

**ANÁLISES GENÉTICAS EM PROGÊNIES DE *Pinus caribaea* Morelet var. *caribaea*  
POR CARACTERES QUANTITATIVOS E MARCADORES MOLECULARES**

**JANETE MOTTA DA SILVA**  
**Engenheira Agrônoma**

**Orientador: Prof. Dr. Mario Luiz Teixeira de Moraes**  
**Co-orientador: Prof. Dr. Edson Seizo Mori**

**Dissertação apresentada à Faculdade de  
Engenharia de Ilha Solteira, Universidade  
Estadual Paulista “Júlio de Mesquita  
Filho”, para a obtenção do Título de  
Mestre em Agronomia – Área de  
Concentração: Sistemas de Produção.**

**ILHA SOLTEIRA – SP**  
**JULHO DE 2005**

*Aos meus pais MOACIR E FÁTIMA  
por minha vida, por tudo o que sou  
e pelo apoio constante*  
**DEDICO**

*Aos meus irmãos BRUNO E SIMONE  
Que tanto amo,*  
**OFEREÇO**

## AGRADECIMENTOS

- À **DEUS**, pela minha vida, por sempre estar comigo me mostrando o caminho, dando-me sempre forças e fé;
- Ao Prof. Dr. Mario Luiz Teixeira de Moraes, pela orientação, incontáveis exemplos profissionais e de vida, e pela amizade sincera;
- Ao Prof. Dr. Edson Seizo Mori, pela co-orientação, 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;
- À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), pelo suporte financeiro;
- 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 progênes, e à Duratex S.A. (Agudos, SP) pela formação das mudas;
- À banca examinadora: Dr. Alexandre Magno Sebbenn, Dr. Miguel Luiz Menezes Freitas e Dr. Mario Luiz Teixeira de Moraes pelo trabalho de correção, sugestões e críticas dadas à dissertação;
- Ao Professor João Antônio da Costa Andrade, Dr. Léo Zimback, Dr. Marcos Deon Vilela de Resende e Professor Pedro César dos Santos, pelas importantes contribuições e esclarecimentos para conclusão deste trabalho;
- Aos colegas Evandro Tambaruci, Robson Fernando Missio e Rodrigo de Andrade Furlan pela paciência, esclarecimentos diversos e ensinamento das técnicas de laboratório;
- Aos Funcionários da Fazenda de Ensino e Pesquisa da FEIS/UNESP: Alexandre Marques da Silva, Alonso A. da Silva, José Cambuim, Manoel F. R. Bonfim, Odorico Santos da Silva, “Sergipe” (*in memoriam*), pelo apoio na coleta de dados;
- À Selma Maria Bozzite de Moraes, pelas importantes lições de trabalho e de vida e por sempre ter uma palavra amiga momentos difíceis;
- Às “eternas” companheiras de república: Bruna L. Rosa, Cecília S. de Castro, Camila R.S. Baleroni, Cássia M.C. Lopes, Luciana Bedore, por terem participação especial em minha vida;
- Aos colegas e amigos: Alexandra, Alexsander, Ana Cláudia, Carla, Cecília, Daniela Canuto, Daniela Cintra, Elza, Flávia, Flávio, Francisco, Gisele, Ivan Iuri, Larissa Lima, Marcela, Patrícia, Rosalina, Saulo, Vanessa, pela convivência e amizade;
- À Sergio A. P. Cervigni, pelo apoio, incentivo, colaboração e pelo carinho que sempre me trata;
- E à todos aqueles que, direta ou indiretamente, ajudaram-me a concluir esta importante e valiosa etapa de minha vida.

## ANÁLISES GENÉTICAS EM PROGÊNIES DE *Pinus caribaea* Morelet var. *caribaea* POR CARACTERES QUANTITATIVOS E MARCADORES MOLECULARES

### RESUMO

*Pinus caribaea* var. *caribaea*, conhecido comumente como pinho caribenho, é uma espécie exótica, pouco exigente em solo, que pode ser amplamente cultivada em locais não aproveitados para a agricultura, pecuária, assim como para reflorestamentos. Tem crescimento rápido e produz madeira resinosa útil para a produção de madeiramento e papel. Assim, este trabalho teve os seguintes objetivos: estimar a variabilidade genética para caracteres de crescimento e a densidade básica da madeira em um teste de progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*; verificar o efeito de um desbaste no teste de progênies e a sua interferência na estimativa de parâmetros genéticos; estimar possíveis ganhos na seleção, através da utilização do índice multi-efeitos (IME), visando a transformação do teste de progênies em um Pomar de Sementes por Mudanças e/ou fornecedor de material para a formação de um Pomar de Sementes Clonal; estimar o valor genético de árvores superiores; caracterizar, por marcadores moleculares RAPD e SSR, três grupos de indivíduos: superiores, intermediários e inferiores, selecionados pelo IME; fornecer subsídios para a continuidade do programa de melhoramento genético dessa espécie.

O teste de progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea* foi instalado de 20 a 22/02/1989, na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira em Selvíria-MS. O delineamento experimental utilizado foi látice 10x10 triplo, com 99 progênies e uma testemunha comercial. As parcelas foram lineares com 10 plantas, no espaçamento 3x3m. As sementes das 99 progênies e uma testemunha comercial foram cedidas pelo Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais - IPEF-ESALQ/USP – Piracicaba, SP, e oriundas do Centro de Conservação Genética e Melhoramento de Pinheiros Tropicais (CCGMPT). Os caracteres avaliados foram: altura total de plantas (m), diâmetro à altura do peito - DAP (cm); volume (m<sup>3</sup>/árvore); forma do fuste das árvores, densidade básica da madeira, na altura do DAP - DBM-1, e na metade da altura da árvore - DBM-2 (g/cm<sup>3</sup>); e sobrevivência das progênies (%). Aos 14,3 anos após o plantio foi realizado um desbaste com intensidade de 50%, e o ganho genético foi estimado pelo IME. A coleta de dados foi realizada em cinco situações: A - antes do desbaste, aos 14,3 anos; B - árvores desbastadas, 14,3 anos; C - árvores remanescentes ao desbaste, 14,3 anos; D - um ano após o desbaste:

15,3 anos; E - dois anos após do desbaste, 16,3 anos. Utilizando marcadores moleculares RAPD (dominante) e SSR (co-dominante), foi realizada a caracterização molecular da espécie comparando-se três grupos de indivíduos: os superiores, os intermediários e os inferiores.

Após a análise dos resultados verificou-se que: a) a variação genética encontrada para os caracteres analisados foi pouco expressiva; b) o desbaste realizado abriu perspectivas para a exploração deste teste de progênies como um Pomar de Sementes por Mudas e/ou Clonal; c) as estimativas de herdabilidade apresentaram baixa magnitude e pouca variação com o tempo; d) as estimativas de correlações entre os caracteres DAP, altura e volume foram altas, e em relação à densidade básica da madeira e forma foram baixas. A análise do coeficiente de Trilha foi útil para esclarecer a natureza das correlações existentes entre os caracteres estudados, sendo que o volume é determinado em grande parte pela altura, tendo o DAP uma participação secundária; e) a obtenção da distância generalizada de Mahalanobis e o agrupamento das progênies pelo método de Tocher, forneceram informações importantes para futuros programas de melhoramento que utilizem hibridação ou retrocruzamentos; f) o uso do IME aplicado ao caráter DAP, a situação E, apresentou maiores ganhos do que a seleção entre e dentro de progênies, sendo a melhor opção de selecionar no máximo cinco indivíduos por progênies por obter maiores ganhos e manter a diversidade genética próxima de uma seleção entre e dentro de progênies; g) a caracterização com uso de marcadores moleculares constatou homogeneidade entre os grupos de indivíduos superiores, intermediários e inferiores.

Palavras-chave: parâmetros genéticos, divergência genética, pinheiros tropicais, teste de progênies, índice multi-efeitos.

## GENETIC ANALYSES IN PROGENIES OF *Pinus caribaea* Morelet var. *caribaea* FOR QUANTITATIVE CHARACTERS AND MOLECULAR MARKERS

### ABSTRACT

*Pinus caribaea* var. *caribaea*, known as Caribbean pine, is an exotic species, demanding in ground of soil, which can widely be cultivated in places not used to agriculture, cattle raising breeding, as well as for reforestations. It has growth fast and produces resinous wood useful for the timbering production and paper. This work aimed: to estimate the genetic variability to growth characters and the wood density; to estimate the genetic value of superior trees; to characterize by molecular markers (RAPD e SSR), three groups of individuals - superiors, intermediates and inferiors, selected with multi-effects index; to verify the effect of thinning on progeny trial relating it to parameters genetics; to estimate the gain expected through the use of IME, aiming to turn the progeny trial in a seedling seed orchard and/or to supply material to establish a clonal seed orchard; to give subsidies to genetic breeding program of this species.

The progeny trial of *Pinus caribaea* var. *caribaea* was installed from 20 to 22/02/1989 in the Experimental Station of Ilha Solteira University Campus, located in Selvíria, MS, Brazil. A triple lattice design 10 x 10, with 99 progenies and a commercial control was used. The plots were constituted by 10 plants in line, with 3m between plants and between lines. The progeny seeds were supplied by Forestry Research Institute – IPEF, and Genetic Conservation and Breeding of Tropical Pine – CCGMPT. The evaluated characters was: total height, diameter at breast height (dbh); volume, form of stem, wood density at breast height total and wood density at half of tree total height, survival of progenies. A thinning with 50% of intensity was made on the progeny trial with 14,5 years after plantation, and the genetic gain was determinate by the multi-effects index. The evaluations was done in five situations: A – before the thinning – 14,5 years; B – thinning trees, 14,3 years; C – remaining trees to the thinning, 14,3 years; D – one year after the thinning, 15,3 years; E – two years after the thinning, 16,3 years. The molecular markers RAPD (dominant) and SSR (co-dominant) was used to characterize the species, comparing itself three groups of individuals: superiors, intermediates and inferiors.

The results were: a) a genetic variation verified on the traits was few expressive; b) the thinning showed perspectives to these progenies trial to be explored as a seed orchard by seedling and/or clonal; c) the heritability estimates had presented low

magnitude and little variation through time; d) the correlations between characters dbh, height and volume was high, and low for wood density and form. The path analysis coefficient was useful to know to correlation among the studied trait, with volume being largely determined by height and little influence by dbh; e) the Mahalanobis generalized distance and the assemble of progenies by Tocher's method gave important information to future breeding programs about hybridization or backcross; f) the multi-effect index applied to dbh, on D situation, showed higher gains than the selection within and among progenies, and the best option the selection up to five plants per progenies because to permit higher gains and keep genetic diversity close to a selection within and among progenies; g) the characterization using molecular markers evidenced homogeneity between the groups of superiors, intermediates and inferiors individuals.

Key-words: genetic parameters, genetic divergence, tropical pines, progeny trial, multi-effects index.

## SUMÁRIO

DEDICATÓRIA.....	iii
AGRADECIMENTOS.....	iv
RESUMO.....	v
ABSTRACT.....	vii
LISTA DE ILUSTRAÇÕES.....	xi
LISTA DE TABELAS.....	xii
LISTA DO APÊNDICE.....	xvi
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	3
2.1. Generalidades sobre <i>Pinus caribaea</i> Morelet var. <i>caribaea</i> .....	3
2.1.1. Taxonomia e descrição.....	3
2.1.2. Áreas de expansão.....	4
2.1.3. Ciclo vital.....	6
2.1.4. Propriedades e utilização de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> .....	7
2.2. Melhoramento genético de <i>Pinus</i> .....	9
2.3. Teste de progênies.....	11
2.4. Estimativas de parâmetros genéticos.....	13
2.5. Marcadores moleculares – ferramenta para o melhoramento de <i>Pinus</i> .....	15
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	18
3.1. Material.....	18
3.2. Métodos.....	18
3.2.1. Instalação do ensaio.....	18
3.2.2. Coleta de dados.....	19
3.2.3. Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos.....	20
3.2.4. Ganho na seleção pelo método do índice multi-efeitos.....	25
3.2.5. Análise do coeficiente de trilha e da divergência genética.....	27
3.2.6. Marcadores moleculares.....	29
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	39
4.1. Avaliações nas Situações A, B, C, D e E.....	39



4.1.1. Resultados das análises de variância individuais para os caracteres de crescimento e densidade básica da madeira.....	39
4.1.2. Estimativas das variâncias genéticas e fenotípicas, coeficientes de variação e herdabilidades para os caracteres de crescimento e densidade básica da madeira.....	43
4.1.3. Estimativas das correlações genéticas e fenotípicas entre os caracteres de crescimento e densidade básica da madeira.....	49
4.2. Análises multivariadas.....	52
4.2.1. Estudo do coeficiente de caminhamento ( <i>path coefficient analysis</i> ).....	52
4.2.2. Estudo das medidas de dissimilaridade pela distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) e pelo método de otimização de Tocher.....	57
4.3. Ganhos na seleção.....	74
4.3.1. Seleção entre e dentro de progênies.....	74
4.3.2. Índice Multi-efeitos.....	77
4.4. Caracterização genética com uso de marcadores moleculares.....	80
4.4.1. Seleção de indivíduos para a caracterização molecular.....	80
4.4.2. Marcador molecular RAPD.....	80
4.4.3. Marcador molecular Microsatélite (SSR).....	86
5. CONCLUSÕES.....	95
REFERÊNCIAS.....	96
APÊNDICE.....	106

## LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1. Área de distribuição natural de populações de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , na América Central (Francis, 1992).....	4
Figura 2. Dendograma baseado na distância genética (Nei, 1978), pelo método UPGMA, entre as subpopulações de indivíduos 1 (superiores), 2 (intermediários) e 3 (inferiores), de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , baseado em marcadores RAPD.....	84
Figura 3. Dendograma baseado na distância genética (Nei, 1978), pelo método UPGMA, entre as subpopulações de indivíduos 1 (superiores), 2 (intermediários) e 3 (inferiores), de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , baseado em marcadores SSR.....	93
Quadro 1. Classificação da madeira quanto à densidade adotada pelo Forest Products Laboratory (1973).....	8
Quadro 2. Estratégias de melhoramento genético empregadas em diferentes países para <i>Pinus</i> (Resende (1999a)).....	11
Quadro 3. Principais espécies do gênero <i>Pinus</i> utilizadas no melhoramento genético no Brasil, respectivos usos e aptidões (Resende (1999a)).....	11
Quadro 4. Soluções utilizadas para extração e quantificação de DNA.....	30
Quadro 5. Lista dos primers RAPD testados em <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , da marca (OPERON) Operon Technologies, Inc.....	33
Quadro 6. Lista dos locos microssatélites (SSR) isolados, espécie para a qual foram desenhados, seqüência de nucleotídeos dos primers <i>forward</i> (F) e <i>reverse</i> (R), e autores dos respectivos trabalhos em que foram publicados.....	34

## LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Estimativas da média de progênies ( $\hat{m}$ ), coeficiente de determinação dos efeitos de parcela ( $\hat{C}_p^2$ ), coeficiente de determinação dos efeitos de bloco ( $\hat{C}_b^2$ ), coeficiente de variação experimental ( $CV_{exp}$ ) e F de progênies ( $F_{prog}$ ), para os caracteres estudados em diferentes situações, em progênies de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	42
Tabela 2. Estimativas de herdabilidade individual, no sentido restrito ( $\hat{h}^2$ ), herdabilidade média de progênies ( $\hat{h}_m^2$ ), herdabilidade aditiva dentro de parcela ( $\hat{h}_d^2$ ), coeficiente de variação genético individual ( $CV_{gi}$ ), coeficiente de variação genético de progênies ( $CV_{gp}$ ), e acurácia de seleção de progênies ( $\hat{r}_{aa}$ ), para os caracteres estudados em diferentes situações, em progênies de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	48
Tabela 3. Estimativas das correlações genóticas ( $r_g$ ) e fenotípicas ( $r_f$ ), entre os caracteres estudados na situação A, em progênies de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	50
Tabela 4. Estimativas das correlações genóticas ( $r_g$ ) e fenotípicas ( $r_f$ ), entre os caracteres estudados na Situação B, em progênies de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	50
Tabela 5. Estimativas das correlações genóticas ( $r_g$ ) e fenotípicas ( $r_f$ ), entre os caracteres estudados na Situação C, em progênies de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	51
Tabela 6. Estimativas das correlações genóticas ( $r_g$ ) e fenotípicas ( $r_f$ ), entre os caracteres estudados na Situação D, em progênies de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	51
Tabela 7. Estimativas das correlações genóticas ( $r_g$ ), fenotípicas ( $r_f$ ) e ambiental ( $r_e$ ), entre os caracteres estudados (Situação E), em progênies de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , aos 16,3 anos de idade, em Selvíria-MS.....	52
Tabela 8. Análise do coeficiente de trilha, desdobramento das correlações genóticas em componentes de efeitos diretos e indiretos entre os caracteres: DAP, Altura, Forma e Volume, estudados na Situação A, em progênies de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	54
Tabela 9. Análise do coeficiente de trilha, desdobramento das correlações genóticas em componentes de efeitos diretos e indiretos entre os caracteres: DAP, Altura, Forma, Volume, DBM-1 e DBM-2, estudados na Situação B, em progênies de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	55
Tabela 10. Análise do coeficiente de trilha, desdobramento das correlações genóticas em componentes de efeitos diretos e indiretos entre os caracteres: DAP, Altura, Forma e Volume, estudados na Situação C, em progênies de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	56
Tabela 11. Análise do coeficiente de trilha, desdobramento das correlações genóticas em componentes de efeitos diretos e indiretos entre os caracteres: DAP, Altura, Forma e Volume, estudados na Situação D, em progênies de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	56

Tabela 12. Análise do coeficiente de trilha, desdobramento das correlações genotípicas em componentes de efeitos diretos e indiretos entre os caracteres: DAP, Altura, Forma e Volume, estudados na Situação E, em progênies de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	57
Tabela 13. Estimativas de medidas de dissimilaridade (Mahalanobis - $D^2$ ) entre pares de progênies, para os caracteres estudados na Situação A, em progênies de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS...	60
Tabela 14. Contribuição relativa dos caracteres para a divergência – Singh (1981), para os caracteres DAP, altura, forma e volume, estudados na Situação A, em progênies de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	61
Tabela 15. Formação de grupos com base no método de aglomeração: Otimização de Tocher, entre os caracteres DAP, altura, forma e volume, estudados na Situação A, em progênies de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	62
Tabela 16. Estimativas de medidas de dissimilaridade (Mahalanobis - $D^2$ ) entre pares de progênies, para os caracteres estudados na Situação B, em progênies de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS....	63
Tabela 17. Contribuição relativa dos caracteres para a divergência – Singh (1981), para os caracteres DAP, altura, forma, volume, DBM-1 e DBM-2, estudados na Situação B, em progênies de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	64
Tabela 18. Formação de grupos com base no método de aglomeração: Otimização de Tocher, entre os caracteres DAP, altura, forma, volume, DBM-1 e DBM-2, estudados na Situação B, em progênies de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	65
Tabela 19. Estimativas de medidas de dissimilaridade (Mahalanobis - $D^2$ ) entre pares de progênies, para os caracteres estudados na Situação C, em progênies de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	66
Tabela 20. Contribuição relativa dos caracteres para a divergência – Singh (1981), para os caracteres DAP, altura, forma e volume, estudados na Situação C, em progênies de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	67
Tabela 21. Formação de grupos com base no método de aglomeração: Otimização de Tocher, entre os caracteres DAP, altura, forma e volume, estudados na Situação C, em progênies de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	68
Tabela 22. Estimativas de medidas de dissimilaridade (Mahalanobis - $D^2$ ) entre pares de progênies, para os caracteres estudados na Situação D, em progênies de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS....	69
Tabela 23. Contribuição relativa dos caracteres para a divergência – Singh (1981), para os caracteres DAP, altura e volume, estudados na Situação D, em progênies de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	70
Tabela 24. Formação de grupos com base no método de aglomeração: Otimização de Tocher, entre os caracteres DAP, altura e volume, estudados na Situação D, em progênies de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	71
Tabela 25. Estimativas de medidas de dissimilaridade (Mahalanobis - $D^2$ ) entre pares de progênies, para os caracteres estudados na Situação E, em progênies de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS....	72

Tabela 26. Contribuição relativa dos caracteres para a divergência – Singh (1981), para os caracteres DAP, altura e volume, estudados na Situação E, em progênes de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS....	73
Tabela 27. Formação de grupos com base no método de aglomeração: Otimização de Tocher, entre os caracteres DAP, altura e volume, estudados na Situação E, em progênes de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	74
Tabela 28. Estimativas da de ganhos na seleção entre ( $GS_E$ e $GS_E\%$ ), dentro de progênes ( $GS_D$ e $GS_D\%$ ) e total ( $GS$ e $GS\%$ ), envolvendo os caracteres DAP (D), altura (A) e volume (V), na Situação E, em progênes de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	76
Tabela 29. Estimativas da resposta correlacionada na seleção entre ( $RC_E$ e $RC_E\%$ ), dentro de progênes ( $RC_D$ e $RC_D\%$ ) e total ( $RC$ e $RC\%$ ), envolvendo os caracteres DAP (D), altura (A) e volume (V), na Situação E, em progênes de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	76
Tabela 30. Comparação entre os indivíduos selecionados pelo método de seleção Índice Multi-efeitos, com base no DAP, estudado em progênes de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , aos 16,3 anos (Situação E), em Selvíria-MS.....	79
Tabela 31. Número de locos obtidos com Primers RAPD utilizados na caracterização molecular de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> .....	81
Tabela 32. Frequência alélica de cada loco estudado com marcador RAPD, na população de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> .....	82
Tabela 33. Tamanho da amostra média por loco, % de locos polimórficos e heterozigosidade médias esperada e observada, para seis locos, com marcador RAPD, na população de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> .....	83
Tabela 34. Distâncias genéticas ( $\hat{D}$ ) e identidades genéticas ( $\hat{I}$ ) de Nei (1978) (diagonal superior e inferior, respectivamente) para três sub-populações de indivíduos de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> estimadas por locos RAPD.....	84
Tabela 35. Variabilidade genética entre progênes ( $F_{ST}$ ) para todos os alelos da população de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , estudados pelo marcador RAPD.....	86
Tabela 36. Locos para os quais foram desenhados os primers microssatélite utilizados e temperatura de anelamento, para <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> .....	87
Tabela 37. Locos para os quais foram desenhados os primers microssatélite utilizados, seqüência de cada loco, tamanhos dos locos esperados e obtidos na amplificação e o número de alelos observados, para <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> .....	88
Tabela 38. Frequência alélica de cada loco estudado com marcador SSR, na população e nas subpopulações de indivíduos: superiores, intermediários e inferiores, de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> .....	89
Tabela 39. Tamanho da amostra média por loco, número médio de alelos por loco, % de locos polimórficos e heterozigosidade média esperada e observada, para 6 locos, com marcador SSR, na população de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> .....	90

Tabela 40. Teste qui-quadrado ( $X^2$ ) para o Equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW) dos locos microsatélite estudados, na população de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , e nas subpopulações de indivíduos: superiores, intermediários e inferiores.....	92
Tabela 41. Distâncias genéticas ( $\hat{D}$ ) e identidades genéticas ( $\hat{I}$ ) de Nei (1978) (diagonal superior e inferior, respectivamente) para três sub-populações de indivíduos de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> estimadas por locos SSR.....	92
Tabela 42. Índices de fixação total ( $F_{IT}$ ), entre ( $F_{ST}$ ) e dentro as populações ( $F_{IS}$ ), para todos os alelos da população de <i>P. caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , estudados pelo marcador SSR.....	94

## LISTA DO APÊNDICE

Tabela 1A. Dados utilizados para os resultados das análises de variância para o caráter forma do fuste, onde estes foram transformados em $\sqrt{x}$ .....	107
Tabela 2A. Estimativas do quociente de forma do fuste com casca, para cada parcela das 3 repetições do TP de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , aos 14,3 anos, em Selvíria-MS.....	108
Tabela 3A. Estimativas das variâncias aditiva ( $\hat{\sigma}_a^2$ ), ambiental entre parcelas ( $\hat{\sigma}_c^2$ ), residual dentro de parcelas ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), e fenotípica individual ( $\hat{\sigma}_f^2$ ), para os caracteres estudados em diferentes situações, em progênie de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	109
Tabela 4A. Quadrados médios para os caracteres analisados na Situação A, em progênie de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	110
Tabela 5A. Quadrados médios para os caracteres estudados na Situação B, em progênie de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	110
Tabela 6A. Quadrados médios para os caracteres estudados na Situação C, em progênie de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria, MS.....	110
Tabela 7A. Quadrados médios para os caracteres estudados na Situação D, em progênie de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	111
Tabela 8A. Quadrados médios para os caracteres estudados na Situação E, em progênie de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , Selvíria-MS.....	111
Tabela 9A. Matriz das correlações fenotípicas entre os caracteres avaliados na Situação A, em progênie de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	111
Tabela 10A. Matriz das correlações fenotípicas entre os caracteres avaliados na Situação B, em progênie de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	112
Tabela 11A. Matriz das correlações fenotípicas entre os caracteres avaliados na Situação C, em progênie de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	112
Tabela 12A. Matriz das correlações fenotípicas entre os caracteres avaliados na Situação D, em progênie de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	112
Tabela 13A. Matriz das correlações fenotípicas entre os caracteres avaliados na Situação E, em progênie de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	113
Tabela 14A. Matriz das variâncias e covariâncias residuais entre os caracteres avaliados na Situação A, em progênie de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	113
Tabela 15A. Matriz das variâncias e covariâncias residuais entre os caracteres avaliados na Situação B, em progênie de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	113
Tabela 16A. Matriz das variâncias e covariâncias residuais entre os caracteres avaliados na Situação C, em progênie de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	114
Tabela 17A. Matriz das variâncias e covariâncias residuais entre os caracteres avaliados na Situação D, em progênie de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	114

Tabela 18A. Matriz das variâncias e covariâncias residuais entre os caracteres avaliados na Situação E, em progênies de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	114
Tabela 19A. 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> , em Selvíria-MS, na situação A, envolvendo os caracteres: DAP, altura, forma e volume.....	115
Tabela 20A. Estimativas do Índice Multi-efeitos (IME) em relação ao caráter DAP para indivíduos de um teste de progênies de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , aos 14,3 anos (Situação A), em Selvíria-MS, evidenciando os dez primeiros e os dez últimos indivíduos.....	116
Tabela 21A. Estimativas do Índice Multi-efeitos (IME) em relação ao caráter DAP para os indivíduos de um teste de progênies de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , aos 16 anos (Situação E), em Selvíria-MS, evidenciando os dez primeiros e os dez últimos indivíduos.....	117
Tabela 22A. Estimativas do Índice Multi-efeitos (IME) com base no caráter DAP, para os noventa melhores indivíduos, resultantes das seleção com $k_f$ variável, em um teste de progênies de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , aos 16 anos (Situação E), em Selvíria-MS (2005).....	118
Tabela 23A. Estimativas do Índice Multi-efeitos (IME) com base no caráter DAP, para os noventa melhores indivíduos, resultantes da seleção entre (30%) e dentro (10%) de progênies, para <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , aos 16 anos (Situação E), em Selvíria-MS.....	119
Tabela 24A. Estimativas do Índice Multi-efeitos (IME) com base no caráter DAP, para os noventa melhores indivíduos, considerando no máximo 5 plantas por progênie, em um teste de progênies de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , aos 16 anos (Situação E), em Selvíria-MS.....	120
Tabela 25A. Lista dos indivíduos selecionados para a caracterização molecular de progênies de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , aos 14,3 anos, em Selvíria-MS.....	121
Apêndice 26A. Formato do arquivo de dados com os genótipos observados por locos RAPD em indivíduos de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>Caribaea</i> , aos 14,3 anos, em Selvíria-MS.....	122
Apêndice 27A. Formato do arquivo de dados com os genótipos observados por locos microssatélites (SSR), em indivíduos de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , em Selvíria-MS.....	125
Apêndice 28A. Croqui do teste de progênies de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> , instalado na FEPE da FEIS/UNESP, em Selvíria-MS.....	128
Apêndice 29A. Correspondência entre número de campo e número da progênie no CCGMPT, referente ao teste de progênies de <i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> .....	129



## 1. INTRODUÇÃO

A crescente demanda de madeira e seus produtos, e a tendência mundial à conservação e preservação dos ecossistemas naturais, com restrições impostas ao uso de madeiras provenientes de florestas tropicais nativas, lançam um desafio à ciência florestal, representando o aumento da produção industrial (madeira serrada, chapas e celulose) com mínimo de impacto ambiental.

Esses fatos, associados aos aspectos econômicos, têm sido apontados como um dos principais fatores que levaram à busca de espécies de rápido crescimento e o desenvolvimento de tecnologias apropriadas ao atendimento da demanda das indústrias (Assis, 1999). Esses motivos ocasionaram aumento no cultivo de espécies florestais exóticas no Brasil, proporcionando grandes benefícios ao desenvolvimento socioeconômico de diversas regiões do país, principalmente nas áreas onde as características do solo e clima não são propícias a atividade agrícola.

As espécies do gênero *Pinus* são muito utilizadas nos reflorestamentos homogêneos em diversas partes do globo, devido a grande adaptação às diversidades climáticas e a grande aplicação de seus produtos (madeira, resinas, fibras, chapas, celulose, etc.) (Sebbenn et al., 1994). No Brasil, procedem-se há décadas diversos experimentos com este gênero em programas de melhoramento genético e manejo silvicultural, pelas Instituições de Pesquisa, Universidades e Empresas Florestais (Moura e Vale, 2002; Silva Júnior, 1993).

Os plantios comerciais com espécies do gênero *Pinus* no Brasil ocorreram na década de 1950, e hoje a área brasileira plantada com espécies do gênero, supera 1,8 milhões de hectares. Nos estados do sul do país, o *Pinus taeda* e o *Pinus elliottii* são as espécies mais importantes no contexto florestal; no sudeste, centro e norte, as variedades da espécie *Pinus caribaea* têm destacada importância, nativos de países da América Central e México (Furlan, 2003).

No estado de São Paulo, as plantações comerciais de *Pinus* foram feitas inicialmente pelo Instituto Florestal, conforme citado por Rosa (1981), sendo ampliadas em seguida por empresas particulares, visando principalmente à produção de aglomerados, laminados, madeira para caixotaria, móveis, serraria, e celulose, vindo a seguir a exploração de resina e a produção de sementes melhoradas, tanto para o abastecimento interno como para a exportação.

Planejando diminuir a dependência externa para obtenção de material genético, o Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais (IPEF), juntamente com o Departamento de

Ciências Florestais da ESALQ/USP, estabeleceram em 1977 as bases para a instalação do Centro de Conservação Genética e Melhoramento de Pinheiros Tropicais (CCGMPT), implantado em Aracruz-ES, cujos objetivos principais eram a conservação de material genético e produção de sementes melhoradas de três variedades de *Pinus caribaea* (Pinto Júnior et al., 1979; Martini e Engel, 1985; Santos et al., 1988).

Considerando que as progênies envolvidas no presente trabalho são provenientes do CCGMPT, o presente trabalho teve por objetivos:

- a) Estimar a variabilidade genética para caracteres de crescimento e a densidade básica da madeira em um teste de progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*;
- b) Verificar o efeito de um desbaste no teste de progênies e a sua interferência na estimativa de parâmetros genéticos;
- c) Estimar possíveis ganhos na seleção, utilizando o índice multi-efeitos, visando a transformação do teste de progênies em um Pomar de Sementes por Mudanças e/ou fornecedor de material para a formação de um Pomar de Sementes Clonal;
- d) Estimar o valor genético de árvores superiores procedentes do Centro de Conservação Genética e Melhoramento de Pinheiros Tropicais (CCGMPT);
- e) Caracterizar, por marcadores moleculares, três grupos de indivíduos: superiores, intermediários e inferiores, selecionados pelo índice multi-efeitos;
- f) Fornecer subsídios para a continuidade do programa de melhoramento genético dessa espécie.

## 2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 2.1. Generalidades sobre *Pinus caribaea* Morelet var. *caribaea*

*Pinus caribaea* Morelet é uma conífera tropical importante e amplamente plantada. Por mais de 70 anos tem sido extensivamente usada como uma espécie de plantios industriais em áreas de ocorrência natural e como exótica em áreas tropicais e subtropicais no mundo (Zheng e Ennos, 1999).

O *P. caribaea* var. *caribaea*, conhecido comumente como pinho caribenho, é o único pinheiro tropical que cresce de maneira natural em baixas altitudes. É uma árvore que cresce rapidamente e produz madeira resinosa útil para a produção de madeiramento e papel (Francis, 1992).

#### 2.1.1. Taxonomia e descrição

A espécie do gênero *Pinus* encontrada na América Central foi definitivamente classificada como *Pinus caribaea* por Little e Dorman em 1952. Mais recentemente Barret e Golfari classificaram a espécie em três variedades: *P. caribaea* Morelet var. *caribaea*, *P. caribaea* Morelet var. *bahamensis* Barrett et. Golfari, e o *P. caribaea* Morelet var. *hondurensis* Barrett et. Golf. (Zheng e Ennos, 1999).

Segundo o sistema proposto por Cronquist et al. (1966), o *P. caribaea* var. *caribaea* pode ser enquadrado taxonomicamente como:

Divisão:	Pinophyta
Sub-Divisão:	Pinophytina
Classe:	Pinopsida
Sub-Classe:	Pinidae
Ordem:	Pinales
Família:	Pinaceae
Gênero:	<i>Pinus</i>
Espécie:	<i>Pinus caribaea</i> (Morelet)
Variedade:	<i>caribaea</i>

As populações naturais de *P. caribaea* Morelet var. *caribaea* são de distribuição restrita ao oeste de Cuba e Isla de Pinos, em altitudes variando de 0 a 280 m em

Cuba. O *P. caribaea* se distribui desde latitudes de 12°13' N (Nicarágua) a 27°25' N (Ilhas Bahamas) e longitude de 71°40'W a 89°25'W (Figura 1). Nestas áreas encontram-se sob condições edafo-climáticas amplas, indo desde 750 a 1300 mm de precipitação anual, com período de seis meses de inverno seco e clima tropical com temperatura média de 25° C. Toleram solos pouco férteis, moderadamente alcalinos (pH 7,5 a 8,5), e topografia moderada (Francis, 1992; Wang et al., 1999; Zheng e Ennos, 1999).



Figura 1. Área de distribuição natural de populações de *Pinus caribaea*, na América Central (Francis, 1992).

No que se diz respeito à topografia e drenagem do solo, a variedade *P. caribaea* var. *caribaea*, prefere solos altos e secos, e não se adequa, em absoluto, a solos de baixadas, mal drenados. Com respeito ao balanço hídrico, apresenta melhor adaptação do que as demais às regiões com déficit hídrico. Geralmente, solos úmidos determinam mais o desenvolvimento do que a disponibilidade de nutrientes (Nieto e Rodrigues, 2003).

### 2.1.2. Áreas de expansão

As espécies de *Pinus* foram introduzidas no Brasil por volta de 1936, trazidas por imigrantes europeus com finalidade ornamental e produção de madeira. No entanto, não houve sucesso por má adaptação ao nosso clima. Desde então, houve prosseguimento à

introdução de um grande número de espécies, provenientes dos Estados Unidos, México, América Central, Ilhas Caribenhas e Ásia.

A espécies de *Pinus* mais importantes para o Brasil são provenientes principalmente da América do Norte e América Central (Fier e Kikuti, 1993). Visando diminuir a dependência externa para obtenção de material genético, o Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais (IPEF), juntamente com o Departamento de Ciências Florestais da ESALQ/USP, estabeleceram em 1977 as bases para a instalação do Centro de Conservação Genética e Melhoramento de Pinheiros Tropicais (CCGMPT), implantado em Aracruz-ES, cujo objetivo principal era a conservação de material genético e produção de sementes melhoradas de três variedades de *P. caribaea* (Pinto Júnior et al., 1979; Martini e Engel, 1985; Santos et al., 1988).

Vários trabalhos de pesquisa com *P. caribaea* são realizados com progênes provenientes do CCGMPT, a exemplo do presente trabalho: Moraes (2001) e Missio (2004), que trabalharam, respectivamente, com progênes de *P. caribaea* var. *hondurensis* e *P. caribaea* var. *bahamensis*, em Selvíria-MS; Furlan (2003) que trabalhou com população base e pomares de sementes clonais de *P. caribaea* var. *hondurensis*, na região de Prata-MG; Gurgel Garrido et al. (1996) que trabalharam com progênes de *P. caribaea* var. *bahamensis* na região de Assis-SP. Todos os trabalhos têm o objetivo comum de avaliar a variabilidade genética das variedades de *P. caribaea*.

No estado de São Paulo existe uma área de aproximadamente 202.010 ha plantados com o gênero *Pinus* (Caron Neto, 2000). Nas regiões Norte e Centro do estado de São Paulo, onde se situam os cerrados, caracterizados por inverno e primavera secos e solos pobres, as espécies que melhor se adaptaram foram as de origem tropical (*P. caribaea* var. *hondurensis*, *P. caribaea* var. *caribaea*, *P. caribaea* var. *bahamensis*, *Pinus oocarpa* e *Pinus kesiya*).

Segundo Brodie (1994), citado por Zheng e Ennos (1999), algumas populações naturais de *P. caribaea* var. *caribaea* foram administradas para produção *in situ*. Genótipos de *P. caribaea* var. *caribaea* foram selecionados para estabelecer pomares de sementes dentro da área onde é nativo (Cuba), a fim de fornecer sementes para plantações comerciais. Além disso, essas sementes selecionadas foram usadas para serem introduzidas em localizações exóticas (*ex situ*), para estabelecer plantações, notavelmente a Austrália e China. Segundo Zheng et al. (1997), na China pelo menos, a base genética da variedade *caribaea* é estreita.

As características morfológicas e silviculturais da madeira de *Pinus*, assim como a introdução de espécies tropicais de *P. caribaea*, têm promovido expansão da

distribuição geográfica das florestas plantadas com este gênero no Brasil. As áreas de plantio, antes restritas à região Sul, têm-se ampliado, atingindo as regiões Sudeste e Centro-Oeste e algumas áreas das regiões Norte e Nordeste (Silva Júnior, 1992).

### 2.1.3. Ciclo vital

*P. caribaea* var. *caribaea* possui folhas aciculadas, em forma de agulhas (acículas) agrupadas em 3, raramente 4. A espécie é alógama, monóica (com flores femininas e masculinas na mesma árvore), e polinização anemófila (pelo vento) (Conabio, 2004). Segundo Francis (1992), esta espécie e todas as demais do gênero *Pinus* possuem  $2N=24$  cromossomos.

Os estróbilos masculinos são produzidos a partir do terceiro ou quarto ano de idade. São de coloração roxa-parda, estreitos e cilíndricos, medindo de 2,5 a 4,5 cm de comprimento, ocorrendo em ramos laterais da parte inferior das árvores, e caem pouco depois da liberação do pólen.

Os estróbilos femininos (cones) são produzidos a partir dos quatro anos de idade. Contêm de 30 a 60 sementes, ocorrem em grupos de cerca de um a cinco nos ramos da parte superior da copa. Suas dimensões são menores que 1,3 cm de comprimento, quando polinizados, 1,9 cm no fim do segundo ano e de 5 a 12 cm quando maduros. O período entre a polinização e a maturação dos cones é de 18 a 21 meses, sendo que a maturação ocorre ao mesmo tempo em uma dada localização, independente do tempo decorrido da polinização. O período máximo de maturação, na área de origem, é em maio ou junho na Nicarágua, julho em Belize e Honduras, junho e julho em Cuba, agosto nas Bahamas e setembro em Porto Rico (Little et al., 1974 e Plumtre 1984, citados por Francis, 1992).

As sementes são ovóides, medem de 5 a 6 cm de comprimento, apresentam cor cinzenta escura e às vezes manchas marrom clara. Muitas delas possuem uma asa de 20 mm, mas a maioria as perde (Nieto e Rodrigues, 2003). Segundo Lantz (1983), o peso das sementes varia de acordo com a variedade e a origem, sendo que 1kg de semente tem de 52.000 a 81.000 sementes. A produção de sementes viáveis é relacionada com a altitude e aos períodos secos, pois favorecem a boa dispersão do pólen, e segundo Nieto e Rodrigues (2003), possuem alto valor comercial.

A liberação natural de sementes pelos cones começa de duas a três semanas após estes se tornarem de cor marrom. A coleta artificial de cones deve ser feita quando eles

têm coloração de verde a marrom. Como ainda estão verdes, recomenda-se a secagem artificial com temperaturas entre 30° a 60°C para extrair as sementes, mas também podem ser secos naturalmente ao sol. A viabilidade das sementes obtidas pelo método de secagem artificial é a mesma que aquelas obtidas pelo método de secagem ao sol, entretanto observa-se um aumento na germinação quando os cones verdes (sementes maduras fisiologicamente) são armazenados a 5°C durante 13 dias antes de secar (Francis, 1992; Peters, 1977).

O Diário Oficial da União de 27 de janeiro de 1984 publicou a Portaria número 18, de 25 de Janeiro de 1984 para os padrões mínimos de qualidade de sementes florestais (*Pinus*, *Eucalyptus*, *Acacia*, *Mimosa* e *Araucaria*), obrigatoriamente estabelecidos em todo o território nacional. Para *P. caribaea* var. *caribaea* são estabelecidos: 90% de pureza, 70% de germinação, 70% de umidade (máxima) (Stábile, 2004).

#### **2.1.4. Propriedades e utilização de *Pinus caribaea* var. *caribaea***

As espécies de *P. caribaea* Morelet confirmam excelentes qualidades a serem exploradas, seja para produção de papel, madeira, resinas, etc. Em países como a China, onde a espécie foi introduzida em 1961, o objetivo principal das plantações é a produção de madeira, polpa e chapas, assim como estudos da variabilidade da espécie sob condição de exótica (Wang et al., 1999).

Segundo o Forest Products Laboratory (*USDA Forest Service*) a densidade básica da madeira de *P. caribaea* Morelet pode variar consideravelmente de 0,34 g/cm<sup>3</sup> (madeira leve) até 0,68 g/cm<sup>3</sup> (madeira muito pesada), conforme a classificação da madeira quanto à densidade (Quadro 1). A madeira verde suporta peso de 980 libras (444,53 kg) e peso de 1240 libras (562,46 kg) a 12% de umidade, com dureza média para material verde e seco de 251 libras (113,85 kg) (Chudnoff, 1984).

As propriedades físicas e a estrutura da madeira de *P. caribaea* var. *caribaea* foram intensivamente estudadas pela South China Agriculture College e Zanjian Forestry Institute de 1974 a 1979, utilizando amostras proveniente de árvores com idades de 10 e 15 anos. Estas investigações mostraram que *P. caribaea* var. *caribaea* teve madeira com 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. A densidade básica da madeira seca foi de 0,47 g/cm<sup>3</sup> aos 10 anos, e 0,58 g/cm<sup>3</sup> (aos 15 anos). A madeira é apropriada para pasta sulfúrica na fabricação de papéis reforçados (Wang et al.,

1999). Considerando a classificação da madeira quanto à densidade adotada pelo Forest Products Laboratory, a madeira de *P. caribaea* var. *caribaea* pode então ser considerada de moderadamente pesada a pesada.

Quadro 1. Classificação da madeira quanto à densidade adotada pelo Forest Products Laboratory (1973) (citado por Barrichelo, 1980).

INTERVALO DA DENSIDADE (g/cm <sup>3</sup> )	DESCRIÇÃO DA MADEIRA
< 0,20	Extremamente leve
0,20 – 0,25	Excessivamente leve
0,25 – 0,30	Muito leve
0,30 – 0,36	Leve
0,36 – 0,42	Moderadamente leve
0,42 – 0,50	Moderadamente pesada
0,50 – 0,60	Pesada
0,60 – 0,72	Muito pesada
0,72 – 0,86	Excessivamente pesada
> 0,86	Extremamente pesada

A madeira de *P. caribaea* var. *caribaea* é fácil de ser trabalhada manualmente ou com ferramentas elétricas, mas conteúdos de resina geram necessidade de manutenção dos maquinários por engomarem cortadores e mesas de máquinas. A durabilidade e a resistência da madeira ao ataque de insetos varia de acordo com o conteúdo de resina, sendo o cerne moderadamente durável e resistente (Chudnoff, 1984).

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, etc (Chudnoff, 1984).

A resina tem propriedades medicinais em enfermidades respiratórias, e muitas indústrias a utilizam na produção de sabões, desinfetantes, vernizes, fármacos, borrachas e pinturas (Chudnoff, 1984; Conabio, 2004).

Apesar dos problemas nos portos do Brasil e das barreiras não tarifárias impostas por alguns países, as exportações de madeira e produtos de madeira de janeiro a março de 2004 (US\$ 770 milhões) superaram às do mesmo período do ano passado em 36,7% (US\$ 563 milhões – janeiro a março 2003). O compensado brasileiro continua sendo exportado para a União Européia, no qual países como Reino Unido, Alemanha e Bélgica ficam com mais de 47% das exportações de compensado de *Pinus* brasileiros. Em 2003, o



setor de madeira sólida exportou mais de US\$ 2,6 bilhões contra US\$ 2,2 bilhões em 2002 (Sociedade Brasileira de Silvicultura, 2004).

## 2.2. Melhoramento genético de *Pinus*

O melhoramento genético de espécies florestais tem como principais objetivos o aumento da produtividade, obtenção de matéria-prima de maior qualidade, a melhoria das condições adaptativas das espécies, a tolerância a pragas e doenças e ainda a manutenção da variabilidade genética, requisito fundamental para a obtenção de ganhos genéticos a longo prazo (Mori, 1993).

O melhoramento de espécies florestais é uma ciência relativamente nova, onde a partir de 1950 foram desenvolvidos os maiores experimentos com as espécies florestais. As espécies de *Pinus* foram umas das primeiras a serem melhoradas em larga escala, nos Estados Unidos (Resende, 1999a).

No Brasil, as primeiras pesquisas na área de silvicultura iniciaram no princípio do século XX, onde o principal objetivo foi a produção de madeira para atender o consumo existente, devido ao grande processo de devastação das florestas naturais e a impossibilidade de reposição com espécies nativas (Ferreira e Santos, 1997). Assis (1999) explica que as restrições impostas ao uso de madeiras provenientes de florestas tropicais nativas, aliadas à necessidade imperiosa de suprir o mercado interno, são apontadas como um dos principais fatores que levaram à busca de espécies de rápido crescimento (*Eucalyptus* e *Pinus*) e o desenvolvimento de tecnologias apropriadas ao atendimento da demanda das indústrias.

Para a manutenção e incremento de plantios de *Pinus* é preciso ter disponibilidade de sementes melhoradas. Quando o *Pinus* foi introduzido no Brasil, isso só era possível com a importação de sementes de populações naturais, mas hoje é grande o número de plantações no Brasil, com várias espécies do gênero *Pinus*, graças às pesquisas sobre capacidade adaptativa e melhoramento da espécie.

Resende (1999a) relata algumas estratégias de melhoramento empregadas para *Pinus* (Quadro 2), assim como as principais espécies empregadas no melhoramento e seus respectivos usos e aptidões (Quadro 3). Há plantado no Brasil mais de 1,9 milhão de hectares com *Pinus*, sendo mais de um milhão de hectares com as espécies *Pinus elliottii* e *Pinus taeda*. Também o melhoramento genético do *Pinus* é realizado por empresas privadas com o apoio de instituições públicas de ensino.

Os trabalhos relacionados com melhoramento de *Pinus* abordam predominantemente a densidade básica da madeira. Quando se trata de densidade de madeira de *Pinus*, vários parâmetros e enfoques a ela se associam, sendo que o grau de importância de cada aspecto está intimamente relacionado ao uso da matéria-prima (energia, celulose, serraria, laminação, lápis, aglomerado etc). Para melhoramento genético, o conhecimento desses fatores é fonte de várias pesquisas (Santos et al., 1994).

O fato do produto florestal e economicamente mais importante ser a madeira, tem estimulado muitos estudos a cerca de suas propriedades, especialmente a densidade básica. A densidade é altamente correlacionada com as principais propriedades de resistência da madeira, produção de celulose e propriedades do papel.

Zobel e Talbert (1984, citado por Santos et al., 1994) comentam que a densidade básica é uma característica ideal para ser manipulada geneticamente por apresentar grande variação entre árvores, alta herdabilidade, baixa interação genótipo x ambiente e pelos significativos efeitos sobre a produção e qualidade da madeira. Segundo Santos et al. (1994), existe uma expressiva variação para as características densidade básica da madeira e dimensões de fibras das espécies, procedências e indivíduos em *Pinus*, e a alta herdabilidade facilita os trabalhos de seleção.

Para o melhoramento genético com base na produção de resina, Fonseca e Kageyama (1978) enumeram os componentes mais importantes na variação deste caráter. As pesquisas têm sido desenvolvidas e resultados amplamente satisfatórios vêm sendo obtidos em função da melhoria das técnicas de extração, da escolha do tipo de árvore e da determinação do melhor período de amostragem. Por outro lado, poucos trabalhos vêm sendo conduzidos visando aproveitar o potencial genético das espécies produtoras face à produção de resina (Fonseca e Kageyama 1978; Shimizu e Spir, 1999).

Quadro 2. Estratégias de melhoramento genético empregadas em diferentes países para *Pinus* (Resende (1999a)).

<b>Estratégia</b>	<b>Autores</b>
Populações múltiplas com progênies de polinização aberta e cruzamento e produção de sementes em pomares de sementes por mudas	Barnes et al., 1984; Barnes e Mulliri, 1989, Barnes et al., 1995
Populações múltiplas associadas a sublinhas e núcleos de cruzamentos complementares empregando dialélico parcial	Burdon et al., 1977; Shelbourne et al., 1986
Sublinhas associadas a progênies de polinização aberta e de policruzamentos e seleção combinada	Cotterill, 1984, 1986
Sublinhas associadas ao delineamento de cruzamento dialélico parcial desconexo	Lowe e Van Buijtenen, 1986
Sublinhas associadas a delineamentos complementares de cruzamento (policruzamento e pares simples) e uso de progênies de autofecundação	Mckeand e Bridgwater, 1992
Núcleos de cruzamento e população principal dividida em sublinhas, associadas a delineamentos complementares de cruzamento (policruzamento e pares simples)	White et al., 1993
Populações múltiplas associadas a núcleos de cruzamento e propagação vegetativa em massa a partir de policruzamentos e seleção entre e dentro de progênies	Danell, 1991; Danell et al., 1993

Quadro 3. Principais espécies do gênero *Pinus* utilizadas no melhoramento genético no Brasil, respectivos usos e aptidões (Resende, 1999a).

<b>Espécies</b>	<b>Usos e Aptidões</b>
<i>Pinus elliottii</i> , <i>Pinus taeda</i>	Papel e celulose de fibra longa, climas subtropicais
<i>Pinus caribaea</i> , <i>Pinus oocarpa</i> , <i>Pinus tecunumanii</i> , <i>Pinus patula</i>	Papel e celulose de fibra longa e madeira serrada (climas tropicais)
<i>Pinus maximinoi</i>	Papel e celulose de fibra longa e madeira serrada (regiões não muito quentes e de elevada altitude)
<i>Pinus elliottii</i> , <i>Pinus taeda</i>	Produção de resina – sul do Brasil
<i>Pinus caribaea</i> , <i>Pinus oocarpa</i>	Produção de resina – regiões de clima mais quentes do Brasil

### 2.3. Teste de progênies

Os testes de progênies são utilizados em programas de melhoramento, com o objetivo de conservação genética de populações; determinação da estrutura genética de populações; produção de sementes melhoradas; determinação do valor genético de matrizes

selecionadas; determinação de parâmetros genéticos, e gerar indivíduos para seleção recorrente (Shimizu et al., 1982; Kageyama e Dias, 1982; Kageyama et al., 1977a).

Os testes de progênies representam, basicamente, um dos métodos de conservação *ex situ*. Ou seja, segundo Lleras (1992), a manutenção de amostras representativas de populações que, depois de caracterizadas geneticamente, estejam disponíveis para melhoramento genético ou pesquisas correlatas. Grande parte dos recursos genéticos florestais se enquadra neste caso, pois a variabilidade genética adequada de muitas espécies somente poderá ser garantida desta forma.

O teste de progênie de polinização livre é o mais utilizado em espécies florestais, devido à facilidade de produzir progênie em relação aos testes de progênies que exigem polinização controlada, pois também permite obter estimativas, tanto da capacidade geral de combinação como de parâmetros genéticos. A validade deste método deve estar fundamentada na pressuposição de que todas as árvores selecionadas contribuem equitativamente com seu pólen e que elas estejam igualmente receptivas à fecundação no mesmo período (Shimizu et al., 1982).

A coleta de dados, nos testes de progênies, normalmente é feita em todas as árvores de cada parcela, sendo que isto não apresenta muitos problemas quando se trabalha com caracteres do tipo altura, diâmetro e volume. Porém, o alto custo e também por ser complicado a mensuração de todas as árvores da parcela, quando se trabalha com caracteres do tipo comprimento de acículas, densidade básica da madeira e composição da madeira, sendo recomendado apenas a mensuração da árvore mais desenvolvida (Kung, 1977).

Quanto ao número de plantas por parcela, os experimentos florestais costumam usar um número reduzido de árvores por parcela (Leonardecz-Neto, 1998; Resende, 1995). Um argumento comum para utilização de parcelas com pequeno número de árvores, é o aumento da eficiência estatística do delineamento, isto é, o número de árvores está associado ao tamanho da parcela e conseqüentemente do bloco; assim, diminuindo a unidade experimental, diminui-se também a variância dentro do bloco (Lamberth e Gladstone, 1983). Quando se considera também a acurácia, percebe-se que, com simulações de experimentos com tamanho fixo, é melhor aumentar o número de repetições em detrimento do tamanho da parcela (Resende, 1995; Resende et al., 1995), o que contribui para a diminuição da parcela e o aumento do número de repetições.

## 2.4. Estimativas de parâmetros genéticos

O delineamento de estratégias eficientes de melhoramento depende, fundamentalmente, do conhecimento do controle genético dos caracteres a serem melhorados (Talbert, 1992; Resende et al., 1995). Entende-se por controle genético de um caráter, todos os fatores genéticos responsáveis pela herança do mesmo, tais como: número de genes que o governam, ações e efeitos alélicos, herdabilidade e associações genéticas com outros caracteres (Van Buijtenen, 1992; Resende et al., 1995). Para estudar tais fatores genéticos realizam-se as estimativas de parâmetros genéticos, pois possibilitam a obtenção de informações sobre a natureza da ação gênica envolvida na herança dos caracteres e fornece base para a avaliação dos planos do melhoramento. Desta forma, a genética quantitativa explica quase a totalidade dos fenômenos genéticos envolvidos nos trabalhos de melhoramento (Vencovsky e Barriga, 1992).

É importante entender que a expressão genética é resultado da soma dos efeitos genéticos aditivos, de dominância e epistáticos, dos quais, segundo Vencovsky (1987), o parâmetro mais importante a analisar é o que corresponde a variância genética aditiva ( $\sigma_A^2$ ), pois ela contribui plenamente para a resposta à seleção. Por sua vez, a manifestação do genótipo de um indivíduo é resultado da contribuição trazida pelos gametas e de um efeito da combinação de dois gametas específicos que o originaram. O genótipo pode ser avaliado a partir de mensurações realizadas nos seus fenótipos, onde o seu desempenho representa o valor genotípico no ambiente que ocupa. Desse modo, o valor de um genótipo pode ser definido como o seu valor fenotípico médio quando os genótipos se desenvolvem em diversos ambientes (Costa, 1999).

Segundo Vencovsky e Barriga (1992), a variância fenotípica pode ser decomposta em três componentes principais, sendo eles a variação produzida pelo ambiente, variação devido às diferenças na hereditariedade e variação devido aos efeitos conjugados do meio e da hereditariedade. Dentre os parâmetros genéticos, a variância genética aditiva é o componente mais importante, pois é a principal causa da semelhança entre parentes, logo, ela é o principal indicador das propriedades genéticas observadas em uma população e sua resposta à seleção. O estudo da variação total e a estimativa dos seus componentes, possibilitam ao melhorista o conhecimento da estrutura genética do material em teste, a contribuição genética total para cada caráter, bem como o progresso potencial quando da seleção por determinado método de melhoramento (Falconer, 1981).

O sucesso de um programa de melhoramento depende, basicamente, da quantidade de variação genética e, sobretudo, do valor relativo desta em relação ao valor fenotípico total. Nos ensaios genéticos, Vencovsky (1987) salienta que podem ser calculados diferentes componentes na variação de um caráter: variação entre plantas dentro de parcelas ( $\sigma_d^2$ ); variação devido às diferenças ambientais entre parcelas ( $\sigma_e^2$ ) e a variação devido às diferenças genéticas entre tratamentos/progênes ( $\sigma_p^2$ ). Dentre estes componentes só  $\sigma_d^2$  e  $\sigma_p^2$  são favoráveis ao melhorista.

As estimativas dos componentes de variância e de parâmetros genéticos são necessárias para a predição de valores genéticos. Segundo Resende (1999b) as estimativas dos componentes de variância podem ser realizadas pelo método de quadrados mínimos, para situações de dados balanceados, ou pelo método da máxima verossimilhança restrita, para a situação de dados desbalanceados, dentre outros. Dentre os parâmetros genéticos quantitativos que mais interessam ao melhorista e que são objetos de estudos em testes de progênes, se destacam as variâncias genéticas, a herdabilidade no sentido amplo e restrito, a repetibilidade, o ganho genético e as associações entre os caracteres estudados das plantas no estágio juvenil e adulto (Costa, 1999).

A definição de herdabilidade corresponde à proporção da variabilidade total que é de natureza genética, indicando o grau de dificuldade de se melhorar determinado caráter através da seleção, definido como quociente entre a variância genética e a variância total (Allard, 1971; Falconer, 1987). A correlação genética entre caracteres denota o grau de associação genética entre eles, indicando o grau de alteração que pode ocorrer em um caráter, através da alteração no outro (Vencovsky, 1987).

A separação da variação genética da não genética (ambiental) é o principal objetivo de estudo da genética quantitativa (Falconer, 1987). Conseqüentemente, é fundamental a minimização ou estratificação da variação ambiental na escolha do delineamento utilizado. A heterogeneidade ambiental em experimentos genéticos florestais é inevitável, pois tais experimentos ocupam grandes áreas, devido à sua própria constituição. Além disso, os testes são conduzidos durante vários anos, até décadas, conforme o sítio de desenvolvimento da espécie estudada (Magnussen e Yeatman, 1987). Muita atenção tem-se prestado para reduzir esta heterogeneidade, buscando-se aumentar a eficiência estatística de experimentos genéticos florestais (Libby e Cockerham, 1980).

Com relação a variância genética aditiva, Resende e Higa (1994a) consideraram que na seleção, entre e dentro de progênes, frações da variação genética aditiva

não são consideradas na seleção, pois são retidas nos efeitos de parcela e de blocos. Desse modo, os autores sugerem que, com a utilização de todos os efeitos do modelo, é possível conseguir a maximização na precisão da seleção, embora, em muitos casos, as inclusões dos efeitos de parcela e blocos podem pouco alterar a seleção. Assim, por considerar todos estes efeitos, os autores propõem a utilização do Índice Multi-efeito (IME).

A seleção Índice Multi-efeito (IME) baseia-se na multiplicação dos valores fenotípicos referentes a indivíduo, média de parcela, média de família, média de bloco e média geral do experimento pelos coeficientes de ponderação dos índices – herdabilidades (Sampaio et al., 2000a; Resende e Higa, 1994b).

## **2.5. Marcadores moleculares – ferramenta para o melhoramento de *Pinus***

As diferenças entre os indivíduos podem ser caracterizadas através de marcadores genéticos, ou seja, através de características morfológicas, de processos bioquímicos e metabólicos, e também através de fragmentos de DNA. Os marcadores genéticos mais utilizados em plantas são os morfológicos, citológicos, bioquímicos e moleculares (Borém, 1997).

Dentre os marcadores moleculares, os mais utilizados são as isoenzimas, RFLPs (polimorfismo de comprimento de fragmentos de restrição), RAPDs (fragmentos de polimórficos de DNA amplificados randomicamente), microsátélites (SSR) e AFLPs (fragmentos amplificados de comprimento polimórfico) (Strauss e Namkoong, 1992; Ferreira e Grattapaglia, 1996).

Segundo Paris (2000), os marcadores moleculares podem ser usados em diferentes estudos genéticos. A utilização desses marcadores moleculares em espécies florestais é cada vez mais freqüente, visto que essa tecnologia traz um grande número de informações em um tempo reduzido, tornando mais eficiente a seleção precoce. Diante dessa perspectiva, muitos trabalhos têm sido desenvolvidos com os subsídios dessas técnicas moleculares.

Características fenotípicas de importância econômica como, por exemplo, a produção de volume de madeira, são controladas por um grande número de genes e muito influenciadas pelo ambiente, no entanto, marcadores morfológicos deste tipo foram durante muito tempo utilizados para o desenvolvimento teórico da análise de ligação gênica e para a construção das primeiras versões de mapas genéticos (Ferreira e Grattapaglia, 1996).

A técnica RAPD se distingue da PCR por utilizar um único primer com seqüência arbitrária de nucleotídeos para a amplificação do DNA genômico. O polimorfismo ("poly"= muitos, "morphic"= formas) é gerado pela ausência de seqüências específicas de nucleotídeos e podem ser visualizados diretamente em géis de eletroforese através de corantes específicos para DNA. Desde sua descrição, o uso de marcadores RAPD na análise genética e no melhoramento de plantas tem tido uma difusão extremamente rápida. As aplicações incluem: (i) a obtenção de "fingerprints" genômicos de indivíduos, variedades e populações; (ii) análise de estrutura e diversidade genética em populações de melhoramento e bancos de germoplasma; (iii) o estabelecimento de relacionamentos filogenéticos entre diferentes espécies; (iv) construção de mapas genéticos de alta cobertura genômica e a localização de genes de interesse econômico (Ferreira e Grattapaglia, 1996).

Marcadores isoenzimáticos foram empregados em *Pinus* para a avaliação de polimorfismo entre amostras de diferentes procedências para o estudo de híbridos (Felkenhagen, 1985). Observa-se também grande polimorfismo genético e diferentes distribuições das freqüências alélicas, confirmando a existência de grande variação genética (Siedlewska e Prus-Glowacki, 1994).

Segundo Oliveira (1997.), diversos trabalhos vêm sendo conduzidos objetivando a identificação de marcadores RAPD associados com caracteres de importância agrônoma, em diversas culturas, podendo-se citar: o uso de marcadores moleculares tipo RAPD em espécies de *Pinus nigra*, *pallasiana* e *Pinus brutia* para verificar a existência de polimorfismo genético (Kaya e Neale, 1993).

Dentre os marcadores, os baseados na amplificação de microssatélites constituem hoje a classe de marcadores mais polimórfica disponível (Echt et al., 1996). Os primeiros microssatélites desenvolvidos para espécies florestais foram para *Pinus radiata* (Smith e Devey, 1994). Foram desenvolvidos a partir do genoma nuclear de uma série de árvores de floresta de clima temperado e tropical (Camargo, 2001).

Os microssatélites, também denominados de seqüências simples repetidas ou SSR (*Simple Sequence Repeats*), consistem de pequenas seqüências repetidas em tandem. Estas SSR em genomas de eucariotos são bastante freqüentes e distribuídas ao acaso. Em plantas, os sítios SSR ocorrem com uma freqüência de um a cada 50 mil pares de base, sendo o elemento repetido mais comum o dinucleotídeo AT (Ferreira e Grattapaglia, 1996)

A quantidade de AG e de AC em plantas varia de espécie para espécie; em *Pinus*, por exemplo, a quantidade de AC é duas vezes mais que de AG. Microssatélites de dinucleotídeos são mais abundantes que tri e tetranucleotídeos, daí o motivo de uma maior



quantidade de trabalhos apresentando “primers” que amplificam estas regiões (Gaiotto, 2001). O primeiro trabalho publicado em que estas seqüências repetidas foram denominadas microssatélites, foram estudados em seres humanos por Litt e Luty (1989).

Segundo Jones et al. (2002), os microssatélites são uma classe de marcadores moleculares que aparentemente não apresentam nenhuma função real no genoma nuclear, e, portanto, são neutros no que diz respeito à seleção, ao contrário dos marcadores morfológicos.

Na literatura, vários trabalhos são citados para a identificação de locos SSR e desenho de primers específicos para a amplificação destes locos, em várias espécies de *Pinus*. Segundo Elsik e Williams (2001), aproximadamente 86% do genoma das espécies do gênero *Pinus* é formado por elementos repetitivos de DNA.

Os marcadores moleculares cpSSRs e AFLP foram utilizados por Ribeiro et al. (2002), para comparar a diversidade genética entre e dentro de populações de *Pinus pinaster*. Utilizando esta mesma espécie porém comparando AFLP e microssatélite, Mariette et al. (2001), verificaram a diversidade genética entre e dentro de populações; Ribeiro et al. (2002) avaliaram a diversidade genética e o processo de colonização da espécie com o auxílio da técnica de microssatélites.

Como forma de verificar a diversidade genética entre e dentro de populações, Al-Rabab e Williams (2002), utilizaram marcadores SSR para comparar duas populações de *Pinus taeda*, nos Estados Unidos. Foi possível estimar que ocorreu fluxo gênico nestas populações, sendo que houveram de dois a seis migrantes por geração por população, e a população do leste tem maior quantidade de alelos/loco do que a população do sul. Concluíram, assim, que o fluxo gênico foi favorecido pela direção do vento, pois facilitou a dispersão do pólen do oeste para o leste.

### 3. MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1. Material

As sementes das 99 progênies de polinização livre que constituem o experimento são provenientes de um pomar de sementes clonal do Centro de Conservação Genética e Melhoramento de Pinheiros Tropicais - CCGMPT, localizado em Aracruz-ES, a coordenadas 19° 49' S e 40° 16' O, com altitude de 50 metros. Esse material genético foi cedido pelo Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais (IPEF-ESALQ/USP), Piracicaba-SP. Além das progênies, foi incluída no ensaio uma testemunha comercial proveniente de árvore matriz da Duratex S.A., em Agudos-SP, coordenadas 22° 22' S e 48° 52' O, com altitude de 550 metros.

#### 3.2. Métodos

##### 3.2.1. Instalação do ensaio

Um teste de progênies de polinização livre de *Pinus caribaea* var. *caribaea* foi instalado no período de 20 a 22/02/1989, na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira - UNESP, localizada no município de Selvíria-MS.

A localização geográfica aproximada da área do experimento está na latitude de 20°20' S, longitude de 51°23' O e altitude de 370 metros. O relevo é caracterizado por ser moderadamente plano e ondulado. O clima do local é do tipo Aw, pela classificação de Köppen, com temperatura média anual de 24,5° C, precipitação média anual de 1232,2 mm, umidade média anual de 64,8 % e insolação média de 7,3 horas/dia (Hernandez et al., 1995). O solo local foi classificado por Demattê (1980), e reclassificado segundo o Sistema Brasileiro de Classificação de Solos (EMBRAPA, 1999), como LATOSSOLO VERMELHO Distrófico típico argiloso, A moderado, hipidistrófico, álico, caulínítico, férrico, compactado, muito profundo, moderadamente ácido (LVd).

O delineamento experimental utilizado foi o látice 10 x 10, triplo, contendo uma testemunha comercial e 99 progênies de polinização livre provenientes do CCGMPT. As parcelas foram lineares com dez plantas, no espaçamento de 3 x 3 m, e três repetições. As mudas das progênies foram produzidas na Companhia Agro-florestal “Monte Alegre” –

CAFMA, atual Duratex S.A., em Agudos-SP. Aos 14,3 anos após o plantio foi realizado um desbaste de 50% de intensidade, em todo o experimento, tendo por base a aplicação do índice multi-efeitos (Resende e Higa, 1994a), deixando-se cinco plantas por parcela. O croqui do ensaio está no Apêndice 28A e 29A, assim como a correspondência entre as progênies e o número de identificação no campo.

### **3.2.2. Coleta de dados**

A coleta de dados foi realizada medindo-se todas as árvores das parcelas, em cinco situações: A: antes do desbaste, aos 14,3 anos após o plantio; B: árvores desbastadas, aos 14,3 anos; C: árvores remanescentes ao desbaste, 14,3 anos; D: um ano após o desbaste, aos 15,3 anos, e E: dois anos após o desbaste, aos 16,3 anos. Os caracteres analisados em cada uma das situações são descritos em seguida:

#### **Situação A (antes do desbaste, aos 14,3 anos):**

Foram avaliadas todas as árvores de cada parcela antes de efetuar o desbaste (n= 10 plantas/parcela), com relação aos seguintes caracteres: altura total de plantas (m); diâmetro à altura do peito - DAP (cm); forma do fuste das árvores, sendo esta obtida com base em uma escala de notas – Kageyama (1977a) (Tabela 1A, no Apêndice); volume (m<sup>3</sup>/árvore); sobrevivência das progênies (%).

#### **Situação B (árvores desbastadas, 14,3 anos):**

Após a realização da situação A, foi feito um desbaste com 50% de intensidade em todo o experimento, tendo por base o caráter DAP, e seleção dos indivíduos baseada no índice multi-efeitos, deixando-se 5 plantas por parcela (n= 5plantas/parcela). Foram retirados dois discos por árvore desbastada para determinação da densidade básica da madeira, sendo um na altura do DAP (DBM-1) e outro na metade da altura total da árvore (DBM-2). Cada disco foi devidamente identificado (exemplo: progênie 53, repetição 1, planta 3). Nas árvores desbastadas foram mensurados os seguintes caracteres: altura total de plantas (m), volume (m<sup>3</sup>/árvore), e DBM-1 e DBM-2 (g/cm<sup>3</sup>). Também foram incluídos os caracteres forma do fuste e DAP (cm).

**Situação C (árvores remanescentes ao desbaste, 14,3 anos):**

Nesta situação foram avaliadas árvores remanescentes ao desbaste, quanto aos seguintes caracteres: altura total de plantas (m); DAP (cm); forma do fuste das árvores; volume (m<sup>3</sup>/árvore).

Para determinação do volume foi utilizada a seguinte expressão:

$$V = \frac{\pi}{4} (DAP)^2 ALT\bar{q}, \text{ em que: } \bar{q} = \frac{D1/2H_{cc}}{DAP_{cc}}$$

$\bar{q}$  = quociente de forma, obtido para cada uma das parcelas, com base nas árvores desbastadas (Tabela 2A);

$D1/2H_{cc}$  = medida feita no disco obtido no diâmetro na metade da altura total da árvore, com casca.

$DAP_{cc}$  = medida feita no disco obtido na altura do DAP, com casca.

**Situação D (um ano após o desbaste: 15,3 anos):**

Esta situação refere-se a avaliações realizadas nas árvores remanescentes, um ano após o desbaste, na idade de 15,3 anos. Os caracteres avaliados nesta situação foram: altura total de plantas (m); DAP (cm); volume (m<sup>3</sup>/árvore), e sobrevivência das progênies (%).

**Situação E (dois anos após o desbaste: 16,3 anos):**

Esta situação foi analisada dois anos após o desbaste, na idade de 16,3 anos. Foram avaliados os caracteres: altura total de plantas (m); DAP (cm); volume (m<sup>3</sup>/árvore), e sobrevivência das progênies (%).

**3.2.3. Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos**

O delineamento experimental do teste de progênies de *P. caribaea* var. *caribaea* é o látice 10x10 triplo, com 99 progênies e uma testemunha comercial. As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram realizadas adotando-se o delineamento experimental em blocos ao acaso, pois a eficiência do látice foi de baixa magnitude, de acordo com os valores obtidos de coeficiente de determinação dos efeitos de blocos ( $C_b^2$ ), que foram próximos de zero, para todos os caracteres avaliados.

As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pelo método REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita / melhor predição linear não viciada), a partir de dados desbalanceados, empregando-se o software genético-estatístico SELEGEN-REML/BLUP, desenvolvido por Resende (2002b). Para utilizar os modelos propostos pelo programa, foi preciso assumir que as progênes de polinização livre de *P. caribaea* var. *caribaea* são de meios-irmãos. Para a avaliação individual foram utilizados os modelos estatísticos 1, 93, 102 e 105 deste programa, descrito a seguir.

**Modelo estatístico 1: blocos ao acaso, progênes de meios irmãos, várias plantas por parcela.**

O modelo 1 aplica-se aos testes de progênes de meios-irmãos, com delineamento de blocos ao acaso, várias plantas por parcela, um só local e uma única população. Este modelo faz a análise de variância e genética, além de classificar os indivíduos pelos seus respectivos valores genéticos preditos. As variáveis foram analisadas pela metodologia do modelo linear misto (aditivo univariado)-REML/BLUP, seguindo o procedimento proposto por Resende (2002a):

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

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 b, a e c, respectivamente.

As distribuições e estruturas da média e variâncias são:

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

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

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

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

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

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

$$G = A \sigma_a^2$$

$$R = I \sigma_c^2$$

$$C = I \sigma_e^2$$

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

As equações de modelo misto são:

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

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

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

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

$\sigma_a^2$ : variância genética aditiva.

$\sigma_c^2$ : variância entre parcelas;

$\sigma_e^2$ : variância residual (ambiental dentro de parcelas + não aditiva).

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

Os estimadores iterativos dos componentes de variância por REML, via algoritmo EM (Expectation-Maximization), são:

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

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

$\hat{\sigma}_c^2 = [\hat{c}'c + \hat{\sigma}_c^2 \text{tr } C^{33}] / s$ , em que:

$C^{22}$  e  $C^{33}$  advêm de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} \end{bmatrix}$$

$C$  = matriz dos coeficientes das equações de modelo misto.

$\text{tr}$  = operador traço matricial.

$r(x)$  = posto da matriz  $X$ .

$n$  = número total de dados;

$q$  = número de indivíduos;

$s$  = número de parcelas.

Demais estimativas de variâncias e parâmetros genéticos processados pelo programa:

$$r_{\hat{a}\hat{a}} = \left[ \frac{n}{n + \left( \frac{4 - h_a^2}{h_a^2} \right)} \right]^{1/2} : \text{acurácia de seleção de progênies};$$

$\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_d^2 + \hat{\sigma}_e^2$  : variância fenotípica individual;

$\hat{h}_{mp}^2 = \frac{[1 + (n-1)\rho_a]h^2}{1 + (n-1)(\rho_a h^2)}$  : herdabilidade da média de progênies, em que:

$\rho_a$  = correlação genética entre os indivíduos do tipo de progênie considerada ( $\rho_a = 1/4$  para meios-irmãos);

$n$  = número total de indivíduos por progênie.

$\hat{h}_{ad}^2 = \frac{[(3 + n.b)/(4.n.b)]\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_p^2 + \frac{\hat{\sigma}_c^2}{b} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{n.b}}$  : herdabilidade aditiva dentro de parcelas, em que:

$n$  = número de plantas/parcela

$b$  = número de blocos

$CV_{gi} = \frac{100 \cdot \sqrt{\hat{\sigma}_a^2}}{\hat{m}}$  : coeficiente de variação genético entre indivíduos;

$$CV_{gp} = \frac{100 \cdot \sqrt{1/4 \hat{\sigma}_a^2}}{\hat{m}} : \text{coeficiente de variação genético entre progênies};$$

$$CV_e = \frac{100 \cdot \sqrt{QM_{res}}}{\hat{m}} : \text{coeficiente de variação experimental};$$

$$\hat{C}_p^2 = \frac{\hat{\sigma}_c^2}{\hat{\sigma}_f^2} : \text{coeficiente de determinação dos efeitos de parcela.}$$

A seqüência de dados para a análise empregando o modelo 1, no programa computacional SELEGEN-REML/BLUP (Resende, 2002b) é a seguinte:

Indivíduo, Progênie, Repetiçã, Parcela, Árvore, Variáveis

### **Modelo estatístico 93 – análise de variância (ANOVA)**

Este modelo é aplicado para realização da análise de variância (ANOVA) aos testes de progênies de meios-irmãos, com delineamento de blocos ao acaso, várias plantas por parcela, um só local e uma única população.

A seqüência de dados para a análise empregando o modelo 93, no programa computacional SELEGEN-REML/BLUP (Resende, 2002b) é a seguinte:

Indivíduo, Progênie, Repetiçã, Parcela, Árvore, Variáveis

### **Modelo estatístico 102 – correlações fenotípicas**

Este modelo é aplicado para obtenção das estimativas de correlações genéticas, e utiliza resultados intermediários já processados pelas análises individuais pelos modelos 1 ou 93, desde que estes já tenham sido obtidos.

### **Modelo estatístico 105 – correlações genéticas**

Este modelo é aplicado para obtenção das estimativas de correlações fenotípicas, e utiliza resultados intermediários já processados pelas análises individuais pelos modelos 1 ou 93, desde que estes já tenham sido obtidos.



### 3.2.4. Ganho na seleção pelo método do índice multi-efeitos

A seleção entre e dentro de progênes que foi realizada objetivando seleção de indivíduos para o desbaste, com base no DAP e foi baseada no Índice Multi-efeitos, segundo metodologia proposta por Resende e Higa (1994a). Uma das vantagens da seleção pelo método multi-efeito é a redução do peso dado à média geral das progênes, permitindo assim uma melhor distribuição dos indivíduos selecionados nas várias progênes. O Índice Multi-efeitos (IME) possui a expressão:

$$\hat{I} = \hat{b}_1(Y_{ijk}) + (\hat{b}_3 - \hat{b}_1)\bar{Y}_{ij.} + (\hat{b}_4 - \hat{b}_3)\bar{Y}_{.j.} + (\hat{b}_2 - \hat{b}_3)\bar{Y}_{i..} + (\hat{b}_3 - \hat{b}_4 - \hat{b}_2)\bar{Y}_{...}$$

em que:

$Y_{ijk}$ : valor individual;

$\bar{Y}_{...}$ : média geral do ensaio;

$\bar{Y}_{i..}$ : média da progênie no ensaio;

$\bar{Y}_{ij.}$ : média da progênie em determinado bloco (média da parcela);

$\bar{Y}_{.j.}$ : média do bloco;

$\hat{b}_1 = \hat{h}_d^2$ : herdabilidade, no sentido restrito, dentro de parcelas:  $\hat{h}_d^2 = \frac{(3/4)\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_d^2}$ ;

$\hat{b}_2 = \hat{h}_m^2$ : herdabilidade, no sentido restrito, de progênes:  $\hat{h}_m^2 = \frac{[(3 + n.b)/(4.n.b)]\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_p^2 + \frac{\hat{\sigma}_c^2}{b} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{n.b}}$ ;

$\hat{b}_3 = \hat{h}_p^2$ : herdabilidade, no sentido restrito, de parcelas:  $\hat{h}_p^2 = \frac{[3/(4.n)]\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_c^2 + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{n}}$ ;

$\hat{b}_4 = \hat{h}_b^2$ : herdabilidade, no sentido restrito, de blocos:  $\hat{h}_b^2 = \frac{[3/(4.n.p)]\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_b^2 + \frac{\hat{\sigma}_c^2}{p} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{n.p}}$ .

Posteriormente, Resende (2002a) verificou que o coeficiente  $\hat{b}_4$  pode ser ignorado, pois sua estimativa está sempre próxima de zero. Portanto o IME passa a ter a expressão:

$$\hat{I} = \hat{b}_1 Y_{ijk} + (\hat{b}_2 - \hat{b}_3)\bar{Y}_{i..} + (\hat{b}_3 - \hat{b}_1)\bar{Y}_{ij.} - \hat{b}_3\bar{Y}_{.j.} + (\hat{b}_3 - \hat{b}_2)\bar{Y}_{...}$$

A estimativa do IME na situação E (dois anos após o desbaste) foi realizada com base em Resende (2002a).

O tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) foi obtido com base em Resende (2002a):

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

em que:

$\bar{k}_f$  = número médio de indivíduos selecionados por progênies;

$\sigma_{kf}^2$  = variância do número de indivíduos selecionados por progênies;

$N_f$  = nº de progênies selecionadas.

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

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

em que:

$0 < D \leq 1$ ;

$N_{fo}$  = número original de progênies, que no presente trabalho corresponde a 99 progênies;

$N_{ef}$  = número efetivo de progênies selecionadas, sendo dado por:

$$N_{ef} = \left( \sum k_f \right)^2 / \sum k_f^2$$

A seleção de indivíduos foi realizada pelo método BLUP individual, usando o programa SELEGEN (Resende, 2002b), definiu as seguintes quantidades:

Ordem Bloco Família Árvore f a u+a Ganho Nova média  $N_e$  d g

em que:

f = valor fenotípico individual ou medição de campo;

a = efeito genético aditivo predito;

u+a = valor genético aditivo predito;

$N_e$  = tamanho efetivo populacional;

d = efeito genético de dominância predito (supondo determinado grau médio de dominância

(gmd) no caso de progênies de meios-irmãos), dado por:  $gmd = \sqrt{\frac{2\sigma_d^2}{\sigma_A^2}}$ , segundo Vencovsky

(1969);

g = a+d = efeito genotípico predito.

A estimativa de ganhos para o caráter  $x$  ( $GS_x$ ), na seleção entre (30%, com  $k_1 = 1,16$ ) e dentro de progênies (10%, com  $k_2 = 0,70$ ), utilizado na situação E:

$$GS_x = \frac{k_1 \cdot \left(\frac{1}{4}\right) \hat{\sigma}_A^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_F^2}} + \frac{k_2 \cdot \left(\frac{3}{4}\right) \hat{\sigma}_A^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_d^2}}$$

Estimativa da resposta correlacionada para o caráter  $x$ , quando a seleção é realizada no caráter  $y$ , com seleção entre (30 %, com  $k_1 = 1,16$ ) e dentro de progênies (10 %, com  $k_2 = 0,70$ ), utilizado na situação E:

$$RC_{x,y} = \frac{k_1 \cdot \left(\frac{1}{4}\right) \text{CÔV}_{A(x,y)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{F_y}^2}} + \frac{k_2 \cdot \left(\frac{3}{4}\right) \text{CÔV}_{A(x,y)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{d_y}^2}}$$

### 3.2.5. Análise do coeficiente de trilha e da diversidade genética

A partir das correlações genéticas entre os caracteres estudados, foi possível conhecer os efeitos diretos e indiretos, envolvendo os caracteres de crescimento e a densidade básica da madeira, através de estimativas do coeficiente de trilha (*path analysis*), conforme metodologia proposta por Vencovsky e BARRIGA (1992) e Cruz e Regazzi (2001).

As análises de trilha foram realizadas nas situações A (envolvendo os caracteres altura, DAP, forma e volume), B (envolvendo os caracteres altura, DAP, forma, volume, DBM-1 e DBM-2), C (envolvendo os caracteres altura, DAP, forma e volume), D e E (ambas situações envolvendo os caracteres altura, DAP e volume). O mesmo procedimento foi adotado nas estimativas da distância genética de Mahalanobis. As análises foram realizadas com o uso do programa computacional GENES, conforme Cruz (2001).

Para realizar as estimativas do coeficiente de trilha, foi necessário realizar as estimativas dos componentes de variância de acordo com os modelos aleatórios apresentados por Cruz e Regazzi (2001) e Cruz e Carneiro (2003), a fim de obter as estimativas das correlações à nível fenotípico, que são requisitadas pelo programa GENES. As análises dos componentes de variância e parâmetros genéticos realizadas pelo modelo REML/BLUP, proposto por Resende (2002a), consideram que as covariâncias entre  $x$  e  $y$  são nulas, e as predições são realizadas à nível genético, e não fenotípico.

A diversidade genética entre as progênes de *P. caribaea* var. *caribaea* foi estimada 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  $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$ ;

$\Psi$  = matriz de variâncias e covariâncias residuais;

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

A partir das matrizes de dissimilaridades, obtidas na distância de Mahalanobis ( $D^2$ ), foi aplicado um método de agrupamento como objetivo de reconhecer grupos de progênes homogêneas. Para tanto, foi utilizado o Método de Otimização de Tocher, cuja metodologia é descrita 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). Assim, para a aplicação do método parte-se da matriz de dissimilaridade, sendo identificado na mesma o par de progênes mais similar. Estas progênes formarão o grupo inicial. Uma vez 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 verificar 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:

$$\text{Se } (D^2_{(\text{Grupo})i} / \eta) \leq \alpha, \text{ inclui-se a progênie no grupo.}$$

$$\text{Se } (D^2_{(\text{Grupo})i} / \eta) > \alpha, \text{ a progênie "i" não deve ser incluída no grupo.}$$

em que:

$\eta$  = número de progênes que constitui o grupo original;

$\alpha$  = limite de acréscimo, na média da distância intragruppo, para formação ou inclusão de um novo elemento no grupo.

### 3.2.6. Marcadores moleculares

#### A) Indivíduos Selecionados

Para o estudo de caracterização molecular com marcadores RAPD e SSR, foram selecionados 96 indivíduos do teste de progênies de *P. caribaea* var. *caribaea*. A seleção foi realizada a partir do índice multi-efeitos (IME), estimado com base no caráter DAP medido na situação A (antes do desbaste). Os indivíduos foram classificados em três grupos, conforme o valor do IME: superiores, inferiores e intermediários.

#### B) Coleta de acículas

As acículas foram coletadas em estado jovem, diretamente em cada um dos 96 indivíduos selecionados e devidamente identificados. A coleta foi realizada em agosto de 2003. O material coletado foi armazenado a  $-20^{\circ}\text{C}$  até o momento da extração do DNA.

#### C) Extração de DNA

O DNA foi extraído das acículas seguindo o protocolo proposto por Doyle e Doyle (1987), e modificado por Grattapaglia e Sederoff (1994), ao qual foram aplicadas algumas alterações por Furlan (2003).

Este protocolo comumente chamado de CTAB por empregar o detergente cationic hexadecyl trimetyl ammonium bromide, utiliza 2-mercaptoetanol no tampão de extração; no entanto, por se tratar de um produto altamente tóxico, foi necessário alterar a forma de adição e quantidade utilizada, a fim de minimizar a exposição dos usuários do laboratório aos efeitos tóxicos do produto. O protocolo CTAB modificado é descrito a seguir. As soluções utilizadas para extração e quantificação de DNA estão listadas no Quadro 4.

Foram trituradas 200 mg de acículas em moinho elétrico, adicionando até 1200 $\mu\text{l}$  de 2X CTAB e o macerado foi recolhido em tubo Eppendorf de capacidade dois ml.

A cada tubo foi adicionado dois  $\mu\text{l}$  de 2-mercaptoetanol (em capela), e após agitação no vórtex por dois minutos, os tubos foram colocados em banho-maria a temperatura de  $65^{\circ}\text{C}$ , por 60 minutos, e agitados a cada 15 minutos.

Depois de resfriados à temperatura ambiente, em cada tubo foi adicionado (em capela) 600  $\mu\text{l}$  de CIA (clorofórmio-álcool isoamílico 24:1), em seguida agitou-se os tubos invertendo-os por no mínimo 20 vezes. Então, os tubos foram centrifugados durante cinco

minutos a 15000 rpm e o sobrenadante foi transferido (~600 µl) para um novo tubo Eppendorf de capacidade 1,5 ml.

Foi adicionado 400 µl de isopropanol frio (- 16°C) e agitou-se os tubos invertendo-os, em seguida colocados no freezer, por 30 minutos. Depois foram centrifugados a 6000 rpm, por 5 minutos.

O sobrenadante foi eliminado e o pellet foi lavado com etanol 70 % agitando no vórtex. Depois, os tubos foram centrifugados a 15.000 rpm, por um minuto, descartou-se o álcool, e a lavagem foi repetida.

O pellet foi novamente lavado com etanol 95%, seguindo o processo anterior (agitando no vórtex, centrifugar por um minuto e descartar o álcool), então os pellets foram secos, mantendo-se os tubos invertidos sobre papel toalha.

Depois de secos, os pellets foram ressuspensos no vórtex com 25 µl de tampão 0,1X TE, com RNase A até 100 µg/ml (10 µl de solução 10 mg/ml de RNase A) e os tubos foram colocados em banho-maria a 37° C, por 60 minutos.

Depois de resfriados em temperatura ambiente, os tubos contendo as amostras de DNA extraídas foram guardados no freezer a - 20°C.

Quadro 4. Soluções utilizadas para extração e quantificação de DNA.

Soluções	Reagentes
0,1X TE (1000ml)	200 µl de EDTA 0,5M (8,405 g/50 ml) (pH corrigido com soda saturada) 1000 µl Tris 1M (6,055 g/50 ml) (pH 8,0 corrigido com HCl 1:1) Completar até 1 litro com água destilada
Tampão 2X CTAB (1,4M NaCl) (100ml)	10 ml de Tris 1M, pH 7,5, (11,767 g/70 ml) 4 ml EDTA 0,5M, pH 8,0 8,12 g NaCl (aquecer para dissolver) 1 g de polyvinylpyrrolidone Completar até 100 ml com água destilada
NaCl 5M	29,22 g NaCl Completar até 100 ml com água destilada
TAE 50X	242 g de Trizma base 57,1 mg ácido acético glacial (54,2 µl) 100 ml 0,5M EDTA pH 8,0 Completar até 1 litro com água destilada
TAE 1X	40 ml de TAE 50X em 1960 ml de água destilada

#### **D) Quantificação**

Todas as amostras de DNA extraídas foram quantificadas em minigel de agarose a 0,8% (1,6 g de agarose em 200 ml de tampão TAE 1X), este tipo de quantificação foi realizada através da comparação das amostras extraídas com DNA de concentração conhecida. Normalmente utiliza-se como padrão o DNA do fago lambda em diferentes concentrações. Nas quantificações realizadas, as amostras de interesse foram comparadas visualmente às de concentração 20 e 200 ng/μl (protocolo descrito a seguir).

Após a quantificação, foram determinadas as amostras cuja quantidade de DNA extraído não era suficiente para amplificação e novamente realizado o processo, cerca de 10% das amostras precisaram ser refeitas.

Após a quantificação, foi realizada a diluição das amostras para realização das reações de PCR. No entanto, várias concentrações diferentes são citadas na literatura (de 4 a 25ng/μl). Assim, após vários testes, padronizaram-se as concentrações do DNA genômico em 5ng/μl, para trabalhar tanto com marcadores RAPD, quanto marcadores SSR. A diluição foi realizada com tampão 0,1X TE e tartrazina, até a concentração 5 ng/μl. A aferição das concentrações das amostras diluídas também foram realizadas através da comparação em minigel de agarose.

#### **E) Amplificação**

Foram realizados vários testes de primers de marcadores RAPD e microssatélites (SSR). Como não havia um protocolo da técnica definido para *P. caribaea* var. *caribaea*, a caracterização molecular dependeu fundamentalmente da transferência de sítios microssatélites para a espécie em estudo, e de testes com primers RAPD utilizados em outras espécies florestais. As informações de transferência de sítios microssatélites, para a seleção dos primers SSR, foi tomado como base os testes realizados por Furlan (2003), para *P. caribaea* var. *hondurensis*, em análises realizadas no Laboratório de Melhoramento Vegetal (Departamento de Produção Vegetal da Faculdade de Ciências Agrônomicas – UNESP/Botucatu).

#### **RAPD**

Foram testados 48 primers RAPD (sintetizados pela Operon Technologies), desenvolvidos para outras espécies florestais. O Quadro 5 apresenta os primers RAPD selecionados para os testes.

Os primers RAPD foram testados em reação com volume final de 23  $\mu$ l, contendo 2  $\mu$ l de DNA (5  $\eta$ g/ $\mu$ l), 1  $\mu$ l de cada primer (10  $\mu$ M), 5,7  $\mu$ l de solução de dNTP (0,5mM), 0,18  $\mu$ l (1U) de Taq DNA Polimerase (Invitrogen Life Technologies), 2,5  $\mu$ l de tampão (PCR buffer 10X), e 2,3  $\mu$ l de cloreto de magnésio ( $MgCl_2$ ).

As reações de PCR foram realizadas em termociclador Programmable Thermal Controller – 100 (ML Research Inc.) com a utilização do seguinte programa:

- a) 2 minutos de desnaturação inicial a 94°C;
- b) 1 minuto de desnaturação a 94°C;
- c) 1 minuto de anelamento a 35°C;
- d) 1,5 minutos de extensão a 72°C, sendo b, c e d repetidos em 35 ciclos;
- e) 6 minutos de extensão final a 72°C.

## **SSR**

Foram testados 20 primers SSR (sintetizados pela Invitrogen Life Technologies) sintetizados para outras espécies de *Pinus*. O Quadro 6 apresenta a lista dos locos microssatélites (SSR) isolados, espécie para a qual foram desenhados, seqüência de nucleotídeos dos primers *forward* e *reverse*, e autores dos respectivos trabalhos em que foram publicados.



Quadro 5. Lista dos primers RAPD testados em *Pinus caribaea* var. *caribaea*, da marca (OPERON) Operon Technologies, Inc.

<b>Ordem</b>	<b>Primer</b>	<b>Seqüência</b>	<b>Ordem</b>	<b>Primer</b>	<b>Seqüência</b>
1	AD01	CAAAGGGGGG	25	AE05	CCTGTCAGTG
2	AD02	CTGAACCGCT	26	AE06	GGGAAGACA
3	AD03	TCTCGCCTAC	27	AE07	GTGTCAGTGG
4	AD04	GTAGGCCTCA	28	AE08	CTGGCTCAGA
5	AD05	ACCGCATGGG	29	AE09	TGCCACGAGG
6	AD06	AAGTGCACGG	30	AE10	CTGAAGCGCA
7	AD07	CCCTACTGGT	31	AE11	AAGACCGGGA
8	AD08	GGCAGGCAAG	32	AE12	CCGAGCAATC
9	AD09	TCGCTTCTCC	33	AE13	TGTGGACTGG
10	AD10	AAGAGGCCAG	34	AE14	GAGAGGCTCC
11	AD11	CAATCGGGTC	35	AE15	TGCCTGGACC
12	AD12	AAGAGGGCGT	36	AE16	TCCGTGCTGA
13	AD13	GGTTCCTCTG	37	AE17	GGCAGGTTCA
14	AD14	GAACGAGGGT	38	AE18	CTGGTGCTGA
15	AD15	TTTGCCCCGT	39	AE19	GACAGTCCCT
16	AD16	AACGGGCGTC	40	AE20	TTGACCCAG
17	AD17	GGCAAACCCT	41	AJ01	ACGGGTCAGA
18	AD18	ACGAGAGGCA	42	AJ02	TCGCACAGTC
19	AD19	CTTGGCACGA	43	AJ03	AGCACCTCGT
20	AD20	TCTTCGGAGG	44	AJ04	GAATGCGACC
21	AE01	TGAGGGCCGT	45	AJ05	CAGCGTTGCC
22	AE02	TCGTTCACCC	46	AJ06	GTCGGAGTGG
23	AE03	CATAGAGCGG	47	AJ07	CCCTCCCTAA
24	AE04	CCAGCACTTC	48	AJ08	GTGCTCCCTC

Quadro 6. Lista dos locos microssatélites (SSR) isolados, espécie para a qual foram desenhados, seqüência de nucleotídeos dos primers *forward* (F) e *reverse* (R), e autores dos respectivos trabalhos em que foram publicados.

Ordem	Locos	Espécie	Seqüência	Autores
1	RPS 12	<i>P. strobus</i>	F: TCA ATG TGG AGA TGG TGA TT R: ACT TCT GAC CTA ACC AGA AAC C	Echt et al. 1996
2	RPS 20	<i>P. strobus</i>	F: ACT TCC CCA CAG GTT AAC ACA R: AAC AAG ATA GGC GGG ATT CA	Echt et al. 1996
3	RPS 25b	<i>P. strobus</i>	F: CAC ATA TGG CAG AAC ACA CA R: GAT CGT CGC ACT GAA C	Echt et al. 1996
4	RPS 84	<i>P. strobus</i>	F: CCT TTG GTC ATT GTA TTT TTG GAC R: CTT CCT TTT CCT TCT TGC TCC AC	Echt et al. 1996
5	PSM 2	<i>P. sylvestris</i>	F: GGG TGA ATG GCC CAA TAG TA R: GTA GTG TCC CCT CAC ATG CA	Kostia et al. 1995
6	PSM 34	<i>P. sylvestris</i>	F: TTC ACT AGG CCA AAT GCA CT R: TGC CTA TGC AAA GAG ACT CA	Kostia et al. 1995
7	PR 4.6	<i>P. radiata</i>	F: GAA AAA AAG GCA AAA AAA AGG AG R: ACC CAA GGC TAC ATA ACT CG	Smith & Devey 1994
8	PR 9.3	<i>P. radiata</i>	F: GAA ATT TAA CAC CAC ACC GTT G R: TGG GGC TTA AAG TGA AAT GG	Smith & Devey 1994
9	APC 3	<i>P. contorta</i> var. <i>latifolia</i>	F: AGT GCT TCA AGA AAA TCT AAG T R: TTG TAA CCT TTT ATG AGT TCA G	Hicks et al. 1998
10	APC 9	<i>P. contorta</i> var. <i>latifolia</i>	F: TGA ATG AGA AGT CGT GTA AG R: GGA ATA AGA CAG GTT CAG AT	Hicks et al. 1998
11	APC 11	<i>P. contorta</i> var. <i>latifolia</i>	F: TCC CTT TAG ATA GTT CAT GG R: GAT ATT GTC TTC GCT GAT AG	Hicks et al. 1998
12	APC 13	<i>P. contorta</i> var. <i>latifolia</i>	F: TCA AGC CTA GTC AGT GTT AAG R: CCA AGA AAA CTC TAA GTG AGC	Hicks et al. 1998
13	RPS 150	<i>P. strobus</i>	F: TCC ATC AGT GAG CAG TGG R: CAC TTG GGC TTC CTC TTC	Echt et al. 1996
14	RPS 160	<i>P. strobus</i>	F: ACT AAG AAC TCT CCC TCT CAC C R: TCA TTG TTC CCC AAA TCA T	Echt et al. 1996
15	PtTX 2037	<i>P. taeda</i>	F: GCC TTT AGA TGA ATG AAC CAA R: TAA GCG GGA TAT TAT AGA GTT T	Elsik et al. 2000
16	PtTX 2034	<i>P. taeda</i>	F: TCT GAG GAG GAA CAT GTC ATT TAC T R: GCA TGT CTG AAT TAT TGT GTT CTA T	Elsik et al. 2000
17	PtTX 3011	<i>P. taeda</i>	F: AAT TTG GGT GTA TTT TTC TTA GA R: AAA AGT TGA AGG AGT TGG TGA TC	Elsik et al. 2000
18	PtTX 3029	<i>P. taeda</i>	F: CTT GTT GCT GCT TCT GC R: AAC AAA ATA ATA TAA ATG CTC TGC	Elsik et al. 2000
19	RPTest 01	<i>P. taeda</i>	F: GAT CGT TAT TCC TCC TGC CA R: TTC GAT ATC CTC CCT GCT TG	Echt & Burns 1999
20	RPTest 09	<i>P. taeda</i>	F: CCA GAC AAC CCA AAT GAA GG R: GCC TGC TAT CGA ATC CAG AA	Echt & Burns 1999

Os testes de marcadores SSR foram realizados em função da especificidade dos marcadores e fatores envolvidos na amplificação de fragmentos via PCR, como: as concentrações dos componentes da reação de amplificação; as temperaturas de desnaturação da dupla fita de DNA, anelamento dos primers e extensão da cadeia de DNA; o tempo de duração de cada uma destas etapas (desnaturação, anelamento e extensão); número de ciclos dessas etapas.

Os primers SSR foram testados em reação com volume final de 17  $\mu$ l, contendo 3 $\mu$ l de DNA (5  $\eta$ g/ $\mu$ l), 0,3  $\mu$ l de cada primer (10  $\mu$ M), 1,5  $\mu$ l de solução de dNTP (0,5mM), 0,1  $\mu$ l (1U) de Taq DNA Polimerase (Invitrogen Life Technologies), 1,7  $\mu$ l de tampão (PCR buffer 10X) e 0,85  $\mu$ l cloreto de magnésio MgCl<sub>2</sub> (que corresponde a 4mM do reagente a 50mM).

As reações de PCR foram realizadas em termociclador Programmable Thermal Controller – 100 (ML Research Inc.) com a utilização do seguinte programa:

- a) 5 minutos de desnaturação inicial a 94°C;
- b) 30 segundos de desnaturação a 94°C;
- c) 45 segundos de anelamento a 35°C, 48°C, 50°C, 51°C, 51,5°C e 52°C (temperaturas para testes);
- d) 60 segundos de extensão a 72°C, sendo b, c e d repetidos em 32 ciclos;
- e) 10 minutos de extensão final a 72°C.

#### **F) Eletroforese**

**RAPD:** para separação de produtos da amplificação, via PCR, foram utilizados géis de agarose na concentração 1,5% (3 g de agarose em 200 ml de TAE 1X), considerando fragmentos entre 200 a 1400 pares de bases. As corridas eletroforéticas foram realizadas a temperatura ambiente, a voltagem constante de 80V, por duas horas e 30 minutos.

**SSR:** para separação de produtos da amplificação, via PCR, foram utilizados géis de agarose na concentração 3% (6 g de agarose em 200 ml de TAE 1X), considerando fragmentos entre 200 a 1400 pares de bases. As corridas eletroforéticas foram realizadas à temperatura de 4° C (em geladeira), à voltagem constante de 80 V por cinco horas.

A coloração dos géis RAPD e SSR foi feita por imersão por uma hora em solução de brometo de etídio (75 g/ml). Depois foram fotografados em sistema de foto documentação Biodoc-it (UVP), sobre luz ultravioleta.

#### **G) Análise de dados**

Os marcadores de RAPD foram transformados em números binários, sendo que valor zero (0) representa dado perdido, 1 representa ausência de banda e 2 representa presença de bandas.

Nos marcadores SSR, a interpretação das bandas nos géis foi feita visualmente, a partir do padrão o ladder com até 1000 pares de base. Foram atribuídos aos alelos números

relativos a sua frequência, o alelo mais freqüente de cada loco foi denominado de alelo 1, o segundo mais freqüente foi chamado de alelo 2, e assim sucessivamente, sendo os dados perdidos representados por valor zero (0).

Tanto para marcador RAPD quanto SSR os dados foram transferidos para planilhas do programa Excel, a fim de obter os arquivos de dados em formato \*.txt para processamento das análises genéticas.

Os parâmetros genéticos foram calculados pelo programa computacional Tool for Population Genetic Analyses (TFPGA versão 1.3), para os dados RAPD e SSR. As metodologias dos parâmetros genéticos estimados são listadas a seguir:

### **FREQÜÊNCIAS GÊNICAS**

As freqüências alélicas foram obtidas pela divisão do número de alelos por loco pelo número total de alelos no loco. As freqüências alélicas esperadas foram calculadas a partir das freqüências observadas, considerando o modelo de equilíbrio de Hardy-Weinberg.

### **HEREROZIGOSIDADE**

A heterozigose observada ( $H_o$ ) foi calculada segundo Brown e Weir (1983):

$$H_o = 1 - \sum p_{ii}$$

em que  $p_{ii}$  é a freqüência observada de genótipos homozigotos no alelo  $i$ .

A heterozigose média observada foi obtida pela soma dos valores de cada loco, dividindo-se pelo número total de locos estudados.

A heterozigose esperada em equilíbrio de Hardy-Weinberg ( $H_e$ ) foi calculada segundo Nei (1978):

$$\hat{H}_e = 1 - \sum p_i^2$$

em que  $p_i$  é a freqüência estimada no  $i$ ésimo alelo.

A heterozigose média esperada foi obtida pela média aritmética de todos os locos estudados.

Para estimar a porcentagem de locos polimórficos ( $\hat{P}$ ), considerou-se que a frequência do alelo mais comum não ultrapassasse a 0,95.

O índice de fixação (F) de Wright (1965) ou o coeficiente de endogamia foi estimado com base na heterozigosidade observada ( $H_o$ ) e esperada ( $H_e$ ). A fórmula utilizada foi:

$$\hat{F}_{IS} = 1 - \frac{H_o}{\hat{H}_e}$$

### **DISTÂNCIA E IDENTIDADE GENÉTICA**

A distância genética entre os grupos de indivíduos foi estimada segundo Nei (1978):

$$\hat{D} = \ln \hat{I}$$

em que I é o índice de identidade genética.

O índice de identidade genética (I), segundo Nei (1978), baseia-se em frequências alélicas de locos homólogos nas diferentes populações, e utilizou a seguinte expressão:

$$\hat{I} = \frac{J_{xy}}{\sqrt{J_x - J_y}}$$

em que:

$J_{xy}$ ,  $J_x$  e  $J_y$ : são, respectivamente, as médias aritméticas de  $j_{xy}$ ,  $j_x$  e  $j_y$ , sobre todos os locos polimórficos e monomórficos.

$j_{xy} = \sum x_i^2$ : é a probabilidade de dois genes escolhidos ao acaso na população x serem idênticos;

$j_x = \sum y_i^2$ : é a probabilidade de dois genes escolhidos ao acaso na população y serem idênticos;

$j_y = \sum x_i y_i$ : é a probabilidade de identidade de um gene da população x e um gene da população y serem idênticos;

## ESTATÍSTICAS F

Segundo Wright (1965), as estatísticas F são definidas da seguinte forma:

$\hat{F}_{IT}$  : é o índice de fixação para o conjunto das subpopulações, ou seja, é a probabilidade total de identidade num determinado indivíduo I;

$\hat{F}_{IS}$  : é o índice de fixação médio dentro das subpopulações, ou seja, é a probabilidade de que dois genes homólogos no indivíduo I são derivados do mesmo gene de um ancestral comum dentro da população;

$\hat{F}_{ST}$  : é a divergência genética entre populações e mede a probabilidade de amostrar dois alelos em dois indivíduos aleatórios dentro das subpopulações sejam idênticos por descendência.

Assim, a expressão de Wright (1965) para medir a divergência genética entre subpopulações é a seguinte:

$$(1 - \hat{F}_{IT}) = (1 - \hat{F}_{IS})(1 - \hat{F}_{ST})$$

ou

$$\hat{F}_{IT} = \hat{F}_{ST} + (1 - \hat{F}_{ST})\hat{F}_{IS}$$

## 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1. Avaliações nas Situações A, B, C, D e E.

#### 4.1.1. Resultados das análises de variância individuais para os caracteres de crescimento e densidade básica da madeira.

Os resultados da análise de variância para os caracteres de crescimento e densidade básica da madeira, para as cinco situações estudadas (A, B, C, D e E) estão na Tabela 1.

Não foram encontradas diferenças significativas entre as progênies, (teste F a 5% de probabilidade), para todos os caracteres estudados nas cinco situações.

As progênies tiveram sobrevivência média de 70,40% antes do desbaste (situação A), com aumento de 50% após o primeiro e segundo ano ao desbaste (situação D e E, respectivamente) por uniformização das parcelas experimentais. A ocorrência de mortes foi de forma aleatória. Nas avaliações de campo foi observada a morte de árvores por causas naturais, como raios ou ventos, levando à quebra de ponteiros e galhos e conseqüentemente a morte das mesmas. A sobrevivência das progênies de *P. caribaea* var. *caribaea*, nas situações após o desbaste, tem valores próximos àqueles encontrados para diferentes procedências de *P. caribaea* var. *hondurensis*, aos 12 anos, em Planaltina: 94%, não havendo diferenças significativas entre as procedências (Moura e Dvorak, 2001).

O crescimento médio anual das progênies foi bom, com Incremento Médio Anual (IMA) de 1,34 cm para DAP e 0,80 m para altura total de plantas, um ano após o desbaste, aos 15,3 anos (situação D), e menores aos dois anos após o desbaste, sendo 1,02 cm de DAP e 0,50 m de altura. Considera-se que o desbaste teve efeito maior no crescimento das progênies após um ano, com tendência a estabilidade no crescimento dois anos após o desbaste.

O desenvolvimento apresentado para altura e DAP assemelha-se ao registrado por Harding et al. (1991) para *P. caribaea* var. *hondurensis* em Queensland, Austrália, aos 15 anos, que estimou IMA de 1,06 m de altura e 1,16 cm de DAP, o que evidencia a boa qualidade do material proveniente do CCGMPT. Comparando com o estudo realizado por Moraes (2001), as estimativas de IMA são inferiores àquelas estimadas para progênies de *P. caribaea* var. *hondurensis*, aos 14 anos, em situações de coleta de dados semelhantes ao presente trabalho: 1,66 m de altura e 1,88 cm de DAP.

De maneira geral, as progênes apresentaram boa performance para o caráter forma do fuste, com predominância de duas toras retas de dois metros, a partir da base - nota 3,18, nas árvores remanescentes ao desbaste (situação C). Este tipo de forma do fuste é muito importante, principalmente para trabalhos de resinagem ou micro resinagem, e no transporte e desdobramento da madeira. Provavelmente as condições edafo-climáticas da área experimental e a seleção realizada contribuíram para a boa forma do fuste. Sampaio et al. (2000a) relatam que a espécie *P. caribaea* apresenta elevado número de árvores com fustes tortuosos, quando introduzida em região com precipitação média anual inferior à das regiões de origem das sementes (o que não foi o caso do presente trabalho). As progênes de *P. caribaea* var. *caribaea* apresentaram forma do fuste superior a *P. caribaea* var. *hondurensis*, aos 5 anos, em Tibagi, PR, pois Moura e Dvorak (2001) encontraram estimativas de forma do fuste tortuosa ou bifurcada (nota 1,1), em função da influência negativa de fatores procedência x local e progênie x local, mas considerada pelos autores como fato comum em *P. caribaea* não melhorado, o que não é o caso do presente trabalho.

Para o caráter volume, verifica-se que houve aumento considerável quando comparados os dados da situação A ( $0,621 \text{ g/cm}^3$ ), C ( $0,697 \text{ g/cm}^3$ ), D ( $0,724 \text{ g/cm}^3$ ) e E ( $0,803 \text{ g/cm}^3$ ). O coeficiente de variação diminuiu quando se trabalhou com as árvores remanescentes (Situações C, D e E), evidenciando a sua uniformidade. Moura et al. (1998) estimaram volume médio de  $0,23 \text{ m}^3$  em progênes de *Pinus tecunumanii*, com 12 anos. Moura e Vale (2002), estimaram volume médio de  $0,31 \text{ m}^3$  para diferentes procedências de *Pinus tecunumanii*, com 15 anos. Sampaio et al. (2000a) encontraram para *Pinus oocarpa*, aos nove anos, estimativas de  $0,296 \text{ m}^3$  de volume médio. Moura e Dvorak (2001) encontraram estimativas de volume em testemunha brasileira de  $0,30 \text{ m}^3$ , superiores a média de cinco procedências de *P. caribaea* var. *hondurensis*, aos 12 anos-  $0,23 \text{ m}^3$ , e inferiores à testemunha da CAMCORE –  $0,22 \text{ m}^3$ .

A densidade básica da madeira foi de  $0,5292 \text{ g/cm}^3$  na altura do DAP (DBM-1), e  $0,4850 \text{ g/cm}^3$  na metade da altura da árvore (DBM-2), apresentando os menores coeficientes de variação experimental, quando comparado aos outros caracteres na situação B, mas não houve diferenças significativas entre as progênes. Observa-se que a estimativa de DBM-1 foi ligeiramente superior à encontrada na DBM-2. Várias espécies de *Pinus* apresentam a mesma tendência, pois, segundo Ballarin e Palma (2003), a alta variação da densidade na árvore e entre árvores é característica desse gênero, sendo que as variações que ocorrem dentro das árvores normalmente são mais significativas que entre árvores. Chittenden et al (1967), Palmer e Gibbs (1972) e Worrall et al (1977) (citados por Barrichelo, 1980)



encontraram elevadas variações entre árvores, para a madeira de *P. caribaea* Morelet plantadas em Fiji.

A madeira de *P. caribaea* var. *caribaea* estudada neste trabalho pode ser classificada com densidade variando entre moderadamente pesada a pesada, conforme a classificação da madeira quanto à densidade adotada pelo Forest Products Laboratory (1973) (citado por Barrichelo, 1980 - Quadro 1), Kageyama et al. (1978), analisando a densidade básica da madeira de *Pinus taeda*, encontraram estimativa média de média de  $0,372 \text{ g/cm}^3$ . Moraes (2001), analisando progênies de *P. caribaea* var. *hondurensis*, em condições de coleta de dados semelhantes ao presente trabalho, encontrou valores de DBM-1 de  $0,436 \text{ g/cm}^3$  e DBM-2 de  $0,398 \text{ g/cm}^3$ . Moura et al. (1991), trabalhando com várias espécies e procedências de *Pinus*, encontraram estimativas para *P. caribaea* var. *hondurensis*, *P. caribaea* var. *bahamensis*, *Pinus patula* e *Pinus oocarpa*, aos 12 anos, de  $0,4465 \text{ g/cm}^3$  de média de espécies/procedências. Ballarin e Palma (2003) encontraram estimativas de  $0,605 \text{ g/cm}^3$  para *Pinus taeda*. Já Moura et al. (1998), encontraram para *Pinus tecunumanii*, aos 12 anos, estimativa média de  $0,42 \text{ g/cm}^3$ . Verifica-se que os estudos realizados com várias espécies de *Pinus* apresentam resultados de densidade variando de 0,3 a 0,6. Isso possibilita concluir que as densidades obtidas para *P. caribaea* var. *caribaea* estão em acordo com estimativas encontradas por outros pesquisadores.

Os coeficientes de variação experimental ( $CV_{\text{exp}}$ ) foram baixos para todos os caracteres analisados, apresentando tendência a estabilização após o desbaste, nas situações D e E. Os baixos valores do coeficiente de variação experimental indicam boa precisão do método utilizado nas avaliações dos caracteres analisados, de acordo com Kageyama et al. (1977b). É interessante destacar que o  $CV_{\text{exp}}$  para sobrevivência de progênies teve redução de 50% após o desbaste, indicando uniformização das parcelas experimentais. O volume teve os maiores  $CV_{\text{exp}}$ , com média de 20,65%, o que era esperado, pois o caráter é composto basicamente pelo produto das variáveis altura total de plantas e DAP. Segundo Houle (1992), caracteres compostos apresentam maior coeficiente de variação.

Tabela 1. Estimativas da média de progênies ( $\hat{m}$ ), coeficiente de determinação dos efeitos de parcela ( $\hat{C}_p^2$ ), coeficiente de determinação dos efeitos de bloco ( $\hat{C}_b^2$ ), coeficiente de variação experimental ( $CV_{exp}$ ) e F de progênies ( $F_{prog}$ ), para os caracteres estudados em diferentes situações, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

Situação	Caracteres	PARÂMETROS				
		$\hat{m}$	$\hat{C}_p^2$	$\hat{C}_b^2$	$CV_{exp}$ (%)	$F_{prog}^{(4)}$
A	DAP (cm)	23,75	0,0440	0,0002	7,15	1,08
	Altura (m)	19,47	0,2386	0,0153	7,16	1,01
	Volume (m <sup>3</sup> /árv)	0,621	0,0856	0,0001	18,11	1,02
	Forma <sup>(1)</sup>	2,99 <sup>(3)</sup>	0,0934	0,0076	5,95	1,09
	Sobrevivência (%) <sup>(2)</sup>	70,37 <sup>(3)</sup>	-	-	13,85	0,84
B	DAP	21,07	0,0278	0,0003	10,36	1,74
	Altura (m)	18,35	0,2287	0,0021	10,10	1,02
	Volume (m <sup>3</sup> /árv)	0,448	0,0603	0,0001	24,45	1,05
	DBM-1 (g/cm <sup>3</sup> )	0,5292	0,0482	0,0011	5,91	1,16
	DBM-2 (g/cm <sup>3</sup> )	0,4850	0,0914	0,0002	7,18	1,03
	Forma	1,58 <sup>(3)</sup>	0,1501	0,0103	8,01	1,03
C	DAP (cm)	24,85	0,1271	0,0009	8,59	1,19
	Altura (m)	19,95	0,4184	0,0241	7,52	1,01
	Volume (m <sup>3</sup> /árv)	0,697	0,1951	0,0003	21,46	1,04
	Forma	3,18 <sup>(3)</sup>	0,1591	0,0060	7,16	1,06
D	DAP (cm)	25,09	0,1189	0,0008	8,54	1,17
	Altura (m)	20,27	0,4189	0,0396	7,52	1,01
	Volume (m <sup>3</sup> /árv)	0,724	0,1385	0,0008	19,75	1,16
	Sobrevivência (%) <sup>(2)</sup>	96,57 <sup>(3)</sup>	-	-	6,49	1,11
E	DAP (cm)	26,11	0,1189	0,0005	8,54	1,12
	Altura (m)	20,77	0,4251	0,0310	7,56	1,01
	Volume (m <sup>3</sup> /árv)	0,803	0,1300	0,0006	19,41	1,18
	Sobrevivência (%) <sup>(2)</sup>	96,09	-	-	6,67	1,30

Situação A: antes do desbaste, 14,3 anos; Situação B: árvores desbastadas; Situação C: árvores remanescentes; Situação D: um ano após o desbaste, 15,3 anos; Situação E: dois anos após o desbaste, 16,3 anos; <sup>(1)</sup> Dados transformados em  $\sqrt{x}$ ; <sup>(2)</sup> Dados transformados em  $\sqrt{x+0,5}$ , para efeito de análise estatística; <sup>(3)</sup> Média original; <sup>(4)</sup> valores de F não significativos ao nível de 5% de probabilidade.

As estimativas de coeficiente de determinação dos efeitos de blocos ( $\hat{C}_b^2$ ) foram baixas, em todos os caracteres analisados, nas cinco situações, indicando existência de baixa variabilidade ambiental nos blocos. Isso significa que o delineamento experimental látice, utilizado no teste de progênies, não teve eficiência. Partindo dessa afirmação, as

análises de variância e de parâmetros genéticos foram realizadas considerando o delineamento de blocos ao acaso. É importante salientar que foi realizada uma análise de variância preliminar, considerando delineamento látice, onde foram obtidos os valores de  $\hat{C}_b^2$ .

Os valores dos coeficientes de determinação dos efeitos de parcela ( $\hat{C}_p^2$ ) foram baixos, indicando baixa variabilidade ambiental no experimento. Os maiores valores de  $\hat{C}_p^2$  foram observados para altura, com média de 23,86 % e 42,20%, antes e após o desbaste, respectivamente. Pinto Júnior (2004) relatou que as estimativas baixas de  $\hat{C}_p^2$  obtidas em diferentes procedências de *Eucalyptus grandis*, para o caráter volume de madeira, provavelmente são decorrentes da pouca variação de solos entre os locais estudados, indicando baixa variabilidade ambiental entre parcelas dentro de bloco e eficiência do delineamento experimental utilizado.

#### **4.1.2. Estimativas das variâncias genéticas e fenotípicas, coeficientes de variação e herdabilidades para os caracteres de crescimento e densidade básica da madeira.**

As estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pelo procedimento REML/BLUP (estimativa de parâmetros genéticos por máxima verossimilhança restrita - REML, e predição de valores genéticos pelo procedimento da melhor predição linear não viciada - BLUP), conforme proposto por Resende (2002a).

As estimativas de variâncias aditiva ( $\hat{\sigma}_a^2$ ), variância ambiental entre parcelas ( $\hat{\sigma}_c^2$ ), variância residual dentro de parcelas ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), e variância fenotípica individual ( $\hat{\sigma}_f^2$ ), e seus respectivos quadrados médios estão nas Tabelas 3A, 4A, 5A, 6A, 7A e 8A, do Apêndice.

As estimativas de herdabilidade individual no sentido restrito ( $\hat{h}^2$ ), herdabilidade em nível de médias de progênes ( $\hat{h}_m^2$ ), herdabilidade aditiva dentro de parcela ( $\hat{h}_d^2$ ), coeficiente de variação genético individual ( $CV_{gi}$ ), coeficiente de variação genético entre progênes ( $CV_{gp}$ ) e acurácia de seleção de progênes ( $\hat{r}_{aa}$ ), para os caracteres estudados nas cinco situações, estão na Tabela 2.

De modo geral, as estimativas do coeficiente de variação genética foram baixas, de magnitude inferior a 10,5%, e a variação genética de indivíduos foi maior que a

variação genética de progênies, para todos os caracteres estudados, nas cinco situações. No entanto, apresentaram as mesmas tendências entre os caracteres. Comparando a situação antes do desbaste (situação A) com as árvores desbastadas (situação B), os caracteres altura, DAP e volume apresentaram aumento da variação genética, enquanto o caráter forma do fuste diminuiu. As variações genéticas tiveram pouca oscilação entre o primeiro e segundo ano após o desbaste, mas aumentaram em relação ao volume. Gurgel Garrido e Kageyama (1993), estudando o efeito de simulações de desbastes em *Pinus elliottii* var. *elliottii* observaram que o desbaste proporcionou diminuição do coeficiente de variação dentro de parcelas, pois tanto a variância dentro de parcelas como as médias de progênies foram mais altas.

A densidade básica da madeira não teve muita variação quando comparada em nível de DAP, DBM-1 ( $CV_{gi} = 2,7231\%$  e  $CV_{gp} = 1,3616\%$ ), e na metade da altura da árvore, DBM-2 ( $CV_{gi} = 1,4847\%$  e  $CV_{gp} = 0,7424\%$ ). Isto concorda com os resultados observados por Moraes (2001), em *P. caribaea* var. *hondurensis*, com coeficientes de variação genético para DBM-1 ( $CV_g = 3,21\%$ ) e DBM-2 ( $CV_g = 3,48\%$ ). Observa-se que a variação genética da altura (de 0,8607 para 0,9155) e do volume (de 4,9970 para 9,0226) aumentou da situação C ao primeiro ano após o desbaste, situação D, mas reduziu para DAP (de 4,2909 para 4,0711), indicando homogeneidade.

O volume teve variação genética mais expressiva que os demais caracteres estudados. No entanto, deve ser considerado que existe o efeito de escalas, pois é uma variável composta basicamente pelo produto das variáveis: altura total de plantas e DAP. Sampaio et al. (2000a) trabalhando com *P. caribaea* var. *hondurensis* considera que a seleção das árvores através do diâmetro pode refletir em estimativas de ganhos genéticos expressivos em volume e com boa precisão, pois apresentam altas correlações e baixos desvios-padrão entre DAP e volume.

As estimativas do coeficiente de variação genético de progênies para altura e DAP, considerando o efeito do desbaste (situações D e E), ficaram abaixo das encontradas por Gurgel Garrido et al. (1996), em *P. caribaea* var. *bahamensis* (6,56% para DAP e 3,70% para altura), e das encontradas por Sebbenn et al. (1994), em *P. caribaea* var. *bahamensis*: 2,43% aos 2 anos e 1,86% aos 5 anos, para DAP, e 1,85% aos 2 anos e 1,06% aos 5 anos, para altura.

As estimativas de herdabilidade obtidas foram consideradas baixas, conforme interpretação proposta por Resende (1995), que considera herdabilidades de 0,01 a 0,15 como baixas; de 0,15 a 0,50 são medianas; e acima de 0,50 são altas. As maiores herdabilidade foram em nível de médias de progênies ( $\hat{h}_m^2$ ). Os caracteres DAP ( $\hat{h}_m^2 = 0,4259$ , situação B, e

$\hat{h}_m^2 = 0,1577$  situação C) e volume ( $\hat{h}_m^2 = 0,1546$ , situação E) alcançaram estimativas medianas de herdabilidade em nível de médias de progênies. As baixas estimativas de herdabilidade individual, de média de progênies e dentro de parcelas indicam que poucos progressos podem ser esperados com estratégias de seleção massal ou somente dentro de progênies. Os detalhes sobre ganhos na seleção serão discutidos no item 4.3.

Moraes (2001) listou estimativas de herdabilidades encontradas por vários autores, para os caracteres DAP e altura, em espécies de *Pinus*. Serão relatadas aqui aquelas encontradas para *P. caribaea* var. *hondurensis*, considerando o DAP: Sampaio et al. (1996) encontraram estimativas de  $\hat{h}^2 = 0,20$ , aos cinco anos após o plantio; Dean et al. (1986) e Cotterill e Dean (1990) encontraram estimativas de  $\hat{h}^2 = 0,48$ , aos oito anos após o plantio; Ledig e Whitmore (1981) encontraram estimativas de  $\hat{h}^2 = 0,19$ , aos seis anos e meio após o plantio; Moraes (2001) encontrou estimativas de  $\hat{h}^2 = 0,28$  (um ano após o desbaste), aos 14anos após o plantio; e Missio et al. (2004) encontraram estimativas de  $\hat{h}^2 = 0,56$  para *P. caribaea* var. *bahamensis*, aos 13 anos após o plantio. Considerando o caráter altura de plantas: Ledig e Whitmore (1981) encontraram estimativas de  $\hat{h}^2 = 0,10$ , aos seis anos e meio após o plantio; Kageyama (1983) encontraram estimativas de  $\hat{h}^2 = 0,36$ , aos dois anos após o plantio; Dean et al. (1983) e Coterrill e Dean (1990) encontraram estimativas de  $\hat{h}^2 = 0,29$ , aos oito anos após o plantio; Moraes (2001) encontrou estimativas de  $\hat{h}^2 = 0,44$  (um ano após o desbaste), aos 14anos após o plantio; e Missio et al. (2004) encontraram estimativas de  $\hat{h}^2 = 0,41$  para *P. caribaea* var. *bahamensis*, aos 13 anos após o plantio. Verifica-se que os estudos realizados com *P. caribaea* apresentam resultados de herdabilidade variando de 0,10 a 0,56. Isso fornece informações para concluir que as herdabilidades obtidas para *P. caribaea* var. *caribaea* estão inferiores à todas as estimativas encontradas por outros pesquisadores, provavelmente por ser um material genético que já passou por várias etapas de seleção no processo de domesticação no Brasil e no processo de formação do banco de sementes clonal do CCGMPT.

Dos caracteres avaliados, o DAP apresentou maiores magnitudes das herdabilidades nas situações B C e D, sendo que na situação E foi o volume e na situação A foi forma do fuste. Missio et al. (2004), avaliando progênies de *P. caribaea* var. *bahamensis*, aos 13 anos de idade, obtiveram as maiores magnitudes de herdabilidades para volume e DAP ( $\hat{h}_m^2 = 0,56$  e  $0,56$ , respectivamente), seguido de altura total de plantas e forma ( $\hat{h}_m^2 = 0,41$  e  $0,32$ , respectivamente). Segundo Leonardecz Neto (1998), o mais freqüente em programas de melhoramento é utilizar um dos caracteres de crescimento na seleção, já que estes possuem

peso econômico maior, enquanto que os caracteres relacionados à forma da árvore são enquadrados em um contexto secundário nos programas de melhoramento.

Ettori et al. (2004), observaram baixas estimativas de herdabilidades, trabalhando com progênies de *Pinus maximinoi*, aos 11 anos, em Angatuba, SP, assim como os resultados obtidos no presente trabalho com *P. caribaea* var. *caribaea*. As maiores estimativas foram observadas para média de progênies, com valores variando de 0,18 a 0,45, enquanto que nos outros níveis ( $\hat{h}_m$  e  $\hat{h}_d$ ) não alcançaram 0,06. Os autores concluíram que a espécie demonstrou potencial para ser utilizada em programas de melhoramento genético mais avançados.

As estimativas de herdabilidade, para a densidade básica da madeira, avaliada em árvores desbastadas (situação B), obtidas em nível do DAP (DBM-1) e na metade da altura total da árvore (DBM-2), ficaram abaixo dos valores encontrados por Moraes (2001) (DBM-1 = 0,28 e DBM-2 = 0,29) e Missio et al. (2004), (DBM-1 = 0,22 e DBM-2 = 0,25). Observou-se que a DBM-1 ( $\hat{h}^2 = 0,0500$ ) apresentou estimativas maiores que DBM-2 ( $\hat{h}^2 = 0,0117$ ). Louzada (2003), relatou que o coeficiente de herdabilidade encontrado para a densidade básica da madeira de *Pinus pinaster*, considerando o sexto, 10º e 13º anéis anuais, foram respectivamente: 0,738; 0,577 e 0,541.

Dos caracteres avaliados, o DAP apresentou as maiores acurácias de seleção de progênies, seguido do volume e da densidade básica da madeira. Apenas o caráter DAP apresentou acurácias medianas, com valor de 0,6526 na situação B. Como sugere a literatura, na escolha do caráter objeto de seleção é comum utilizar-se daquele cuja avaliação esteja menos sujeita a erros, como o DAP, por exemplo. Isso respalda a opção pela utilização deste caráter como base para aplicar a seleção, como foi realizado neste trabalho. Resende (1995) definem a acurácia de seleção de progênies como a correlação do valor genético verdadeiro do indivíduo e o índice fenotípico utilizado para estimá-lo, e nos intervalos de 0,1 a 0,4 são baixas; de 0,4 a 0,7 são medianas; acima de 0,7 são altas (Resende, 1995). Desse modo, quanto maior a acurácia, maior a precisão da seleção e, conseqüentemente, maior o ganho genético, afirmando mais uma vez a opção do caráter DAP como objeto de seleção.

As progênies apresentaram baixa variabilidade genética, e conseqüentemente, reflete em baixos coeficientes de herdabilidade, sendo a partir disso o fator ambiente a causa comum das variações existentes entre as progênies. Deve-se lembrar que as progênies foram provenientes de um Pomar de Sementes Clonais, que já passou por várias etapas de seleção, o

que pode levar à perda da variabilidade genética por consequência da alta pressão de seleção. Segundo Savolainen e Karkkainen (1992), citado por Zheng e Ennos (1999), até mesmo os processos de domesticação de espécies, ou em outras palavras, introdução de espécies exóticas, podem levar a mudanças genéticas de forma não intencional, em consequência de processos de amostragem, seleção natural e alterações no sistema reprodutivo. Neste sentido, o que se pode afirmar é que não se tem conhecimento de como foram coletadas as sementes das progênies na região de ocorrência natural (América Central, Cuba). Mori (1993) explica que é importante ter conhecimento do processo de erosão genética para que o melhorista possa intervir quando necessário.

Tabela 2. Estimativas de herdabilidade individual, no sentido restrito ( $\hat{h}^2$ ), herdabilidade em nível de média de progênes ( $\hat{h}_m^2$ ), herdabilidade aditiva dentro de parcela ( $\hat{h}_d^2$ ), coeficiente de variação genético individual ( $CV_{gi}$ ), coeficiente de variação genético de progênes ( $CV_{gp}$ ), e acurácia de seleção de progênes ( $\hat{r}_{aa}$ ), para os caracteres estudados em diferentes situações, em progênes de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

Situação	Caracteres	PARÂMETROS					
		$\hat{h}^2$	$CV_{gi}$ (%)	$\hat{h}_m^2$	$CV_{gp}$ (%)	$\hat{h}_d^2$	$\hat{r}_{aa}$
A	DAP (cm)	0,0139	2,2599	0,0697	1,1299	0,0110	0,2641
	Altura (m)	0,0063	1,0096	0,0147	0,5048	0,0062	0,1213
	Volume (m <sup>3</sup> /árv)	0,0057	3,2370	0,0234	1,6185	0,0046	0,1530
	Forma <sup>(1)</sup>	0,0216	2,0417	0,0812	1,0209	0,0180	0,2850
B	DAP	0,2095	10,3002	0,4259	5,1501	0,1708	0,6526
	Altura (m)	0,0077	1,4286	0,0148	0,7143	0,0075	0,1216
	Volume (m <sup>3</sup> /árv)	0,0158	6,1777	0,0457	3,0889	0,0127	0,2137
	DBM-1 (g/cm <sup>3</sup> )	0,0500	2,7231	0,1372	1,3616	0,0400	0,3704
	DBM-2(g/cm <sup>3</sup> )	0,0117	1,4847	0,0311	0,7424	0,0096	0,1763
Forma <sup>(1)</sup>	0,0119	1,5430	0,0271	0,7715	0,0105	0,1646	
C	DAP (cm)	0,0744	4,2909	0,1577	2,1455	0,0653	0,3971
	Altura (m)	0,0070	0,8607	0,0097	0,4304	0,0091	0,0987
	Volume (m <sup>3</sup> /árv)	0,0193	4,9970	0,0391	2,4985	0,0181	0,1977
	Forma <sup>(1)</sup>	0,0274	2,0772	0,0594	1,0386	0,0247	0,2437
D	DAP (cm)	0,0663	4,0711	0,1457	2,0356	0,0575	0,3817
	Altura (m)	0,0079	0,9155	0,0110	0,4578	0,0103	0,1049
	Volume (m <sup>3</sup> /árv)	0,0642	9,0226	0,1353	4,5113	0,0569	0,3679
E	DAP (cm)	0,0473	3,4353	0,1082	1,7177	0,0408	0,3289
	Altura (m)	0,0078	0,9069	0,0107	0,4534	0,0102	0,1033
	Volume (m <sup>3</sup> /árv)	0,0732	9,5837	0,1546	4,7919	0,0645	0,3931

Situação A: antes do desbaste, 14,3 anos; Situação B: árvores desbastadas; Situação C: árvores remanescentes; Situação D: um ano após o desbaste, 15,3 anos; Situação E: dois anos após o desbaste, 16,3 anos; <sup>(1)</sup> Dados transformados em  $\sqrt{x}$ , para efeito de análise estatística.



#### 4.1.3. Estimativas das correlações genéticas e fenotípicas entre os caracteres de crescimento e densidade básica da madeira.

As estimativas de correlações genotípicas e fenotípicas obtidas nas situações A, B, C, D e E estão nas Tabelas 3, 4, 5, 6 e 7.

Para os caracteres avaliados na situação A (Tabela 3), observa-se alta correlação genética ( $r_g = 0,7594$ ) e fenotípica ( $r_f = 0,8773$ ) entre DAP e volume, assim como resultados obtidos por Sampaio et al. (2000b), para *Pinus oocarpa*; e Sampaio et al. (2000a), para *P. caribaea* var. *hondurensis*. O DAP está mais correlacionado geneticamente com o volume (0,7594) e forma (0,2383), do que com a altura (0,1445). As menores correlações fenotípicas foram verificadas quando se correlaciona o caráter forma do fuste com os demais caracteres.

Na situação B, apresentada na Tabela 4, verificou-se que o DAP teve altas correlações com o volume ( $r_g = 0,8289$  e  $r_f = 0,8281$ ) e médias com altura ( $r_g = 0,4273$  e  $r_f = 0,5490$ ). Em relação à densidade básica da madeira, o DAP apresentou baixas correlações com DBM-1 ( $r_g = 0,1600$  e  $r_f = 0,1417$ ) e DBM-2 ( $r_g = 0,2482$  e  $r_f = 0,1352$ ). O DAP apresentou correlações baixas e negativas com a forma ( $r_g = -0,0404$  e  $r_f = -0,0754$ ). As correlações envolvendo o volume e os demais caracteres tiveram o mesmo comportamento do DAP. A altura foi mais correlacionada com o volume ( $r_g = 0,6024$  e  $r_f = 0,6978$ ) e DBM-2 ( $r_g = 0,3511$  e  $r_f = 0,3390$ ). A forma apresentou correlações baixas e negativas com os caracteres estudados, assim como encontrado por Sampaio (2000a) para *P. caribaea* var. *hondurensis*, sendo positiva apenas quando correlacionada com altura, porém de baixa magnitude ( $r_g = 0,2711$ ). Considerando as densidades DBM-1 e DBM-2, estas foram mais correlacionadas entre si ( $r_g = 0,3644$  e  $r_f = 0,4717$ ), depois com altura, do que com os demais caracteres. Moura e Vale (2002), trabalhando com procedências de *Pinus tecunumanii*, relataram que as correlações entre densidade e caracteres de crescimento tiveram sempre tendências positivas, sendo mais expressiva a correlação genética entre altura e densidade.

Tabela 3. Estimativas das correlações genotípicas ( $r_g$ ) e fenotípicas ( $r_f$ ), entre os caracteres estudados na situação A, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

Caracteres	Correlação	Caracteres		
		Altura (m)	Forma	Volume (m <sup>3</sup> /árv.)
DAP (cm)	$r_g$	0,1445	0,2383	0,7594
	$r_f$	0,5066	0,1773	0,8773
Altura (m)	$r_g$		0,3753	0,4792
	$r_f$		0,1265	0,6642
Forma	$r_g$			0,4255
	$r_f$			0,1961

Situação A: análise feita antes do desbaste, aos 14,3 anos.

Tabela 4. Estimativas das correlações genotípicas ( $r_g$ ) e fenotípicas ( $r_f$ ), entre os caracteres estudados na Situação B, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

Caracteres	Correlação	Caracteres				
		Altura (m)	Forma	Volume (m <sup>3</sup> /árv.)	DBM-1 (g/cm <sup>3</sup> )	DBM-2 (g/cm <sup>3</sup> )
DAP (cm)	$r_g$	0,4273	-0,0404	0,8289	0,1600	0,2482
	$r_f$	0,5490	-0,0754	0,8281	0,1417	0,1352
Altura (m)	$r_g$		0,2711	0,6024	0,2680	0,3511
	$r_f$		-0,0081	0,6978	0,2533	0,3390
Forma	$r_g$			0,0848	0,0161	0,0913
	$r_f$			-0,0902	0,0396	-0,0420
Volume (m <sup>3</sup> /árv.)	$r_g$				0,1040	0,2363
	$r_f$				0,1298	0,1708
DBM-1 (g/cm <sup>3</sup> )						0,3644
						0,4717

Situação B: análise feita nas árvores desbastadas, aos 14,3 anos.

Considerando as árvores remanescentes ao desbaste (situação C), houve aumento das correlações genéticas e redução das correlações fenotípicas entre os caracteres (Tabela 5) quando comparadas aos resultados antes do desbaste (situação A), ressaltando que a única alteração nas comparações foram nas correlações entre DAP e volume, que aumentaram ( $r_f = 0,8986$ ). Isso significa que os caracteres estão mais correlacionados entre si geneticamente. O mesmo foi observado por Missio (2004), que obteve correlações genéticas altas e positivas entre caracteres DAP, altura, forma e volume, para *P. caribaea* var. *bahamensis*, na situação C, em condições de coleta de dados semelhante ao presente trabalho.

Na situação D (Tabela 6) as correlações entre os caracteres DAP, altura e volume apresentaram pequenas alterações em relação à situação C. Observa-se que as correlações envolvendo o volume com DAP e altura foram altas, e entre DAP e altura foram menores.

Tabela 5. Estimativas das correlações genotípicas ( $r_g$ ) e fenotípicas ( $r_f$ ), entre os caracteres estudados na Situação C, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

Caracteres	Correlação	Caracteres		
		Altura (m)	Forma	Volume (m <sup>3</sup> /árv.)
DAP (cm)	$r_g$	0,2487	0,3663	0,8362
	$r_f$	0,4088	0,1363	0,8986
Altura (m)	$r_g$		0,4266	0,5443
	$r_f$		0,0850	0,6272
Forma	$r_g$			0,4799
	$r_f$			0,1207

Situação C: análise feita nas árvores remanescentes ao desbaste, aos 14,3 anos.

Tabela 6. Estimativas das correlações genotípicas ( $r_g$ ) e fenotípicas ( $r_f$ ), entre os caracteres estudados na Situação D, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

Caracteres	Correlação	Caracteres	
		Altura (m)	Volume (m <sup>3</sup> /árv.)
DAP (cm)	$r_g$	0,1919	0,8395
	$r_f$	0,3929	0,9277
Altura (m)	$r_g$		0,5290
	$r_f$		0,6291

Situação D: análise feita um ano após o desbaste, aos 15,3 anos.

Na situação E (Tabela 7), as correlações apresentaram comportamento muito semelhante à situação D, o que indica que o desbaste teve efeito estabilizador nas correlações entre os caracteres, ou ainda, que promoveu uniformização experimental. Outro fato observado nas situações D e E foi que as correlações fenotípicas foram maiores que as correlações genéticas. Isso significa que houve predominância do ambiente como causa de correlação entre os caracteres, sendo estes influenciados pelas mesmas diferenças de condições ambientais, de forma que resultaram em correlações positivas, de magnitudes medianas a altas.

Tabela 7. Estimativas das correlações genóticas ( $r_g$ ), fenotípicas ( $r_f$ ) e ambiental ( $r_e$ ), entre os caracteres estudados (Situação E), em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, aos 16,3 anos de idade, em Selvíria-MS.

Caracteres	Correlação	Caracteres	
		Altura (m)	Volume (m <sup>3</sup> /árv.)
DAP (cm)	$r_g$	0,2211	0,8381
	$r_f$	0,3862	0,9255
Altura (m)	$r_g$		0,5474
	$r_f$		0,6276

Situação E: análise feita dois anos após o desbaste, aos 16,3 anos.

## 4.2. Análises multivariadas

### 4.2.1. Estudo do coeficiente de caminamento (*path coefficient analysis*)

Os estudos dos coeficientes de correlação, apresentados no item anterior, apesar de serem de grande utilidade na quantificação da magnitude e direção das influências de fatores na determinação de caracteres complexos, não dão exata importância relativa dos efeitos diretos e indiretos desses fatores. Segundo Vencovsky e BARRIGA (1992) e FALCONER (1987), se existir uma correlação genética entre dois caracteres X e Y, não é possível afirmar que Y seja determinado ou causado por X, ou vice versa, pois a correlação genética expressa o efeito total de todos os genes em segregação, que afetam ambas características. Assim, conforme Cruz e REGAZZI (2001), o coeficiente de caminamento, chamado de coeficiente de trilha (*path analysis*), consiste no estudo dos efeitos diretos e indiretos de caracteres (variáveis independentes) sobre uma variável básica (dependente), cujas estimativas são obtidas por meio de equações de regressão, em que as variáveis são previamente padronizadas.

As estimativas do coeficiente de caminamento estão nas Tabelas 8 (situação A), 9 (situação B), 10 (situação C), 11 (situação D) e 12 (situação E). As matrizes de correlações fenotípicas solicitadas pelo programa GENES para realização das análises estão nas Tabelas 9A, 10A, 11A, 12A, 13A, no Apêndice.

Para detalhar os efeitos entre os caracteres de crescimento e a densidade básica da madeira, as correlações genéticas foram desdobradas em efeitos diretos e indiretos, pela

análise do coeficiente de caminamento (trilha). Neste trabalho, o volume foi considerado como variável principal (ou dependente), devido sua importância econômica para *P. caribaea* var. *caribaea*, e também por representar o desenvolvimento de um povoamento florestal. Os caracteres DAP, altura total de plantas, forma do fuste, DBM-1 e DBM-2 foram considerados como variáveis independentes explicativas (ou variáveis auxiliares).

Os dados obtidos na situação A (Tabela 8), se referem aos caracteres DAP, altura, forma e volume. Verifica-se que o volume tem alta correlação com o DAP (0,8773) e altura (0,6642), porém o efeito indireto do DAP x volume (0,3662) foi maior que o efeito direto da altura x volume (0,2941), o que indica que a maior contribuição para o volume, considerando o efeito altura, foi indiretamente pelo DAP. A correlação entre forma x volume foi baixa (0,1961), assim como seu efeito direto sobre o volume (0,0307).

Considerando os resultados do coeficiente de trilha para a situação A, no caso de uma seleção indireta do volume seria recomendado fazer esta seleção com base no DAP, pois apresentou o maior efeito direto.

Para a análise de trilha da situação B foram considerados os caracteres DAP, altura, forma, volume, DBM-1 e DBM-2, cujas estimativas estão na Tabela 9. Verificou-se correlações altas e positivas da altura e DAP com o volume (0,8372 e 0,6045, respectivamente), praticamente nula para forma x volume (0,0846), e baixas da DBM-1 e DBM-2 com o volume (0,2228 e 0,1264, respectivamente). As correlações envolvendo o efeito direto das densidades sobre o volume foram negativas e baixas, no valor de -0,0224 e -0,0912 para DBM-1 e DBM-2, respectivamente. Da correlação entre DBM-1 x volume (-0,0224), o efeito indireto que mais contribuiu positivamente foi a altura (0,1695), e considerando a correlação entre DBM-2 x volume (-0,091), o efeito indireto que mais contribuiu positivamente foi a altura (0,1309), ressaltando que para ambas as densidades, os efeitos indiretos positivos dos demais caracteres foram baixos.

Na situação C foram considerados os caracteres DAP, altura, forma e volume, e os resultados da análise de trilha estão na Tabela 10. A altura apresentou alta correlação com o volume (0,9030), e as correlações de forma x volume (0,6124) e DAP x volume (0,5969) tiveram valores próximos. Observou-se que a forma apresentou expressiva correlação com o volume nesta situação, porém seus efeitos indiretos são baixos tanto para DAP quanto para altura. A correlação forma x volume (0,6142) foi determinada pelo efeito indireto, principalmente do DAP (0,2848), pois o efeito indireto via altura foi menor (0,1427).

Verifica-se que as situações D e E (Tabelas 11 e 12 respectivamente), apresentaram comportamento muito semelhante, e como nas situações anteriores, o maior

efeito direto sobre o volume foi exercido pela altura, com correlações nos valores de 0,7655 na situação D e 0,7555 na situação E.

Tabela 8. Análise do coeficiente de trilha, desdobramento das correlações genotípicas em componentes de efeitos diretos e indiretos entre os caracteres: DAP, Altura, Forma e Volume, estudados na Situação A, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

<b>Caracteres</b>	<b>Efeito</b>	<b>Correlação</b>
DAP	Efeito direto sobre Volume	0,7229
	Efeito indireto via Altura	0,1490
	Efeito indireto via Forma	0,0054
	Total	0,8773
Altura	Efeito direto sobre Volume	0,2941
	Efeito indireto via DAP	0,3662
	Efeito indireto via Forma	0,0039
	Total	0,6642
Forma	Efeito direto sobre Volume	0,0307
	Efeito indireto via Altura	0,1282
	Efeito indireto via DAP	0,0372
	Total	0,1961
<b>Coeficiente de determinação (<math>R^2</math>)</b>		0,8355
<b>Efeito da variável residual</b>		0,4055

Situação A: análise feita antes do desbaste, aos 14,3 anos.

Tabela 9. Análise do coeficiente de trilha, desdobramento das correlações genóticas em componentes de efeitos diretos e indiretos entre os caracteres: DAP, Altura, Forma, Volume, DBM-1 e DBM-2, estudados na Situação B, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

<b>Caracteres</b>	<b>Efeito</b>	<b>Correlação</b>
DAP	Efeito direto sobre Volume	0,3268
	Efeito indireto via Altura	0,3034
	Efeito indireto via Forma	0,0082
	Efeito indireto via DBM-1	-0,0076
	Efeito indireto via DBM-2	-0,0264
	<b>Total</b>	<b>0,6045</b>
Altura	Efeito direto sobre Volume	0,7230
	Efeito indireto via DAP	0,1371
	Efeito indireto via Forma	-0,0011
	Efeito indireto via DBM-1	-0,0052
	Efeito indireto via DBM-2	-0,0165
	<b>Total</b>	<b>0,8372</b>
Forma	Efeito direto sobre Volume	0,0325
	Efeito indireto via DAP	0,0830
	Efeito indireto via Altura	-0,0253
	Efeito indireto via DBM-1	-0,0017
	Efeito indireto via DBM-2	-0,0038
	<b>Total</b>	<b>0,0846</b>
DBM-1	Efeito direto sobre Volume	-0,0224
	Efeito indireto via DAP	0,1107
	Efeito indireto via Altura	0,1695
	Efeito indireto via Forma	0,0025
	Efeito indireto via DBM-2	-0,0376
	<b>Total</b>	<b>0,2228</b>
DBM-2	Efeito direto sobre Volume	-0,0912
	Efeito indireto via DAP	0,0945
	Efeito indireto via Altura	0,1309
	Efeito indireto via Forma	0,0014
	Efeito indireto via DBM-1	-0,0092
	<b>Total</b>	<b>0,1264</b>
<b>Coefficiente de determinação (R<sup>2</sup>)</b>		<b>0,7890</b>
<b>Efeito da variável residual</b>		<b>0,4593</b>

Situação B: análise feita nas árvores desbastadas, aos 14,3 anos.

Tabela 10. Análise do coeficiente de trilha, desdobramento das correlações genotípicas em componentes de efeitos diretos e indiretos entre os caracteres: DAP, Altura, Forma e Volume, estudados na Situação C, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

<b>Caracteres</b>	<b>Efeito</b>	<b>Correlação</b>
DAP	Efeito direto sobre Volume	0,3287
	Efeito indireto via Altura	0,1879
	Efeito indireto via Forma	0,0803
	Total	0,5969
Altura	Efeito direto sobre Volume	0,7505
	Efeito indireto via DAP	0,0823
	Efeito indireto via Forma	0,0702
	Total	0,9030
Forma	Efeito direto sobre Volume	0,1849
	Efeito indireto via Altura	0,1427
	Efeito indireto via DAP	0,2848
	Total	0,6124
<b>Coefficiente de determinação (R<sup>2</sup>)</b>		0,9872
<b>Efeito da variável residual</b>		0,1133

Situação C: análise feita nas árvores remanescentes ao desbaste, aos 14,3 anos.

Tabela 11. Análise do coeficiente de trilha, desdobramento das correlações genotípicas em componentes de efeitos diretos e indiretos entre os caracteres: DAP, Altura, Forma e Volume, estudados na Situação D, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

<b>Caracteres</b>	<b>Efeito</b>	<b>Correlação</b>
DAP	Efeito direto sobre Volume	0,3827
	Efeito indireto via Altura	0,1470
	Total	0,5297
Altura	Efeito direto sobre Volume	0,7655
	Efeito indireto via DAP	0,0735
	Total	0,8390
<b>Coefficiente de determinação (R<sup>2</sup>)</b>		0,8450
<b>Efeito da variável residual</b>		0,3937

Situação D: análise feita um ano após o desbaste, aos 15,3 anos.



Tabela 12. Análise do coeficiente de trilha, desdobramento das correlações genotípicas em componentes de efeitos diretos e indiretos entre os caracteres: DAP, Altura, Forma e Volume, estudados na Situação E, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

Caracteres	Efeito	Correlação
DAP	Efeito direto sobre Volume	0,3824
	Efeito indireto via Altura	0,1621
	Total	0,5445
Altura	Efeito direto sobre Volume	0,7550
	Efeito indireto via DAP	0,0821
	Total	0,8371
<b>Coefficiente de determinação (<math>R^2</math>)</b>		0,8402
<b>Efeito da variável residual</b>		0,3997

Situação E: análise feita dois anos após o desbaste, aos 16,3 anos.

Algo importante a se observar é que as correlações apresentaram a mesma tendência, em todas as situações. Os coeficientes de determinação variaram de 0,9872 a 0,7890, para as situações A e C, respectivamente. O efeito da variável residual variou de 0,1133 a 0,4593, para as situações C e B, respectivamente, o que evidencia que o DAP e altura têm uma participação muito importante nas explicações dos desdobramentos das correlações do volume com as demais variáveis que possam influir no mesmo.

#### 4.2.2. Estudo das medidas de dissimilaridade pela distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) e pelo método de otimização de Tocher

As estimativas de medidas de dissimilaridade entre os pares de progênies de *P. caribaea* var. *caribaea*, obtidas pela distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), foram obtidas para todas as situações (A, B, C, D e E), e estão nas Tabelas 13, 16, 19, 22 e 25, respectivamente. A contribuição relativa dos caracteres para a diversidade (método de Singh, 1981), estão nas Tabelas 14, 17, 20, 23 e 26. Os grupos obtidos pelo método de otimização de Tocher, para cada uma das situações estudadas, estão nas Tabelas 15, 18, 21, 24 e 27. As matrizes de variâncias e covariâncias residuais, solicitadas pelo programa GENES para realização das análises, estão nas Tabelas 14A, 15A, 16A, 17A e 18A, no Apêndice.

A distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) evidencia para cada progênie qual a maior e menor distância em relação às demais progênies. Na situação A (Tabela 13), por exemplo, a progênie 1 apresenta a maior distância em relação à progênie 57 ( $D^2=0,014200$ ), e a menor em relação à progênie 88 ( $D^2= 0,000040$ ), e assim por diante. A distância máxima ( $D^2= 0,042214$ ) foi encontrada entre as progênies 6 e 57; e a mínima ( $D^2= 0,000002$ ) entre as progênies 54 e 91. Já a distância média entre as progênies foi de 0,003448. Para simplificação na Tabela 13 foram colocadas a maior e a menor distância entre cada progênie em relação às demais, e na Tabela 19A do Apêndice, apresenta 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.

As estimativas da contribuição relativa de cada um dos caracteres, na obtenção das distâncias  $D^2$ , estão na Tabela 14. A maior contribuição foi do DAP (89,0146 %), e em segundo da forma (10,2443 %). Verifica-se que a contribuição relativa dos outros caracteres foi mínima.

O método de otimização de Tocher aplicado a esta situação separou as progênies em 13 grupos (Tabela 15). Cerca de 35 % das progênies fazem parte do grupo I. Por serem mutuamente excludentes, recomenda-se que seja feito o cruzamento entre progênies de grupos diferentes para a obtenção de híbridos mais heteróticos, o que pode ser observado entre as progênies que apresentaram a maior  $D^2$ : 6 (grupo 13) e 57 (grupo 10). Segundo Dias (1994), o conhecimento dos pares de progênies de maior diversidade orienta o processo de hibridação. Assim, os pares mais divergentes devem ser utilizados para a geração de híbridos mais heteróticos, enquanto os mais divergentes, diferenciados basicamente pelo gene a ser transferido, permitem recuperar o genitor recorrente mais rapidamente por meio de retrocruzamento.

Na Tabela 16 estão os resultados referentes à situação B, envolvendo os caracteres DAP, altura, forma, volume, DBM-1 e DBM-2. Verifica-se que as progênies 57 e 100 apresentaram a maior distância ( $D^2= 7,423162$ ), e a menor distância ( $D^2= 0,000499$ ) foi encontrada entre as progênies 49 a 94. A média geral das distâncias foi de 0,512737. A maior contribuição para a diversidade genética entre as progênies (Tabela 17) foi do caráter DAP (95,8062%), seguido em menor proporção pelo volume (2,1270%), e os demais caracteres com contribuição próxima de zero %. As progênies foram colocadas em 4 grupos na situação B (Tabela 18), pelo método de otimização de Tocher, onde 67 % das progênies se enquadram no grupo I. As progênies que apresentaram a maior diversidade genética estão nos grupos II (100) e IV (57).

Na situação C, onde são analisadas as árvores remanescentes ao desbaste, foram considerados os caracteres DAP, altura, forma e volume (Tabela 19). A maior distância ocorreu entre as progênies 23 e 97 ( $D^2= 2,062359$ ), e a menor distância entre as progênies 15 e 26 ( $D^2= 0,000022$ ), sendo a média geral das distâncias de 0,146569. As contribuições dos caracteres para a diversidade genética estão na Tabela 20. A maior contribuição foi do DAP (83,3719%), seguido da forma (11,4109%), volume (5,1209%) e altura (0,0963%). Observa-se que nas situações discutidas até o momento (A, B e C), o DAP apresentou a maior contribuição para a diversidade genética entre a progênies, sendo que os demais caracteres contribuíram em proporção mínima. Quanto ao agrupamento das progênies pela otimização de Tocher (Tabela 21), ocorreu formação de seis grupos, com 62 progênies no grupo I, sendo que entre elas estão as mais divergentes (15 e 26), e as progênies mais divergentes estão nos grupos III (progênie 23) e V (progênie 97).

Na situação D (Tabela 22) foram considerados os caracteres DAP, altura e volume. As progênies mais divergentes foram a 23 e 97 ( $D^2=2,141006$ ) e as menos divergentes foram a 4 e 40 ( $D^2= 0,000184$ ), com média geral das distâncias de 0,231642. As estimativas da contribuição relativa dos caracteres na diversidade genética estão na Tabela 23. Observa-se que nas situações, até agora discutidas, o DAP foi o caráter com maior contribuição relativa na diversidade genética, já na situação D, onde foram estudadas as progênies de *P. caribaea* var. *caribaea* um ano após o desbaste, o volume passou a ter maior contribuição, 85,3918%, ficando o DAP em segundo lugar com 12,0229% e depois a altura com 2,5123%. O método de otimização de Tocher (Tabela 24) agrupou as progênies em dez grupos, sendo que as progênies mais similares, a 4 e a 40, estão no grupo I, e as mais divergentes estão no grupo IX (progênie 23) e X (progênie 97).

Na situação E, as avaliações foram feitas nos caracteres DAP, altura e volume, no segundo ano após o desbaste. Observa-se na Tabela 25 que as progênies 23 e 97 foram as mais divergentes ( $D^2= 1,082639$ ), assim como nas situações C e D. As progênies 26 e 32 foram as menos divergentes ( $D^2= 0,000051$ ), e a média geral foi de  $D^2=0,077429$ . Considerando a contribuição relativa dos caracteres, o volume (47,6837%) e o DAP (51,1907%) tiveram proporções semelhantes, sendo que a altura participou com apenas 1,1255%. Em relação ao agrupamento das progênies (Tabela 27), nesta situação foram formados seis grupos. As progênies mais similares (26 e 32) encontram-se no grupo I, enquanto que as mais divergentes estão nos grupos IV (progênie 23) e VI (progênie 97).

Tabela 13. Estimativas de medidas de dissimilaridade (Mahalanobis -  $D^2$ ) entre pares de progênies, para os caracteres estudados na Situação A, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

MAHALANOBIS ( $D^2$ )									
Distâncias					Distâncias				
Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.	Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.
1	0,014200	57	0,000040	88	36	0,013947	6	0,000201	10
2	0,011364	6	0,000065	3	37	0,022350	57	0,000144	100
3	0,012890	6	0,000065	2	38	0,016858	6	0,000041	43
4	0,019335	57	0,000061	63	39	0,018854	6	0,000278	65
5	0,020877	57	0,000058	59	40	0,012740	6	0,000050	15
6	0,042214	57	0,000588	56	41	0,028233	57	0,000158	55
7	0,016935	57	0,000208	63	42	0,023027	6	0,000325	65
8	0,013234	57	0,000078	1	43	0,018461	6	0,000041	38
9	0,024671	6	0,000180	52	44	0,013122	6	0,000069	27
10	0,014777	6	0,000042	94	45	0,011191	6	0,000012	78
11	0,177970	57	0,000143	95	46	0,022577	57	0,000032	99
12	0,018514	57	0,000075	81	47	0,013682	57	0,000070	18
13	0,015644	6	0,000039	25	48	0,019786	6	0,000048	53
14	0,017855	6	0,000029	19	49	0,017551	6	0,000038	16
15	0,012566	6	0,000050	40	50	0,027534	57	0,000105	100
16	0,018073	6	0,000038	49	51	0,016254	6	0,000086	33
17	0,011778	57	0,000429	22	52	0,021807	6	0,000137	19
18	0,014181	57	0,000070	47	53	0,019520	6	0,000048	48
19	0,018609	6	0,000029	14	54	0,012800	57	0,000002	91
20	0,031853	6	0,000378	80	55	0,027449	57	0,000109	100
21	0,018733	6	0,000142	30	56	0,034289	57	0,000369	97
22	0,012116	6	0,000020	70	57	0,042214	6	0,000763	76
23	0,029365	6	0,000876	42	58	0,016974	57	0,000093	12
24	0,017624	6	0,000048	77	59	0,022162	57	0,000058	5
25	0,017124	6	0,000039	13	60	0,012802	57	0,000089	54
26	0,011976	57	0,000067	15	61	0,011187	57	0,000071	15
27	0,014385	6	0,000035	31	62	0,027841	57	0,000175	55
28	0,011776	57	0,000067	87	63	0,018051	57	0,000061	4
29	0,015903	6	0,000021	98	64	0,014325	6	0,000071	13
30	0,020647	6	0,000142	21	65	0,018164	6	0,000100	89
31	0,015037	6	0,000013	94	66	0,015026	6	0,000044	27
32	0,020120	6	0,000069	48	67	0,014328	6	0,000019	31
33	0,015245	6	0,000086	51	68	0,012498	57	0,000044	85
34	0,016682	57	0,000120	1	69	0,016877	6	0,000060	94
35	0,021233	6	0,000053	53	70	0,012841	6	0,000020	22

Situação A: análise feita antes do desbaste, aos 14,3 anos.

Continuação...

Tabela 13. Estimativas de medidas de dissimilaridade (Mahalanobis -  $D^2$ ) entre pares de progênies, para os caracteres estudados na Situação A, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

MAHALANOBIS ( $D^2$ )									
Distâncias					Distâncias				
Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.	Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.
71	0,014463	57	0,000081	75	86	0,032320	57	0,000216	55
72	0,016329	6	0,000031	77	87	0,013133	57	0,000023	88
73	0,013533	57	0,000117	88	88	0,013481	57	0,000023	87
74	0,017754	6	0,000086	24	89	0,016133	6	0,000100	65
75	0,014097	57	0,000066	68	90	0,015299	57	0,000095	75
76	0,034691	6	0,000160	80	91	0,012745	57	0,000002	54
77	0,015847	6	0,000031	72	92	0,019065	57	0,000257	12
78	0,010802	57	0,000012	45	93	0,017585	6	0,000014	83
79	0,014073	6	0,000079	15	94	0,015537	6	0,000013	31
80	0,030676	6	0,000160	76	95	0,015100	57	0,000021	96
81	0,019734	57	0,000075	12	96	0,015291	57	0,000021	95
82	0,014921	6	0,000025	67	97	0,037863	57	0,000349	86
83	0,017825	6	0,000014	93	98	0,015463	6	0,000021	29
84	0,018494	57	0,000510	5	99	0,022594	57	0,000032	46
85	0,013309	6	0,000044	68	100	0,025407	57	0,000105	50
<b>Máximo</b>			<b>0,042214</b>	<b>Progênies: 6 e 57</b>					
<b>Mínimo</b>			<b>0,000002</b>	<b>Progênies: 54 e 91</b>					
<b>Média</b>			<b>0,003448</b>						

Situação A: análise feita antes do desbaste, aos 14,3 anos.

Tabela 14. Contribuição relativa dos caracteres para a diversidade – Singh (1981), para os caracteres DAP, altura, forma e volume, estudados na Situação A, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

Caracteres	S.j.	Valor em %
DAP (cm)	7,9247	89,0146
Altura (m)	0,0387	0,4349
Volume (m <sup>3</sup> /árv.)	0,0273	0,3062
Forma	0,9120	10,2443

Situação A: análise feita antes do desbaste, aos 14,3 anos.

Tabela 15. Formação de grupos com base no método de aglomeração: Otimização de Tocher, entre os caracteres DAP, altura, forma e volume, estudados na Situação A, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

<b>GRUPO</b>	<b>PROGÊNIES</b>	<b>TOTAL</b>
I	54-91-60-61-47-95-96-18-26-78-45-15-44-40-8-87-28-1-2-88-27-67- 10-66-31-3-82-94-36-64-79-77-13-69-72	35
II	83-93-14-38-19-43-51-33-89-65-52-24-74-70-39-22	16
III	29-98-49-16-25-32-48-53-35-21	10
IV	46-99-37-12-81-58-92-100-50-11-4-63	12
V	68-85-71-75-90	5
VI	5-59-34-7-73-84	6
VII	41-55-86-62-56-97	6
VIII	76-80-20-9	4
IX	23-42	2
X	57	1
XI	17	1
XII	30	1
XIII	6	1

Situação A: análise feita antes do desbaste, aos 14,3 anos.

Tabela 16. Estimativas de medidas de dissimilaridade (Mahalanobis -  $D^2$ ) entre pares de progênies, para os caracteres estudados na Situação B, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

MAHALANOBIS ( $D^2$ )									
Distâncias					Distâncias				
Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.	Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.
1	3,584104	57	0,001223	17	36	2,009111	57	0,004060	30
2	2,258299	57	0,003305	93	37	6,012016	57	0,006219	46
3	5,547744	57	0,001775	56	38	3,042142	57	0,002270	50
4	4,230350	57	0,001859	24	39	1,931447	57	0,004188	85
5	3,120029	57	0,003394	7	40	3,462902	57	0,006477	94
6	4,297292	57	0,001828	96	41	3,855166	57	0,003996	57
7	3,019569	57	0,000698	64	42	7,784565	11	0,032894	11
8	1,970953	100	0,003242	29	43	2,120114	57	0,003691	28
9	1,939694	100	0,005505	8	44	2,651455	100	0,002772	80
10	3,319656	57	0,001779	69	45	1,906504	100	0,001541	89
11	4,123459	100	0,021353	62	46	6,183513	57	0,006219	37
12	4,088778	57	0,003669	24	47	2,675395	57	0,002681	87
13	2,563183	100	0,005751	32	48	4,376214	57	0,005839	92
14	2,991371	100	0,002516	98	49	3,610322	57	0,000499	94
15	3,761560	57	0,005140	49	50	3,098836	57	0,001794	79
16	2,634554	57	0,010063	31	51	2,307116	100	0,003420	32
17	3,648740	57	0,001223	1	52	3,339627	100	0,007249	23
18	2,458700	57	0,003630	72	53	2,527600	57	0,000791	27
19	2,383064	100	0,002744	77	54	2,214041	57	0,014930	92
20	1,951554	57	0,004247	45	55	5,815718	57	0,003267	3
21	3,785275	57	0,008140	15	56	5,531616	57	0,001775	3
22	2,748178	100	0,002784	44	57	7,423162	100	0,324391	42
23	3,299454	100	0,007249	52	58	6,939715	57	0,009390	75
24	4,123508	57	0,001859	4	59	3,300751	57	0,003243	50
25	2,242011	100	0,004294	29	60	2,704430	57	0,001434	61
26	3,320596	57	0,005327	10	61	2,659293	57	0,001434	60
27	2,568631	57	0,000791	53	62	2,246207	100	0,007449	83
28	2,130457	57	0,002350	85	63	5,691554	57	0,004091	3
29	2,094851	100	0,003242	8	64	3,056478	57	0,000698	7
30	1,968157	57	0,004060	36	65	2,535666	57	0,003694	47
31	2,358545	57	0,006347	65	66	2,738990	57	0,000371	27
32	2,406671	100	0,002689	76	67	2,272865	57	0,006586	99
33	2,335537	57	0,005586	28	68	3,061825	57	0,003499	73
34	2,452371	100	0,002916	19	69	3,258223	57	0,001779	10
35	2,525382	57	0,002278	72	70	2,145853	57	0,003196	28

Situação B: análise feita nas árvores desbastadas, aos 14,3 anos.

Continuação...

Tabela 16. Estimativas de medidas de dissimilaridade (Mahalanobis -  $D^2$ ) entre pares de progênies, para os caracteres estudados na Situação B, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

MAHALANOBIS ( $D^2$ )									
Distâncias					Distâncias				
Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.	Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.
71	3,022139	57	0,005781	69	86	5,538121	57	0,009173	63
72	2,501013	57	0,002278	35	87	2,806842	57	0,002681	47
73	3,082314	57	0,002890	38	88	5,822600	57	0,011535	37
74	4,440281	57	0,003209	96	89	1,892153	100	0,001541	45
75	6,523675	57	0,005481	81	90	4,969931	3	0,222530	3
76	2,540772	100	0,268900	32	91	3,669875	57	0,002985	49
77	2,308326	100	0,002744	19	92	4,681425	57	0,005839	48
78	3,808411	57	0,112090	40	93	3,223663	2	0,003305	2
79	3,152824	57	0,001794	50	94	3,580432	57	0,000499	49
80	2,707631	100	0,277200	44	95	2,852715	57	0,002598	60
81	6,721449	57	0,005481	75	96	4,421700	57	0,001828	6
82	2,727574	100	0,004187	76	97	2,359742	100	0,603530	19
83	3,920875	100	0,007449	62	98	3,021120	100	0,002516	14
84	2,470364	57	0,005659	65	99	4,078096	57	0,006586	67
85	2,045818	57	0,002350	28	100	7,423162	57	0,011844	58
<b>Máximo</b>			<b>7,423162</b>		<b>Progênies: 57 e 100</b>				
<b>Mínimo</b>			<b>0,000499</b>		<b>Progênies: 49 e 94</b>				
<b>Média</b>			<b>0,512737</b>						

Situação B: análise feita nas árvores desbastadas, aos 14,3 anos.

Tabela 17. Contribuição relativa dos caracteres para a diversidade – Singh (1981), para os caracteres DAP, altura, forma, volume, DBM-1 e DBM-2, estudados na Situação B, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

Caracteres	S.j.	Valor em %
DAP (cm)	2544,1278	95,8062
Altura (m)	0,9002	0,0339
Volume (m <sup>3</sup> /árv.)	56,4823	2,1270
DBM-1 (g/cm <sup>3</sup> )	33,1572	1,2486
DBM-2(g/cm <sup>3</sup> )	1,3397	0,0505
Forma	19,4855	0,7338

Situação B: análise feita nas árvores desbastadas, aos 14,3 anos.



Tabela 18. Formação de grupos com base no método de aglomeração: Otimização de Tocher, entre os caracteres DAP, altura, forma, volume, DBM-1 e DBM-2, estudados na Situação B, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

<b>GRUPO</b>	<b>PROGÊNIES</b>	<b>TOTAL</b>
I	49-94-91-15-1-17-41-59-40-93-2-10-69-79-50-64-26-7-38-71-5-73- 68-95-66-87-60-47-27-61-16-53-65-35-72-84-18-33-31-21-78-12-24- 99-4-67-6-28-70-43-85-48-96-74-36-39-20-30-89-45-9-8-29-92-25- 51-77	67
II	3-56-55-63-37-46-88-75-86-54-81-90-58-100	14
III	14-98-23-52-22-80-44-82-13-34-76-32-19-97-83-11-62-42	18
IV	57	1

Situação B: análise feita nas árvores desbastadas, aos 14,3 anos.

Tabela 19. Estimativas de medidas de dissimilaridade (Mahalanobis -  $D^2$ ) entre pares de progênies, para os caracteres estudados na Situação C, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

MAHALANOBIS ( $D^2$ )									
Distâncias					Distâncias				
Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.	Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.
1	0,985753	97	0,003581	72	36	0,694119	97	0,002527	32
2	0,926595	97	0,000321	72	37	0,645991	23	0,001267	99
3	1,917705	97	0,003404	20	38	1,442910	97	0,003338	93
4	0,691070	97	0,003413	89	39	1,489473	97	0,003460	17
5	0,690961	23	0,002631	55	40	0,718222	97	0,003992	32
6	1,257595	23	0,021872	62	41	0,906866	23	0,013278	59
7	0,703292	23	0,003461	59	42	0,798944	97	0,002328	31
8	0,676289	97	0,000507	61	43	1,201669	97	0,005180	70
9	1,280761	97	0,002323	76	44	0,726473	23	0,001057	47
10	0,745424	97	0,000322	53	45	0,590874	97	0,002547	79
11	1,318738	23	0,005047	62	46	0,706077	23	0,001871	68
12	0,753441	23	0,005420	90	47	0,707965	23	0,001057	44
13	0,602631	23	0,006166	63	48	0,906862	97	0,003526	96
14	0,912926	97	0,003686	27	49	1,027241	97	0,056800	75
15	0,630335	97	0,000022	26	50	1,070665	23	0,002414	86
16	0,785303	97	0,000804	81	51	0,718981	97	0,001812	91
17	1,447617	97	0,003460	39	52	0,748898	97	0,001139	91
18	0,649908	23	0,006325	12	53	0,726027	97	0,000322	10
19	0,858777	97	0,000034	27	54	0,829295	97	0,000280	19
20	1,854486	97	0,003404	3	55	0,763923	23	0,002631	5
21	0,579286	23	0,003234	85	56	0,706649	23	0,006625	5
22	0,929378	97	0,004152	2	57	1,110076	97	0,000147	80
23	2,062359	97	0,003944	3	58	0,855240	97	0,000233	81
24	0,992942	97	0,001317	96	59	0,702523	23	0,003024	5
25	0,790082	23	0,000846	90	60	0,555368	23	0,000367	66
26	0,631430	97	0,000022	15	61	0,684171	97	0,000507	8
27	0,862075	97	0,000034	19	62	1,291265	23	0,005047	11
28	0,928354	97	0,012659	1	63	0,603845	23	0,001819	64
29	0,657916	23	0,001119	47	64	0,610643	23	0,000965	100
30	0,768650	23	0,002850	92	65	1,741971	97	0,016310	93
31	0,786821	97	0,002328	42	66	0,548016	97	0,000367	60
32	0,632837	97	0,001995	79	67	1,207378	97	0,003527	69
33	1,265419	97	0,005340	67	68	0,752768	23	0,001871	46
34	0,599208	23	0,004081	5	69	1,116096	97	0,001335	88
35	1,138944	97	0,004735	80	70	1,114155	97	0,002635	69

Situação C: análise feita nas árvores remanescentes ao desbaste, aos 14,3 anos.

Continuação...

Tabela 19. Estimativas de medidas de dissimilaridade (Mahalanobis -  $D^2$ ) entre pares de progênies, para os caracteres estudados na Situação C, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

MAHALANOBIS ( $D^2$ )									
Distâncias					Distâncias				
Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.	Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.
71	0,997236	23	0,017757	68	86	0,985544	23	0,002414	50
72	0,932124	97	0,000321	2	87	0,581531	97	0,000982	77
73	0,623712	97	0,010117	83	88	1,062517	97	0,001335	69
74	1,310915	97	0,003766	67	89	0,701409	97	0,001577	84
75	0,896641	97	0,004344	48	90	0,796347	23	0,000846	25
76	1,206046	97	0,002323	9	91	0,696336	97	0,001139	52
77	0,596971	97	0,000982	87	92	0,698902	23	0,002850	30
78	0,887251	97	0,004189	2	93	1,568276	97	0,003338	38
79	0,568260	97	0,001749	66	94	1,063445	97	0,001738	88
80	1,086984	97	0,000147	57	95	0,549864	23	0,002307	63
81	0,834517	97	0,000233	58	96	0,929024	97	0,001317	24
82	0,555001	97	0,002924	95	97	2,062359	23	0,086054	11
83	0,721285	97	0,003054	89	98	0,593134	23	0,000931	60
84	0,682779	97	0,001577	89	99	0,692175	23	0,001267	37
85	0,650890	23	0,002910	29	100	0,623203	23	0,000965	64
<b>Máximo</b>			<b>2,062359</b>		<b>Progênies: 23 e 97</b>				
<b>Mínimo</b>			<b>0,000022</b>		<b>Progênies: 15 e 26</b>				
<b>Média</b>			<b>0,146569</b>						

Situação C: análise feita nas árvores remanescentes ao desbaste, aos 14,3 anos.

Tabela 20. Contribuição relativa dos caracteres para a diversidade – Singh (1981), para os caracteres DAP, altura, forma e volume, estudados na Situação C, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

Caracteres	S.j.	Valor em %
DAP (cm)	675,3464	83,3719
Altura (m)	0,7803	0,0963
Volume (m <sup>3</sup> /árv.)	41,4813	5,1209
Forma	92,4328	11,4109

Situação C: análise feita nas árvores remanescentes ao desbaste, aos 14,3 anos.

Tabela 21. Formação de grupos com base no método de aglomeração: Otimização de Tocher, entre os caracteres DAP, altura, forma e volume, estudados na Situação C, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

<b>GRUPO</b>	<b>PROGÊNIES</b>	<b>TOTAL</b>
I	15-26-87-77-45-82-91-51-61-52-8-4-84-31-53-10-16-54-19-27-81-42-58-36- 32-89-14-72-78-2-96-48-40-24-22-1-83-79-94-75-88-80-69-57-28-70-35-95- 66-67-49-60-76-43-33-9-74-98-64-63-100-73	62
II	25-90-44-99-47-37-68-29-46-12-85-92-30-21-18-71-55-86-56-5-13-50-34- 59-41	25
III	38-93-39-17-65-20-3-23	8
IV	11-62-6	3
V	97	1
VI	7	1

Situação C: análise feita nas árvores remanescentes ao desbaste, aos 14,3 anos.

Tabela 22. Estimativas de medidas de dissimilaridade (Mahalanobis -  $D^2$ ) entre pares de progênies, para os caracteres estudados na Situação D, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

MAHALANOBIS ( $D^2$ )									
Distâncias					Distâncias				
Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.	Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.
1	0,881998	97	0,001086	57	36	0,749352	23	0,001665	34
2	0,957639	97	0,006021	80	37	1,004046	23	0,000509	99
3	1,801381	97	0,019795	17	38	1,107752	97	0,002173	20
4	1,212643	23	0,000184	40	39	1,588920	97	0,000530	33
5	0,881352	23	0,001851	95	40	1,212012	23	0,000184	4
6	1,145834	23	0,039924	11	41	1,022231	23	0,004102	55
7	1,144187	23	0,000544	92	42	0,600427	23	0,001368	91
8	1,144187	23	0,000540	92	43	1,257014	97	0,007828	22
9	0,957241	97	0,010850	74	44	1,348345	23	0,003110	47
10	0,737291	97	0,001954	52	45	0,650990	23	0,000349	16
11	1,334028	23	0,006976	50	46	0,786444	23	0,000220	12
12	0,798282	23	0,000220	46	47	1,423622	23	0,002263	29
13	1,810311	23	0,013052	85	48	0,635821	97	0,002285	16
14	1,052155	23	0,001716	35	49	0,861032	23	0,001030	75
15	0,902503	23	0,001080	26	50	1,209317	23	0,006976	11
16	0,637672	23	0,000349	45	51	0,988540	23	0,000261	32
17	1,590031	97	0,001014	39	52	0,668546	97	0,001954	10
18	0,681864	23	0,001684	59	53	1,119695	23	0,003716	40
19	0,697403	97	0,001690	27	54	0,766667	97	0,000344	94
20	1,195846	97	0,002173	38	55	0,996005	23	0,003187	99
21	1,435403	23	0,003042	47	56	1,172436	13	0,019902	8
22	1,117816	97	0,000708	78	57	0,833120	97	0,001086	1
23	2,141006	97	0,029227	3	58	0,852685	23	0,002627	49
24	0,714121	97	0,003052	48	59	0,737838	23	0,001411	12
25	1,825827	23	0,010078	30	60	0,951970	23	0,000776	37
26	0,965550	23	0,000756	51	61	0,710031	97	0,003534	84
27	0,648236	97	0,001690	19	62	1,743194	23	0,026524	71
28	0,721179	97	0,008873	49	63	1,101553	23	0,001976	100
29	1,536747	23	0,001434	90	64	1,227122	23	0,000864	98
30	1,706444	23	0,001859	90	65	1,351981	97	0,002480	93
31	1,028244	23	0,000950	32	66	0,882844	23	0,001457	60
32	1,005725	23	0,000261	51	67	0,958656	97	0,001936	70
33	1,559392	97	0,000530	39	68	1,336394	23	0,007026	86
34	0,771603	23	0,000568	95	69	0,953032	97	0,002357	70
35	0,969871	23	0,001716	14	70	0,900533	97	0,001236	67

Situação D: análise feita um ano após o desbaste, aos 15,3 anos.

Continuação...

Tabela 22. Estimativas de medidas de dissimilaridade (Mahalanobis -  $D^2$ ) entre pares de progênies, para os caracteres estudados na Situação D, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

MAHALANOBIS ( $D^2$ )									
Distâncias					Distâncias				
Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.	Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.
71	1,795024	23	0,004038	30	86	1,296219	23	0,007026	68
72	0,792404	97	0,000535	54	87	1,372124	23	0,003091	77
73	0,638076	23	0,000339	91	88	1,127727	97	0,006951	2
74	0,920877	97	0,010850	9	89	0,629329	97	0,002897	52
75	0,911382	23	0,001030	49	90	1,602554	23	0,001434	29
76	0,869697	97	0,004632	67	91	0,616926	23	0,000339	73
77	1,163578	13	0,000708	22	92	1,099016	23	0,000544	7
78	1,163578	13	0,000708	22	93	1,322752	97	0,002480	65
79	1,228063	23	0,000548	98	94	0,798099	97	0,000344	54
80	0,982987	97	0,002872	1	95	0,813945	23	0,000568	34
81	0,771784	23	0,002768	58	96	0,813345	97	0,001301	57
82	0,777867	23	0,004547	66	97	2,141006	23	0,069827	62
83	0,643281	97	0,001861	84	98	1,260596	23	0,000548	79
84	0,629369	97	0,001861	83	99	1,033170	23	0,000509	37
85	1,563500	23	0,001079	77	100	1,135610	23	0,001976	63
<b>Máximo</b>			<b>2,141006</b>		<b>Progênies: 23 e 97</b>				
<b>Mínimo</b>			<b>0,000184</b>		<b>Progênies: 4 e 40</b>				
<b>Média</b>			<b>0,231642</b>						

Situação D: análise feita um ano após o desbaste, aos 15,3 anos.

Tabela 23. Contribuição relativa dos caracteres para a diversidade – Singh (1981), para os caracteres DAP, altura e volume, estudados na Situação D, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

Caracteres	S.j.	Valor em %
DAP (cm)	146,0059	12,0929
Altura (m)	30,3693	2,5153
Volume (m <sup>3</sup> /árv.)	1030,9931	85,3918

Situação D: análise feita um ano após o desbaste, aos 15,3 anos.

Tabela 24. Formação de grupos com base no método de aglomeração: Otimização de Tocher, entre os caracteres DAP, altura e volume, estudados na Situação D, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

<b>GRUPO</b>	<b>PROGÊNIES</b>	<b>TOTAL</b>
I	4-40-79-98-64-44-47-21-87-29-77-85-90-53-63-31-32-51-100-26-68- 7-15-37-92-99-60-66-55-58-82-86-81-49-75	35
II	12-46-59-18-34-95-5-36-73-91-42-41-89-45-16-48-52-83-84-24-10- 27-19-54-72-94-57-96-61-76-70-1-69-67	34
III	33-39-17-43-22-78-88-2-80	9
IV	14-35-28-74-9	5
V	20-38-93-65	4
VI	30-71-25-13	4
VII	11-50-6	3
VIII	8-56	2
IX	3-23	2
X	62-97	2

Situação D: análise feita um ano após o desbaste, aos 15,3 anos.

Tabela 25. Estimativas de medidas de dissimilaridade (Mahalanobis -  $D^2$ ) entre pares de progênies, para os caracteres estudados na Situação E, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

MAHALANOBIS ( $D^2$ )									
Distâncias					Distâncias				
Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.	Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.
1	0,580598	97	0,000118	69	36	0,306718	23	0,000354	95
2	0,519868	97	0,001075	78	37	0,397074	23	0,000389	92
3	1,038480	97	0,002326	23	38	0,669310	97	0,000404	93
4	1,038480	97	0,002326	23	39	0,676457	97	0,001311	33
5	0,393104	23	0,000308	55	40	0,343809	23	0,001312	15
6	0,598507	23	0,011272	50	41	0,404193	23	0,000114	12
7	0,467039	23	0,000366	68	42	0,340955	97	0,000242	91
8	0,406933	97	0,006295	84	43	0,619503	97	0,001415	88
9	0,595634	97	0,001910	76	44	0,592435	23	0,000251	30
10	0,378683	97	0,000098	61	45	0,360196	97	0,000141	81
11	0,590627	23	0,001019	50	46	0,325856	23	0,001599	95
12	0,398447	23	0,000114	41	47	0,325856	23	0,001599	95
13	0,467414	23	0,000877	85	48	0,386574	97	0,000590	45
14	0,447086	97	0,000426	35	49	0,432852	97	0,001021	14
15	0,447086	97	0,000426	35	50	0,543762	23	0,001019	11
16	0,347238	97	0,000071	81	51	0,370449	23	0,000061	60
17	0,744265	97	0,000995	33	52	0,344165	97	0,000333	91
18	0,283729	97	0,000578	73	53	0,328582	97	0,001413	75
19	0,417227	97	0,000875	48	54	0,388275	97	0,000318	89
20	0,417227	97	0,000875	48	55	0,408233	23	0,000308	5
21	0,417227	97	0,000875	48	56	0,317380	97	0,008992	8
22	0,563679	97	0,000928	88	57	0,449048	97	0,000344	72
23	1,082639	97	0,002326	3	58	0,364437	97	0,000439	27
24	0,418943	97	0,000839	54	59	0,413793	23	0,000226	12
25	0,470667	23	0,000914	29	60	0,372074	23	0,000061	51
26	0,315631	23	0,000051	32	61	0,372074	23	0,000061	51
27	0,348136	97	0,000354	28	62	0,753656	23	0,115520	11
28	0,338214	97	0,000354	27	63	0,412589	23	0,000311	64
29	0,457027	23	0,000894	64	64	0,419717	23	0,000311	63
30	0,575629	23	0,000211	90	65	0,769478	97	0,001444	20
31	0,309844	23	0,000218	26	66	0,349842	23	0,000439	60
32	0,317154	23	0,000051	26	67	0,560279	97	0,001086	70
33	0,736609	97	0,000995	17	68	0,474922	23	0,000366	7
34	0,352180	23	0,000766	92	69	0,575549	97	0,000118	1
35	0,474178	97	0,000426	14	70	0,537988	97	0,000691	69

Situação E: análise feita dois anos após o desbaste, aos 16,3 anos.



Continuação...

Tabela 25. Estimativas de medidas de dissimilaridade (Mahalanobis -  $D^2$ ) entre pares de progênies, para os caracteres estudados na Situação E, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

MAHALANOBIS ( $D^2$ )									
Distâncias					Distâncias				
Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.	Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.
71	0,627731	23	0,000529	44	86	0,511545	23	0,001661	99
72	0,472552	97	0,000076	96	87	0,415874	23	0,000244	77
73	0,280831	97	0,000578	18	88	0,602181	97	0,000928	22
74	0,539295	97	0,002711	35	89	0,367948	97	0,000281	91
75	0,369917	97	0,001413	53	90	0,580336	23	0,000211	30
76	0,534587	97	0,001197	67	91	0,350439	97	0,000242	42
77	0,406592	23	0,000244	87	92	0,376518	23	0,000389	37
78	0,543720	97	0,001075	2	93	0,651212	97	0,000404	38
79	0,371632	23	0,000550	60	94	0,455111	97	0,000368	72
80	0,491127	97	0,000124	96	95	0,318570	23	0,000354	36
81	0,356338	97	0,000071	16	96	0,484408	97	0,000076	72
82	0,290259	23	0,000655	36	97	1,082639	23	0,037873	62
83	0,348461	97	0,000697	10	98	0,409333	23	0,000147	4
84	0,345852	97	0,000884	83	99	0,508551	23	0,000670	68
85	0,454733	23	0,000877	13	100	0,424980	23	0,000497	37
<b>Máximo</b>			<b>1,082639</b>		<b>Progênies: 23 e 97</b>				
<b>Mínimo</b>			<b>0,000051</b>		<b>Progênies: 26 e 32</b>				
<b>Média</b>			<b>0,077429</b>						

Situação E: análise feita dois anos após o desbaste, aos 16,3 anos.

Tabela 26. Contribuição relativa dos caracteres para a diversidade – Singh (1981), para os caracteres DAP, altura e volume, estudados na Situação E, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

Caracteres	S.j.	Valor em %
DAP (cm)	200,7182	51,1907
Altura (m)	4,4132	1,1255
Volume (m <sup>3</sup> /árv.)	186,9672	47,6837

Situação E: análise feita dois anos após o desbaste, aos 16,3 anos.

Tabela 27. Formação de grupos com base no método de aglomeração: Otimização de Tocher, entre os caracteres DAP, altura e volume, estudados na Situação E, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

GRUPO	PROGÊNIES	TOTAL
I	26-32-31-15-40-79-66-51-60-92-37-63-98-64-4-100-34-29-87-77-25- 85-55-68-36-82-95-5-7-47-99-21-59-12-46-41-86-13-30-90-44-53-73- 28-27-16-18-42-81-58-45-75-91-52-89-48-83-54	58
II	72-96-80-57-94-70-67-69-1-76-22-2-88-24-9-93-43-78-61-10-19-38- 74-49-20-39-84-8-35-14-65-17	32
III	11-50-6-62-71	5
IV	3-23-33	3
V	56	1
VI	97	1

Situação E: análise feita dois anos após o desbaste, aos 16,3 anos.

As estimativas de medidas de dissimilaridade, obtidas pela distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), foram baixas, de modo geral, quando comparadas com pesquisas de Moraes (2001), que trabalhou com *P. caribaea* var. *hondurensis*, e Missio (2004), que trabalhou com *P. caribaea* var. *bahamensis*. Isso sugere que existe pouca diversidade genética no material estudado.

### 4.3. Ganhos na seleção

#### 4.3.1. Seleção entre e dentro de progênies

Com os resultados obtidos na situação E, envolvendo os caracteres DAP, altura e volume, fez-se uma projeção de ganho genético, considerando a hipótese de transformação do teste de progênies de *P. caribaea* var. *caribaea* em um Pomar de Sementes por Mudas com seleção entre progênies (30%) e dentro de progênies (10%). As estimativas dos ganhos genéticos e da resposta correlacionada com seleção entre e dentro de progênies para os caracteres DAP, altura e volume estão nas Tabelas 28 e 29.

Verifica-se que para DAP e volume, a maior parte dos ganhos genéticos está entre progênies. Para o caráter a altura o ganho genético dentro foi maior (0,0550%) que o ganho genético entre progênies (0,0544%), porém com mínima diferença entre as estimativas. O caráter volume apresentou maior ganho genético total com a seleção (2,9364%), já altura apresentou o menor ganho (0,1094%). As amplitudes dos ganhos na seleção foram inferiores àquelas encontradas por Moraes (2001), em progênies de *P. caribaea* var. *hondurensis*, que apresentaram ganhos de 30,5% para volume, 8,59 % para DAP e 7,34% para altura. Entretanto, o autor considera que o volume não apresentou vantagem na seleção indireta com DAP (23,21%) e altura (27,42%), pois os ganhos indiretos foram inferiores ao ganho direto na seleção para volume (30,50%).

Considerando a seleção indireta (resposta correlacionada), só existe vantagem para o caráter volume quando se tem altura como caráter principal, com ganhos indiretos de 0,5992 %; já quando se considera o DAP, os ganhos indiretos são inferiores (0,3268 %), mas tanto para altura quanto para DAP os ganhos indiretos foram inferiores ao ganho direto na seleção (2,9364). Segundo Magnussen (1993), ganhos da ordem de 6 % a 15 %, tanto para altura como volume, correspondem a uma intensidade de seleção realista em um programa de melhoramento genético em espécies perenes. Assim, os caracteres estão abaixo da intensidade de seleção adequada, considerando o método de seleção aqui empregado.

Segundo Romanelli e Sebbenn (2004), a magnitude da resposta à seleção é em função da variabilidade genética, da herdabilidade e da intensidade da seleção, sendo apenas a última possível de manipulação. Sobre esse assunto, Allard (1971) explica que o ganho na seleção é uma função da variabilidade genética total, sendo importante a obtenção de informações a respeito dos parâmetros do complexo genótipo x ambiente: quanto mais precisas essas informações, melhores serão as previsões do melhorista. Considerando que o material genético utilizado no presente trabalho apresentou valores baixos de variabilidade genética e herdabilidade, este seria o motivo que ocasionou baixos ganhos na seleção, empregando diferencial de seleção entre (30 %) e dentro (10 %).

Dada a dificuldade de obtenção das estimativas de volume, visto que foi o caráter com maiores ganhos na seleção e que a intensidade de seleção foi determinante nos ganhos genéticos estimados, segue-se a recomendação de Sampaio et al. (1996), que considera que a seleção deva ser baseada no DAP, em virtude dos altos coeficientes de correlação genética seguidos de baixos desvios padrões entre esse caráter e o volume.

Tabela 28. Estimativas de ganhos na seleção entre ( $GS_E$  e  $GS_E\%$ ), dentro de progênies ( $GS_D$  e  $GS_D\%$ ) e total ( $GS$  e  $GS\%$ ), envolvendo os caracteres DAP (D), altura (A) e volume (V), na Situação E, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

<b>Caracteres</b>	<b><math>GS_E</math></b>	<b><math>GS_E\%</math></b>	<b><math>GS_D</math></b>	<b><math>GS_D\%</math></b>	<b>GS</b>	<b><math>GS\%</math></b>
DAP (cm)	0,2261	0,8660	0,1485	0,5689	0,3746	1,4349
Altura (m)	0,0113	0,0544	0,0114	0,0550	0,0227	0,1094
Volume (m <sup>3</sup> /árv.)	0,0140	1,7498	0,0095	1,1866	0,0236	2,9364

Situação E: análise feita dois anos após o desbaste, aos 16,3 anos.

Tabela 29. Estimativas da resposta correlacionada na seleção entre ( $RC_E$  e  $RC_E\%$ ), dentro de progênies ( $RC_D$  e  $RC_D\%$ ) e total ( $RC$  e  $RC\%$ ), envolvendo os caracteres DAP (D), altura (A) e volume (V), na Situação E, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

<b>Caracteres</b>	<b><math>RC_E</math></b>	<b><math>RC_E\%</math></b>	<b><math>RC_D</math></b>	<b><math>RC_D\%</math></b>	<b>RC</b>	<b><math>RC\%</math></b>
DxA	0,0280	0,1074	0,0278	0,1063	0,0558	0,2137
DxV	0,1875	0,7183	0,2765	1,0592	0,4641	1,7776
AxD	0,0002	0,0008	0,0003	0,0013	0,0004	0,0021
AxV	0,0027	0,0128	0,0039	0,0189	0,0066	0,0317
VxD	0,0010	0,1296	0,0016	0,1972	0,0026	0,3268
VxA	0,0024	0,3011	0,0024	0,2981	0,0048	0,5992

Situação E: análise feita dois anos após o desbaste, aos 16,3 anos.

### 4.3.2. Índice Multi-efeitos

A utilização do Índice Multi-efeitos (IME) permite, segundo Resende e Higa (1994b), explorar frações da variância genética aditiva que não são consideradas na seleção entre e dentro de progênies, levando à maximização da precisão na seleção, muito embora, a inclusão dos efeitos de parcela e blocos possa alterar pouco a seleção. Considerando suas aplicações, o IME foi utilizado para seleção de plantas a serem desbastadas (Situação A) e aos dois anos após o desbaste (Situação E), a fim de estimar ganhos precisos com a seleção e continuar com o melhoramento genético aplicado no teste de progênies de *P. caribaea* var. *caribaea*.

O índice multi-efeitos foi utilizado para a seleção dos indivíduos indicados ao desbaste, realizado no teste de progênies de *P. caribaea* var. *caribaea* aos 14,3 anos (Situação A), sendo o DAP utilizado como objeto de seleção. Foi empregada intensidade de 50% de seleção, deixando-se 5 plantas por parcela em todo o experimento. As estimativas do índice multi-efeitos, para os 10 primeiros e 10 últimos indivíduos, estão na Tabela 20A do Apêndice.

A comparação entre os indivíduos selecionados pelo método de seleção Índice Multi-efeitos em três condições:  $k_f$  variável,  $k_f$  no máximo 5 indivíduos e seleção entre e dentro, com base no DAP, aos dois anos após o desbaste (situação E), estão na Tabela 30.

Foi utilizado o IME para 90 indivíduos (corresponde ao número de plantas selecionadas por seleção entre - 30%, e dentro - 10%, de progênies) em três condições: a primeira considerava os 90 melhores indivíduos selecionados pelo IME independente do número de indivíduos por progênie ( $k_f$  variável); a segunda aplicou-se o IME aos indivíduos que seriam selecionados pela seleção entre e dentro de progênies ( $k_f$  igual para todas as progênies); já na terceira foi feita a seleção dos noventa melhores indivíduos para o IME, considerando no máximo cinco indivíduos por progênie ( $1 \leq k_f \leq 5$ ).

Os dados apresentados na Tabela 30 são importantes quando se quer ter uma idéia do ganho na seleção e o que a seleção feita para a obtenção deste ganho pode provocar em termos de tamanho efetivo ( $N_e$ ) e diversidade genética ( $D$ ), já que é uma função apenas da porção genética da variabilidade total.

A eficiência da seleção pelo índice Multi-efeitos foi maior que a seleção entre e dentro em 29,22% com  $k_f$  variável e 21,20% com  $k_f$  máximo igual a 5. O ganho com seleção foi maior com  $k_f$  variável (1,70%), mas reduziu o número efetivo de progênies selecionadas ( $N_e = 41,32$ ), e a diversidade genética ( $D = 0,1617$ ), em comparação com a seleção entre e dentro ( $N_e = 60$ ;  $D = 0,3030$ ), além de poder gerar mais endogamia. Com a utilização do IME

com  $k_f$  máximo de 5, comparando com a seleção entre e dentro, observou-se aumento no número de progênies selecionadas ( $N_f= 44$ ), diminuição no número de indivíduos por progênie ( $\bar{k}_f = 2,05$ ), pequena diminuição no tamanho efetivo ( $N_e= 59,33$ ), pequena diminuição na diversidade genética ( $D= 0,2986$ ), e eficiência de 21,20% no ganho. Portanto, recomenda-se a condição de seleção  $k_f$  máximo de 5, pois consegue associar boa eficiência no ganho na seleção, mantendo a diversidade genética em níveis compatíveis com a seleção entre e dentro. Resende (2002a) recomenda quando aplicar o IME e também tiver a preocupação de manter a diversidade genética razoável, de estabelecer um  $k_f$  máximo.

Comparando as estimativas de ganhos na seleção entre (30%) e dentro de progênies (10%), que estão na Tabela 28, com as estimativas obtidas com o IME (Tabela 29), ambas considerando o caráter DAP, os maiores ganhos genéticos foram proporcionados com seleção pelo IME, tanto na opção  $k_f$  variável, quanto de  $k_f$  5 no máximo. O ganho genético obtido por meio de seleção entre e dentro foi  $GS_{ED}= 1,4939\%$ , e o IME proporcionou ganhos de  $GS= 1,70\%$ , o que corresponde a uma eficiência de 1,1380 ( $Ef = 1,70/1,4939$ ), ou seja, o IME foi 13,80% mais eficiente ou superior que a seleção entre e dentro de progênies, o que recomendaria sua utilização.

As mesmas conclusões foram obtidas por outros autores, quanto à comparação das estimativas de ganhos na seleção entre e dentro e aquelas obtidas por IME. Moraes (2001) concluiu que o IME foi 12,81% mais eficiente que a seleção entre e dentro, em progênies de *P. caribaea* var. *hondurensis*; já Missio (2004), trabalhando com progênies de *P. caribaea* var. *bahamensis*, concluiu que o IME foi 36,91% mais eficiente que a seleção entre e dentro de progênies.

Tabela 30. Comparação entre os indivíduos selecionados pelo método de seleção Índice Multi-efeitos, com base no DAP, estudado em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, aos 16,3 anos (Situação E), em Selvíria-MS.

IME – $k_f$ : variável				Seleção Entre e Dentro		IME – $k_f$ : 5 no máximo			
Prog	$k_f$	Prog	$k_f$	Prog	$k_f$	Prog	$k_f$	Prog	$k_f$
4	1	95	2	4	3	4	1	71	5
5	2	97	14	5	3	5	2	72	1
6	8	99	3	6	3	6	5	79	1
7	2	100	1	10	3	7	2	83	1
8	1			11	3	8	1	84	1
10	1			12	3	10	1	86	4
11	5			15	3	11	5	87	1
12	1			30	3	12	1	90	3
15	1			31	3	15	1	92	1
21	1			32	3	21	1	95	2
26	1			41	3	26	1	97	5
30	2			44	3	30	2	98	1
31	1			47	3	31	2	99	5
32	1			50	3	32	1	100	1
41	2			51	3	34	1		
44	3			54	3	39	1		
47	2			59	3	40	1		
50	3			62	3	41	2		
51	2			63	3	44	3		
54	1			66	3	47	2		
59	2			71	3	50	4		
62	10			84	3	51	3		
63	2			86	3	54	1		
66	1			87	3	59	2		
71	5			90	3	60	1		
84	1			92	3	62	5		
86	3			95	3	63	3		
87	1			97	3	64	1		
90	3			99	3	66	1		
92	1			100	3	68	1		
N		90		90		90			
$N_f$		34		30		44			
$\bar{k}_f$		2,65		3,00		2,05			
$\sigma_{k_f}^2$		8,1141		0		2,0909			
$N_{fo}$		99		99		99			
$N_e$		41,32		60,00		59,33			
IME (cm)		0,4443		0,3438		0,4167			
GS (%)		1,70		1,3171		1,5963			
Ef. (%)		29,22		---		21,20			
D		0,1617		0,3030		0,2986			

N: nº de indivíduos selecionados;  $N_f$ : nº de progênies selecionadas;  $k_f$ : nº de indivíduos selecionados por progênie;  $\bar{k}_f$ : nº médio de indivíduos selecionados por progênie;  $\sigma_{k_f}^2$ : variância do nº de indivíduos selecionados por progênie;  $N_{fo}$  = 99 (progênies do CCGMPT);  $N_e$ : tamanho efetivo; IME = Índice Multi-efeitos; GS: ganho na seleção; Ef.: eficiência do IME em relação à seleção entre e dentro de progênies; D: Diversidade genética.

#### 4.4. Caracterização genética com uso de marcadores moleculares

##### 4.4.1. Seleção de indivíduos para a caracterização molecular

A partir da seleção realizada pelo índice multi-efeitos, com base no DAP das plantas, foi possível selecionar os indivíduos para a caracterização molecular das progênies de *P. caribaea* var. *caribaea*, usando marcadores RAPD e SSR. Foram divididos em três grupos (subpopulações), de acordo com o índice multi-efeitos, sendo classificados como superiores, intermediários e inferiores. Nas discussões, ao se tratar de população, está se referindo ao conjunto das três subpopulações.

Foram selecionados os 36 indivíduos inferiores, os 50 intermediários (ao acaso), e os 36 superiores. Para melhor adaptação às amostragens de laboratório, utilizou-se: 30 inferiores, 36 intermediários e 30 superiores, deixando reservados os indivíduos extras em caso de alguma eventualidade. Os indivíduos selecionados estão na Tabela 25A do Apêndice.

Os genótipos observados por meio dos marcadores RAPD e SSR estão respectivamente nas Tabelas 26A e 27A do Apêndice.

##### 4.4.2. Marcador molecular RAPD

Foram realizados testes preliminares para a seleção de primers polimórficos, partindo de 48 primers potenciais de serem explorados (Quadro 5). O teste consistiu em realizar uma amostra composta (*bulk*) formado por cinco progênies e comparar com o fenótipo de um indivíduo, retirado ao acaso das subpopulações.

Dos 48 primers, seis apresentaram padrões RAPD polimórficos quando comparado um indivíduo aleatório com a mistura de progênies. Com base nestes resultados foram realizadas as análises de marcadores moleculares RAPD nas subpopulações de *P. caribaea* var. *caribaea*. Na Tabela 31 estão os códigos dos primers RAPD selecionados e o número de locos obtidos.

Foram identificados 28 locos RAPD em seis diferentes primers para todas as subpopulações. O número de locos por primer variou de três (primer AE18) a 6 (primers AD02 e AD14), e a média foi de 4,6 locos por primer. Esses números são semelhantes aos encontrados por Hicks et al. (1998), que amplificaram quatro locos por primer RAPD, trabalhando com *Pinus contorta* var. *latifolia*.



Tabela 31. Número de locos obtidos, com Primers RAPD, utilizados na caracterização molecular de *Pinus caribaea* var. *caribaea*.

<b>Primer (Operon)</b>	<b>Número de locos RAPD</b>
AD02	6
AD14	6
AE06	4
AE10	4
AE11	5
AE18	3
<b>Total</b>	28
<b>Média</b>	4,7 locos/primer

A seguir, estão apresentados os parâmetros genéticos obtidos a partir da análise genética por meio de marcadores molecular do tipo RAPD.

#### **a) Frequências Gênicas**

Na Tabela 32 estão as frequências alélicas (gênicas) obtidas para cada loco RAPD utilizado. As frequências gênicas foram estimadas assumindo que os locos encontram-se em EHW. Padronizaram-se os alelos pela sua frequência, sendo 1 e 2 o mais e menos frequente, respectivamente. A frequência dos alelos mais comuns variou de 0,2105 (alelo 1 do AE10/1100) a 0,8075 (alelo 1 do AD14/700), e de 0,1925 (alelo 2 do AD14/700) a 0,7895 (alelo 2 do AD10/1100). Observa-se que não houve fixação ou perda de alelos nos 28 locos estudados considerando a população de *P. caribaea* var. *caribaea*, quando se avaliada por locos RAPD.

Tabela 32. Frequência alélica de cada loco estudado com marcador RAPD, na população de *Pinus caribaea* var. *caribaea*.

Loco	Alelo	Freq. alelo	Loco	Alelo	Freq. alelo
AD02/700	1	0,3626	AE06/1000	1	0,7286
	2	0,6374		2	0,2714
AD02/800	1	0,4272	AE06/1300	1	0,6446
	2	0,5728		2	0,3554
AD02/1000	1	0,3269	AE10/600	1	0,4417
	2	0,6731		2	0,5583
AD02/1200	1	0,4697	AE10/900	1	0,6396
	2	0,5303		2	0,3604
AD02/1300	1	0,5670	AE10/1100	1	0,2105
	2	0,4330		2	0,7895
AD02/1400	1	0,6047	AE10/1400	1	0,3863
	2	0,3953		2	0,6137
AD14/600	1	0,3061	AE11/500	1	0,2579
	2	0,6939		2	0,7421
AD14/700	1	0,8075	AE11/650	1	0,3297
	2	0,1925		2	0,6703
AD14/800	1	0,7778	AE11/900	1	0,4892
	2	0,2222		2	0,5108
AD14/1200	1	0,3617	AE11/1100	1	0,3630
	2	0,6383		2	0,6370
AD14/1300	1	0,3914	AE11/1400	1	0,3406
	2	0,6086		2	0,6594
AD14/1400	1	0,6667	AE18/600	1	0,5398
	2	0,3333		2	0,4602
AE06/500	1	0,4288	AE18/1000	1	0,4261
	2	0,5712		2	0,5739
AE06/700	1	0,5647	AE18/1400	1	0,3402
	2	0,4353		2	0,6598

### b) Heterozigosidade

Os resultados de heterozigosidade foram obtidos das análises com os 28 locos RAPD, cujas estimativas estão na Tabela 33.

Os tamanhos da amostra média por loco nas subpopulações foram de 21,75, para indivíduos superiores, a 30,5 para indivíduos intermediários, sendo a variação existente por motivo do número diferente de indivíduos amostrados em cada subpopulação.

As porcentagens de locos polimórficos foram calculadas a 95 %, ou seja, quando o alelo mais freqüente não atingir valores com freqüência superior a 0,95. As heterozigosidades médias observadas e esperadas foram calculadas segundo Nei (1978).

Observa-se que as subpopulações apresentaram alta porcentagem de locos polimórficos, em maior intensidade para a subpopulação de indivíduos inferiores, e em menor intensidade os indivíduos superiores. Os valores de heterozigosidade média observada e esperada foram semelhantes. De maneira geral, a subpopulação de indivíduos inferiores mostrou maior variabilidade dos locos de RAPD, assim como maior heterozigosidade média observada ( $H_o$ ) e esperada ( $H_e$ ), que as subpopulações de indivíduos intermediários e superiores.

Tabela 33. Tamanho da amostra média por loco, % de locos polimórficos e heterozigosidade médias esperada e observada, para 6 locos, com marcador RAPD, na população de *Pinus caribaea* var. *caribaea*.

	População	Subpopulação		
		Inferiores	Interm.	Superiores
Tamanho da amostra média por loco	77,07	24,82	30,50	21,75
% de locos polimórficos (95%)	100,00	100,00	96,43	85,71
$H_o$	0,4496	0,4409	0,4273	0,3759
$H_e$	0,4526	0,4500	0,4346	0,3853

$H_o$ : heterozigosidade média observada;  $H_e$ : heterozigosidade média esperada.

Zheng e Ennos (1999), estudando a variabilidade genética e a estrutura genética de populações de *P. caribaea* var. *caribaea*, usando isoenzimas, encontraram valores de heterozigosidade de 0,35, que condizem com o presente trabalho. Os autores concluíram que o material genético apresentou elevado nível de variabilidade isoenzimática, ainda que comparado com a média das populações naturais desta variedade de heterozigosidade (0,272).

### c) Distância e Identidade Genética

As estimativas de distâncias genéticas foram obtidas considerando-se a presença de banda no loco como sendo os genótipos homocigotos dominantes e heterocigotos, e a ausência de banda foi interpretada como sendo o genótipo homocigoto recessivo. A matriz das distâncias e identidades genéticas entre os genótipos foram obtidas segundo Nei (1978), cujas estimativas estão na Tabela 34, e o dendograma baseado na distância genética de Nei (1978), construído pelo método UPGMA (Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages) está na Figura 2.

Tabela 34. Distâncias genéticas ( $\hat{D}$ ) e identidades genéticas ( $\hat{I}$ ) de Nei (1978) (diagonal inferior e superior, respectivamente) para três sub-populações de indivíduos de *Pinus caribaea* var. *caribaea* estimadas por locos RAPD.

Subpopulação	Inferiores	Intermediários	Superiores
Inferiores	-	0,9515	0,9390
Intermediários	0,0497	-	0,9564
Superiores	0,0629	0,0445	-

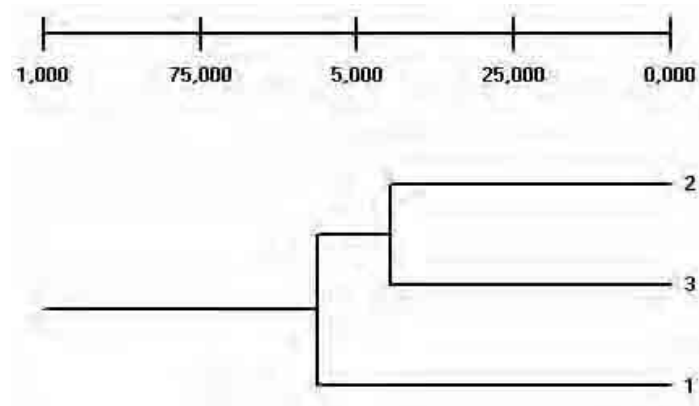


Figura 2. Dendrograma baseado na distância genética (Nei, 1978), pelo método UPGMA, entre as subpopulações de indivíduos 1 (inferiores), 2 (intermediários) e 3 (superiores), de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, baseado em marcadores RAPD.

As distâncias entre as subpopulações foram pequenas, conseqüentemente apresentando identidade genética alta. Os resultados de distância genética variaram de 0,0445 (intermediários x superiores) a 0,0629 (inferiores x superiores), e identidade genética variaram de 0,9390 (inferiores x superiores) a 0,9564 (intermediários x superiores).

O dendograma baseado nas distâncias genéticas (Nei, 1978) mostra que as subpopulações de indivíduos superiores (3) e intermediários (2) estão mais próximas geneticamente que a subpopulação de indivíduos inferiores (1). De modo geral, as distâncias entre as subpopulações foram pequenas, podendo ser consideradas uniformes.

#### **d) Estatística $F_{ST}$**

A estatística  $F_{ST}$  de Wright foi empregada com o objetivo de estudar a variabilidade genética de subpopulações de *P. caribaea* var. *caribaea*, que são provenientes de um pomar de sementes clonal do CCGMPT, Aracruz-ES. Os resultados obtidos da estatística  $F$  estão na Tabela 35.

Os valores de divergência genética entre progênies ( $F_{ST}$ ) obtidos variam de 0,3560 para o loco AD14/700, até -0,0206 para o loco AD02/800, com maior parte dos locos apresentando baixa variabilidade genética entre progênies, chegando a amplitudes negativas. O valor médio indica que a variabilidade genética dentro de progênies está próxima de zero ( $F_{ST} = 0,0619$ ).

Os resultados médios envolvendo três subpopulações de *P. caribaea* var. *caribaea* foram semelhantes aos obtidos por Zheng e Ennos (1999), trabalhando também com *P. caribaea* var. *caribaea*, que obtiveram  $F_{ST} = 0,020$  para populações melhorada, e  $F_{ST} = 0,272$  para populações naturais.

Tabela 35. Divergência genética entre progênies ( $F_{ST}$ ) para todos os alelos da população de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, estudados pelo marcador RAPD.

<b>Loco</b>	<b><math>F_{ST}</math></b>	<b>Loco</b>	<b><math>F_{ST}</math></b>
AD02/700	-0,0035	AE06/1000	0,1827
AD02/800	-0,0206	AE06/1300	0,0395
AD02/1000	0,0222	AE10/600	0,1173
AD02/1200	-0,0149	AE10/900	0,1863
AD02/1300	-0,0172	AE10/1100	0,0245
AD02/1400	0,0228	AE10/1400	0,0772
AD14/600	0,0143	AE11/500	-0,0088
AD14/700	0,3560	AE11/650	0,0973
AD14/800	0,1427	AE11/900	0,2759
AD14/1200	0,0273	AE11/1100	0,0781
AD14/1300	0,0478	AE11/1400	0,0686
AD14/1400	0,0255	AE18/600	0,0171
AE06/500	0,0066	AE18/1000	0,0030
AE06/700	0,0926	AE18/1400	0,0361
<b>Média</b>		0,0619	

#### 4.4.3. Marcador molecular Microssatélite (SSR)

Após os testes iniciais já descritos, foram selecionados primers que apresentaram comportamento polimórfico. Dos 20 primers testados, seis foram selecionados.

O próximo passo dos testes foi estabelecer as temperaturas de anelamento para cada primer. Foram testadas as temperaturas de anelamento 35°C, 48°C, 50°C, 51°C, 51,5°C e 52°C, para cada primer.

Os resultados dos testes de anelamento estão na Tabela 36. Com base nestes resultados foram realizadas as análises de marcadores SSR nas subpopulações de *P. caribaea* var. *caribaea*. Na Tabela 37 estão os códigos dos primers SSR selecionados, os tamanhos de locos esperados e observados, a seqüência dos primers forward (F) e reverse (R) e o número de alelos obtidos.

Tabela 36. Locos para os quais foram desenhados os primers microssatélite utilizados e temperatura de anelamento, para *Pinus caribaea* var. *caribaea*

<b>Loco SSR</b>	<b>Temperatura de anelamento</b>
PR 4.6	48°C
APC11	48°C
APC13	50°C
PtTX 2037	50°C
RPTest 01	48°C
RPTest 09	51°C

A forma de detecção dos produtos da amplificação é importante na validação da utilização de um determinado primer e terá influência direta no número de alelos observados. Observando a Tabela 37 pode-se notar que o número médio de alelos encontrados por loco foi de 3,67. Sobre esse assunto, Thomas et al. (1999), em estudo sobre o efeito de diferentes métodos de regeneração de florestas sobre a diversidade genética de *Pinus contorta* var. *latifolia* por meio de microssatélites e RAPD, verificaram a existência de correlação negativa entre o número de alelos observados para locos microssatélites e o comprimento da seqüência repetida.

Tabela 37. Locos para os quais foram desenhados os primers microssatélite utilizados, seqüência de cada loco, tamanhos dos locos esperados e obtidos na amplificação e o número de alelos observados, para *Pinus caribaea* var. *caribaea*

Loco	Seqüência	Tamanho esperado	Tamanho Observado	Número de alelos
PR 4.6	F: GAA AAA AAG GCA AAA AAA AGG AG R: ACC CAA GGC TAC ATA ACT CG	200	200-220	4
APC11	F: TCC CCTT TAG ATA GTT CAT GG R: GAT ATT GTC TTC GCT GT AG	160	145-160	4
APC13	F: TCA AGC CTA GTC AGT GTT AAG R: CCA AGA AAA CTC TAA GTG AGC	150	100-120	4
PtTX 2037	F: GCC TTT AGA TGA ATG AAC CAA R: TAA GCG GGA TAT TAT AGA GTT T	180	150-165	4
RPTest 01	F: GAT CGT TAT TCC TCC TGC CA R: TTC GAT ATC CTC CCT GCT TG	125	115-125	4
RPTest 09	F: CCA GAC AAC CCA AAT GAA GG R: GCC TGC TAT CGA ATC CAG AA	260	210-215	2
<b>Total</b>				22
<b>Média</b>			3,67 alelos/loco	

Seguem os parâmetros genéticos obtidos a partir da análise genética por meio de marcadores molecular do tipo SSR.

#### a) Frequências Gênicas

Para estimar a variabilidade genética das progênies de *P. caribaea* var. *caribaea* foram determinadas as frequências alélicas para cada loco polimórfico, nas três subpopulações e considerando toda a população. O alelo mais freqüente foi denominado de 1, e 2 o alelo de freqüência menor. Tais estimativas estão na Tabela 38.

Analisando as frequências alélicas, observa-se que na população, a freqüência dos alelos mais comuns variou de 0,5941 (alelo 1 do primer RPTest 09) a 0,9187 (alelo 1 do primer RPTest 01). Já para os alelos com menor freqüência a variação ficou entre 0,0437 (alelo 2 do primer RPTest 01) e 0,4059 (alelo 2 do primer RPTest 09).



Tabela 38. Frequência alélica de cada loco estudado com marcador SSR, na população e nas subpopulações de indivíduos: superiores, intermediários e inferiores, de *Pinus caribaea* var. *caribaea*.

Loco	Alelo	População	Subpopulações		
			Superiores	Interm.	Inferiores
PR 4.6	1	0,7247	0,6346	0,7571	0,7679
	2	0,1461	0,1923	0,1286	0,1250
APC11	1	0,7788	0,8409	0,6923	0,7647
	2	0,1635	0,1591	0,1923	0,1471
APC13	1	0,8765	0,7955	0,9000	0,9167
	2	0,0617	0,1591	0,0571	0,0833
PtTX 2037	1	0,9054	0,9318	0,8966	0,8913
	2	0,0541	0,0455	0,0690	0,0435
RPTest 01	1	0,9187	0,8913	0,8971	0,9783
	2	0,0437	0,0652	0,0588	0,0217
RPTest 09	1	0,5941	0,5192	0,6667	0,5352
	2	0,4059	0,4808	0,3333	0,4348

Na subpopulação de indivíduos superiores a variação das frequências alélicas foi de 0,5192 (alelo 1 do primer RPTest 09) a 0,9318 (alelo 1 do primer PtTX 2037), e conseqüentemente, nestes primers foram observadas a maior e a menor frequência alélica para o alelo 2.

Na subpopulação de indivíduos intermediários a variação das frequências alélicas para o alelo 1 foi de 0,6667 (primer RPTest 09) a 0,9000 (primer APC13), e para o alelo 2 de 0,0571 (primer APC13) a 0,3333 (primer RPTest 09).

Já na subpopulação de indivíduos inferiores, as frequências alélicas para o alelo 1 foram: de 0,5352 (primer RPTest 09) a 0,9783 (RPTest 01); e para o alelo 2 foi de 0,0217 (RPTest 01) a 0,4348 (RPTest 09).

## b) Heterozigosidade

As estimativas obtidas a respeito da heterozigosidade de progênies de *P. caribaea* var. *caribaea* por meio de marcadores SSR estão na Tabela 39.

As amostras tiveram tamanhos que variaram de 23,0 para indivíduos inferiores a 30,33 para indivíduos intermediários, sendo por motivo do número diferente de indivíduos amostrados em cada subpopulação, assim como nos marcadores RAPD.

As porcentagens de locos polimórficos foram calculadas a 95%, ou seja, quando o alelo mais freqüente não atingir valores com freqüência superior a 0,95. A respeito da porcentagem de locos polimórficos, observa-se que as subpopulações apresentaram alto polimorfismo. Os valores de heterozigidade média observada e esperada tiveram valores semelhantes. A variabilidade existente na subpopulação de indivíduos superiores mostrou-se ligeiramente maior que as apresentadas pelas subpopulações de indivíduos intermediários e inferiores.

Furlan (2003) detectou decréscimo no número médio de alelos por loco no decorrer de cada etapa do melhoramento aplicado em *P. caribaea* var. *hondurensis*, sendo resultado da seleção aplicada visando a produção de madeira. O autor estudou a população base, assim como as matrizes selecionadas e a primeira geração melhorada.

Tabela 39. Tamanho da amostra média por loco, número médio de alelos por loco, % de locos polimórficos e heterozigidade média esperada e observada, para 6 locos, com marcador SSR, na população de *Pinus caribaea* var. *caribaea*.

	População	Subpopulação		
		Superiores	Interm	Inferiores
Tamanho da amostra média por loco	76,83	23,50	30,33	23,00
Número médio de alelos por loco	3,49	1,06	1,38	1,05
% de locos polimórficos (95%)	100	100,00	100,00	83,33
H <sub>o</sub>	0,3535	0,3725	0,3690	0,3430
H <sub>e</sub>	0,3095	0,3363	0,3207	0,2840

H<sub>o</sub>: heterozigidade média observada; H<sub>e</sub>: heterozigidade média esperada.

Na Tabela 40 estão os números de genótipos observados e esperados, as estimativas do teste qui-quadrado ( $X^2$ ) e a probabilidade das frequências estarem em equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW), para a população e as subpopulações estudadas.

Os valores obtidos da probabilidade do EHW foram baixos, para a maior parte dos locos estudados nas três subpopulações e na população, o que significa que não estão em EHW. Conforme relata Griffiths et al. (2002), citado por Furlan (2003), espera-se desvios do EHW em populações melhoradas, onde ocorreu seleção e deriva genética. A presente população foi submetida a seleção.

A maior significância do teste  $X^2$  considerando o loco RPTest 01 foi observada na população ( $X^2= 0,6257$ ,  $p= 0,4289$ ) e na subpopulação inferior ( $X^2= 0,0114$ ,  $p=0,9151$ ). Já o loco PtTX 2037 proporcionou alta significância do teste  $X^2$  nas subpopulações intermediária ( $X^2= 0,3861$ ,  $p= 0,5344$ ) e superior ( $X^2= 0,1178$ ,  $p= 0,7314$ ). Dos demais locos, somente o PR 4.6 teve baixas significâncias, alcançando  $p= 0,0003$  na população, ou seja, entre os seis primers estudados, apenas um conferiu frequências alélicas em equilíbrio.

### **c) Distância e Identidade Genética**

A matriz das distâncias e identidades genéticas entre os genótipos estão na Tabela 41, e o dendograma baseado na distância genética de Nei (1978), construído pelo método UPGMA (Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages) está na Figura 3.

O estudo da distância e da identidade genética (Nei, 1978) entre as subpopulações estudadas com marcadores SSR teve resultados semelhantes aos obtidos no estudo com locos RAPD. As distâncias genéticas foram baixas, apresentando identidade genética alta.

Os resultados de distância genética variaram de -0,0042 (inferiores x intermediários) a 0,0070 (intermediários x superiores), e identidade genética variaram de 1,0042 (inferiores x intermediários) a 0,9931 (intermediários x superiores). A amplitude da variação tanto para a distância genética quanto para a identidade genética foi pequena.

Tabela 40. Teste qui-quadrado ( $X^2$ ) para o Equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW) dos locos microsatélite estudados, na população de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, e nas subpopulações de indivíduos: superiores, intermediários e inferiores.

Loco	Tipo	População			Subpopulações								
		n° obs.	n° esp.	$X^2$	Inferior			Intermediária			Superior		
					n° obs.	n° esp.	$X^2$	n° obs.	n° esp.	$X^2$	n° obs.	n° esp.	$X^2$
PR 4.6	11	40	46,74	12,84	15	16,51	2,56	18	20,06	3,60	7	10,47	8,62
	1*	49	35,51	( $3 \times 10^{-4}$ )	13	9,98	(0,11)	17	12,87	(0,06)	19	12,06	( $3 \times 10^{-3}$ )
	**	0	6,74		0	1,51		0	2,06		0	3,47	
APC 11	11	29	31,54	4,19	9	9,94	1,61	5	6,23	2,57	15	15,56	0,79
	1*	23	17,91	(0,04)	8	6,12	(0,20)	8	5,54	(0,11)	7	5,89	(0,37)
	**	0	2,54		0	0,94		0	1,23		0	0,56	
APC 13	11	61	62,23	1,61	20	20,17	0,20	28	28,35	0,43	13	13,92	1,45
	1*	20	17,53	(0,20)	4	3,67	(0,66)	7	6,30	(0,51)	9	7,16	(0,23)
	**	0	1,23		0	0,17		0	0,35		0	0,92	
PtTX 2037	11	60	60,66	0,81	18	18,27	0,34	23	23,31	0,39	19	19,10	0,12
	1*	14	12,68	(0,37)	5	4,46	(0,56)	6	5,38	(0,53)	3	2,80	(0,73)
	**	0	0,66		0	0,27		0	0,31		0	0,10	
RPTest 01	11	67	67,53	0,63	22	22,01	0,01	27	27,36	0,45	18	18,27	0,34
	1*	13	11,94	(0,43)	1	0,98	(0,92)	7	6,28	(0,50)	5	4,46	(0,56)
	**	0	0,54		0	0,01		0	0,36		0	0,27	
RPTest 09	11	28	30,00	0,81	5	7,35	3,97	15	16,00	0,56	8	7,01	0,61
	1*	45	40,99	(0,38)	16	11,30	(0,05)	18	16,00	(0,45)	11	12,98	(0,44)
	**	12	14,00		2	4,35		3	4,00		7	6,01	

$X^2$  = teste qui-quadrado; <sup>(1)</sup> significância do teste  $X^2$ ; 11 = número de homozigotos para o alelo mais comum; 1\* = número de heterozigotos compostos pelos alelos mais comum e raro; \*\* = número de homozigotos para o alelo raro e outros heterozigotos.

Tabela 41. Distâncias genéticas ( $\hat{D}$ ) e identidades genéticas ( $\hat{I}$ ) de Nei (1978) (diagonal inferior e superior, respectivamente) para três sub-populações de indivíduos de *Pinus caribaea* var. *caribaea* estimadas por locos SSR.

Subpopulação	Inferiores	Intermediários	Superiores
<b>Inferiores</b>	-	1,0042	0,9987
<b>Intermediários</b>	-0,0042	-	0,9931
<b>Superiores</b>	0,0013	0,0070	-

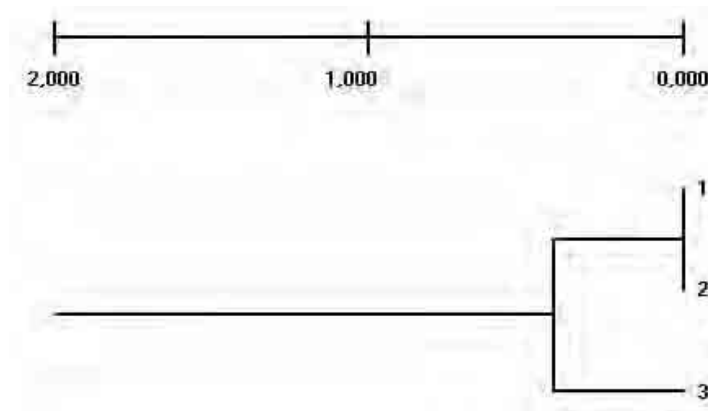


Figura 3. Dendrograma baseado na distância genética (Nei, 1978), pelo método UPGMA, entre as subpopulações de indivíduos 1 (inferiores), 2 (intermediários) e 3 (superiores), de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, baseado em marcadores SSR.

O dendrograma baseado nas distâncias genéticas (Nei, 1978) mostra que as subpopulações de indivíduos inferiores (1) e intermediários (2) estão mais próximas geneticamente que a subpopulação de indivíduos superiores (3). De modo geral, as distâncias entre as subpopulações foram pequenas, podendo ser consideradas uniformes, como observado nos resultados obtidos por marcador RAPD.

#### **d) Estatísticas F**

As análises das estatísticas F, a partir dos índices de fixação total ( $F_{IT}$ ), entre ( $F_{ST}$ ) e médio dentro as populações ( $F_{IS}$ ), para todos os alelos para a população de *P. caribaea* var. *caribaea*, estão na Tabela 42.

De acordo com as estatísticas F, existe fixação de alelos dentro de populações analisando a média de todos os locos. Observou-se que da fixação de alelos total ( $F_{IT} = -0,1403$ ), a fixação entre populações foi próxima de zero ( $F_{ST} = 0,0075$ ), além de ser observado que existe excesso de heterozigotos ( $F_{IS} = -0,1489$ ), ou seja, a seleção realizada no teste de progênies está favorecendo os indivíduos heterozigotos em detrimento dos homozigotos. O loco RPTest 09 detectou o maior índice de fixação de alelos dentro de populações ( $F_{IS} = -0,1664$ ), sendo os demais com valores próximos a este.

As duas técnicas de marcadores moleculares utilizadas no presente trabalho detectaram fixação de alelos entre populações próximas de zero, ou seja, maior parte da

variação existente está dentro de progênies. O excesso de heterozigotos ocorreu provavelmente como resultado de seleção realizada pelo índice multi-efeitos com base no caráter DAP. A respeito da diversidade genética, esta foi mantida, mesmo com a seleção de indivíduos superiores, intermediários e inferiores.

Tabela 42. Índices de fixação total ( $F_{IT}$ ), entre ( $F_{ST}$ ) e dentro as populações ( $F_{IS}$ ), para todos os alelos da população de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, estudados pelo marcador SSR.

Loco	F	ALELO				Média
		1	2	3	4	
PR 4.6	$F_{IT}$	-0,3681	-0,0933	-0,0410	-0,1669	-0,1109
	$F_{ST}$	0,0151	-0,0002	-0,0165	-0,0036	0,0084
	$F_{IS}$	-0,3891	0,0930	-0,0241	-0,1628	-0,1203
APC 11	$F_{IT}$	-0,2705	-0,0254	-0,1947	0,0003	-0,1246
	$F_{ST}$	0,0105	0,0442	-0,0216	0,0009	0,0087
	$F_{IS}$	-0,2840	-0,0728	-0,1694	-0,0006	-0,1345
APC 13	$F_{IT}$	-0,1273	-0,0641	-0,0007	-0,0041	-0,1491
	$F_{ST}$	0,0192	-0,0124	0,1265	0,0064	0,0038
	$F_{IS}$	-0,1494	-0,0510	-0,1457	-0,0105	-0,1535
PtTX 2037	$F_{IT}$	-0,1027	-0,0558	-0,107	-0,0254	-0,1476
	$F_{ST}$	-0,0136	-0,0157	-0,0116	-0,0132	0,0097
	$F_{IS}$	-0,0879	-0,0395	0,0008	-0,0121	-0,1589
RPTest 01	$F_{IT}$	-0,0778	-0,0359	-0,0378	-0,0569	-0,1478
	$F_{ST}$	0,0119	0,0102	-0,0147	0,0052	0,0077
	$F_{IS}$	-0,0908	-0,0466	-0,0228	-0,0624	-0,1567
RPTest 09	$F_{IT}$	-0,0881	-0,0881	-	-	-0,1588
	$F_{ST}$	-0,0102	0,0102	-	-	0,0065
	$F_{IS}$	-0,0993	-0,0993	-	-	-0,1664
Média	$F_{IT}$	-	-	-	-	-0,1403
	$F_{ST}$	-	-	-	-	0,0075
	$F_{IS}$	-	-	-	-	-0,1489

## 5. CONCLUSÕES

As progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea* apresentam bom desenvolvimento na região de Selvíria-MS, podendo ser recomendado para plantios comerciais na região;

A variabilidade genética para os caracteres estudados foi baixa, sendo que maior parte da variabilidade foi encontrada em nível de indivíduos. Dessa forma, qualquer progênie pode ser utilizada sem diferenças expressivas;

O desbaste dos piores indivíduos, dentro de progênies, abriu perspectivas para a exploração deste teste de progênies como um Pomar de Sementes por Mudanças e/ou Clonal, e manteve a variabilidade existente em nível de indivíduos;

As maiores estimativas de herdabilidade para os caracteres estudados foram obtidas em nível de média de progênies. De modo geral, todas as estimativas de herdabilidades foram de baixa magnitude e apresentaram pouca variação com o tempo;

As correlações entre os caracteres DAP, altura e volume foram altas, e em relação à densidade básica da madeira e forma foram baixas. A análise do Coeficiente de Trilha foi útil para esclarecer a natureza das correlações existentes entre os vários caracteres estudados, sendo que o volume é determinado em grande parte pela altura, tendo o DAP uma participação secundária;

A obtenção da distância generalizada de Mahalanobis e o agrupamento pelo método de Tocher, forneceram informações úteis em futuros programas de melhoramento que utilizem hibridação e/ou retrocruzamento;

A seleção pelo índice multi-efeitos aplicada ao caráter DAP, dois anos após o desbaste (Situação E), propicia maiores ganhos que a seleção entre e dentro de progênies, sendo recomendado selecionar, no máximo, cinco indivíduos por progênie, com a finalidade de permitir maiores ganhos e manter a diversidade genética próxima de uma seleção entre e dentro de progênies.

Com o estudo das progênies por marcadores moleculares RAPD e microssatélite, foi possível verificar que a diversidade genética dentro de progênies foi mantida, mesmo com a seleção intensa em subpopulações de indivíduos inferiores, intermediários e superiores.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALLARD, E.W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Blücher, 1971. 381p.
- AI-RABAB, M.A.; WILLIAMS, C.G. Population dynamics of *Pinus taeda* L. based on nuclear microsatellites. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v.163, p.263-271, 2002.
- ASSIS, T. F. Aspectos do melhoramento de *Eucalyptus* para a obtenção de produtos sólidos da madeira. **WORKSHOP: Técnicas de abate, processamento e utilização da madeira de eucalipto**, Viçosa, 1999. p.61-72.
- BALLARIN, A.W.; PALMA, H.A.L. Propriedades de resistência e rigidez da madeira juvenil e adulta de *Pinus taeda* L. **Revista Árvore**, Viçosa, v.27, n.3, p.371-380, 2003.
- BARRICHELO, L.E.G. *Pinus caribaea* var. *hondurensis* – principais características da madeira sob o ponto de vista tecnológico. **Circular Técnica**. Piracicaba: Instituto de Pesquisas Florestais, n.85, 1980. 10p.
- BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: UFV, 1997. 547p.
- CAMARGO, M. L. P., **Análise, utilizando marcadores microsatélites, da paternidade de indivíduos selecionados em famílias de meio-irmãos de *Eucalyptus grandis***. Botucatu, 2001. 56p. Dissertação (Mestrado) - Faculdade de Ciências Agrônômicas, Universidade Estadual paulista “Júlio de Mesquita Filho”.
- CARON NETO, M. O manejo de *Pinus* em função das perspectivas do mercado de toras. In: **1º SIMPÓSIO LATINO-AMERICANO SOBRE MANEJO FLORESTAL**. Santa Maria-RS, p.149-162. 2000.
- CHUDNOFF, M. Tropical Timbers of the World. **Agriculture Handbook**, Washington: USDA Forest Service, n.607, 1984. 466p.
- CONABIO. COMISIÓN NACIONAL PARA EL CONOCIMIENTO Y USO DE LA BIODIVERSIDAD. *Pinus caribaea*. Disponível em: [http://www.conabio.gob.mx/conocimiento/info\\_especies/arboles/doctos/55-pinac2m.pdf](http://www.conabio.gob.mx/conocimiento/info_especies/arboles/doctos/55-pinac2m.pdf)  
Acesso em: 30 set. 2004.
- COSTA, R. B. da. **Métodos de seleção, interação genótipo x ambiente e ganho genético para o melhoramento de seringueira no Estado de São Paulo**. Curitiba – UFPR, 1999. 145p. Tese (Doutorado) - Universidade Federal do Paraná.
- CRONQUIST, A.; TAKHTAJAN, A.; ZIMMERMANN, W. On the higher taxa of embryobionta. **Taxon**, v.15, p.129-134, 1966.



- CRUZ, C.D. **Programa GENES: versão Windows, aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa, UFV, 2001. 648p.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, v.2, 2003, 585p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2ed, 2001. 390p.
- DEMATTÊ, J.L.I. **Levantamento detalhado dos solos do Câmpus experimental de Ilha Solteira**. Piracicaba, ESALQ/USP, 1980. 114p. (mimeografado).
- DIAS, L.A. **Divergência genética e fenética multivariada na predição de híbridos e preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.)**. Piracicaba, 1994. 94p. Tese (Doutorado) Escola Superior de Agricultura “Luis de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- 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: UFV, 1998. p.405-475.
- DOYLE, J. J., DOYLE, J. L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. **Phytochem Bull**, n.19, p.11-15, 1987.
- ECHE, C.S., MAY-MARQUARDT, P., HSEIH, M., ZAHORCHAK, R. Characterization of microsatellite markers in eastern white pine. **Genome**, Ottawa, v.39, p.1102-1108, 1996.
- ELSIK, C.G.; WILLIAMS, C.G. Low-copy microsatellite recovery from a conifer genome. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.103, p.1189-1195, 2001.
- EMBRAPA: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Rio de Janeiro: EMBRAPA/CNPQ, 1999. 412p.
- ETTORI, L.C.; SATO, A.S.; SHIMIZU, J.Y. Variação genética em procedências e progênes mexicanas de *Pinus maximinoi*. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v.16, n.1, p.1-9, 2004.
- FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Trad. M. A. SILVA, J. C. SILVA. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1981. 279p.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279p.
- FELKENHAGEN, E.R. Isoenzyme studie in provenance research of forest trees. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.69, p.335-347, 1985.
- FERREIRA, M.; SANTOS, P.E.T. Melhoramento genético florestal dos *Eucalyptus* no Brasil – breve histórico e perspectivas. **IUFRO Conference on Silviculture and Improvement of Eucalyptus**. Salvador, n.24-25, p.14-35, 1997.
- FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 2ed. Brasília: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, 220p. 1996.
- FIER, I.S.N.; KIKUTI, P. Perspectivas para a utilização de espécies de *Pinus* spp. Do México e América Central na região de Telêmaco Borba-PR. In: CONGRESSO FLORESTAL

- PANAMERICANO, 1. CONGRESSO FLORESTAL BRASILEIRO, 7, 1993, Curitiba. **Anais...** São Paulo: SBS, SBEF, v.1, 1993. p.139-143.
- FONSECA, S.M.; KAGEYAMA, P.Y. Melhoramento genético face à produção de resina. **Circular Técnica**. Piracicaba: Instituto de Pesquisas Florestais, n.36, 1978. 13p.
- FRANCIS, J.K. *Pinus caribaea* morelet. **Caribbean pine**. New Orleans: Department of Agriculture, Forest Service, Southern Forest Experiment Station. 1992. 10p.
- FURLAN, R.A. **Variabilidade genética em programa de melhoramento de *Pinus caribaea* Morelet var. *hondurensis* Barret & Golfari por meio de microssatélites**. Botucatu, 2003. 62p. Dissertação (Mestrado) – Instituto de Biociências, Câmpus de Botucatu, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”.
- GAIOTTO, F.A. **Inferência sobre herança quantitativa e estrutura genética em populações naturais de *Euterpe edulis* Mart, utilizando marcadores microssatélites**. Piracicaba, 2001. 122p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- GRATTAPAGLIA, D.; SEDEROFF, F.F. Genetic linkage maps of *Eucalyptus grandis* and *E. urophylla* using a pseudo-testcross mapping strategy and RAPD markers. **Genetics**, Austin, v.137, p.1121-1137, 1994.
- GURGEL GARRIDO, L.M.A.; KAGEYAMA, P.Y. Alterações nas estimativas dos parâmetros genéticos de produção de resina de *Pinus elliottii* Engelm var. *elliottii* em consequência de desbastes. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v.5, n.2, p.123-131, 1993.
- GURGEL GARRIDO, L.M.A.; ROMANELLI, R.C.; GARRIDO, M.A.O. Variabilidade genética de produção de resina, DAP e altura em *Pinus caribaea* Mor. var. *bahamensis* Barr et Golf. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v.8, p.89-98, 1996.
- HARDING, K.J.; KANOWSKI, P.J.; WOOLASTON, R.R. Preliminary genetic parameter estimates for some wood quality traits of *Pinus caribaea* var. *hondurensis* in Queensland, Australia. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v.40, n.3/4, p.152-156, 1991.
- HERNANDEZ, F.B.T.; LEMOS FILHO, M.A.F.; BUZETTI, S. **Software HIBRISA e o balanço hídrico de Ilha Solteira. Ilha Solteira**, UNESP/FEIS/Área de Hidráulica e Irrigação, 1995. 45p. (UNESP/FEIS/Área de Hidráulica e Irrigação. Série Irrigação, 1).
- HICKS, M., ADAMS, D., O'KEEFE, S., MACDONALD, E., HODGETTS, R. The development of RAPD and microsatellite markers in lodgepole pine (*Pinus contorta* var. *latifolia*). **Genome**, Ottawa, v.41, p.797-805, 1998.
- HOULE, D. Comparing evolvability and variability of quantitative traits. **Genetics**, Austin, n.30, p.195-204, 1992.
- JONES, R.C.; STEANE, D.A.; POTTS, B.M.; VAILLANCOURT, R.E. Microsatellite and morphological analysis of *Eucalyptus globules* populations. **Canadian Journal of Forest Research**, Ottawa, n.32, p.59-66, 2002.

- KAGEYAMA, P.Y. Variação da densidade básica da madeira de árvores superiores de *Pinus taeda*. Boletim Informativo, **IPEF**, Piracicaba, v.6, n.18, p.15-19, 1978.
- KAGEYAMA, P.Y.; DIAS, I.S. Aplicação da genética em espécies florestais nativas. In: CONGRESSO NACIONAL SOBRE ESSÊNCIAS NATIVAS, 1982, Campos do Jordão. **Anais...** Silvicultura em São Paulo, São Paulo, 1982, 16A, p.782-791. Pt.2.
- KAGEYAMA, P.Y.; SPELTS, R.M.; SILVA, A.P., et al. Variação genética entre e dentro de progênies de *Pinus patula* Schiede e Deppe na região de Telêmaco Borba-PR. Boletim Informativo, **IPEF**, Piracicaba, n.15, p.21-39, 1977a.
- KAGEYAMA, P.Y.; VENCOVSKY, R.; FERREIRA, M.; NICOLIELO, N. Variação genética entre procedências de *Pinus oocarpa* Schiede na região de Agudos – São Paulo. Boletim Informativo, **IPEF**, Piracicaba, v.14, p.77-120, 1977b.
- KAYA, Z.; NEALE, D. B. Random amplified polymorphic DNA (RAPD) polymorphism in *Pinus nigra* subsp. *pallasiana* and *Pinus brutia*. Doga, **Turk Tarim ve Ormancilik Dergisi**, v.17, p.295-306, 1993.
- KINLAW, C.S.; NEALE, D.B. Complex gene families in pine genomes. **Trends Plant Science**, v.2, p.356–359, 1997.
- KUNG, F. H. Adjustment and interpretation of progeny tests when only the best tree in each plot is measured. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v.26, n.2/3, p.117-119, 1977.
- LAMBERTH, C.C.; GLADSTONE, W.I. Statistical efficiency of row and non-contiguous family plots in genetic test of Loblolly pine. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v.32, p.24-28, 1983.
- LANTZ, C.W. *Pinus caribaea* cone maturation in Puerto Rico. In: **Proceedings of the 17th Southern forest tree improvement conference**. Athens: Southern Forest Tree Improvement Committee, p.30-33. 1983.
- LEONARDECZ NETO, E. **Variação genética e métodos de seleção em progênies Sul-africanas de *Pinus patula* (Schiede & Deppe)**. Curitiba, 1998. 71p. Dissertação (Mestrado) – Pós-Graduação em Genética, Setor de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Paraná.
- LIBBY, W.J.; COCKERHAN, C.C. Random noncontiguous plots in interlocking field layouts. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v.29, p.183-190, 1980.
- LITT, M.; LUTY, J.A. A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. **The American Journal of Human Genetics**, Chicago, v.44, p.398-401, 1989.
- LITTLE JUNIOR, E.L.; WOODBURY, R.O.; WADSWORTH, F.H. Trees of Puerto Rico and the Virgin Islands. **Agriculture Handbook**. Washington, Department of Agriculture, v.2, p.1974. 1024p.

- LLERAS, E. Conservação de recursos genéticos florestais. In: CONGRESSO NACIONAL SOBRE ESSÊNCIAS NATIVAS, 2, 1992, São Paulo. **Anais...** Revista do Instituto Florestal, São Paulo, 1992, n.4, p.1179-1184. Pt.4.
- LOUZADA, J.L.P.C. Genetic correlations between wood density components in *Pinus pinaster* Ait. **Annual Forest Science**, v.60, p.285-294, 2003.
- MAGNUSSEN, S. Growth differentiation in white spruce crop tree progenies. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v.42, n.4-5, p.258-266, 1993.
- MAGNUSSEN, S.; YEATMAN, C.W. Adjusting for interrow competition in Jack pine provenance trial. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v.36, n.5/6, p.206-214, 1987.
- MARIETTE, S.; CHAGNE, D.; LEZIER, C.; PASTUSZKA, P.; RAFFIN, A.; PLOMION, C.; KREMER, A. Genetic diversity within and among *Pinus pinaster* populations: comparison between AFLP and microsatellite markers. **Heredity: An International Journal of Genetics**, London, v.86, p.469-479, 2001.
- MARTINI, S.L.; ENGEL, V.L. **Relatório final de implantação do centro de Conservação Genética e Melhoramento de Pinheiros tropicais (CCGMPT)**. Piracicaba: IPEF, 1985. 60p.
- MISSIO, R.F. **Variação genética em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var. *bahamensis***. Ilha Solteira, 2004. 129p. Dissertação (Mestrado) - Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”.
- MISSIO, R.F.; CAMBUIM, J.; MORAES, M.L.T.; PAULA, R.C. Seleção simultânea de caracteres em progênies de *Pinus caribaea* var. *bahamensis*. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v.66, p.161-168, 2004.
- MORAES, M.L.T. **Variação genética e aplicação da análise multivariada em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var. *hondurensis* Barret e Golfari**. Ilha Solteira, 2001. 124p. Tese (Livre-docência) – Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”.
- MORI, E.S. **Variabilidade genética isoenzimática em uma população de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden submetida a diferentes intensidades de seleção**. Piracicaba, 1993. 119p. Tese (Doutorado) em Genética – Escola Superior de Agricultura “Luis de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- MOURA, V.P.G.; DVORAK, W.S. Provenance and family variation of *Pinus caribaea* var. *hondurensis* from Guatemala and Honduras, grown in Brazil, Colombia and Venezuela. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.36, n.2, p.225-234, 2001.
- MOURA, V.P.G.; DVORAK, W.S.; NOGUEIRA, M.V.P. Variação da densidade básica da madeira, volume e matéria seca do tronco de *Pinus tecunumanii*, procedência de Mount Pine

- Ridge, Belize, em Planaltina, Distrito Federal, Brasil. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n.53, p.7-14, 1998.
- MOURA, V.P.G.; PARCA, M.L.S.; SILVA, M.A. Variação da densidade básica da madeira de espécies e procedências de pinus centro-americanas em três locais na região dos cerrados. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n.22/23, p.29-44, 1991.
- MOURA, V.P.G; VALE, A.T. Variabilidade genética na densidade básica da madeira de *Pinus tecunumanii* procedente do México e da América Central, no cerrado. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n.62, p.104-113, 2002.
- NEI, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. **Genetics**, Austin, v.89, p.583-590, 1978.
- NEI, M. Genetic distance between populations. **American Naturalist**, v.106, p.283-292, 1972.
- NIETO, V.M.; RODRIGUEZ, J. *Pinus caribaea* Morelet. In: VOZZO, J.A. **Tropical Tree Seed Manual**. Part II. Species Descriptions, USDA Forest Service, 2003, p.609-611.
- OLIVEIRA, A.L. **Análises genéticas e identificação de marcadores RAPD ligados à resistência da soja ao *Heterodera glycines*, raça 3**. Botucatu, 1997. 52p. Tese (Doutorado) - Faculdade de Ciências Agrônômicas, Universidade Estadual paulista “Júlio de Mesquita Filho”.
- PARIS, A. **Caracterização molecular de clones de *Eucalyptus* sp**. Botucatu, 2000. 90p. Dissertação (Mestrado) – Faculdade de Ciências Agrônômicas, Universidade Estadual paulista “Júlio de Mesquita Filho”.
- PETERS, R. Tablas de volumen para las espécies coníferas de Guatemala. **Documento de Trabajo**. Guatemala: Instituto Nacional Florestal, n.17, 1977. 162p.
- PINTO JÚNIOR, J.E. **REML/BLUP para a análise de múltiplos experimentos, no melhoramento genético de *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden**. Curitiba. 2004. 113p. Tese (Doutorado em Agronomia) - Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná.
- PINTO JÚNIOR, J.E.; KAGEYAMA, P.Y.; JACOB, W.S. Centro de Conservação Genética e Melhoramento de Pinheiros Tropicais – CCGMPT – Desenvolvimento do Programa. **Circular Técnica IPEF**, Piracicaba, n.51, p.1-9, 1979.
- PLUMPTRE, R.A. *Pinus caribaea*: wood properties. **Tropical Forestry Pap. 17**. Oxford: University of Oxford, Commonwealth Forestry Institute, v.2, 1984. 148p.
- RESENDE, M.D.V. Delineamento de experimentos de seleção para maximização da acurácia seletiva e do progresso genético. **Revista Árvore**, Viçosa, v.19, n.4, p.479-500, 1995.
- RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: EMBRAPA Informação Tecnológica, 2002a. 975p.

- RESENDE, M.D.V. Melhoramento genético de essências florestais. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, p.589-647, 1999a.
- RESENDE, M.D.V. **Predição de valores genéticos, componentes de variância, delineamentos de cruzamentos e estrutura de populações no melhoramento florestal**. Curitiba, 1999b. 434p. Tese (Doutorado) Universidade Federal do Paraná.
- RESENDE, M.D.V. **Software SELEGEN - REML/BLUP**. Colombo. EMBRAPA – CNPF, 2002b. (Série documentos, 77). 67p.
- RESENDE, M.D.V.; ARAÚJO, A.J.; SAMPAIO, P.T.B.; WIECHETECH, M.S.S. Acurácia seletiva, intervalos de confiança e variâncias de ganhos genéticos associados a 22 métodos de seleção em *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Revista Floresta**, Curitiba, v.24, n.1/2, p.35-45, 1995.
- RESENDE, M.D.V.; HIGA, A.R. Estimação de valores genéticos no melhoramento de *Eucalyptus*: seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e seus parentes. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n.28/29, p.11-36, 1994a.
- RESENDE, M.D.V.; HIGA, A.R. Maximização da eficiência da seleção em testes de progênies de *Eucalyptus* através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n.28/29, p.37-55, 1994b.
- RIBEIRO, M.M.; MARIETTE, S.; VENDRAMIN, G.G.; SZMIDT, A.; PLOMION, C.; KREMER, A. Comparison of genetic diversity estimates within and among populations of maritime pine using chloroplast simple-sequence repeat and amplified fragment length polymorphism data. **Molecular Ecology**, Oxford, v.11, p.869-877, 2002.
- ROMANELLI, R.C. **Variabilidade genética para produção de resina associada às características de crescimento de uma população de *Pinus elliottii* var. *elliottii* Engelm. na região de Itapetininga–SP**. Piracicaba, 1988. 101p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- 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 do Instituto Florestal**, São Paulo, v.16, n.1, p.11-23, 2004.
- ROSA, P.R.F. **Teste de procedência de *Pinus oocarpa* Schiede em três regiões do Estado de São Paulo**. Jaboticabal, 1981. 79p. Dissertação (Mestrado) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária de Jaboticabal, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”.
- SAMPAIO, P.T.B.; KAGEYAMA, P.Y.; FERREIRA, M. Genetic conservation and breeding strategy of *Pinus caribaea* Morelet: results progeny trials establish in Brazil and in Argentina. In: DIETERS, M.J.; MATHESON, A.C.; NICKLES, D.G.; HARDWOOD, C.E.; WALKER, S.M.

- (Ed.) **Tree improvement for sustainable tropical forestry: proceedings of the QFRI – IUFRO Conference**, Caloundra, 1996. Gympie: DPI, CSIRO, v.2, p.338-341, 1996.
- SAMPAIO, P.T.B.; RESENDE, M.D.V.; ARAÚJO, A.J. Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.11, p.2243-2253, 2000a.
- SAMPAIO, P.T.B.; RESENDE, M.D.V.; ARAÚJO, A.J. Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus oocarpa* Schiede. In: **SIMPÓSIO NACIONAL DE RECUPERAÇÃO DE ÁREAS DEGRADADAS: Silvicultura Ambiental**. Blumenau: SOBRADE, 2000b. (CD-ROM).
- SANTOS, P.E.T.; MARTINI, S.L.; SANTOS, M.M.F.B. Centro de Conservação Genética e Melhoramento de Pinheiros Tropicais. **Circular Técnica IPEF**, Piracicaba, n.161, p.1-5, 1988.
- SANTOS, P.E.T.; SCANAVACA JÚNIOR, L.; FERREIRA, M. Subsídios para aplicação do melhoramento genético visando a qualidade da madeira de *Pinus*. In: **ANAIS DO WORKSHOP “QUALIDADE DA MADEIRA EM *Pinus*”**, Piracicaba, 1992. Série Técnica do IPEF, Piracicaba, v.9, n.27, p.1-29, 1993.
- SEBBENN, A.M.; PIRES, C.L.S.; STORCK, L.; CUSTÓDIO FILHO, A.; ROSA, P.R.F. Variação genética em progênies de meios-irmãos de *Pinus caribaea* Mor. var. *bahamensis* Bar.et Gol. na região de Bebedouro, SP. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v.6, p.63-73, 1994.
- SHIMIZU, J.Y. ***Pinus na silvicultura brasileira***. Disponível em: <<http://www.cnpf.embrapa.br>> Acesso em: 30 set. 2004.
- SHIMIZU, J.Y.; KAGEYAMA, P.Y.; HIGA, A.R. **Procedimentos e recomendações para estudos de progênies de essências florestais**. (Documento nº11). Curitiba: EMBRAPA-URPFCS, 1982. 33p.
- 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.
- SHIMOYANA, V.R.S.; WIECHETECK, M.S.S. Características da madeira e da pasta termomecânica de *Pinus patula* var. *tecunumanii* para produção de papel imprensa. In: **ANAIS DO WORKSHOP “QUALIDADE DA MADEIRA EM *Pinus*”**, Piracicaba, 1992. Série Técnica do IPEF, Piracicaba, v.9, n.27, p.63-80, 1993.
- SHIMOYANA, V.R.S.; WIECHETECK, M.S.S. Características da madeira e da pasta termomecânica de *Pinus patula* var. *tecunumanii* para produção de papel imprensa. In: **ANAIS DO WORKSHOP “QUALIDADE DA MADEIRA EM *Pinus*”**, Piracicaba, 1992. Série Técnica do IPEF, Piracicaba, v.9, n.27, p.63-80, 1993.

- SIEDLEWSKA, A.; PRUS-GLOWACHI, W. Allozyme variability of putative hybrid swarm population (*Pinus mugo* Turra X *Pinus sylvestris* L.) from Topielisko peat-bog near Zieloniec. **Genetica Polonica**, v.35, p.285-302,1994.
- SILVA JÚNIOR, F.G. Utilização múltipla da madeira de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* para produção de celulose kraft. In: ANAIS DO WORKSHOP “QUALIDADE DA MADEIRA EM *Pinus*”, Piracicaba, 1992. **Série Técnica do IPEF**, Piracicaba, v.9, n.27, p.56-62. 1993.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetics & Plant Breeding**, New Delhi, v.41, n.2, p.237-245, 1981.
- SMITH, D.N.; DEVEY, M.E. Occurrence and inheritance of microsattelites in *Pinus radiata*. **Genome**, Ottawa, v.37, p.977-983, 1994.
- SOCIEDADE BRASILEIRA DE SILVICULTURA, SBS Dia a dia. Exportações do setor madeireiro crescem 36,7% no primeiro trimestre. Disponível em: <<http://www.sbs.org.br/>> Acesso em: set 2004.
- SOCIEDADE BRASILEIRA DE SILVICULTURA. **O setor florestal brasileiro – Fatos e números**. São Paulo: Sociedade Brasileira de Silvicultura. 2003. 29p.
- STÁBILE, A.A. Portaria nº 19, de 25 de Janeiro de 1984. Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br/snpc/leg3240.htm>>. Acesso em: 30 set. 2004.
- STRAUSS, S.H., NAMKOONG, G. Limitations of molecular marker-aided selection in forest tree breeding. **Canadian Journal of Forestry Research**, Ottawa, v.22, p.1050-1061, 1992.
- TALBERT, C.B. Quantitative genetics: why bother? In: FINS, L.; FRIEDMAN, S.T.; BROTSCHOL, J.V. (Coord.) **Handbook of Quantitative Forest Genetics**. Kluwer Academic Publishers, p.1-28, 1992.
- THOMAS, B.R.; MACDONALD, E.; HICKS, M.; ADAMS, D. HODGETTS, R. Effects reforestation methods on genetic diversity of lodgepole pine: an assessment using microsatellite and randomly amplified polymorphic DNA markers. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.98, p.793-801, 1999.
- Van BUIJTENEN, J.P. Fundamental Genetics Principles. In: FINS, L.; FRIEDMAN, S.T.; BROTSCHOL, J.V. (Coord.) **Handbook of quantitative forest genetics**. Kluwer Academic Publishers. p.28-68, 1992.
- VENCOSVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992, 496p.
- VENCOVSKY, R. Genética quantitativa, I. In: KERR, W.E. **Melhoramento e genética**. São Paulo: Edições Melhoramento, 1969. p.17-38.



- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. (Eds.). **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, cap.5, p.137-214, 1987.
- WANG, H.; MALCOLM, D.C.; FLETCHER, A.M. *Pinus caribaea* in China: introduction, genetic resources and future prospects. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v.117, p.1-15, 1999.
- WRIGHT, J.W. COCKERHAM, C.C. Selection with partial selfing. I. Mass selection. **Genetics**, v.109, 1976.
- WRIGHT, S. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. **Evolution**, Lancaster, v.19, p.395-420, 1965.
- 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.
- ZHENG, Y.Q.; ENNOS, R.A.; WANG, H.R. Provenance variation and genetic parameters in a trial of *Pinus caribaea* Morelet var. 'bahamensis' Barr. and Golf. **Forest Genetics**, v.1, p.165-174, 1997.

## **APÊNDICE**

Tabela 1A. Dados utilizados para os resultados das análises de variância para o caráter forma do fuste, onde estes foram transformados em  $\sqrt{x}$ .

<b>NOTA</b>	<b>Descrição da classe de forma do fuste</b>	<b>Valor transformado em <math>\sqrt{x}</math></b>
1	Nenhuma tora reta	1,0000
2	A segunda tora de 2 metros, a partir da base, reta	1,4142
3	A primeira tora de 2 metros, a partir da base, reta	1,7320
4	Duas toras de 2 metros, a partir da base, retas	2,0000
5	Uma tora de 4 metros, a partir da base, reta	2,2361

Tabela 2A. Estimativas do quociente de forma do fuste com casca, para cada parcela das 3 repetições do TP de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, aos 14,3 anos, em Selvíria-MS.

Prog	Quociente de forma do fuste com casca (q)			q médio	Prog	Quociente de forma do fuste com casca (q)			q médio
	Repetições					Repetições			
	X	Y	Z			X	Y	Z	
1	0,63	0,75	0,75	0,71	51	0,74	0,77	0,74	0,75
2	0,67	0,72	0,58	0,66	52	0,64	0,68	0,69	0,68
3	0,67	0,63	0,72	0,67	53	0,73	0,69	-	0,71
4	-	-	0,76	0,76	54	0,67	0,70	0,69	0,69
5	0,76	0,68	0,65	0,70	55	0,68	-	0,71	0,70
6	-	0,62	0,69	0,66	56	0,69	0,59	-	0,64
7	0,78	0,67	0,64	0,70	57	0,68	0,70	0,65	0,68
8	-	-	0,66	0,66	58	0,75	0,71	0,76	0,74
9	-	0,71	0,72	0,72	59	0,59	0,72	-	0,66
10	0,66	0,74	0,59	0,66	60	0,73	0,66	0,74	0,71
11	0,70	0,73	0,60	0,68	61	0,70	0,68	0,61	0,66
12	0,65	0,67	0,65	0,66	62	0,68	0,70	-	0,69
13	0,71	0,80	0,68	0,72	63	0,72	0,71	0,71	0,71
14	0,86	-	0,69	0,78	64	0,68	0,73	0,66	0,69
15	-	0,62	0,76	0,69	65	0,71	-	-	0,71
16	0,75	0,70	0,71	0,72	66	0,71	0,68	0,69	0,69
17	0,66	-	0,72	0,69	67	0,76	-	0,71	0,74
18	0,72	0,49	0,68	0,63	68	0,72	0,65	0,69	0,69
19	0,72	0,71	0,70	0,71	69	0,68	0,72	0,62	0,67
20	0,74	-	0,66	0,70	70	-	0,71	0,70	0,71
21	0,72	0,80	0,67	0,73	71	0,69	0,69	0,69	0,69
22	0,72	0,54	-	0,63	72	0,73	0,62	0,67	0,67
23	0,72	0,74	0,55	0,67	73	0,68	0,73	0,69	0,70
24	0,70	0,65	0,69	0,68	74	0,71	0,70	0,80	0,74
25	0,64	0,74	0,74	0,71	75	0,73	-	0,77	0,75
26	0,71	0,71	0,59	0,67	76	0,73	-	0,68	0,71
27	-	0,69	0,69	0,69	77	0,74	0,78	0,72	0,75
28	0,76	-	-	0,76	78	0,64	0,57	-	0,61
29	0,73	0,73	-	0,73	79	0,74	0,70	-	0,75
30	-	0,71	0,69	0,70	80	0,59	0,70	0,66	0,65
31	0,72	-	0,70	0,71	81	0,68	0,71	-	0,70
32	0,75	0,67	0,69	0,70	82	0,69	0,64	0,77	0,70
33	-	-	0,64	0,64	83	0,70	-	0,59	0,65
34	0,76	0,68	0,69	0,71	84	0,69	0,71	0,62	0,67
35	-	0,73	0,76	0,75	85	0,75	-	0,70	0,73
36	0,75	0,71	0,70	0,72	86	0,78	0,63	0,65	0,69
37	0,71	0,72	0,66	0,70	87	0,78	-	0,72	0,75
38	0,73	0,68	0,77	0,73	88	0,72	0,65	0,62	0,66
39	0,71	0,55	-	0,63	89	0,70	0,69	0,64	0,68
40	0,74	-	0,73	0,74	90	0,71	0,68	0,67	0,69
41	0,59	-	0,69	0,64	91	-	-	0,69	0,69
42	0,67	0,64	0,68	0,66	92	0,74	0,68	0,70	0,71
43	-	0,63	0,56	0,60	93	0,72	-	-	0,72
44	0,76	0,67	0,72	0,72	94	-	0,67	0,69	0,68
45	0,75	0,72	0,65	0,71	95	0,75	0,75	0,66	0,72
46	0,71	0,66	0,60	0,66	96	0,77	0,72	0,57	0,69
47	0,68	0,72	0,74	0,71	97	0,63	-	0,69	0,66
48	0,65	0,72	0,66	0,68	98	0,68	-	0,70	0,69
49	-	0,70	0,68	0,69	99	0,73	0,62	-	0,68
50	-	-	0,66	0,66	100	-	0,72	0,68	0,70
	<b>Médias</b>					<b>0,71</b>	<b>0,69</b>	<b>0,68</b>	<b>0,69</b>

Tabela 3A. Estimativas das variâncias aditiva ( $\hat{\sigma}_a^2$ ), ambiental entre parcelas ( $\hat{\sigma}_c^2$ ), residual dentro de parcelas ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), e fenotípica individual ( $\hat{\sigma}_f^2$ ), para os caracteres estudados em diferentes situações, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

Situação	Caracteres	PARÂMETROS			
		$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_c^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_f^2$
A	DAP (cm)	0,2880	0,9104	19,4896	20,6880
	Altura (m)	0,0386	1,4702	4,6590	6,1697
	Volume (m <sup>3</sup> /árv)	0,0004	0,0061	0,0650	0,0715
	Forma <sup>(1)</sup>	0,0012	0,0053	0,0500	0,0564
B	DAP	4,7044	0,6251	17,1237	22,4532
	Altura (m)	0,0688	2,0541	6,8587	8,9816
	Volume (m <sup>3</sup> /árv)	0,0008	0,0029	0,0448	0,0485
	DBM-1 (g/cm <sup>3</sup> )	0,0002	0,0002	0,0037	0,0042
	DBM-2 (g/cm <sup>3</sup> )	5 x 10 <sup>-5</sup>	0,0004	0,0040	0,0045
	Forma <sup>(1)</sup>	0,0006	0,0076	0,0423	0,0504
C	DAP (cm)	1,1366	1,9427	12,2044	15,2837
	Altura (m)	0,0295	1,7620	2,4195	4,2110
	Volume (m <sup>3</sup> /árv)	0,0012	0,0123	0,0495	0,0630
	Forma <sup>(1)</sup>	0,0013	0,0078	0,0400	0,0492
D	DAP (cm)	1,0430	1,8692	12,8113	15,7236
	Altura (m)	0,0345	1,8208	2,4912	4,3464
	Volume (m <sup>3</sup> /árv)	0,0043	0,0092	0,0530	0,0664
E	DAP (cm)	0,8043	2,0178	14,1673	16,9894
	Altura (m)	0,0355	1,9441	2,5936	4,5733
	Volume (m <sup>3</sup> /árv)	0,0059	0,0105	0,0643	0,0808

Situação A: antes do desbaste, 14,3 anos; Situação B: árvores desbastadas; Situação C: árvores remanescentes; Situação D: um ano após o desbaste, 15,3 anos; Situação E: dois anos após o desbaste, 16,3 anos; <sup>(1)</sup> Dados transformados em  $\sqrt{x}$ , para efeito de análise estatística.

Tabela 4A. Quadrados médios para os caracteres analisados na Situação A, em progênes de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

FV	QUADRADO MÉDIO			
	DAP (cm)	Altura (m)	Forma	Volume (m <sup>3</sup> /árv.)
Repetição	135,7142	413,7832	0,1948	1,3937
Progênie	3,0970	1,9698	0,0113	0,0130
Erro	2,8810	1,9408	0,0104	0,0127
Dentro	19,7055	4,6880	0,0509	0,0653

Situação A: análise feita antes do desbaste, aos 14,3 anos.

Tabela 5A. Quadrados médios para os caracteres estudados na Situação B, em progênes de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

FV	QUADRADO MÉDIO					
	DAP (cm)	Altura (m)	Forma <sup>(1)</sup>	Volume (m <sup>3</sup> /árv.)	DBM-1 (g/cm <sup>3</sup> )	DBM-2 (g/cm <sup>3</sup> )
Repetição	175,8260	450,2093	0,3020	1,2193	0,0060	0,0352
Progênie	8,2838	3,4878	0,0166	0,0126	0,0011	0,0013
Erro	4,7555	3,4362	0,0161	0,0120	0,0010	0,0012
Dentro	20,6520	6,9103	0,0427	0,0454	0,0039	0,0040

Situação B: análise feita nas árvores desbastadas, aos 14,3 anos; <sup>(1)</sup> Dados transformados em  $\sqrt{x}$ .

Tabela 6A. Quadrados médios para os caracteres estudados na Situação C, em progênes de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria, MS.

FV	QUADRADO MÉDIO			
	DAP (cm)	Altura (m)	Forma <sup>(1)</sup>	Volume (m <sup>3</sup> /árv.)
Repetição	113,6434	398,5628	0,1577	1,4317
Progênie	5,4065	2,2724	0,0170	0,0233
Erro	4,5541	2,2503	0,0160	0,0224
Dentro	13,0568	2,4417	0,0410	0,0504

Situação C: análise feita nas árvores remanescentes ao desbaste, aos 14,3 anos; <sup>(1)</sup> Dados transformados em  $\sqrt{x}$ .

Tabela 7A. Quadrados médios para os caracteres estudados na Situação D, em progênes de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

FV	QUADRADO MÉDIO		
	DAP (cm)	Altura (m)	Volume (m <sup>3</sup> /árv.)
Repetição	111,8883	391,1514	1,6283
Progênie	5,3702	2,3501	0,0236
Erro	4,5879	2,3242	0,0204
Dentro	13,5936	2,5170	0,0561

Situação D: análise feita um ano após o desbaste, aos 15,3 anos.

Tabela 8A. Quadrados médios para os caracteres estudados na Situação E, em progênes de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, Selvíria-MS.

FV	QUADRADO MÉDIO		
	DAP (cm)	Altura (m)	Volume (m <sup>3</sup> /árv.)
Repetição	109,4192	1,9491	401,3898
Progênie	5,5751	0,0287	2,4948
Erro	4,9719	0,0243	2,4682
Dentro	14,7705	0,0688	2,6202

Situação E: análise feita dois anos após o desbaste, aos 16,3 anos.

Tabela 9A. Matriz das correlações fenotípicas entre os caracteres avaliados na Situação A, em progênes de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

Matriz das Correlações Fenotípicas *				
	Altura (m)	DAP (cm)	Forma	Volume (m <sup>3</sup> /árv.)
Altura (m)	1,0000	0,5066	0,1773	0,8773
DAP (cm)	0,5066	1,0000	0,1265	0,6642
Forma	0,1773	0,1265	1,0000	0,1961
Volume (m <sup>3</sup> /árv.)	0,8773	0,5066	0,1773	0,8773

Situação A: análise feita antes do desbaste, aos 14,3 anos; \* Solicitada pelo programa GENES para análise de trilha.

Tabela 10A. Matriz das correlações fenotípicas entre os caracteres avaliados na Situação B, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

<b>Matriz das Correlações Fenotípicas *</b>						
	<b>Altura (m)</b>	<b>DAP (cm)</b>	<b>Forma</b>	<b>Volume (m<sup>3</sup>/árv.)</b>	<b>DBM-1 (g/cm<sup>3</sup>)</b>	<b>DBM-2 (g/cm<sup>3</sup>)</b>
Altura (m)	1,0000	0,4197	0,2539	0,6045	0,3388	0,2891
DAP (cm)	0,4197	1,0000	-0,0350	0,8372	0,2345	0,1811
Forma	0,2539	-0,0350	1,0000	0,0846	0,0772	0,0416
Volume (m <sup>3</sup> /árv.)	0,6045	0,8372	0,0846	1,0000	0,2228	0,1264
DBM-1 (g/cm <sup>3</sup> )	0,3388	0,2345	0,0772	0,2228	1,0000	0,4124
DBM-2 (g/cm <sup>3</sup> )	0,2891	0,1811	0,0416	0,1264	0,4124	1,0000

Situação B: análise feita nas árvores desbastadas, aos 14,3 anos; \*Solicitada pelo programa GENES para análise de trilha.

Tabela 11A. Matriz das correlações fenotípicas entre os caracteres avaliados na Situação C, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

<b>Matriz das Correlações Fenotípicas *</b>				
	<b>Altura (m)</b>	<b>DAP (cm)</b>	<b>Forma</b>	<b>Volume (m<sup>3</sup>/árv.)</b>
Altura (m)	1,0000	0,2504	0,4341	0,5969
DAP (cm)	0,2504	1,0000	0,3795	0,9030
Forma	0,4341	0,3795	1,0000	0,6124
Volume (m <sup>3</sup> /árv.)	0,5969	0,9030	0,6124	1,0000

Situação C: análise feita nas árvores remanescentes ao desbaste, aos 14,3 anos; \* Solicitada pelo programa GENES para análise de trilha.

Tabela 12A. Matriz das correlações fenotípicas entre os caracteres avaliados na Situação D, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

<b>Matriz das Correlações Fenotípicas *</b>			
	<b>Altura (m)</b>	<b>DAP (cm)</b>	<b>Volume (m<sup>3</sup>/árv.)</b>
Altura (m)	1,0000	0,1920	0,5297
DAP (cm)	0,1920	1,0000	0,8390
Volume (m <sup>3</sup> /árv.)	0,5297	0,8390	1,0000

Situação D: análise feita um ano após o desbaste, aos 15,3 anos; \*Solicitada pelo programa GENES para análise de trilha.



Tabela 13A. Matriz das correlações fenotípicas entre os caracteres avaliados na Situação E, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

<b>Matriz das Correlações Fenotípicas *</b>			
	<b>Altura (m)</b>	<b>DAP (cm)</b>	<b>Volume (m<sup>3</sup>/árv.)</b>
Altura (m)	1,0000	0,2147	0,5445
DAP (cm)	0,2147	1,0000	0,8371
Volume (m <sup>3</sup> /árv.)	0,5445	0,8371	1,0000

Situação E: análise feita dois anos após o desbaste, aos 16,3 anos; \*Solicitada pelo programa GENES para análise de trilha.

Tabela 14A. Matriz das variâncias e covariâncias residuais entre os caracteres avaliados na Situação A, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

<b>Matriz das variâncias e covariâncias residuais *</b>				
	<b>Altura (m)</b>	<b>DAP (cm)</b>	<b>Forma</b>	<b>Volume (m<sup>3</sup>/árv.)</b>
Altura (m)	20,0153	5,5803	-0,0774	1,0369
DAP (cm)	5,5803	5,7389	-6,9792	-6,7051
Forma	-0,0774	-6,9792	0,6360	-3,1112
Volume (m <sup>3</sup> /árv.)	1,0369	-6,7051	-3,1112	0,0688

Situação A: análise feita antes do desbaste, aos 14,3 anos; \* Solicitada pelo programa GENES para análise de medida de dissimilaridade.

Tabela 15A. Matriz das variâncias e covariâncias residuais entre os caracteres avaliados na Situação B, em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

<b>Matriz das variâncias e covariâncias residuais *</b>						
	<b>Altura (m)</b>	<b>DAP (cm)</b>	<b>Forma <sup>(1)</sup></b>	<b>Volume (m<sup>3</sup>/árv.)</b>	<b>DBM-1 (g/cm<sup>3</sup>)</b>	<b>DBM-2 (g/cm<sup>3</sup>)</b>
Altura (m)	8,562	7,300	0,052	0,416	0,048	0,043
DAP (cm)	7,300	20,862	-0,022	0,815	0,017	0,031
Forma	0,052	-0,022	0,049	-0,001	0,000	0,001
Volume (m <sup>3</sup> /árv.)	0,416	0,815	-0,001	0,047	0,001	0,001
DBM-1 (g/cm <sup>3</sup> )	0,048	0,017	0,000	0,001	0,004	0,002
DBM-2 (g/cm <sup>3</sup> )	0,043	0,031	0,001	0,001	0,002	0,0040

Situação B: análise feita nas árvores desbastadas, aos 14,3 anos; \* Solicitada pelo programa GENES para análise de medida de dissimilaridade.

Tabela 16A. Matriz das variâncias e covariâncias residuais entre os caracteres avaliados na Situação C, em progênes de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

<b>Matriz das variâncias e covariâncias residuais *</b>				
	<b>Altura (m)</b>	<b>DAP (cm)</b>	<b>Forma</b>	<b>Volume (m<sup>3</sup>/árv.)</b>
Altura (m)	3,817	2,962	0,079	0,272
DAP (cm)	2,962	14,425	0,117	0,842
Forma	0,079	0,117	0,047	0,007
Volume (m <sup>3</sup> /árv.)	0,272	0,842	0,007	0,059

Situação C: análise feita nas árvores remanescentes ao desbaste, aos 14,3 anos; \* Solicitada pelo programa GENES para análise de medida de dissimilaridade.

Tabela 17A. Matriz das variâncias e covariâncias residuais entre os caracteres avaliados na Situação D, em progênes de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

<b>Matriz das variâncias e covariâncias residuais *</b>			
	<b>Altura (m)</b>	<b>DAP (cm)</b>	<b>Volume (m<sup>3</sup>/árv.)</b>
Altura (m)	3,914	3,011	0,280
DAP (cm)	3,011	14,888	0,920
Volume (m <sup>3</sup> /árv.)	0,280	0,920	0,063

Situação D: análise feita um ano após o desbaste, aos 15,3 anos; \* Solicitada pelo programa GENES para análise de medida de dissimilaridade.

Tabela 18A. Matriz das variâncias e covariâncias residuais entre os caracteres avaliados na Situação E, em progênes de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS.

<b>Matriz das variâncias e covariâncias residuais *</b>			
	<b>Altura (m)</b>	<b>DAP (cm)</b>	<b>Volume (m<sup>3</sup>/árv.)</b>
Altura (m)	4,118	3,133	0,299
DAP (cm)	3,133	16,156	1,040
Volume (m <sup>3</sup> /árv.)	0,299	1,040	0,105

Situação E: análise feita dois anos após o desbaste, aos 16,3 anos; \* Solicitada pelo programa GENES para análise de medida de dissimilaridade.

Tabela 19A. Estimativas das Distâncias Generalizadas de Mahalanobis ( $D^2$ ) da progênie 1 em relação as demais progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria-MS, na situação A, envolvendo os caracteres: DAP, altura, forma e volume.

<b>Distância Generalizada de Mahalanobis em relação a progênie 1</b>			
	( 2 ) 0,000411	( 3 ) 0,000745	( 4 ) 0,000598
( 5 ) 0,000690	( 6 ) 0,007491	( 7 ) 0,000495	( 8 ) 0,000078
( 9 ) 0,004985	( 10 ) 0,001321	( 11 ) 0,000494	( 12 ) 0,001258
( 13 ) 0,002028	( 14 ) 0,002224	( 15 ) 0,001204	( 16 ) 0,002658
( 17 ) 0,000968	( 18 ) 0,000849	( 19 ) 0,002529	( 20 ) 0,008623
( 21 ) 0,004289	( 22 ) 0,000652	( 23 ) 0,008047	( 24 ) 0,002330
( 25 ) 0,002453	( 26 ) 0,001076	( 27 ) 0,001291	( 28 ) 0,000209
( 29 ) 0,002348	( 30 ) 0,005408	( 31 ) 0,001387	( 32 ) 0,003820
( 33 ) 0,001426	( 34 ) 0,000120	( 35 ) 0,003806	( 36 ) 0,001325
( 37 ) 0,001762	( 38 ) 0,001946	( 39 ) 0,002930	( 40 ) 0,001406
( 41 ) 0,002850	( 42 ) 0,004576	( 43 ) 0,002537	( 44 ) 0,001003
( 45 ) 0,000439	( 46 ) 0,003444	( 47 ) 0,000739	( 48 ) 0,003490
( 49 ) 0,002529	( 50 ) 0,003172	( 51 ) 0,001699	( 52 ) 0,003762
( 53 ) 0,003062	( 54 ) 0,000287	( 55 ) 0,002507	( 56 ) 0,004421
( 57 ) 0,014173	( 58 ) 0,001539	( 59 ) 0,000965	( 60 ) 0,000508
( 61 ) 0,000696	( 62 ) 0,002717	( 63 ) 0,000605	( 64 ) 0,001672
( 65 ) 0,002598	( 66 ) 0,001578	( 67 ) 0,001150	( 68 ) 0,001811
( 69 ) 0,002043	( 70 ) 0,000861	( 71 ) 0,002524	( 72 ) 0,001789
( 73 ) 0,000266	( 74 ) 0,002575	( 75 ) 0,001937	( 76 ) 0,009996
( 77 ) 0,001717	( 78 ) 0,000328	( 79 ) 0,001812	( 80 ) 0,007861
( 81 ) 0,001276	( 82 ) 0,001283	( 83 ) 0,002273	( 84 ) 0,000595
( 85 ) 0,002228	( 86 ) 0,004184	( 87 ) 0,000040	( 88 ) 0,000040
( 89 ) 0,001874	( 90 ) 0,002411	( 91 ) 0,000283	( 92 ) 0,001563
( 93 ) 0,002149	( 94 ) 0,001513	( 95 ) 0,000348	( 96 ) 0,000272
( 97 ) 0,006048	( 98 ) 0,002354	( 99 ) 0,003046	( 100 ) 0,002201
<b>Maior distância: 0,014173</b>		<b>Progênie: 57</b>	
<b>Menor distância: 0,000040</b>		<b>Progênie: 88</b>	

Tabela 20A. Estimativas do Índice Multi-efeitos (IME) em relação ao caráter DAP para indivíduos de um teste de progênie de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, aos 14,3 anos (Situação A), em Selvíria-MS, evidenciando os dez primeiros e os dez últimos indivíduos.

ORDEM	REP	Prog.	Árv.	Hd	DAP Y <sub>ijk</sub>	HP - Hd	X PAR Y <sub>ij</sub>	Hb - Hp	X BLOC Y <sub>j</sub>	Hm - Hp	X TRAT Y <sub>i..</sub>	HP-Hb-Hm	X GERAL Y <sub>...</sub>	IME
1	3	62	9	0,0895	36,80	-0,0076	30,4600	-0,0609	23,6621	0,2605	29,3509	-0,2620	23,8185	3,0259
2	3	62	10	0,0895	34,90	-0,0076	30,4600	-0,0609	23,6621	0,2605	29,3509	-0,2620	23,8185	2,8559
3	1	62	9	0,0895	32,30	-0,0076	23,7857	-0,0609	22,6697	0,2605	29,3509	-0,2620	23,8185	2,7343
4	2	62	7	0,0895	32,00	-0,0076	33,8071	-0,0609	25,1239	0,2605	29,3509	-0,2620	23,8185	2,4821
5	1	62	2	0,0895	28,00	-0,0076	23,7857	-0,0609	22,6697	0,2605	29,3509	-0,2620	23,8185	2,3496
6	2	62	4	0,0895	30,50	-0,0076	33,8071	-0,0609	25,1239	0,2605	29,3509	-0,2620	23,8185	2,3479
7	3	62	8	0,0895	29,20	-0,0076	30,4600	-0,0609	23,6621	0,2605	29,3509	-0,2620	23,8185	2,3459
8	3	62	2	0,0895	29,10	-0,0076	30,4600	-0,0609	23,6621	0,2605	29,3509	-0,2620	23,8185	2,3370
9	1	62	7	0,0895	27,20	-0,0076	23,7857	-0,0609	22,6697	0,2605	29,3509	-0,2620	23,8185	2,2780
10	2	41	2	0,0895	37,90	-0,0076	29,3400	-0,0609	25,1239	0,2605	26,0930	-0,2620	23,8185	2,1950
.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
2116	2	57	8	0,0895	12,30	-0,0076	20,1420	-0,0609	25,1239	0,2605	21,1557	-0,2620	23,8185	-1,3119
2117	3	39	8	0,0895	9,40	-0,0076	23,0000	-0,0609	23,6621	0,2605	21,8731	-0,2620	23,8185	-1,3171
2118	2	39	7	0,0895	9,80	-0,0076	20,1083	-0,0609	25,1239	0,2605	21,8731	-0,2620	23,8185	-1,3484
2119	1	49	7	0,0895	4,90	-0,0076	19,4400	-0,0609	22,6697	0,2605	22,8276	-0,2620	23,8185	-1,3836
2120	2	23	1	0,0895	13,10	-0,0076	19,1562	-0,0609	25,1239	0,2605	20,2104	-0,2620	23,8185	-1,4791
2121	2	23	10	0,0895	11,75	-0,0076	19,1562	-0,0609	25,1239	0,2605	20,2104	-0,2620	23,8185	-1,5999
2122	1	14	8	0,0895	4,20	-0,0076	21,4857	-0,0609	22,6697	0,2605	22,2377	-0,2620	23,8185	-1,6154
2123	2	57	4	0,0895	8,80	-0,0076	20,1420	-0,0609	25,1239	0,2605	21,1557	-0,2620	23,8185	-1,6250
2124	2	42	2	0,0895	5,40	-0,0076	23,7187	-0,0609	25,1239	0,2605	21,8972	-0,2620	23,8185	-1,7631
2125	3	23	1	0,0895	6,80	-0,0076	18,9250	-0,0609	23,6621	0,2605	20,2104	-0,2620	23,8185	-1,9520

Tabela 21A. Estimativas do Índice Multi-efeitos (IME) em relação ao caráter DAP para os indivíduos do teste de progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, aos 16,3 anos (Situação E), em Selvíria-MS, evidenciando os dez primeiros e os dez últimos indivíduos.

IME (RESENDE, 2002)

Ordem	Bloco	Prog	Árv	f	a	u+a	Ganho	Nova Média	Ne	d	g
1	3	6	1	39,50	0,7596	26,8659	0,7596	26,87	1,00	0,3074	1,0669
2	2	97	4	35,10	0,7193	26,8255	0,7394	26,85	2,00	0,1530	0,8722
3	3	97	1	33,30	0,7139	26,8201	0,7309	26,84	2,48	0,1494	0,8632
4	2	97	3	34,80	0,7070	26,8133	0,7249	26,83	2,67	0,1448	0,8518
5	1	97	1	31,90	0,6733	26,7796	0,7146	26,82	2,74	0,1223	0,7956
6	1	97	2	31,00	0,6365	26,7428	0,7016	26,81	2,77	0,0978	0,7343
7	1	97	3	31,00	0,6365	26,7428	0,6923	26,80	2,78	0,0978	0,7343
8	3	62	5	35,40	0,6313	26,7376	0,6847	26,79	3,64	0,2150	0,8463
9	2	41	1	40,40	0,6313	26,7376	0,6787	26,79	4,48	0,3196	0,9509
10	3	97	2	31,00	0,6199	26,7262	0,6729	26,78	4,40	0,0868	0,7067
.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
1433	2	65	2	16,60	-0,6064	25,4998	0,0053	26,11	329,20	-0,2241	-0,8305
1434	2	3	3	18,20	-0,6567	25,4496	0,0048	26,11	329,27	-0,1930	-0,8497
1435	2	23	2	16,90	-0,6671	25,4392	0,0044	26,11	329,33	-0,1994	-0,8665
1436	2	17	1	13,80	-0,6750	25,4313	0,0039	26,11	329,37	-0,3019	-0,9769
1437	2	1	1	13,40	-0,6947	25,4116	0,0034	26,11	329,40	-0,3535	-1,0482
1438	2	93	1	12,50	-0,7429	25,3634	0,0029	26,11	329,47	-0,3486	-1,0915
1439	3	39	4	10,70	-0,7740	25,3323	0,0023	26,11	329,51	-0,4013	-1,1753
1440	2	23	1	13,70	-0,7978	25,3085	0,0018	26,11	329,55	-0,2866	-1,0843
1441	2	3	1	14,70	-0,7996	25,3067	0,0012	26,11	329,59	-0,2883	-1,0879
1442	1	49	3	5,40	-0,8367	25,2696	0,0006	26,11	329,62	-0,4847	-1,3215

f: valor genotípico individual ou medição de campo; a: efeito genético aditivo predito; u + a: valor genético aditivo predito; Ne: tamanho efetivo populacional; d: efeito genético de dominância predito; g = a + d: efeito genotípico predito.

Tabela 22A. Estimativas do Índice Multi-efeitos (IME) com base no caráter DAP, para os noventa melhores indivíduos, resultantes das seleção com  $k_f$  variável, no teste de progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, aos 16,3 anos (Situação E), em Selvíria-MS

Ordem	Rep	Prog	Planta	IME	Ordem	Rep	Prog	Planta	IME
1	3	6	1	0,7596	46	1	63	1	0,4100
2	2	97	4	0,7193	47	3	41	5	0,4092
3	3	97	1	0,7139	48	1	4	2	0,4072
4	2	97	3	0,7070	49	1	6	2	0,4058
5	1	97	1	0,6733	50	1	32	3	0,4021
6	1	97	2	0,6365	51	1	31	2	0,3981
7	1	97	3	0,6365	52	2	30	2	0,3960
8	3	62	5	0,6313	53	2	86	5	0,3950
9	2	41	1	0,6313	54	2	90	1	0,3919
10	3	97	2	0,6199	55	1	97	5	0,3915
11	1	97	4	0,5957	56	2	100	1	0,3844
12	1	62	4	0,5921	57	3	5	4	0,3818
13	3	44	2	0,5642	58	1	62	3	0,3797
14	3	97	5	0,5587	59	3	92	2	0,3793
15	3	97	4	0,5505	60	3	87	5	0,3781
16	1	6	1	0,5283	61	2	44	5	0,3752
17	2	97	1	0,5232	62	3	95	5	0,3680
18	3	90	1	0,5212	63	2	10	5	0,3672
19	2	97	2	0,5191	64	3	6	5	0,3634
20	3	30	2	0,5080	65	1	95	5	0,3618
21	2	62	1	0,5017	66	2	47	2	0,3613
22	2	62	3	0,5017	67	1	63	2	0,3610
23	2	71	2	0,4897	68	1	11	4	0,3601
24	3	11	1	0,4835	69	1	62	5	0,3593
25	2	6	3	0,4814	70	2	90	5	0,3593
26	3	97	3	0,4811	71	3	47	3	0,3563
27	1	11	2	0,4744	72	2	99	1	0,3534
28	3	51	5	0,4736	73	3	6	4	0,3512
29	1	59	5	0,4722	74	3	51	4	0,3510
30	3	84	1	0,4721	75	1	8	1	0,3507
31	3	62	1	0,4721	76	2	26	3	0,3500
32	3	11	5	0,4712	77	1	7	1	0,3474
33	3	15	2	0,4643	78	2	59	2	0,3462
34	2	99	2	0,4596	79	2	86	3	0,3419
35	3	50	5	0,4571	80	3	7	5	0,3419
36	3	50	4	0,4530	81	3	5	5	0,3410
37	3	6	2	0,4492	82	3	11	3	0,3405
38	1	66	2	0,4246	83	1	21	4	0,3393
39	3	62	3	0,4231	84	2	71	4	0,3385
40	1	6	4	0,4221	85	3	86	2	0,3372
41	1	62	1	0,4165	86	1	71	3	0,3360
42	1	12	2	0,4148	87	1	50	1	0,3358
43	1	99	4	0,4141	88	3	71	1	0,3347
44	2	44	2	0,4120	89	2	71	3	0,3345
45	2	54	5	0,4102	90	3	62	4	0,3291

IME (médio) = 0,4443; Média geral prog. = 26,1063 cm; Ganho na seleção = 1,70%.

Tabela 23A. Estimativas do Índice Multi-efeitos (IME) com base no caráter DAP, para os noventa melhores indivíduos, resultantes da seleção entre (30%) e dentro (10%) de progênies, para *Pinus caribaea* var. *caribaea*, aos 16,3 anos (Situação E), em Selvíria-MS.

Ordem	Rep	Prog	Planta	IME	Ordem	Rep	Prog	Planta	IME
1	3	6	1	0,7596	85	3	86	2	0,3372
2	2	97	4	0,7193	86	1	71	3	0,3360
3	3	97	1	0,7139	87	1	50	1	0,3358
5	1	97	1	0,6733	88	3	71	1	0,3347
8	3	62	5	0,6313	91	2	11	1	0,3291
9	2	41	1	0,6313	98	2	31	1	0,3213
12	1	62	4	0,5921	101	2	63	3	0,3193
13	3	44	2	0,5642	108	1	86	2	0,3120
16	1	6	1	0,5283	115	1	41	2	0,3097
18	3	90	1	0,5212	124	1	100	3	0,3040
20	3	30	2	0,5080	126	3	32	2	0,3036
21	2	62	1	0,5017	128	3	12	3	0,2991
23	2	71	2	0,4897	134	1	30	3	0,2951
24	3	11	1	0,4835	138	1	90	2	0,2898
25	2	6	3	0,4814	140	3	59	1	0,2871
27	1	11	2	0,4744	144	2	12	2	0,2829
28	3	51	5	0,4736	145	2	50	1	0,2826
29	1	59	5	0,4722	157	3	99	1	0,2755
30	3	84	1	0,4721	167	3	100	5	0,2695
33	3	15	2	0,4643	182	1	44	2	0,2596
34	2	99	2	0,4596	185	1	5	5	0,2570
35	3	50	5	0,4571	192	1	92	3	0,2548
38	1	66	2	0,4246	202	2	4	1	0,2483
42	1	12	2	0,4148	211	2	84	3	0,2423
43	1	99	4	0,4141	216	3	66	4	0,2382
44	2	44	2	0,4120	220	1	87	3	0,2352
45	2	54	5	0,4102	251	2	5	5	0,2128
46	1	63	1	0,4100	260	1	47	1	0,2085
47	3	41	5	0,4092	269	2	66	2	0,2026
48	1	4	2	0,4072	271	1	51	2	0,2017
50	1	32	3	0,4021	298	2	87	1	0,1855
51	1	31	2	0,3981	303	1	84	5	0,1842
52	2	30	2	0,3960	307	2	15	1	0,1799
53	2	86	5	0,3950	328	3	63	5	0,1679
54	2	90	1	0,3919	354	2	51	2	0,1546
56	2	100	1	0,3844	356	2	95	2	0,1539
57	3	5	4	0,3818	371	3	4	4	0,1434
59	3	92	2	0,3793	374	2	92	3	0,1425
60	3	87	5	0,3781	447	3	31	4	0,1169
62	3	95	5	0,3680	612	1	15	2	0,0443
63	2	10	5	0,3672	684	1	54	4	0,0199
65	1	95	5	0,3618	690	1	10	4	0,0178
66	2	47	2	0,3613	700	3	54	1	0,0134
71	3	47	3	0,3563	733	2	32	5	-0,0025
78	2	59	2	0,3462	738	3	10	5	-0,0035

IME (médio) = 0,3438; Média geral prog. = 26,1063 cm; Ganho na seleção = 1,32%.

Tabela 24A. Estimativas do Índice Multi-efeitos (IME) com base no caráter DAP, para os noventa melhores indivíduos, considerando no máximo 5 plantas por progênie, no teste de progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, aos 16,3 anos (Situação E), em Selvíria-MS.

Ordem	Rep	Prog	Planta	IME	Ordem	Rep	Prog	Planta	IME
1	3	6	1	0,7596	59	3	92	2	0,3793
2	2	97	4	0,7193	60	3	87	5	0,3781
3	3	97	1	0,7139	61	2	44	5	0,3752
4	2	97	3	0,7070	62	3	95	5	0,3680
5	1	97	1	0,6733	63	2	10	5	0,3672
6	1	97	2	0,6365	65	1	95	5	0,3618
8	3	62	5	0,6313	66	2	47	2	0,3613
9	2	41	1	0,6313	67	1	63	2	0,3610
12	1	62	4	0,5921	68	1	11	4	0,3601
13	3	44	2	0,5642	70	2	90	5	0,3593
16	1	6	1	0,5283	71	3	47	3	0,3563
18	3	90	1	0,5212	72	2	99	1	0,3534
20	3	30	2	0,5080	74	3	51	4	0,3510
21	2	62	1	0,5017	75	1	8	1	0,3507
22	2	62	3	0,5017	76	2	26	3	0,3500
23	2	71	2	0,4897	77	1	7	1	0,3474
24	3	11	1	0,4835	78	2	59	2	0,3462
25	2	6	3	0,4814	79	2	86	3	0,3419
27	1	11	2	0,4744	80	3	7	5	0,3419
28	3	51	5	0,4736	81	3	5	5	0,3410
29	1	59	5	0,4722	82	3	11	3	0,3405
30	3	84	1	0,4721	83	1	21	4	0,3393
31	3	62	1	0,4721	84	2	71	4	0,3385
32	3	11	5	0,4712	85	3	86	2	0,3372
33	3	15	2	0,4643	86	1	71	3	0,3360
34	2	99	2	0,4596	87	1	50	1	0,3358
35	3	50	5	0,4571	88	3	71	1	0,3347
36	3	50	4	0,4530	89	2	71	3	0,3345
37	3	6	2	0,4492	92	2	98	2	0,3279
38	1	66	2	0,4246	93	1	79	4	0,3249
40	1	6	4	0,4221	94	2	99	4	0,3248
42	1	12	2	0,4148	95	2	83	5	0,3239
43	1	99	4	0,4141	96	1	50	3	0,3235
44	2	44	2	0,4120	97	3	51	1	0,3224
45	2	54	5	0,4102	98	2	31	1	0,3213
46	1	63	1	0,4100	99	1	99	1	0,3202
47	3	41	5	0,4092	101	2	63	3	0,3193
48	1	4	2	0,4072	102	3	34	1	0,3193
50	1	32	3	0,4021	103	2	60	3	0,3178
51	1	31	2	0,3981	104	2	72	1	0,3171
52	2	30	2	0,3960	106	3	40	5	0,3124
53	2	86	5	0,3950	107	3	39	5	0,3123
54	2	90	1	0,3919	108	1	86	2	0,3120
56	2	100	1	0,3844	109	1	64	4	0,3118
57	3	5	4	0,3818	110	3	68	5	0,3118

IME (médio) = 0,4167; Média geral prog. = 26,1063 cm; Ganho na seleção = 1,60%.



Tabela 25A. Lista dos indivíduos selecionados para a caracterização molecular de progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, aos 14,3 anos, em Selvíria-MS.

<b>Indivíduos selecionados para realização dos Marcadores Moleculares</b>											
<b>Indivíduos Inferiores</b>				<b>Indivíduos Intermediários</b>				<b>Indivíduos Superiores</b>			
<b>n°</b>	<b>REP</b>	<b>Prog.</b>	<b>Planta</b>	<b>n°</b>	<b>REP</b>	<b>Prog.</b>	<b>Planta</b>	<b>n°</b>	<b>REP</b>	<b>Prog.</b>	<b>Planta</b>
<b>1</b>	1	14	8	<b>31</b>	1	3	7	<b>67</b>	1	56	3
<b>2</b>	1	23	6	<b>32</b>	1	5	4	<b>68</b>	1	62	2
<b>3</b>	1	28	8	<b>33</b>	1	10	1	<b>69</b>	1	62	3
<b>4</b>	1	42	9	<b>34</b>	1	21	1	<b>70</b>	1	62	5
<b>5</b>	1	48	10	<b>35</b>	1	24	4	<b>71</b>	1	62	7
<b>6</b>	1	49	7	<b>36</b>	1	25	6	<b>72</b>	1	62	9
<b>7</b>	1	57	4	<b>37</b>	1	26	4	<b>73</b>	1	62	10
<b>8</b>	1	76	6	<b>38</b>	1	29	4	<b>74</b>	1	79	9
<b>9</b>	2	9	5	<b>39</b>	1	38	3	<b>75</b>	1	97	1
<b>10</b>	2	9	7	<b>40</b>	1	39	8	<b>76</b>	1	97	3
<b>11</b>	2	17	1	<b>41</b>	1	40	1	<b>77</b>	1	97	4
<b>12</b>	2	22	7	<b>42</b>	1	54	7	<b>78</b>	1	97	6
<b>13</b>	2	23	1	<b>43</b>	1	55	10	<b>79</b>	2	41	2
<b>14</b>	2	23	2	<b>44</b>	1	63	7	<b>80</b>	2	41	6
<b>15</b>	2	23	8	<b>45</b>	1	66	3	<b>81</b>	2	46	10
<b>16</b>	2	23	10	<b>46</b>	2	5	6	<b>82</b>	2	62	4
<b>17</b>	2	39	7	<b>47</b>	2	5	8	<b>83</b>	2	62	6
<b>18</b>	2	42	2	<b>48</b>	2	26	9	<b>84</b>	2	62	7
<b>19</b>	2	43	10	<b>49</b>	2	30	10	<b>85</b>	2	62	10
<b>20</b>	2	44	8	<b>50</b>	2	32	2	<b>86</b>	2	86	9
<b>21</b>	2	57	5	<b>51</b>	2	36	3	<b>87</b>	2	97	10
<b>22</b>	2	82	2	<b>52</b>	2	42	8	<b>88</b>	3	6	1
<b>23</b>	2	93	6	<b>53</b>	2	44	6	<b>89</b>	3	37	6
<b>24</b>	3	23	7	<b>54</b>	2	58	7	<b>90</b>	3	50	9
<b>25</b>	3	23	9	<b>55</b>	2	72	6	<b>91</b>	3	50	10
<b>26</b>	3	33	7	<b>56</b>	2	72	9	<b>92</b>	3	62	2
<b>27</b>	3	39	8	<b>57</b>	2	100	2	<b>93</b>	3	62	7
<b>28</b>	3	42	6	<b>58</b>	3	5	8	<b>94</b>	3	62	8
<b>29</b>	3	57	3	<b>59</b>	3	12	4	<b>95</b>	3	62	9
<b>30</b>	3	57	5	<b>60</b>	3	33	9	<b>96</b>	3	62	10
				<b>61</b>	3	40	3				
				<b>62</b>	3	59	2				
				<b>63</b>	3	64	9				
				<b>64</b>	3	77	6				
				<b>65</b>	3	84	10				
				<b>66</b>	3	98	6				
<b>Total</b>	<b>30 indivíduos</b>			<b>Total</b>	<b>36 indivíduos</b>			<b>Total=</b>	<b>30 indivíduos</b>		
<b>Total geral</b>	<b>96 indivíduos</b>										

Apêndice 26A. Formato do arquivo de dados com os genótipos observados por fragmentos RAPD em indivíduos de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, aos 14,3 anos, em Selvíria/MS.

1, 0,0,0,0,0,2,2,1,2,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,2,2,2  
1, 1,2,2,2,2,2,1,1,2,1,1,1,1,1,2,1,2,2,1,1,2,2,1,1,1,1  
1, 1,2,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,2,1,1,2,1,2,2,2,2,1  
1, 1,1,1,1,1,0,0,0,0,0,0,1,1,1,0,0,0,2,2,2,2,2,2,1,1  
1, 2,2,2,1,1,1,1,1,2,1,1,2,2,1,1,2,1,2,1,2,1,2,2,1,2,1  
1, 1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,2,2,1,2,2,2,1,1,1  
1, 2,1,2,2,2,1,1,1,2,1,1,1,1,2,1,2,2,1,0,0,0,0,0,1,1,1  
1, 2,1,1,1,2,1,1,1,1,1,2,1,1,2,1,2,1,1,1,1,1,1,1,2,1  
1, 1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,2,1,1,1,2,1,1,1  
1, 0,0,0,0,0,2,2,2,2,2,1,2,1,1,2,2,1,2,1,0,0,0,0,2,1,1  
1, 1,1,1,1,1,2,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,2,1,0,0,0,0,0,1,1,1  
1, 1,1,2,1,1,1,2,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,2,2,2,1,1,1  
1, 2,1,1,1,1,2,2,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,2,1,2,1,2,2,1,2,1,1  
1, 2,2,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,2,1,2,2,2,2,1,2,2  
1, 1,2,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,2,2,0,0,0,0,0,1,1,1  
1, 1,2,2,1,2,1,0,0,0,0,0,2,2,1,1,1,2,2,2,1,1,2,1,2,1,1,2  
1, 0,0,0,0,0,0,1,2,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,2,1,2,2,2,2  
1, 0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,2,2,2,2,2,1,1,2  
1, 0,0,0,0,0,2,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,2,1,1,1,1,2  
1, 2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,2,2,1,1,2,1,1,1,1  
1, 2,1,2,2,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,2,2,0,0,0,0,0,1,1,2  
1, 2,1,2,1,1,1,2,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,2,2,2,2,1,1,2,2,1,1,2  
1, 2,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,0,0,0,0,0,2,1,2  
1, 0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,1,1,1,2,0,0,0,0,2,1,2,2,2,0,0,0  
1, 1,1,2,2,2,2,0,0,0,0,0,0,2,1,1,2,1,2,1,2,2,1,2,2,1,2,2  
1, 0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,1,1,2,2,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0  
1, 1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,2,2,1,1,1,1,1,1  
1, 0,0,0,0,0,2,1,1,1,2,1,1,1,2,1,1,1,1,1,2,2,1,1,2,1,2,2  
1, 2,2,2,2,2,1,1,1,1,2,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1  
1, 1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,2,1  
2, 0,0,0,0,0,2,1,1,2,1,1,1,2,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,2,2  
2, 1,2,2,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1  
2, 0,0,0,0,0,1,1,1,2,2,1,1,1,1,1,1,1,2,1,2,1,1,1,1,1,1  
2, 2,2,2,2,1,1,0,0,0,0,0,2,1,1,1,2,1,1,1,1,2,1,1,2,1,1

Continuação...

Apêndice 26A. Formato do arquivo de dados com os genótipos observados por fragmentos RAPD em indivíduos de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, aos 14,3 anos, em Selvíria/MS.

2, 1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,2,2,1,1,1,1,1,1  
 2, 1,2,2,1,1,1,2,1,1,2,1,1,2,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1  
 2, 1,2,2,2,1,1,1,1,1,2,2,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,0,0,0,0,0,1,1,2  
 2, 1,1,2,1,2,2,2,1,2,1,1,1,2,2,1,1,1,2,2,2,2,2,2,1,2,1,1,2  
 2, 1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,2,2,1,1,1,1,2,1,2,2,1,1,1,0,0,0  
 2, 2,1,2,1,2,2,1,1,1,2,2,1,1,2,1,1,1,1,2,2,1,1,1,2,1,2,1,1  
 2, 2,2,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,2,1,1,1,0,0,0,0,0,2,1,1  
 2, 2,1,2,1,2,1,1,1,1,1,1,1,2,2,1,2,1,1,2,2,1,2,1,1,1,1,1,1  
 2, 0,0,0,0,0,0,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,0,0,0,0,0,1,1,1  
 2, 1,1,2,1,1,1,0,0,0,0,0,0,1,2,2,1,1,1,2,2,1,1,1,1,1,2,1,1  
 2, 1,1,1,2,1,1,2,1,1,2,2,1,1,1,1,1,2,1,2,1,0,0,0,0,0,0,0  
 2, 0,0,0,0,0,0,2,1,1,2,1,1,2,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,2,1,1,1,1  
 2, 1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,2,1,1,1,2,1,2,1,1,1,1,2,1,2  
 2, 2,1,2,1,1,1,1,1,2,1,2,1,2,1,1,1,1,1,2,1,2,2,1,2,2,2,2,2  
 2, 2,2,1,2,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,2,2,0,0,0,0,0,1,2,2  
 2, 2,2,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,2,2,1,1,2,1,1,2  
 2, 2,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,2,1,1,1,2,2,2,1,2,1,2,2  
 2, 2,1,1,2,1,1,2,1,1,1,1,1,2,2,1,1,1,1,2,1,1,2,1,1,1,1,1,2  
 2, 2,2,2,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,2,1,2,2,1,1,1,2,0,0,0  
 2, 1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1  
 2, 1,1,2,2,1,1,1,1,1,2,2,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,2,1,1,1,0,0,0  
 2, 1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,2,1,1,1,1,1,1,1,2,1,2,1,1,2,1,1,1,1  
 2, 0,0,0,0,0,0,1,1,1,2,2,2,1,2,1,1,1,1,2,1,2,2,1,2,1,1,2,1  
 2, 0,0,0,0,0,0,2,1,1,2,2,2,2,2,1,1,2,1,2,1,2,2,1,1,2,1,1,1  
 2, 1,1,2,1,1,1,2,1,1,2,2,2,1,1,1,1,1,2,2,1,2,1,1,1,1,1,1  
 2, 0,0,0,0,0,0,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,2,1,2,2,1,1,1  
 2, 0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,1,1,1,1,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0  
 2, 0,0,0,0,0,0,2,1,2,2,2,2,2,1,1,1,1,1,1,1,0,0,0,0,0,1,2,1  
 2, 1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,2,1,1,1,1,1,1,2,2,2,1,2,1,2,1,1  
 2, 0,0,0,0,0,0,1,1,1,2,2,2,2,1,1,1,1,1,2,1,0,0,0,0,0,2,1,2  
 2, 0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,1,1,1,1,1,1,2,1,0,0,0,0,0,1,2,1  
 2, 2,1,2,1,1,1,2,1,1,2,2,1,1,1,1,1,2,2,2,1,1,2,1,1,1,2,1,1  
 3, 0,0,0,0,0,0,1,1,1,1,1,2,2,1,1,2,1,1,2,1,1,2,1,1,1,0,0,0

Continuação...

Apêndice 26A. Formato do arquivo de dados com os genótipos observados por fragmentos RAPD em indivíduos de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, aos 14,3 anos, em Selvíria/MS.

```

3, 0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,1,2,1,1,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0
3, 1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,2,1,2,1,1,2,1,1,2,2
3, 0,0,0,0,0,2,1,1,1,2,1,2,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,2,2,2
3, 1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,2,2,0,0,0,0,0,1,1,2
3, 1,1,1,1,1,2,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,2,1,1,2,1,1,1
3, 0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,1,1,1,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,1,2,1
3, 2,2,1,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,0,0,0,2,2,1,2,2,1,1,2
3, 0,0,0,0,0,2,1,1,1,1,2,1,1,1,0,0,0,2,2,1,1,2,0,0,0
3, 0,0,0,0,0,2,1,1,2,2,2,1,1,1,1,2,1,2,2,0,0,0,0,2,2,2
3, 1,1,1,2,1,1,2,1,1,2,2,1,1,1,1,2,0,0,0,1,1,1,1,2,1,1,1
3, 0,0,0,0,0,2,1,1,1,1,1,1,1,1,2,2,1,2,2,1,1,1,1,1,1,1,1
3, 0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,1,1,1,1,0,0,0,0,0,0,0,0,0,1,1,1
3, 2,1,2,2,2,1,0,0,0,0,0,0,1,2,1,1,0,0,0,0,0,0,0,0,1,1,1
3, 0,0,0,0,0,2,1,1,1,2,1,1,1,1,1,2,1,2,2,2,1,1,1,1,1,2,1
3, 2,2,2,1,1,2,2,1,1,2,2,1,1,1,1,1,1,1,0,0,0,0,1,2,2
3, 0,0,0,0,0,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,0,0,0,2,1,1,1,2,1,2,2
3, 2,2,1,2,2,2,2,1,1,2,2,2,1,1,1,1,2,1,1,2,2,2,2,1,2,2,2,2
3, 1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,2,1,1,1,2,1,1,2,2,1,1,1,2,1,1,2
3, 1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,2,2,0,0,0,0,1,1,1
3, 0,0,0,0,0,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,0,0,0,2,2,1,2,1,1,2,2
3, 0,0,0,0,0,1,1,1,1,2,1,2,1,1,1,0,0,0,0,0,0,0,0,1,2,2
3, 1,1,1,2,1,1,2,1,1,1,1,1,2,2,1,2,0,0,0,0,0,0,0,1,2,1
3, 0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,1,1,1,1,0,0,0,2,2,2,1,2,0,0,0
3, 1,2,2,1,1,1,2,1,1,1,1,1,2,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,1,2
3, 2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,2,1,1,1,1,1,2
3, 1,1,1,1,1,2,1,1,2,2,1,1,2,1,1,0,0,0,1,1,1,1,1,1,1,2
3, 1,2,2,1,2,2,1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,2,0,0,0,0,1,1,2
3, 1,1,2,1,1,1,2,1,1,1,1,1,2,1,1,1,2,2,2,1,2,1,1,1,1
3, 1,1,1,1,1,1,1,1,1,2,1,1,1,1,1,1,0,0,0,2,2,1,1,2,1,1,2
0, 0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0

```

rapd data set

3 populations

28 loci

2 alleles at each locus

Apêndice 27A. Formato do arquivo de dados com os genótipos observados por fragmentos microssatélites (SSR) em indivíduos de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria/MS.

1, 11,11,11,14,11,12  
1, 11,13,11,11,11,11  
1, 12,12,11,11,00,12  
1, 11,11,11,12,11,12  
1, 11,12,11,11,11,12  
1, 13,13,11,11,11,12  
1, 14,11,12,11,11,12  
1, 12,13,11,14,11,11  
1, 11,11,11,11,11,11  
1, 14,14,11,13,13,11  
1, 12,11,12,11,11,12  
1, 11,11,12,11,11,12  
1, 14,13,00,11,11,00  
1, 11,13,11,11,11,12  
1, 14,00,12,11,11,12  
1, 11,00,00,00,00,22  
1, 11,00,11,11,11,12  
1, 11,11,11,00,11,22  
1, 14,11,11,12,11,12  
1, 11,00,11,00,00,12  
1, 11,00,11,11,11,11  
1, 13,00,11,11,11,00  
1, 12,11,11,11,11,12  
1, 14,00,00,00,00,12  
1, 11,00,11,11,11,00  
1, 11,00,00,00,00,00  
1, 14,00,11,11,11,12  
1, 11,00,11,11,11,00  
2, 12,13,11,12,00,11  
2, 11,11,11,00,11,11  
2, 00,00,11,11,11,11  
2, 11,00,11,11,11,11  
2, 14,00,12,11,12,12  
2, 14,00,11,11,11,12

Continuação...

Apêndice 27A. Formato do arquivo de dados com os genótipos observados por fragmentos microssatélites (SSR) em indivíduos de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria/MS.

2, 11,00,11,00,11,12

2, 11,00,12,11,11,12

2, 14,00,11,11,12,12

2, 12,00,11,11,11,11

2, 11,00,00,11,13,22

2, 11,00,11,00,11,12

2, 12,00,12,11,11,11

2, 11,00,11,00,11,11

2, 11,00,11,11,11,11

2, 14,00,13,13,13,22

2, 11,00,11,00,11,12

2, 11,00,11,11,11,11

2, 11,00,11,11,11,11

2, 11,12,11,00,11,12

2, 12,11,11,00,11,12

2, 11,13,11,11,11,11

2, 11,00,11,11,00,11

2, 14,13,14,11,11,12

2, 14,11,11,12,12,11

2, 14,00,11,12,11,22

2, 11,11,11,11,13,12

2, 14,00,12,11,11,00

2, 14,00,11,11,11,12

2, 11,00,11,11,11,12

2, 00,11,11,11,11,00

2, 13,00,14,11,11,12

2, 13,00,11,00,00,12

2, 00,00,00,00,00,12

2, 11,13,11,11,11,12

2, 13,12,11,12,11,11

2, 12,12,00,11,11,12

2, 11,13,11,14,12,11

3, 14,11,11,11,11,11

Continuação...

Apêndice 27A. Formato do arquivo de dados com os genótipos observados por fragmentos microssatélites (SSR) em indivíduos de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, em Selvíria/MS.

3, 00,11,00,11,00,12

3, 00,13,13,00,11,12

3, 12,11,13,11,11,00

3, 11,13,13,11,00,12

3, 14,13,13,11,00,00

3, 12,11,11,00,11,22

3, 11,11,12,11,11,11

3, 14,11,11,11,11,12

3, 11,11,11,12,11,22

3, 11,11,11,00,12,12

3, 14,13,13,11,12,12

3, 14,00,00,11,11,22

3, 13,00,11,14,13,11

3, 13,00,11,11,11,22

3, 14,00,11,11,13,22

3, 12,00,11,00,11,11

3, 12,11,11,11,11,12

3, 11,13,00,11,00,11

3, 14,11,00,11,11,12

3, 12,11,00,00,11,12

3, 11,00,00,11,00,12

3, 14,00,13,11,12,11

3, 14,13,13,12,11,11

3, 12,11,00,00,11,22

3, 12,11,11,00,11,22

3, 00,13,12,00,11,12

3, 00,11,11,11,00,11

3, 14,11,11,11,11,00

3, 11,00,00,11,00,00

0, 00,00,00,00,00,00

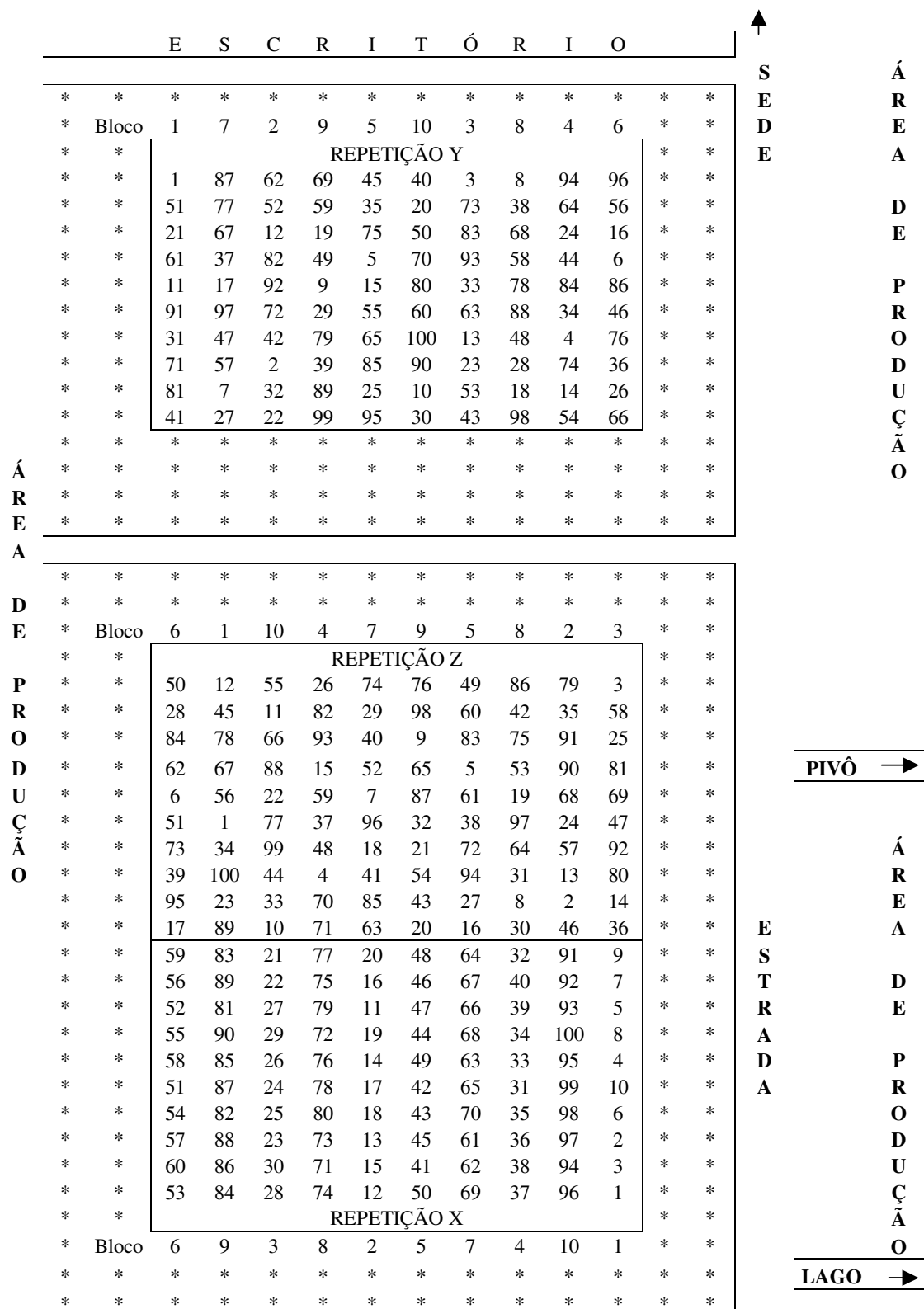
ssr data set

3 populations

6 loci

4 alleles at each locus

Apêndice 28A. Croqui do teste de progênes de *Pinus caribaea* var. *caribaea*, instalado na FEPE da FEIS/UNESP, em Selvíria-MS.





Apêndice 29A. Correspondência entre número de campo e número da progênie no CCGMPT, referente ao teste de progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea*.

<b>Campo</b>	<b>Progênie</b>	<b>Campo</b>	<b>Progênie</b>	<b>Campo</b>	<b>Progênie</b>
01 =	185	34 =	272	67 =	258
02 =	187	35 =	278	68 =	277
03 =	197	36 =	282	69 =	279
04 =	199	37 =	284	70 =	281
05 =	200	38 =	286	71 =	283
06 =	201	39 =	290	72 =	285
07 =	206	40 =	292	73 =	287
08 =	207	41 =	294	74 =	291
09 =	210	42 =	296	75 =	293
10 =	212	43 =	239	76 =	295
11 =	220	44 =	240	77 =	297
12 =	222	45 =	242	78 =	141
13 =	224	46 =	243	79 =	289
14 =	225	47 =	244	80 =	T
15 =	226	48 =	245	81 =	192
16 =	227	49 =	246	82 =	262
17 =	228	50 =	248	83 =	270
18 =	229	51 =	249	84 =	42
19 =	231	52 =	250	85 =	212
20 =	232	53 =	251	86 =	181
21 =	233	54 =	252	87 =	179
22 =	234	55 =	253	88 =	157
23 =	236	56 =	254	89 =	157
24 =	172	57 =	255	90 =	151
25 =	174	58 =	256	91 =	112
26 =	176	59 =	261	92 =	119
27 =	178	60 =	265	93 =	126
28 =	266	61 =	267	94 =	59
29 =	268	62 =	269	95 =	62
30 =	272	63 =	271	96 =	63
31 =	264	64 =	263	97 =	64
32 =	260	65 =	273	98 =	65
33 =	259	66 =	275	99 =	74
				100 =	77

T= testemunha comercial da Duratex S.A., Agudos-SP.