Conference...** Colombo: Embrapa, Centro Nacional de Pesquisa de Floresta, 1997. p. 43-47, 1997.

MOREIRA, J. P. **Ganho esperado na seleção de progênes de *Pinus elliottii* var. *elliottii* em idade precoce para produção de madeira**. 2013. 54 f. Dissertação (Mestrado em Sistema de Produção) - Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2013.

MORI, E. S. **Variabilidade genética isoenzimática em uma população de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden submetida a diferentes intensidades de seleção**. 1993. 119 f. Tese (Doutorado em Genética) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1993.

NASCIMENTO, W. M. O.; GURGEL, F. L.; BHERING, L. L.; RIBEIRO, O. D. Pré-melhoramento do camucamuzeiro: estudo de parâmetros genéticos e dissimilaridade. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 61, n.4, p. 538-543, 2014.

NIETO, V. M.; RODRIGUEZ, J. *Pinus caribaea* Morelet. In: VOZZO, J. A. **Tropical tree seed manual**. part II. species descriptions. Washington: USDA Forest Service, 2003. p. 609-611.

OLIVEIRA, E. B.; NAKAJIMA, N. Y.; CHANG, M.; HALISKI, M. **Determinação da quantidade de madeira, carbono e renda da plantação florestal**. Colombo: Embrapa Floresta, 2011. 39 f. (Embrapa Florestas. Documentos, 220). Disponível em: < <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/40634/1/Doc220.pdf> >. Acesso em: 30 mar. 2017.

OLIVEIRA, E. J. de.; SANTOS, V. da S.; LIMA, D. S. de.; MACHADO, M. D.; LUCENA, R. S.; MOTTA, T. B. N.; CASTELLEN, M. S. Seleção em progênies de maracujazeiro amarelo com base em índices multivariados. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 43, n. 11, p. 1543-1549, 2008.

PAIVA, J. R. Conservação *ex situ* de recursos genéticos de plantas na região tropical úmida. **Acta amazônica**, Manaus, v. 24, n.1, p. 63-80, 1994.

PAULA, R. C. de; PIRES, I. E.; BORGES, R. de C. G.; CRUZ, C. D. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 37, n. 2, p. 159-165, 2002.

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. 309 p.

PIRES, V. C. M.; MARTINS, K.; VILAS BOAS, O.; FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M. Variabilidade genética de caracteres silviculturais em progênies de polinização aberta de *Pinus caribaea* var. *bahamensis*. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 41, n. 97, p. 113-119, 2013.

RATNAM, W.; BOYLE, T. J. Effects of logging and others forms of harvesting on genetic diversity in humid tropical forests. In: YOUNG, A.; BOSHIER, D.; BOYLE, T. **Forest conservation genetics**. Melbourne: CSIRO Publishing. p. 115-123, 2000.

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

RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEN – REML/BLUP**: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares misto. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 359 p.

RESENDE, M. D. V.; ARAÚJO, A. J.; SAMPAIO, P. T. B.; WIECHETECK, M. S. S. Acurácia seletiva, intervalos de confiança e variâncias de ganhos genéticos associados a 22 métodos de seleção de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Revista Floresta**, Curitiba, v. 25, n.2, p. 3-16, 1995.

ROMANELLI, R. C.; SEBBENN, A. M. Parâmetros genéticos e ganhos na seleção para produção de resina em *Pinus elliottii* var. *elliottii*, no Sul do Estado de São Paulo. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 16, n. 1, p. 11-23, 2004.

SAMPAIO, P. T. B.; RESENDE, M. D. V.; ARAUJO, A. J. Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 35, n. 11, p. 2243-2253, 2000.

SANTOS, G. O.; HERNANDEZ, F. B. T. Uso do solo e monitoramento dos recursos hídricos no córrego do Ipê, Ilha Solteira, SP. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, v.17, n.1, p.60-68, 2013.

SANTOS, P. E. T.; MARTINI, S. L.; SANTOS, M. M. F. B. **Centro de conservação genética e melhoramento de pinheiros tropicais**. Piracicaba: IPEF, 1988. 5 p. (Circular Técnica, 161).

SANTOS, W. **Variação genética e desempenho de progênies de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* para produção de madeira e resina**. 2014. 98 f. Dissertação (Mestrado em Sistemas de Produção) - Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2014.

SEBBENN, A. M.; BOAS, O. V.; MAX, J. C. M.; FREITAS, M. L. M. Estimativa de parâmetros genéticos e ganhos na seleção para caracteres de crescimento em teste de progênies de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* e var. *bahamensis*, em Assis-SP. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 22, n. 2, p. 279-288, 2010.

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

SEBBENN, A. M.; VILAS BÔAS, O.; MAX, J. C. M. Variação genética, herdabilidades e ganhos na seleção para caracteres de crescimento em teste de progênies de *Pinus caribaea* var. *bahamensis* aos 20 de idade em Assis-SP. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 20, n. 2, p. 103-115, 2008a.

SHIMIZU, J. Y. Introdução. In: SHIMIZU, J. Y. (Ed.). **Pinus na silvicultura brasileira**. Colombo: Embrapa Florestas, 2008.

SHIMIZU, 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, 1999.

SILVA, J. M. **Análises genéticas em progênies de *Pinus caribaea* morelet var. *Caribaea* por caracteres quantitativos e marcadores moleculares**. 2005. 129 f. Dissertação (Mestrado em Sistema de Produção) - Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2005.

SIGMA PLOT (201) For windows, version 13.1 Systat Software.

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

SILVA, J. M.; AGUIAR, A. V.; MORI, E. S.; MORAES, M. L. T. Variação Genética e ganho esperado na seleção de progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea* em Selvíria, MS. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 39, n. 90, p. 241-252, 2011.

TONELLO, K. C. Melhoramento de essências florestais. **Revista da Indústria da Madeira Referência**, Pelotas, v. 83, p. 60-62, 2004.

TRIANOSKI, R. **Avaliação da qualidade da madeira de espécies de pinus tropicais por meio de métodos convencionais e não destrutivos**. 2012. 553 f. Tese (Doutorado) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2012. Disponível em: <<http://acervodigital.ufpr.br/handle/1884/28070>>. Acesso em: 30 mar. 2017.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.

WANG, H.; MALCOLM, D. C.; FLETCHER, A. M. *Pinus caribaea* in China: introduction, genetic resources and future prospects. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 17, p. 1-15, 1999.

WEI, R. P.; LINDGREN, D. Effective family number following selection with restrictions. **Biometrics**, Washington, v. 52, n. 1, p.198-208, 1996.

WREGE, M. S.; FRITZSONS, E.; SHIMIZU, J. Y.; AGUIAR, A. V.; CARAMORI, P. H. Pinus tropical com potencial para uso em plantios comerciais no Brasil. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 26, n. 2, p. 137-145, 2014.

ZHENG, Y. Q.; ENNOS, R. A. Genetic variability and structure of natural and domesticated populations of Caribbean pine (*Pinus caribaea* Morelet). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, n. 98, p. 765-771, 1999.

Tabela 1A - Estimativas das Distâncias Generalizadas de Mahalanobis (D^2) da progênie 1 em relação as demais progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea* (área 1), em Selvíria-MS, envolvendo os caracteres: DAP, altura e volume.

Distância Generalizada de Mahalanobis em relação a progênie 1							
		(2)	3,46	(3)	2,76	(4)	12,34
(5)	1,57	(6)	8,29	(7)	2,74	(8)	3,49
(9)	9,10	(10)	2,10	(11)	1,74	(12)	0,66
(13)	4,04	(14)	6,91	(15)	12,13	(16)	8,25
(17)	3,94	(18)	8,22	(19)	3,62	(20)	2,63
(21)	11,21	(22)	23,02	(23)	3,97	(24)	4,68
(25)	5,15	(26)	0,25	(27)	8,83	(28)	11,42
(29)	19,70	(30)	3,36	(31)	2,56	(32)	3,03
(33)	9,26	(34)	5,20	(35)	2,81	(36)	0,41
(37)	7,91	(38)	0,61	(39)	2,04	(40)	6,77
(41)	8,18	(42)	5,18	(43)	2,16	(44)	3,83
(45)	16,34	(46)	10,07	(47)	8,35	(48)	3,82
(49)	13,00	(50)	5,94	(51)	1,72	(52)	7,87
(53)	0,63	(54)	3,94	(55)	5,93	(56)	1,96
(57)	10,76	(58)	2,80	(59)	1,54	(60)	5,00
(61)	19,54	(62)	5,48	(63)	1,71	(64)	1,14
(65)	8,84	(66)	14,31	(67)	14,34	(68)	0,39
(69)	0,90	(70)	1,45	(71)	5,49	(72)	17,71
(73)	4,83	(74)	8,68	(75)	8,65	(76)	10,74
Distância maior: 23,02				Progênie: 22			
Distância menor: 0,25				Progênie: 26			

Tabela 2A - Estimativas das Distâncias Generalizadas de Mahalanobis (D^2) da progênie 1 em relação as demais progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea* (área 2), em Selvíria-MS, envolvendo os caracteres: DAP, altura e volume.

Distância Generalizada de Mahalanobis em relação a progênie 1							
		(2)	3,16	(3)	7,63	(4)	3,10
(5)	2,35	(6)	7,34	(7)	4,76	(8)	1,10
(9)	8,64	(10)	1,39	(11)	4,53	(12)	6,13
(13)	16,42	(14)	10,06	(15)	10,19	(16)	4,19
(17)	1,16	(18)	10,83	(19)	4,96	(20)	11,52
(21)	9,17	(22)	1,22	(23)	9,44	(24)	10,50
(25)	18,13	(26)	15,23	(27)	9,87	(28)	3,97
(29)	5,37	(30)	12,40	(31)	14,22	(32)	12,10
(33)	5,49	(34)	2,85	(35)	15,58	(36)	1,98
(37)	6,01	(38)	5,49	(39)	3,40	(40)	8,75
(41)	11,54	(42)	7,97	(43)	17,09	(44)	7,33
(45)	5,03	(46)	4,96	(47)	8,34	(48)	9,25
(49)	8,95	(50)	4,62	(51)	6,10	(52)	4,21
(53)	18,69	(54)	4,77	(55)	4,69	(56)	1,85
(57)	14,47	(58)	7,35	(59)	4,99	(60)	4,32
(61)	5,38	(62)	13,21	(63)	8,02	(64)	12,58
(65)	5,61	(66)	11,68	(67)	3,08	(68)	6,17
(69)	6,17	(70)	4,44	(71)	9,70	(72)	7,83
(73)	3,79	(74)	9,51	(75)	10,50	(76)	7,86
(77)	5,46	(78)	2,44	(79)	11,69	(80)	5,23
(81)	7,61	(82)	7,90	(83)	2,94	(84)	2,73
(85)	11,98	(86)	3,86	(87)	12,14	(88)	3,08
(89)	2,18	(90)	23,78	(91)	5,35	(92)	3,19
(93)	4,16	(94)	4,57	(95)	0,42	(96)	4,19
(97)	21,82	(98)	14,80	(99)	8,09		
Distância maior: 23,78				Progênie: 90			
Distância menor: 0,42				Progênie: 95			