

Efeito do desbaste seletivo sobre a divergência genética em
progênes de *Pinus caribaea* Morelet var. *bahamensis*Effect of selective thinning on the genetic divergence in
Pinus caribaea Morelet var. *bahamensis* progeniesRobson Fernando Missio¹, Mario Luiz Teixeira de Moraes² e Luiz Antonio dos Santos Dias³**Resumo**

O objetivo deste trabalho foi estudar o efeito do desbaste seletivo sobre a divergência genética em progênes de *Pinus caribaea* var. *bahamensis*, visando identificar as progênes mais produtivas e divergentes para serem utilizadas em programas de melhoramento. O teste de progênes foi instalado em março de 1990, seguindo delineamento em látice quadrado 11 x 11, sêxtuplo, parcialmente balanceado, contendo 119 progênes e duas testemunhas comerciais dispostas em parcelas lineares com seis árvores no espaçamento de 3,0 x 3,0m. Aos 13 anos após o plantio foi realizado um desbaste, com intensidade de 50%, tendo por base o Índice Multi-efeito, aplicado ao caráter DAP, deixando-se três árvores por parcela, em todo o experimento. A coleta de dados foi realizada em quatro situações: A (antes do desbaste); B (árvores desbastadas); C (árvores remanescentes ao desbaste) e D (um ano após o desbaste). Os caracteres analisados foram: altura, diâmetro à altura do peito (DAP), volume, forma do fuste e densidade básica da madeira. A divergência genética entre as progênes foi estudada com auxílio das variáveis canônicas e de agrupamento pelo método de Tocher, adotando-se a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) como estimativa da dissimilaridade genética. Na situação A as progênes foram agrupadas em quatro grupos, quatorze na situação B, dois na situação C e três na situação D. O desbaste seletivo das árvores, dentro das progênes, causou uma mudança na divergência genética entre as progênes, homogeneizando geneticamente as progênes, como demonstrado pelas distâncias generalizadas de Mahalanobis e também pelos métodos de agrupamento de Tocher e variáveis canônicas. O desbaste possibilitou uma maior uniformidade da contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética total. As técnicas de agrupamentos foram eficientes para identificar grupos de progênes divergentes para uso em programas de hibridação e pouco divergentes para uso em retrocruzamentos.

Palavras-chave: Dissimilaridade genética, Distância generalizada de Mahalanobis, Agrupamento de Tocher, Variáveis canônicas

Abstract

The objective of this work was to study the effect of selective thinning on the genetic divergence in progenies of *Pinus caribaea* var. *bahamensis*, aiming to identify the most productive and divergent progenies for the use of improvement program. The test of progenies containing 119 progenies and two commercial controls were planted in March 1990, using 11 x 11 square lattice design, sextuple, partially balanced, disposed in lineal plots with six trees in the spacing of 3,0 x 3,0m. 13 years after planting thinning was realized (selection for DBH), with 50% selection intensity based on Multi-effect index, leaving three trees per plot in all the experiment. The evaluations were done at four situations: A (before the thinning); B (thinned trees); C (remaining trees after thinning) and D (one year after thinning). The analyzed traits were: height, diameter at breast height (DBH), volume, form of stem and wood density. The genetic divergence among the progenies was studied with aid of the canonical variables and of clustering of Tocher method, using the generalized distance matrix of Mahalanobis (D^2) as estimate of the genetic similarity. The progenies were grouped in four groups in situation A, fourteen in the situation B, two in the situation C and three in the situation D. The selective thinning of the trees within of the progenies caused a change in the genetic divergence among the progenies, genetically homogenizing the progenies, as demonstrated by the generalized distances of Mahalanobis, clustering of Tocher' and canonical variables methods. The thinning made possible a high uniformity in respect to the relative contribution of the traits for the total genetic divergence. The techniques of clustering were efficient to identify groups of divergent progenies for the use hybridization and little divergent progenies for the use in backcross program.

Keywords: Genetic similarity, General distance of Mahalanobis', Tocher' clustering, Canonical variables

¹ Doutorando em Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa – Viçosa, MG – 36570-000 - E-mail: rmissio@yahoo.com.br

² Professor Livre-docente do Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio-economia da Faculdade de Engenharia da Universidade Estadual Paulista – Caixa Postal 31 – Ilha Solteira, SP – 15385-000 - E-mail: teixeira@agr.feis.unesp.br

³ Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa – Viçosa, MG – 36570-000 - E-mail: lasdias@ufv.br

INTRODUÇÃO

O *Pinus caribaea* Morelet var. *bahamensis*, dentre outros pinheiros tropicais, representa atualmente uma das espécies de maior importância para a produção de madeira e resina em regiões tropicais. Segundo Ferreira e Santos (1997) as primeiras pesquisas na área de silvicultura, no Brasil tiveram início 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. O melhoramento genético de espécies florestais é uma ciência relativamente nova onde, a partir de 1950, foram desenvolvidos os maiores experimentos com as espécies florestais. No Estado de São Paulo, as plantações comerciais de *Pinus* foram implantadas na década de 1950, pelo Instituto Florestal (ROSA, 1981). Em seguida foram ampliadas por empresas particulares, objetivando principalmente a produção de aglomerados, laminados, madeira para caixotaria, móveis, serraria e celulose. Posteriormente surgiram a exploração de resina e também a produção de sementes melhoradas, tanto para suprir as necessidades internas como para exportação. Atualmente o melhoramento da espécie tem-se voltado, principalmente, para produção volumétrica, árvores com fustes mais retos, menor número de bifurcações, menor número de galhos grossos, ausência de foxtail, celulose de fibra longa, visando papel de boa qualidade, maior volume de madeira serrada e extração de resina em maior volume (RESENDE, 1999).

O estudo da divergência genética com o auxílio da análise multivariada é uma ferramenta muito valiosa para programas de melhoramento genético. A divergência genética entre um grupo de genitores tem sido avaliada com o objetivo de identificar as combinações híbridas que possam ter maior efeito heterótico e maior heterozigose, de tal forma que, em suas gerações segregantes, se tenha maior possibilidade de identificar genótipos superiores (CRUZ e REGAZZI, 2001). No entanto, quando se dispõe de um número elevado de genótipos para avaliação há dificuldades operacionais nas práticas de hibridação artificial, dificultando a obtenção dessas combinações. Dessa forma, as técnicas multivariadas são uma ferramenta que podem ser utilizadas para minimizar essas dificuldades, além de permitirem combinar as múltiplas in-

formações contidas na unidade experimental, possibilitando a caracterização dos genótipos com base em um conjunto de variáveis, principalmente se o objetivo é o melhoramento de caracteres quantitativos, como a produção.

A análise multivariada no estudo da divergência genética tem sido aplicada em diversas espécies, podendo-se destacar: guaranazeiro (NASCIMENTO FILHO *et al.*, 1992), seringueira (PAIVA, 1994), guandu (PÍPOLO *et al.*, 1995), aceroleira (PÍPOLO *et al.*, 2000), capim-elefante (SHIMOYA *et al.*, 2002), feijoeiro (FERRÃO *et al.*, 2002), cacauzeiro (DIAS *et al.*, 2003), *Eucalyptus* (CAIXETA *et al.*, 2003 e TRUGILHO *et al.*, 2004) e *Pinus* (MORAES, 2001 e MISSIO, 2004). Entretanto, o efeito que um processo de seleção dentro de progênies pode causar na divergência genética total das progênies ainda não foi estudado.

Dessa maneira, o objetivo deste trabalho foi estudar o efeito do desbaste seletivo sobre a divergência genética em progênies de *Pinus caribaea* var. *bahamensis*, com o auxílio da análise multivariada, visando identificar as progênies mais produtivas e divergentes a serem utilizadas em programas de melhoramento.

MATERIAL E MÉTODOS

Material experimental

As sementes das progênies que constituem o experimento são oriundas de um pomar de sementes clonal do Centro de Conservação Genética e Melhoramento de Pinheiros Tropicais - CCGMPT, localizado em Aracruz, ES (latitude 19°48' S, longitude 40°16' W e altitude de 50 metros). Tais sementes foram doadas pelo Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais (IPEF-ESALQ/USP), Piracicaba, SP. Além das progênies, foram incluídas no ensaio duas testemunhas comerciais provenientes de árvores matrizes da Duratex em Agudos, SP (latitude 22°22' S, longitude 48°52' W e altitude de 550 metros).

Métodos

O teste de progênies foi instalado no período de 20 a 21 de março de 1990, na Fazenda de Ensino e Pesquisa da Faculdade de Engenharia - Campus de Ilha Solteira - da Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" - UNESP, localizada no município de Selvíria, MS (latitude 20°20' S, longitude 51°23' W e altitude de 370 metros), onde o clima é do tipo Aw, pela classificação de Köppen, com temperatura mé-

dia anual de 24,5°C, precipitação média anual de 1.232,2 mm bem distribuída durante o ano, umidade média anual de 64,8% e insolação média de 7,3 horas/dia (HERNANDEZ *et al.* 1995). O delineamento experimental utilizado foi o látice quadrado 11 x 11, sêxtuplo, parcialmente balanceado, tendo 119 progênies oriundas do CCGMPT e duas testemunhas comerciais. As parcelas, dispostas linearmente, continham seis plantas no espaçamento de 3,0 x 3,0 metros. Aos 13 anos após o plantio foi realizado um desbaste (seleção pelo DAP), com base no Índice seletivo Multi-efeito (RESENDE e HIGA, 1994), deixando-se três plantas por parcela, em todo o experimento.

A coleta de dados foi realizada em quatro situações: A (antes do desbaste, aos 13 anos); B (árvores desbastadas); C (árvores remanescentes ao desbaste) e D (um ano após o desbaste, aos 14 anos).

Situação A – Nesta situação, foram avaliadas todas as plantas da parcela antes do desbaste, com relação aos seguintes caracteres: diâmetro à altura do peito (DAP, em cm); altura (ALT, em m); volume (VOL, em m³.árvore⁻¹) e forma do fuste (FOR) das árvores, a partir de uma escala de notas (variando de 1 – nenhuma tora reta, a 5 – uma tora reta de 4 metros, a partir da base), conforme procedimento descrito por Kageyama (1977).

Situação B – Após a avaliação dos caracteres na situação A, foi realizado um desbaste em 50% das árvores, em cada uma das parcelas do experimento. Das árvores desbastadas, retiraram-se dois discos (aproximadamente 3cm de espessura), para realização da densidade básica da madeira (DBM, em g.cm³), sendo um em nível do DAP (DBM-1), e outro na metade da altura da árvore (DBM-2). A densidade básica da madeira (DBM) foi obtida pelo método da balança hidrostática, conforme normas da ABCP M 14/70. Desse modo, com os dados das árvores desbastadas dentro das parcelas, realizou-se a avaliação dos seguintes caracteres: DAP, ALT, VOL, FOR e densidade básica da madeira, em nível do DAP (DBM-1) e na metade da altura total da árvore (DBM-2).

Situação C – Esta situação corresponde às árvores não desbastadas (remanescentes ao desbaste), onde se avaliaram os seguintes caracteres: DAP, ALT, FOR e VOL.

Situação D – Nesta situação, as árvores foram avaliadas um ano após o desbaste, ou seja, aos 14 anos, com avaliação dos caracteres: DAP, ALT e VOL.

Em todas as situações o volume das árvores foi estimado com base na expressão obtida por Missio (2004), ou seja: $VOL = (\pi/4).DAP^2.ALT.\bar{q}$, em que \bar{q} é o quociente de forma médio da progênie obtido por: $q = (d(1/2)ALT)/DAP$, sendo $d(1/2)ALT$ as mensurações feitas nos discos obtidos na metade da altura total da árvore.

Análise multivariada

A divergência genética entre as progênies foi avaliada por análises multivariadas, empregando-se o algoritmo de agrupamento de Tocher e análise de variáveis canônicas. Para o algoritmo de Tocher, tendo como medida de dissimilaridade a distância generalizada de Mahalanobis (D^2), adotou-se o critério de que a média das medidas da divergência genética dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos (CRUZ e REGAZZI, 2001). Na análise das variáveis canônicas utilizaram-se as matrizes de variâncias e covariâncias fenotípicas e residuais entre os caracteres. Para a realização da análise, as médias originais dos caracteres são transformadas, por um processo de condensação pivotal, originando novas variáveis que se caracterizam por apresentar covariâncias residuais nulas e variâncias residuais iguais a um. O número de variáveis canônicas é igual ou menor ao valor mínimo entre o número de caracteres e o número de graus de liberdade de tratamentos. Um valor numérico (score) de cada variável é calculado para cada uma das progênies. Com estes scores, constrói-se um gráfico de dispersão, que permite a visualização da divergência genética (CRUZ e REGAZZI, 2001).

A contribuição relativa de cada caráter para a divergência genética foi obtida pelo método proposto por Singh (1981), o qual se baseia na partição do total das estimativas das distâncias de Mahalanobis (D^2), considerando todos os possíveis pares de progênies, para as partes devidas a cada caráter.

As análises das variáveis canônicas, agrupamento e contribuição relativa de cada caráter para a divergência genética entre as progênies, nas diferentes situações, foram realizadas utilizando-se o programa computacional GENES (CRUZ, 2001).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A distância generalizada de Mahalanobis (D^2), evidencia para cada par de progênies, as maiores e menores distâncias.

Na situação A, a progênie 1, apresenta a maior distância em relação à progênie 59 (12,8992) e a menor em relação à progênie 27 (0,4412). A distância genética máxima (43,2312) foi verificada entre as progênies 59 e 73, e a mínima (0,0168) entre as progênies 53 e 118 (Tabela 1). A distância média entre as progênies, nessa situação, foi de 3,3835, com magnitude menor que a encontrada por Moraes (2001) em *Pinus caribaea* var. *hondurensis*, aos 12 anos.

Na situação B, as progênies 48 e 107 apresentaram a maior distância (19,8910). A menor distância (0,1144) foi encontrada entre as progênies 15 e 55. A média geral das distâncias, nessa situação, foi de 3,4473.

Na situação C a maior distância genética está entre as progênies 97 e 98 (26,8177) e a menor (0,0171) entre as progênies 92 e 113, com uma média geral das distâncias de 2,2163.

Na situação D (aos 14 anos) a maior distância genética encontrada foi entre as progênies 69 e 98 (19,2527) e a menor (0,0004) entre as progênies 63 e 80, com média geral das distâncias de 1,4818 (Tabela 1). De maneira geral, o desbaste seletivo dentro das progênies, causou uma redução das distâncias genética máxima, mínima e média entre as progênies (Tabela 1).

A contribuição relativa de cada caráter para a divergência genética é de grande importância para se identificar os caracteres de maior contribuição e também auxiliar no descarte daqueles de menor contribuição. Com exceção da situa-

ção B, o caráter que mais contribuiu para divergência entre as progênies foi o DAP. Na situação B, a maior contribuição relativa para a divergência genética foi encontrada para os caracteres DBM-2 e DBM-1, preconizando a importância da densidade básica da madeira na avaliação da espécie. A contribuição do volume e altura para a divergência genética entre as progênies aumentou após o desbaste, passando de 15,32% na situação A, para 29,79% na situação D, no caso do volume, e de 14,80% para 28,88%, no caso da altura (Tabela 2). O DAP foi o caráter que mais contribuiu para a divergência entre as progênies, nas situações A (sem seleção para este caráter), C e D (com seleção favorável para o DAP). No entanto, quando a seleção foi desfavorável para este caráter (situação B) verificou-se que foi o caráter que menos contribuiu para se detectar a divergência entre as progênies. Isto pode estar relacionado ao fato de que nesta situação foi estudado um número maior de caracteres ou que a seleção praticada tenha diminuído o poder de exclusão deste caráter.

As estimativas da herdabilidade média de progênies para a situação A (antes do desbaste) e D (após o desbaste) variaram de 0,37 a 0,62 e 0,48 a 0,73, respectivamente (Tabela 2). Os caracteres DAP e volume foram os que apresentaram maiores valores de herdabilidade antes e após o desbaste. As estimativas da herdabilidade mantiveram-se elevadas mesmo após o desbaste de 50% das árvores dentro das progênies.

Tabela 1. Estimativas das máximas e mínimas distâncias genética de Mahalanobis (D^2), entre as progênies de *Pinus caribaea* var. *bahamensis*, em diferentes situações. (Estimative of maximum and minimum genetic distance of Mahalanobis' generalized distance (D^2), among the *Pinus caribaea* var. *bahamensis* progenies, at the different situations).

Situação	Distância máxima	Progênies	Distância mínima	Progênies	Distância média
A	43,2312	59 e 73	0,0168	53 e 118	3,3835
B	19,8910	48 e 107	0,1144	15 e 55	3,4473
C	26,8177	97 e 98	0,0171	92 e 113	2,2163
D	19,2527	69 e 98	0,0004	63 e 80	1,4818

Tabela 2. Contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética, pelo método de Singh, e estimativas da herdabilidade média de progênies, envolvendo as progênies de *Pinus caribaea* var. *bahamensis*, em diferentes situações. (Relative contribution of traits for the genetic divergence by the Singh' method, and estimates of the mean progeny heritability, involved the *Pinus caribaea* var. *bahamensis* progenies, at the different situations).

Caráter	Contribuição (%) relativa dos caracteres			
	Situação A	Situação B	Situação C	Situação D
DAP (cm)	54,08 (0,62)	10,82	41,28	41,32 (0,73)
Volume (m ³ .árv. ⁻¹)	15,32 (0,62)	16,40	11,62	29,79 (0,69)
Altura (m)	14,80 (0,47)	11,98	26,14	28,88 (0,48)
Forma	15,80 (0,37)	17,41	20,96	-
DBM-1 (g.cm ⁻³)	-	18,14	-	-
DBM-2 (g.cm ⁻³)	-	25,25	-	-

Valores entre parênteses correspondem a herdabilidade média de progênies; - não avaliado nesta situação.

Após os estudos das distâncias genéticas entre as progênes e da contribuição relativa de cada caráter para a divergência genética total, processaram-se as técnicas de agrupamento de Tocher e variáveis canônicas, com a finalidade de agrupar progênes mais similares entre si, para auxiliar no programa de melhoramento da espécie.

A formação de grupos, pelo método de otimização de Tocher, para a situação A, possibilitou agrupar as progênes em quatro grupos (Tabela 3). Cerca de 95% das progênes fazem parte do grupo I. Caso seja realizado o cruzamento controlado entre as progênes, recomenda-se cruzar progênes de grupos diferentes, para que ocorra uma maior heterose nos seus híbridos. Isso é possível para as progênes que apresentaram a maior distância genética, grupo I, e grupos II, III

e IV. Nos casos de programas de melhoramento envolvendo retrocruzamentos, recomenda-se, segundo Dias (1994), empregar progênes ou grupos de progênes mais similares, pois isso permite recuperar as características do genitor recorrente mais rapidamente.

Com relação ao agrupamento das progênes na situação B (Tabela 4), as mesmas foram agrupadas em quatorze grupos, onde aproximadamente 63% das progênes pertencem ao grupo I, o que inclui as progênes 15 e 55 (menos divergentes). As progênes com maior distância genética estão nos grupos XIV (48) e XII (107). Na situação C, com o agrupamento das progênes (Tabela 5), ocorreu à formação de apenas dois grupos. No grupo I, encontramos 119 progênes, e no grupo II apenas 2 progênes.

Tabela 3. Agrupamento das progênes de *Pinus caribaea* var. *bahamensis*, antes do desbaste (Situação A), pelo método de otimização de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis (D^2). (Clustering of *Pinus caribaea* var. *bahamensis* progenies, before thinning (situation A), by the Tocher' method, based on Mahalanobis' generalized distance (D^2)).

Grupo	Progênes	DAP (cm)	ALT (m)	FOR	VOL (m ³ .árv. ⁻¹)
I	53-118-22-58-48-13-4-63-32-64-36-81-79-102-72-28-66-55-113-60-85-35-92-83-16-29-43-84-95-78-45-42-80-31-25-57-12-100-15-51-44-93-116-61-52-18-110-6-86-103-14-94-82-38-46-40-49-121-76-30-37-34-21-109-7-26-99-120-11-112-23-104-108-62-75-1-20-8-47-19-10-119-87-3-106-88-33-54-5-77-24-67-41-111-70-71-17-107-97-105-27-56-50-74-2-96-69-89-114-91-115-9-39	20,68	18,86	1,67	0,465
II	59-90-101-68	16,47	18,34	1,66	0,433
III	98	28,70	19,90	1,64	0,884
IV	73	25,37	19,08	1,68	0,445
Distâncias intra e intergrupos					
Grupos	I	II	III	IV	
I	2,56	9,13	14,50	14,30	
II		2,00	25,96	39,94	
III			0	22,49	
IV				0	

Tabela 4. Agrupamento das progênes de *Pinus caribaea* var. *bahamensis*, referentes às árvores desbastadas (Situação B), pelo método de otimização de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis (D^2). (Clustering of *Pinus caribaea* var. *bahamensis* progenies, referring to thinning trees (situation B), by the Tocher' method, based on Mahalanobis' generalized distance (D^2)).

Grupo	Progênes	Total
I	15-55-90-51-63-19-60-85-29-95-36-119-32-97-28-100-62-18-89-57-43-81-58-16-12-88-102-30-4-64-91-111-40-45-20-86-31-42-35-25-116-13-113-44-17-93-41-23-6-78-99-49-84-22-14-101-38-75-24-46-92-65-66-21-121-76-77-1-94-73-61-120-82-50-87-68-10	77
II	79-83-104-114-80-109-67-52-98	9
III	70-96-71-53-110	5
IV	11-115-112-5-26-27-56	7
V	8-39-54-34-103	5
VI	9-117-118-37-47-69-2	7
VII	72-105-3	3
VIII	74-106	2
IX	108	1
X	33	1
XI	7	1
XII	107	1
XIII	59	1
XIV	48	1

Tabela 5. Agrupamento das progênies de *Pinus caribaea* var. *bahamensis*, referentes às árvores remanescentes (Situação C), pelo método de otimização de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis (D^2). (Clustering of *Pinus caribaea* var. *bahamensis* progenies, referring to remaining trees after thinning (situation C), by the Tocher' method, based on Mahalanobis' generalized distance (D^2)).

Grupo	Progênies	Total
I	92-113-69-66-46-48-44-53-102-4-31-13-114-22-118-55-29-84-60-64-100-9-103-32-43-63-72-117-51-73-15-38-16-81-12-83-35-80-28-76-89-85-10-56-65-111-41-18-77-50-79-37-52-14-17-39-86-57-101-42-95-6-11-93-62-40-75-36-47-30-34-108-49-61-74-5-82-71-120-121-58-104-21-78-94-24-33-116-90-91-59-107-54-68-3-23-110-8-112-7-27-45-109-106-115-1-25-19-70-2-87-105-99-119-20-88-97-67-26	119
II	96-98	2

Em relação ao agrupamento das progênies na situação D (Tabela 6), que representa a atual situação em que se encontra o teste de progênies, pelo método de otimização de Tocher, verifica-se a formação de três grupos. Como o grupo I concentra a grande maioria (119) das progênies, fez-se um novo agrupamento, considerando apenas as progênies do grupo I, com a finalidade de encontrar dentro do grupo progênies que possam ser reagrupadas em subgrupos mais divergentes. Com isso, formaram-se onze subgrupos em que aproximadamente 48,7% das progênies pertencem ao subgrupo Ia, 11,8% aos subgrupos Ib e Ie, e 10,9% ao subgrupo Id. Os subgrupos Ih, Ii, Ij e Ik são representados por apenas uma progênie. O subgrupo If, representado pelas progênies 25, 99 e 96, foi o que apresentou maior média para DAP (26,17cm) e volume (0,733 m³.árvore⁻¹). A maior média para altura foi encontrada no subgrupo Ik (21,29 m). No grupo III (progênie 98), encontra-se a máxima divergência genética e também o melhor desempenho médio para os caracteres estudados. Assim, pode-se obter uma alta heterose com o cruzamento, por exemplo, do grupo III (98) com o subgrupo Ik (progênie 69), pois apresentam uma boa performance média e a distância genética entre eles é bastante considerável. Entretanto, quando o objetivo do programa de melhoramento enfocar a recuperação de genes do genitor recorrente, deve-se dar preferência aos retrocruzamentos com as progênies mais similares geneticamente (DIAS e RESENDE, 2001).

Em programas de melhoramento de espécies florestais que envolvem um grande número de progênies, muitas vezes há necessidade de se considerar um grupo de progênies, ao invés das progênies individualmente. Assim, o melhorista poderá selecionar progênies parentais com base nas distâncias intergrupos. Antes do desbaste (Tabela 3) a distância máxima intergrupo foi encontrada entre os grupos II e IV (39,94) e a distância mínima entre os grupos I e II (9,13). Após o desbaste (Tabela 6) a distância máxima intergrupo foi entre os grupos II e III (36,42), evidenciando uma considerável diversidade entre estes dois agrupamentos. As distâncias

intergrupos auxiliam muito na busca de grupo de progênies divergentes para obtenção de híbridos com alta heterose. Nesse caso, isso pode ser obtido com o cruzamento controlado entre as progênies 98 e 39.

A utilização das variáveis canônicas no estudo de divergência genética teve como propósito à identificação de genótipos similares em gráficos de dispersão bi-dimensional, possibilitando, assim, simplificar a interpretação. A viabilidade de sua utilização está restrita à concentração alta da variabilidade disponível entre as primeiras variáveis canônicas, a qual é referenciada por muitos autores, citados por Cruz e Regazzi (2001), como acima de 80%. As estimativas dos autovalores associados as variáveis canônicas (VCi), referentes às situações A e D, que correspondem ao teste de progênies antes e após o desbaste, estão apresentadas na Tabela 7. Na situação A, as duas primeiras variáveis canônicas acumularam próximo de 70% da variação total, ao passo que na situação D, a variação acumulada aproximou-se de 90%. Com isso, optou-se por considerar as duas primeiras variáveis canônicas para o estudo da dispersão gráfica (Figuras 1 e 2).

A importância relativa dos caracteres também foi avaliada, com o objetivo de descartar aqueles de menor importância para a divergência genética. O grande interesse na avaliação da importância relativa dos caracteres reside na possibilidade de se descartar os que contribuem pouco para a discriminação das progênies, reduzindo, dessa forma, mão-de-obra, tempo e custo despendidos na experimentação. Os caracteres dispensáveis em estudo de divergência genética compreendem os que são relativamente pouco variantes entre os indivíduos estudados, apresentam instabilidade com a mudança das condições ambientais ou são redundantes, por estarem correlacionados com outros caracteres. Assim, deve-se, também, analisar a matriz de correlação genotípica para auxiliar no descarte de caracteres que são redundantes no estudo. As correlações genotípicas para *Pinus caribaea* var. *bahamensis* foram intensivamente estudadas por Missio (2004) e Missio *et al.* (2004).

Tabela 6. Agrupamento das progênes de *Pinus caribaea* var. *bahamensis*, referentes às árvores avaliadas um ano após o desbaste (Situação D), pelo método de otimização de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis (D^2). (Clustering of *Pinus caribaea* var. *bahamensis* progenies, referring to evaluated tree one year after thinning (situation D), by the Tocher' method, based on Mahalanobis' generalized distance (D^2)).

Grupo	Subgrupo	Progênes	DAP (cm)	ALT (m)	VOL (m ³ .árv. ⁻¹)	
I	a	63-80-9-53-84-73-115-118-68-85-48-79-22-13-64-100-104-40-38-66-114-42-27-4-28-31-55-35-44-89-60-29-103-34-49-14-92-102-121-23-47-83-117-12-72-95-51-93-113-41-81-87-15-76-57-36-10-32	22,32	19,56	0,547	
		b	52-82-33-116-119-67-94-54-90-110-16-86-24-59	20,26	19,31	0,456
		c	18-62-30-43-5-37-75-108	21,40	20,34	0,498
		d	17-77-2-65-111-120-45-46-21-6-71-56-101	23,71	19,71	0,605
		e	3-107-8-19-70-1-109-106-7-58-78-112-20-26	24,21	20,62	0,684
		f	25-99-96	26,17	20,65	0,733
		g	61-88-91-11-105	20,94	18,62	0,439
		h	50	25,01	19,39	0,621
		i	97	18,47	19,37	0,359
		j	74	21,79	21,16	0,557
		k	69	25,50	21,29	0,651
II		39	21,02	18,11	0,537	
III		98	31,62	20,98	1,162	

Distâncias intra e intergrupos			
Grupos	I	II	III
I	1,35	17,89	17,50
II		0	36,42
III			0

Tabela 7. Estimativas dos autovalores (λ_i), da variância acumulada ($\lambda\%$) e da importância relativa das variáveis canônicas (VCi) obtidas antes do desbaste (situação A) e um ano após o desbaste (situação D) das progênes de *Pinus caribaea* var. *bahamensis*. (Estimative of the autovalores (λ_i), accumulate variance ($\lambda\%$) and of the relative importance of the canonical variables (VCi) obtained before thinning (situation A) and one year after thinning (situation D) of the *Pinus caribaea* var. *bahamensis* progenies).

Situação	VCi	Variância (λ_i)	Variância acumulada ($\lambda\%$)	Coeficientes de ponderação			
				DAP	ALT	FOR	VOL
A	VC1	6,363	47,753	1,772	0,027	0,024	-1,313
	VC2	0,901	69,552	-0,281	-0,417	0,341	1,347
	VC3	0,015	86,175	0,177	-0,885	0,676	-0,092
	VC4	0,004	100,00	-0,085	0,796	0,673	-0,469
D	VC1	6,902	57,575	0,734	-0,038	-	0,340
	VC2	0,971	89,565	-0,209	1,225	-	-0,486
	VC3	0,009	100,00	-1,389	-0,080	-	1,581

(-) não avaliado nesta situação.

Na avaliação da importância relativa dos caracteres para a divergência genética pelas variáveis canônicas, identificam-se os de menor importância, como sendo aqueles cujos coeficientes de ponderação são de maior magnitude, em valor absoluto, nas últimas variáveis canônicas (Hair *et al.*, 2005). Os caracteres de menor importância relativa foram altura, na situação A e volume na situação D (Tabela 7). Entretanto, o descarte de caracteres é mais recomendado em culturas onde se avaliam muitos caracteres. No caso de espécies florestais, os caracteres mais ava-

liados são DAP, altura e volume, por serem de grande importância, fáceis de serem obtidos e avaliados e apresentarem, via de regra, ampla variabilidade genética.

Os resultados gráficos dos escores das variáveis canônicas foram concordantes com o agrupamento de Tocher (Figura 1 e 2 e Tabelas 3 e 6). No entanto, no presente trabalho o agrupamento de Tocher mostrou-se de mais fácil interpretação, principalmente devido ao grande número de progênes avaliadas que pode dificultar a visualização dos grupos formados pelas variáveis canônicas.

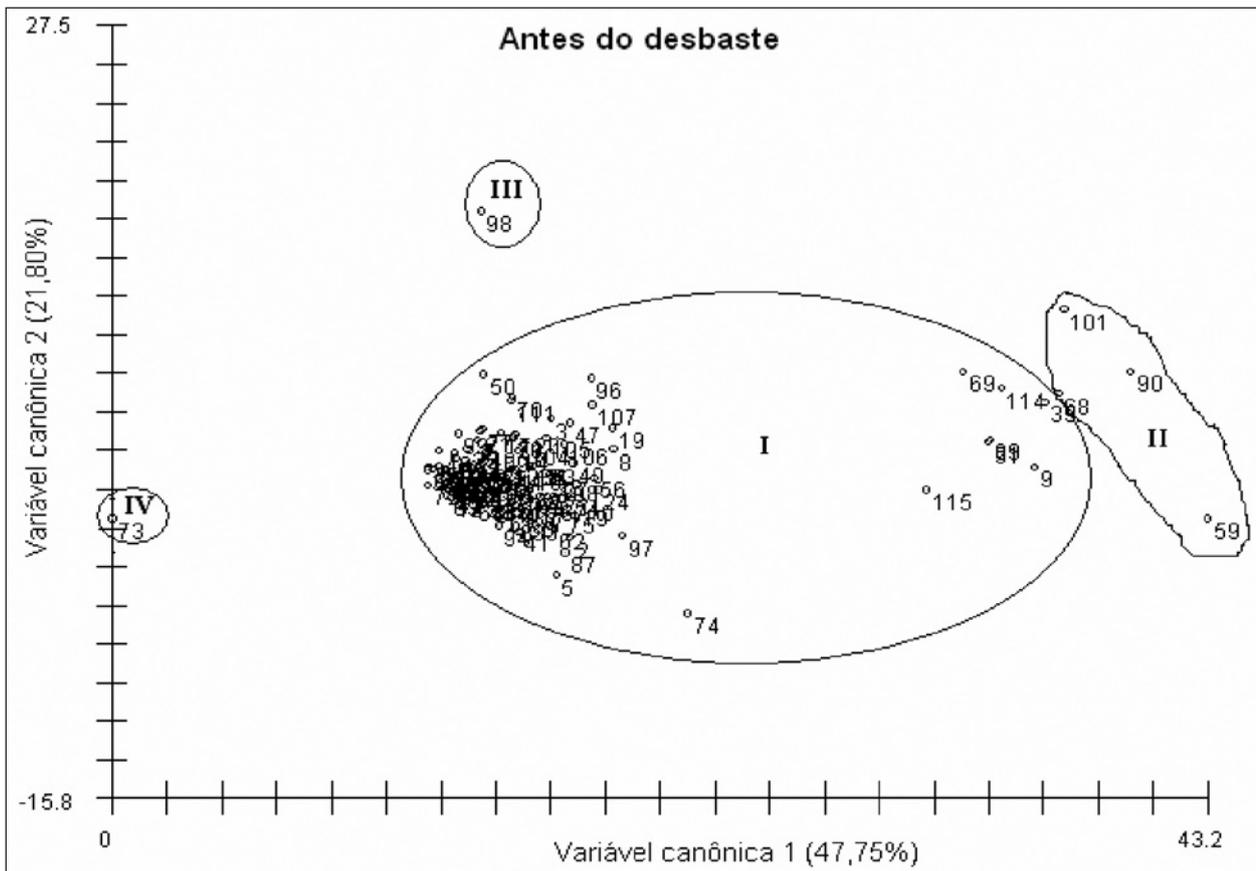


Figura 1. Dispersão gráfica dos escores das progênies de *Pinus caribaea* var. *bahamensis*, na situação A, utilizando-se as duas primeiras variáveis canônicas. (Graphic dispersion of the scores of the *Pinus caribaea* var. *bahamensis* progenies, in the situation A, to make useful the two first canonical variables).

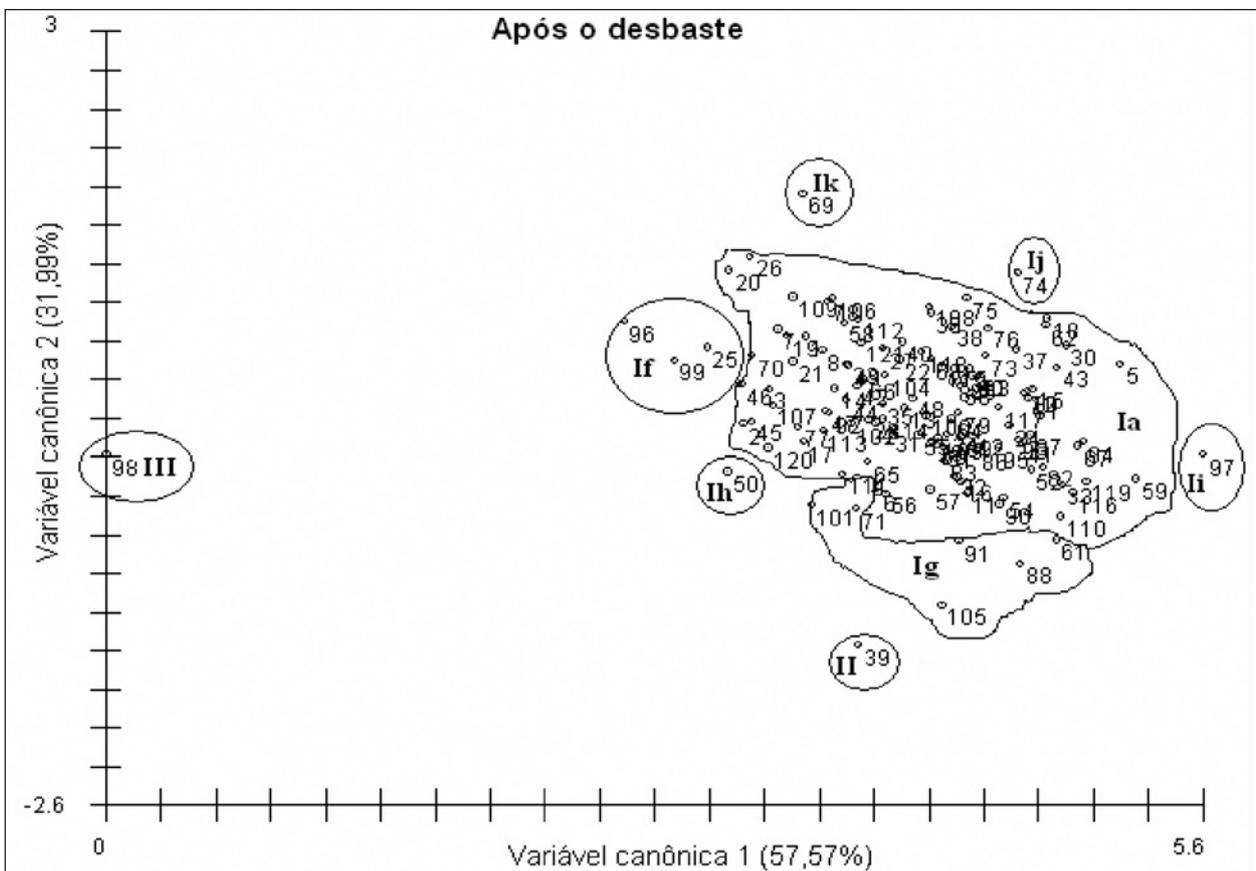


Figura 2. Dispersão gráfica dos escores das progênies de *Pinus caribaea* var. *bahamensis*, na situação D, utilizando-se as duas primeiras variáveis canônicas. (Graphic dispersion of the scores of the *Pinus caribaea* var. *bahamensis* progenies, in the situation D, to make useful the two first canonical variables).

CONCLUSÕES

O desbaste seletivo das árvores dentro das progênies causou uma mudança na divergência genética total, homogeneizando geneticamente as progênies, como evidenciado pelas distâncias generalizadas de Mahalanobis, pelo algoritmo de Tocher e variáveis canônicas.

O desbaste possibilitou uma maior uniformidade da contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética total entre as progênies.

As técnicas de agrupamentos foram eficientes para identificar grupos de progênies divergentes para uso em programas de hibridação e pouco divergentes para uso em programas de retrocruzamentos.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem ao Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais (IPEF) pelo fornecimento das sementes das progênies; à Dura-tex S.A. pela produção das mudas; à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) e ao Conselho Nacional de Pesquisa e Desenvolvimento (CNPq) pelo apoio financeiro.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABCP- ASSOCIAÇÃO TÉCNICA BRASILEIRA DE CELULOSE E PAPEL. **Normas de ensaios**. São Paulo, 1970. (ABCP M 14/70).

CAIXETA, R.P.; TRUGILHO, P.F.; ROSADO, S.C.S.; LIMA, J.T. Propriedades e classificação da madeira aplicadas à seleção de genótipos de *Eucalyptus*. **Revista Árvore**, Viçosa, v.27, n.1, p.43-51, 2003.

CRUZ, C.D. **Programa GENES: versão Windows, aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: UFV, 2001. 648p.

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

DIAS, L.A.S. **Divergência genética e fenética multivariada na predição de híbridos e preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.)**. 1994. 94p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura Luis de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1994.

DIAS, L.A.S.; RESENDE, M.D.V. Estratégias e métodos de seleção. In: DIAS, L.A.S. (Ed.). **Melhoramento genético do cacau**. Viçosa: FUNAPE, 2001. p.217-287.

DIAS, L.A.S.; MARITA, J.; CRUZ, C.D.; BARROS, E.G.; SALOMÃO, T.M.F. Genetic distance and its association with heterosis in cacao. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, Curitiba, v.46, n.3, p. 339-347, 2003.

FERRÃO, M.A.G.; VIEIRA, C.; CRUZ, C.D.; CARDOSO, A.A. Divergência genética em feijoeiro em condições de inverno tropical. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37, n.8, p.1089-1098, 2002.

FERREIRA, M.; SANTOS, P.E.T. Melhoramento genético florestal dos *Eucalyptus* no Brasil: breve histórico e perspectivas. In: IUFRO CONFERENCE ON SILVICULTURE AND IMPROVEMENT OF EUCALYPTS, Salvador, 1997. **Anais**. Colombo: EMBRAPA/CNPE, 1997. v.1, p.14-34, 1997.

HAIR, J.F.; ANDERSON, R.E.; TATHAM, R.L.; BLACK, W.C. **Análise multivariada de dados**. 5.ed. Porto Alegre: Bookman, 2005. 593p.,

HERNANDEZ, F.B.T.; LEMOS FILHO, M.A.F.; BUZETTI, S. **Software HIDRISA e o balanço hídrico de Ilha Solteira**. Ilha Solteira, UNESP/FEIS/Área de Hidráulica e Irrigação, 1995. 45p.

KAGEYAMA, P.Y. **Varição genética entre procedências de *Pinus oocarpa* Schiede na região de Agudos, SP**. 1977. 82p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1977.

MISSIO, R.F. **Varição genética em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var. *bahamensis***. 2004. 129p. Dissertação (Mestrado). Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2004.

MISSIO, R.F.; CAMBUIM, J.; MORAES, M.L.T.; PAULA, R.C. Seleção simultânea de caracteres em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var. *bahamensis*. **Scientia Forestalis**, n.66, p.161-168, 2004.

MORAES, M.L.T. **Varição genética e aplicação da análise multivariada em progênies de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* Barret e Golfari**. 2001. 124p. Tese (Livro Docência) – Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2001.

- NASCIMENTO FILHO, F.J.; CRUZ, C.D.; GARCIA, T.B. Divergência genética em plantas jovens de guaranazeiro e possibilidades de melhoramento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.27, n.12, p.1571-1577, 1992.
- PAIVA, J.R. Divergência genética entre clones primários de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.29, n.4, p.607-615, 1994.
- PÍPOLO, V.C.; DESTRO, D.; CAVENAGHIPRETE, C.E.; GONZALES, M.G.N.; POPPER, I.; ZANATTA, S.; SILVA, F.A.M. Seleção de genótipos parentais de acerola com base na divergência genética multivariada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.8, p. 1613-1619, 2000.
- PÍPOLO, V.C.; PÍPOLO, A.E.; DESTRO, D.; GUERRA, E.P. Seleção de genótipos de guandu baseada na divergência genética multivariada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.30, n.7, p.977-982, 1995.
- RESENDE, M.D.V. Melhoramento de essências florestais. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999. p.589-647.
- RESENDE, M.D.V.; HIGA, A.R. Estimção 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, 1994.
- ROSA, P.R.F. **Teste de procedência de *Pinus oocarpa* Schiede em três regiões do estado de São Paulo**. 1981. 79p. Dissertação (Mestrado) –Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal – Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 1981.
- SHIMOYA, A.; CRUZ, C.D.; FERREIRA, R.P.; PEREIRA, A.V.; CARNEIRO, P.C.S. Divergência genética entre acessos de um banco de germoplasma de capim-elefante. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37, n.7, p. 971-980, 2002.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, New Delhi, v.41, p.237-245, 1981.
- TRUGILHO, P.F.; BIANCHI, M.L.; GOMIDE, J.L.; SCHUSARDT, U. Classificação de clones de *Eucalyptus* sp. visando à produção de polpa celulósica. **Revista Árvore**, Viçosa, v.28, n.6, p.895-899, 2004.

Recebido em 25/10/2005

Aceito para publicação em 16/01/2007